



**ANÁLISE INVERSA COM USO DE ALGORITMO
GENÉTICO PARA LOCALIZAÇÃO DE TUMORES DE
PELE EM TRÊS DIMENSÕES UTILIZANDO ELEMENTOS
DE CONTORNO COM RECIPROCIDADE DUAL**

FABRÍCIO RIBEIRO BUENO

**TESE DE DOUTORADO EM ESTRUTURAS E CONSTRUÇÃO CIVIL
DEPARTAMENTO DE ENGENHARIA CIVIL E AMBIENTAL**

FACULDADE DE TECNOLOGIA

UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA

**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE DE TECNOLOGIA
DEPARTAMENTO DE ENGENHARIA CIVIL E AMBIENTAL**

**ANÁLISE INVERSA COM USO DE ALGORITMO
GENÉTICO PARA LOCALIZAÇÃO DE TUMORES DE
PELE EM TRÊS DIMENSÕES UTILIZANDO ELEMENTOS
DE CONTORNO COM RECIPROCIDADE DUAL**

FABRÍCIO RIBEIRO BUENO

ORIENTADOR: PAUL WILLIAM PARTRIDGE

TESE DE DOUTORADO EM ESTRUTURAS E CONSTRUÇÃO CIVIL

PUBLICAÇÃO: E.TD – 002 A/12

**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE DE TECNOLOGIA
DEPARTAMENTO DE ENGENHARIA CIVIL E AMBIENTAL**

**ANÁLISE INVERSA COM USO DE ALGORITMO GENÉTICO PARA
LOCALIZAÇÃO DE TUMORES DE PELE EM TRÊS DIMENSÕES
UTILIZANDO ELEMENTOS DE CONTORNO COM
RECIPROCIDADE DUAL**

FABRÍCIO RIBEIRO BUENO

**TESE SUBMETIDA AO DEPARTAMENTO DE ENGENHARIA
CIVIL E AMBIENTAL DA FACULDADE DE TECNOLOGIA DA
UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA COMO PARTE DOS REQUISITOS
NECESSÁRIOS PARA A OBTENÇÃO DO GRAU DE DOUTOR EM
ESTRUTURAS E CONSTRUÇÃO CIVIL.**

APROVADA POR:

**Prof. PAUL WILLIAM PARTRIDGE, PhD (ENC-UnB)
(Orientador)**

**Prof. LUCIANO MENDES BEZERRA, PhD (ENC-UnB)
(Examinador Interno)**

**Prof. GUILHERME SALES SOARES DE A. MELO, PhD (ENC-UnB)
(Examinador Interno)**

**Prof. CARLOS FRIEDRICH LOEFFLER NETO, DSc (UFES)
(Examinador Externo)**

**Prof. LEANDRO PALERMO JUNIOR PhD (Unicamp)
(Examinador Externo)**

BRASÍLIA/DF, 24 DE FEVEREIRO DE 2012

FICHA CATALOGRÁFICA

BUENO, FABRÍCIO RIBEIRO

Análise inversa com uso de Algoritmo Genético para localização de tumores de pele em três dimensões utilizando Elementos de Contorno com Reciprocidade Dual [Distrito Federal] 2012.

xix, 143p, 297 mm (ENC/FT/UnB, Doutor, Estrutura e Construção Civil, 2012).

Tese de Doutorado – Universidade de Brasília. Faculdade de Tecnologia.

Departamento de Engenharia Civil e Ambiental.

1. Análise inversa

2. Algoritmo Genético

3. Método dos Elementos de Contorno

4. Reciprocidade Dual

I. ENC/FT/UnB

II. Título (série)

REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA

BUENO, F. R. (2012). Análise inversa com uso de Algoritmo Genético para localização de tumores de pele em três dimensões utilizando Elementos de Contorno com Reciprocidade Dual. Tese de Doutorado em Estruturas e Construção Civil, Publicação E.TD – 002 A/12, Departamento de Engenharia Civil e Ambiental, Universidade de Brasília, Brasília, DF, 143p.

CESSÃO DE DIREITOS

AUTOR: Fabrício Ribeiro Bueno.

TÍTULO: Análise inversa com uso de Algoritmo Genético para localização de tumores de pele em três dimensões utilizando Elementos de Contorno com Reciprocidade Dual. [Distrito Federal] 2012.

GRAU: Doutor

ANO: 2012

É concedida à Universidade de Brasília permissão para reproduzir cópias desta tese de doutorado e para emprestar ou vender tais cópias somente para propósitos acadêmicos e científicos. O autor reserva outros direitos de publicação e nenhuma parte dessa dissertação de mestrado pode ser reproduzida sem autorização por escrito do autor.

Fabrício Ribeiro Bueno
Rua 4 nº617 Ap. 302 Centro.
74020-045 Goiânia – GO – Brasil.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a meus pais Ailton e Vânia que tanto trabalharam, e ainda trabalham, para que meus irmãos e eu pudéssemos estudar em escolas com qualidade.

À Mônica Bueno, minha esposa, quem conheci nas aulas do mestrado, e com quem me casei no decorrer deste doutorado. Muito obrigado pela ajuda, incentivo, correções, amizade, carinho.

Ao amigo Marcos Honorato, companheiro das aulas, durante mestrado e doutorado, e que insistiu tanto para que eu não desistisse nos momentos de desânimo e dificuldades.

Ao meu primo Leomar, seu filho Leonardo e sua esposa Wesleyne (*In memoriam*). “Nani”, muita saudade de você.

Professor Paul obrigado pelos conhecimentos repassados, este trabalho só foi possível por causa dos seus ensinamentos.

Ao CNPq por financiar parte deste trabalho.

Dedico este trabalho a meus pais Ailton e Vânia. Pai e Mãe, o mérito é de vocês.

A Minha esposa que muito me incentivou.

RESUMO

ANÁLISE INVERSA COM USO DE ALGORITMO GENÉTICO PARA LOCALIZAÇÃO DE TUMORES DE PELE EM TRÊS DIMENSÕES UTILIZANDO ELEMENTOS DE CONTORNO COM RECIPROCIDADE DUAL

Autor: Fabrício Ribeiro Bueno.

Orientador: Paul William Partridge.

Programa de Pós-graduação em Estruturas e Construção Civil. Brasília, fevereiro de 2012.

Neste trabalho, o Método dos Elementos de Contorno com Reciprocidade Dual será associado a um Algoritmo Genético, gerando uma ferramenta que, através de uma distribuição de temperatura medida na superfície da pele, calcula-se, por um processo inverso, a localização e o tamanho de um tumor.

Foi desenvolvido um sistema para simulação computacional, com modelagem tridimensional, de problemas de transferência de calor em meios biológicos baseado na solução da equação biotérmica de Pennes. A técnica destina-se a previsões de temperatura, visualização do comportamento e a práticas de diagnósticos de tumores.

A equação biotérmica é aqui resolvida com o uso Método dos Elementos de Contorno com Reciprocidade Dual. O Método da Reciprocidade Dual foi implementado com o uso da função de aproximação com melhor resultado para modelos tridimensionais $f = 1 + r$ associada a funções acrescidas lineares 1, x , y e z .

Devido ao fato de a função objetivo, que é resolvida inversamente, envolver uma função de MEC com MRD, o Algoritmo Genético se torna um processo lento. Assim foi necessário desenvolver funções baseadas em histórico com varredura de regiões a fim de deixar a ferramenta rápida e precisa.

Os resultados dos 27 exemplos apresentados envolvem ainda casos considerando condições de contorno do tipo convectivos e radiativos além de considerar a imprecisão dos equipamentos de leitura.

Palavras chaves: Análise inversa, Algoritmo Genético, Método dos Elementos de Contorno, Reciprocidade Dual, Funções Acrescidas, Tumores e Equação Biotérmica.

ABSTRACT

INVERSE ANALYSIS USING A GENETIC ALGORITHM FOR LOCALISATION OF SKIN TUMOURS USING DUAL RECIPROCITY BOUNDARY ELEMENT METHOD

Fabrício Ribeiro Bueno.

Supervisor: Paul William Partridge.

Programa de Pós-graduação em Estruturas e Construção Civil

Brasília, february, 2012.

Here the dual reciprocity boundary element method is associated with a genetic algorithm producing a tool that through a distribution of temperatures measured on the skin surface calculates, by an inverse method, the localization and size of a tumour.

A system was developed for the computational simulation of problems of heat transfer in a biological medium in three dimensions based on the solution of the Pennes Bioheat Equation. The technique is to be used for forecasting temperature, visualizing the behavior of the medium and for use in the diagnosis of tumours.

The bioheat equation is solved here with the use of the Dual Reciprocity Boundary Element Method. The Dual Reciprocity Method was implemented using the approximating function which produced the best result for the 3D models which was $1+r$ with the augmentation functions $1, x, y, z$.

Due to the fact that the objective function, which is solved inversely, uses DRBEM, the genetic algorithm becomes slow. It was thus necessary to develop functions based on the history of previous solutions in order for the method to be faster and more acceptable.

The results of the 27 examples presented involve cases considering convective and radiation boundary conditions in addition to imprecise equipment readings.

Keywords: Inverse analysis, Genetic algorithm, Dual reciprocity, Augmentation functions, Tumours, Bioheat equation.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	1
1.1	APRESENTAÇÃO	1
1.2	CONCEITOS MÉDICOS EMPREGADOS	3
1.2.1	Câncer de pele	3
1.2.2	Melanomas	4
1.2.3	Câncer de mama	6
1.3	MEDIDORES DE TEMPERATURA.....	8
1.3.1	Tipos de termômetros mais usados na literatura médica	8
1.3.2	Medição de temperatura na superfície da pele	10
1.3.2.1	Sondas de contato	10
1.3.2.2	Termômetro de radiação	11
1.4	OBJETIVOS	12
1.5	ESTRUTURA DO TEXTO.....	12
2	A EQUAÇÃO BIOTÉRMICA DE PENNES.....	14
2.1	O TRABALHO DE PENNES.....	14
2.2	MODELO MATEMÁTICO	15
2.2.1	Simplificação matemática das constantes.....	16
3	MÉTODO DOS ELEMENTOS DE CONTORNO PARA PROBLEMAS DE POTENCIAL	18
3.1	INTRODUÇÃO	18
3.1.1	Método das Diferenças Finitas (MDF)	18
3.1.2	Método dos Elementos Finitos (MEF)	19
3.1.3	Método dos Elementos de Contorno (MEC)	19
3.2	FORMULAÇÃO PARA EQUAÇÃO DE POISSON E LAPLACE	20
3.2.1	Solução fundamental	22
3.2.2	Equação integral de contorno.....	22
3.2.3	Método dos elementos de contorno para a Equação de Laplace.....	25
3.2.4	Considerações para problemas tridimensionais	29
3.3	RECIPROCIDADE DUAL.....	30
3.3.1	Termo do tipo constante.....	30
3.3.1.1	Solução Particular	30
3.3.1.2	Equação matricial de contorno	31
3.3.1.3	O vetor α	33
3.3.2	Termo do tipo ku	33
3.3.3	Solução para equação de Pennes.....	34
3.3.4	Funções de aproximação f	35
3.3.4.1	Em problemas bidimensionais.....	35
3.3.4.2	Em problemas tridimensionais	36
3.3.5	Funções acrescidas.....	37
4	MODELO TRIDIMENSIONAL.....	39

4.1	MODELO DE REFERÊNCIA BIDIMENSIONAL RETANGULAR	39
4.2	MODELO TRIDIMENSIONAL PRISMÁTICO.....	41
4.3	ESCOLHA DAS FUNÇÕES DE APROXIMAÇÃO E FUNÇÕES ACRESCIDAS	45
4.3.1	Casos usando somente as funções de aproximação	45
4.3.1.1	Tecido saudável	45
4.3.1.2	Tecido com presença de tumor	47
4.3.2	Casos com contribuição das funções acrescidas	48
4.3.2.1	Tecido saudável	48
4.3.2.2	Tecido doente devido à presença de tumor	50
4.3.3	Casos considerando tumor posicionado de forma não simétrica.....	51
4.4	MODELAGEM DE TUMORES ESFÉRICOS	54
4.5	CONSIDERAÇÃO DE OUTRAS CONDIÇÕES DE CONTORNO.....	58
5	ALGORITMO DE OTIMIZAÇÃO.....	62
5.1	INTRODUÇÃO	62
5.2	O ALGORITMO GENÉTICO.....	62
5.2.1	O método	62
5.2.2	Principais conceitos utilizados.....	63
5.3	FORMULAÇÃO DO ALGORITMO.....	64
5.3.1	Representação genética	65
5.3.1.1	Dimensionamento das variáveis	65
5.3.2	População inicial.....	66
5.3.3	Função de aptidão.....	67
5.3.3.1	Ordenamento linear	67
5.3.3.2	Ordenamento exponencial	68
5.3.4	Seleção	69
5.3.4.1	Elitismo.....	69
5.3.4.2	Amostragem estocástica universal	69
5.3.4.3	Torneio	70
5.3.4.4	Cruzamento e mutação	70
5.3.5	Critérios de atualização e parada.....	72
5.4	CARACTERÍSTICAS ESPECÍFICAS DO ALGORITMO GENÉTICO CONSTRUÍDO	73
5.4.1	Representação genética	73
5.4.2	População inicial.....	74
5.4.3	Função de aptidão.....	74
5.4.4	Operadores genéticos	74
5.4.5	Critérios de parada.....	74
5.5	FUNÇÃO HISTÓRICO	75
5.6	“BUSCA EM PROXIMIDADE”.....	76
6	SOLUÇÃO DE PROBLEMAS COM TUMORES SUBMERSOS NO TECIDO SAUDÁVEL	78
6.1	CASOS COM GEOMETRIA PRISMÁTICA	80
6.1.1	Caso 1.....	80
6.1.2	Caso 2.....	82
6.1.3	Caso 3.....	84
6.1.4	Caso 4.....	85

6.2	CASOS COM GEOMETRIA ESFÉRICA	87
6.2.1	Caso 5.....	87
6.2.2	Caso 6.....	89
6.2.3	Caso 7.....	91
6.2.4	Caso 8.....	92
6.3	CASOS CONSIDERANDO CONVECÇÃO E RADIAÇÃO	94
6.3.1	Caso 9.....	94
6.3.2	Caso 10.....	96
6.3.3	Caso 11.....	98
6.3.4	Caso 12.....	99
6.4	CONSIDERAÇÃO DE IMPERFEIÇÕES NOS EQUIPAMENTOS DE LEITURA.....	100
6.5	CASO COM GEOMETRIA PRISMÁTICA	101
6.5.1	Caso 13.....	101
6.5.2	Caso 14.....	102
6.5.3	Caso 15.....	104
6.6	CASOS COM GEOMETRIA ESFÉRICA	105
6.6.1	Caso 16.....	105
6.6.2	Caso 17.....	107
6.6.3	Caso 18.....	109
7	SOLUÇÃO DE PROBLEMAS COM TUMORES COM LOCAL CONHECIDO 111	
7.1	CARACTERÍSTICAS DO ALGORITMO GENÉTICO	112
7.2	CASOS COM GEOMETRIA PRISMÁTICA	113
7.2.1	Caso 19.....	113
7.2.2	Caso 20.....	115
7.2.3	Caso 21.....	117
7.3	CASOS CONSIDERANDO CONVECÇÃO E RADIAÇÃO	119
7.3.1	Caso 22.....	119
7.3.2	Caso 23.....	121
7.4	CONSIDERAÇÃO DE IMPERFEIÇÕES NOS EQUIPAMENTOS DE LEITURA.....	124
7.4.1	Caso 24.....	124
7.4.2	Caso 25.....	125
7.5	CASOS COM IMPERFEIÇÕES NOS EQUIPAMENTOS DE LEITURA JUNTO COM CONVECÇÃO E RADIAÇÃO	126
7.5.1	Caso 26.....	126
7.5.2	Caso 27.....	127
8	CONSIDERAÇÕES FINAIS E CONCLUSÕES	129
8.1	RESUMO DOS RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	129
8.2	CONCLUSÕES.....	137
8.3	SUGESTÕES PARA TRABALHOS FUTUROS.....	139
	BIBLIOGRAFIA	140

LISTA DE FIGURAS

Figura 1.1: Camadas da pele (http://anatomybydiogo.blogspot.com/ acessado em 10/05/2011).....	3
Figura 1.2: Local de formação do melanoma (traduzido de http://o-cancer-de-pele.blogspot.com/2010/09/melanoma.html , acessado em 10/05/2011).....	4
Figura 1.4: a) Termopar 40 Gauge (0,123mm) dentro de agulha 26 Gauge (0,457mm) utilizado por Pennes em seu trabalho. b) Termopar de 40 Gauge (0,123mm) dentro da agulha de 24 Gauge (0,5652mm) por sua vez dentro de outra agulha 19 Gauge (1,067mm) (adaptado de PENNES, 1948).	9
Figura 3.1: Definição geométrica do problema (BREBBIA e DOMINGUES, 1989).	21
Figura 3.2: Representação de um ponto no contorno bidimensional (BREBBIA e DOMINGUES, 1989).	23
Figura 3.3: Representação de um ponto no contorno tridimensional (BREBBIA e DOMINGUES, 1989).	24
Figura 3.4: Contorno Γ discretizado em elementos lineares (BREBBIA e DOMINGUES, 1989).	25
Figura 3.5:(a) Definição de elemento linear com suas coordenadas, (b) Interseção de elementos lineares (BREBBIA e DOMINGUES, 1989).	26
Figura 3.6: Elemento de superfície triangular constante.	29
Figura 3.7: Ilustração de montagem da matriz F.	38
Figura 4.1: Tumor retangular dentro de uma matriz de tecido saudável (PARTRIDGE e WROBEL, 2007).	39
Figura 4.2: Discretização de um tumor retangular dentro de uma matriz de tecido saudável (BUENO, 2008).....	40
Figura 4.3: Obtenção do modelo 2D simplificado a partir do modelo 3D construído no trabalho.	41
Figura 4.4: a) Modelo tridimensional de tecido orgânico saudável, b) Modelo tridimensional de tumor prismático e c) Tumor prismático dentro do tecido saudável.	42
Figura 4.5: Modelo discretizado em elementos de contorno triangulares.	44
Figura 4.6: Resultados para tecido saudável utilizando $f = 1 + r^3$	46
Figura 4.7: Resultados para tecido com tumor, utilizando $f = 1 + r^3$	48

Figura 4.8: Resultados para tecido saudável, utilizando $f = 1 + r$ com funções acrescidas.	49
Figura 4.9: Resultados para tecido saudável, utilizando $f = 1 + r^3$ com funções acrescidas.	50
Figura 4.10: Comparação gráfica dos resultados da Tabela 4.5.	52
Figura 4.11: Distribuição de temperatura para o modelo não simétrico, usando $f = 1 + r^3$ sem funções acrescidas.	53
Figura 4.12: Distribuição de temperatura para o modelo não simétrico, usando $f = 1 + r$ com as funções acrescidas.	54
Figura 4.13: Tumor circular discretizado dentro de um domínio de tecido saudável, localizado nas coordenadas 0,015; 0,00 (em metros) com diâmetro de 0,01m. (BUENO 2008).	55
Figura 4.14: Modelo esférico discretizado com 68 elementos triangulares, Modelo 1.	56
Figura 4.15: Modelo esférico discretizado com 48 elementos triangulares, Modelo 2.	56
Figura 4.16: Comparação gráfica dos resultados dos modelos tridimensionais com o modelo bidimensional.	57
Figura 4.17: Distribuição de temperatura para o modelo esférico de 48 elementos, centro nas coordenadas (0,00; 0,015, 0,00) e diâmetro de 0,02 m.	58
Figura 4.18: Distribuição de temperatura para o modelo retangular convectivo tamanho (0,02 x 0,01 x 0,02 m ³) e centro posicionado em (0,00; 0,01; 0,00).	60
Figura 5.1: Pressão de Seleção (LACERDA e CARVALHO, 1999).	68
Figura 5.2: Exemplo de roleta.	70
Figura 5.3: Cruzamento de um ponto (SAMPAIO, 2004)	71
Figura 5.4: Cruzamento de dois pontos (SAMPAIO, 2004).	71
Figura 5.5: Processo de mutação que ocorre quando a operação de probabilidade é verdadeira.	72
Figura 6.1: Distribuição de temperatura. Caso 1 prismático medidas 0,02 x 0,01 x 0,02 m e centro em (0,00; 0,01; 0,00).	80
Figura 6.2: População inicial do Caso 1, omitindo a variável tamanho.	81
Figura 6.3: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 1.	82
Figura 6.4: Modelo Caso 2 prismático medidas 0,025 x 0,0125 x 0,025 m e centro em (- 0,015; 0,011; 0;00).	83

Figura 6.5: Comparação das distribuições de temperaturas geradas diretamente e encontradas, no Caso 2.	84
Figura 6.6: Modelo Caso 3 prismático medidas 0,015 x 0,0075 x 0,015 m e centro em (0,00; 0,005; 0,015).	84
Figura 6.7: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 3.	85
Figura 6.8: Modelo Caso 4. Prismático com medidas 0,03 x 0,015 x 0,03 m e centro em (0,01125; 0,0011; 0,01125).	86
Figura 6.9: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 4.	87
Figura 6.10: Distribuição de temperatura do Caso 5. Modelo esférico diâmetro 0,02 m e centro em (0,00; 0,01;0,00).	88
Figura 6.11: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 5.	89
Figura 6.12: Modelo Caso 6. Esférico de diâmetro 0,02 m e centro em (-0,015; 0,02; 0,01125).	90
Figura 6.13: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 6.	91
Figura 6.14: Modelo Caso 7. Esférico de diâmetro 0,015 m e centro em (-0,075; 0,014; 0,0075).	91
Figura 6.15: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 7.	92
Figura 6.16: Modelo Caso 8. Esférico de diâmetro 0,01 m e centro em (0,00; 0,008; 0,0225).	93
Figura 6.17: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 8.	94
Figura 6.18: Modelo Caso 9 prismático medidas 0,03 x 0,015 x 0,03 m e centro em (0,00; 0,011; 0,00).	95
Figura 6.19: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 9.	96
Figura 6.20: Modelo Caso 10 prismático medidas 0,035 x 0,0175 x 0,035 m e centro em (0,00; 0,02; 0,0125).	96
Figura 6.21: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 10.	97

Figura 6.22: Modelo Caso 11. Esférico de diâmetro 0,015 m e centro em (0,00375; 0,008; 0,0075).....	98
Figura 6.23: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 11.....	99
Figura 6.24: Modelo Caso 12. Esférico de diâmetro 0,02 m e centro em (0,0075; 0,011; 0,0075).....	99
Figura 6.25: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 12.....	100
Figura 6.26: Distribuição de temperatura gerada diretamente . Caso 13 prismático medidas 0,02 x 0,01 x 0,02 m e centro em (0,00; 0,011; 0,00), erro de leitura $\sigma = 0,0267^\circ\text{C}$	101
Figura 6.27: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 13.....	102
Figura 6.28: Distribuição de temperatura gerada diretamente . Caso 14 prismático medidas 0,025 x 0,0125 x 0,025 m e centro em (-0,015; 0,011; 0,00), erro de leitura $\sigma = 0,046^\circ\text{C}$	103
Figura 6.29: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 14.....	104
Figura 6.30: Distribuição de temperatura gerada diretamente . Caso 15 prismático medidas 0,035 x 0,0175 x 0,035 m e centro em (0,00; 0,02; 0,01125), erro de leitura $\sigma = 0,0267^\circ\text{C}$	104
Figura 6.31: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 15.....	105
Figura 6.32: Distribuição de temperatura do Caso 16. Modelo esférico diâmetro 0,02 m e centro em (0,00; 0,01; 0,00) e desvio padrão de $\sigma = 0,0267^\circ\text{C}$	106
Figura 6.33: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 16.....	107
Figura 6.34: Distribuição de temperatura do Caso 17. Modelo esférico diâmetro 0,02 m e centro em (0,015; 0,02; 0,01125) e desvio padrão de $\sigma = 0,0578^\circ\text{C}$	107
Figura 6.35: Comparação das distribuições de temperaturas gerada diretamente s e encontradas, no Caso 17.	108
Figura 6.36: Distribuição de temperatura do Caso 18. Modelo esférico diâmetro 0,015 m e centro em (0,00375; 0,008; 0,0075) e desvio padrão de $\sigma = 0,0178^\circ\text{C}$	109

Figura 6.37: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 18.....	110
Figura 7.1: Distribuição de temperatura. Caso 19.....	113
Figura 7.2: Tumor superficial de dimensões (0,01x0,01x0,01), Caso 19.....	115
Figura 7.3: Distribuição de temperatura. Caso 20.....	116
Figura 7.4: Tumor superficial de dimensões (0,02x0,02x0,02), Caso 20.....	116
Figura 7.5: Distribuição de temperatura. Caso 21.....	117
Figura 7.6: Tumor superficial de dimensões (0,0112x0,0114x0,0158), Caso 21 e 22.....	118
Figura 7.7: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 21.....	119
Figura 7.8: Distribuição de temperatura. Caso 22.....	120
Figura 7.9: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 22.....	121
Figura 7.10: Distribuição de temperatura. Caso 23.....	122
Figura 7.11: Tumor superficial de dimensões (0,021x0,020x0,0150), Caso 23.....	122
Figura 7.12: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 23.....	123
Figura 7.13: Distribuição de temperatura. Caso 24.....	124
Figura 7.14: Distribuição de temperatura. Caso 25.....	125
Figura 7.15: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 26.....	127
Figura 7.16: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 27.....	128

LISTA DE TABELAS

Tabela 4.1: Resultados para as funções estudadas sem a contribuição das funções acrescidas.....	46
Tabela 4.2: Resultados para as funções estudadas, sem a contribuição das funções acrescidas.....	47
Tabela 4.3: Resultados para tecido saudável, com a contribuição das funções acrescidas.	49
Tabela 4.4: Resultados para as funções estudadas, com a contribuição das funções acrescidas.....	51
Tabela 4.5: Comparação dos resultados.	52
Tabela 4.6: Comparação dos resultados dos modelos tridimensionais com o modelo bidimensional.	57
Tabela 4.7: Comparação do modelo tridimensional convectivo com valores do modelo bidimensional.	60
Tabela 6.1: Resultado Caso 1	82
Tabela 6.2: Resultado Caso 5	89
Tabela 6.3: Resultados Caso 10.....	97
Tabela 6.4: Resultados Caso 17.....	108
Tabela 7.1: Leituras gerada diretamente pelo tumor do Caso 19 (0,01 0x 0,01 x 0,01). ..	114
Tabela 7.2: Resultados Caso 21.....	119
Tabela 7.3: Resultados Caso 22.....	121
Tabela 7.4: Resultados Caso 23.....	123
Tabela 7.5: Resultados Caso 25.....	126
Tabela 7.6: Resultados Caso 26.....	127
Tabela 7.7: Resultados Caso 27.....	128
Tabela 8.1: Tumores submersos de geometria prismática.....	129
Tabela 8.2: Tumores submersos de geometria esférica.	130
Tabela 8.3: Tumores submersos com convecção e radiação.	131
Tabela 8.4: Imperfeições no equipamento de leitura (Geometria prismática)	132
Tabela 8.5: Imperfeições no equipamento de leitura (Geometria esférica).....	133
Tabela 8.6: Tumores com local conhecido.....	134
Tabela 8.7: Tumores com local conhecido.....	135
Tabela 8.8: Tumores com local conhecido, ruído junto com convecção e radiação.	136

LISTA DE SÍMBOLOS

MRI – Imagem por Ressonância Magnética.

MEC – Método dos Elementos de Contorno.

MDF – Método das Diferenças Finitas.

MEF – Método dos Elementos Finitos.

MRD – Método da Reciprocidade Dual.

INCA – Instituto Nacional do Câncer.

TNM – Classificação segundo as variáveis. T: Tamanho, N: Localização no corpo do paciente e M: distância da ocorrência de metástase.

UICC – União Internacional Contra o Câncer.

°C – Unidade de temperatura “Graus Celsius”.

G – Gauge, unidade de medida em espessura segundo o SI.

PN – Referente a pólo Positivo e Negativo.

h_b – Taxa de transferência de calor por unidade de volume do tecido.

ρ_b – Densidade do sangue.

c_b – Calor específico do sangue.

ω_b – Pressão arterial do sangue.

∂ – Notação de derivada parcial.

T – Temperatura.

κ – Fator que leva em conta o equilíbrio térmico incompleto entre tecido e sangue.

$()_a$ – Referente a sangue arterial.

\bar{x} – Referente a um parâmetro qualquer x conhecido.

Q – Taxa de produção de calor metabólica por unidade de volume de tecido.

h_0 – Coeficiente de transferência de calor.

σ – Constante de Stefan-Boltzman.

ε – Fator de radiatividade.

$\Gamma()$ – Linha de contorno.

$\Omega()$ – Região de domínio.

\int_{Γ} – Integral no contorno.

\int_{Ω} – Integral no domínio.

$d()$ – Indica derivada.

u^* – Solução fundamental.

q^* – Derivada normal da solução fundamental.

Δi – Função delta de Dirac.

ϕ – Função de interpolação.

$P()$ – Probabilidade de um evento $()$ acontecer.

d_m – Desempenho médio.

m_d – Função de interpolação.

$\delta()$ – Comprimento de definição.

$o(\)$ – Número que representa a ordem de definição.

$(\)_r$ – Referente a características exteriores.

k, b, c_1, c_2 e c_3 – Constantes. Assumem valores de acordo com a necessidade.

1 INTRODUÇÃO

1.1 APRESENTAÇÃO

Um modelo matemático estacionário que simula a transferência de calor em todo o corpo humano foi desenvolvido por Wissler (1961). Este modelo incluía os seguintes elementos: produção distribuída de calor devido ao metabolismo, condução de calor nos tecidos, convecção de calor no fluxo sanguíneo, perda de calor por radiação, convecção e evaporação na superfície, perda de calor através do trato respiratório e troca de calor entre as grandes artérias e veias. Seus resultados calculados foram comparados com resultados experimentais e foram considerados satisfatórios.

Wissler (1961) usou a equação biotérmica desenvolvida no trabalho de Pennes (1948), trabalho este que foi posteriormente revisado pelo próprio Wissler em 1998. Logo, a equação proposta por Pennes agora é de conhecimento de todos e passou a ser conhecida como “equação biotérmica” ou apenas como “equação de Pennes”.

Liu e Xu (2000) investigaram o comportamento térmico em tecidos vivos sujeitos a diversas formas de aquecimento. Uma das formas estudadas é o aquecimento local da pele devido a presença de tumores de pele. Para esta análise Liu e Xu utilizaram um modelo em Método dos Elementos de Contorno com Reciprocidade Dual para obter a distribuição de temperatura na superfície da pele.

Os trabalhos de Chan (1992), Deng e Liu (2000), Liu e Xu (2000) e Deng e Liu (2004), fundamentam-se na observação de que tumores de pele ou de mama conduzem a um aumento do fluxo de sangue local e conseqüentemente a um aumento de temperatura local. Em outros casos como trombose ou esclerose vascular da circulação periférica, o sangue que flui na pele diminui, resultando na redução da temperatura superficial desta. Assim a observação de alguma anormalidade na distribuição de temperatura na superfície da pele pode ser utilizada para diagnósticos destas doenças.

Considerando estas observações Partridge e Wrobel (2007) desenvolveram um procedimento inverso de Algoritmo Genético, pelo qual pode ser obtido o tamanho e a localização de um tumor de pele a partir de medidas de temperatura na superfície desta em um modelo bidimensional.

Bueno (2008) melhorou os resultados apresentados no trabalho anterior (PARTRIDGE e WROBEL, 2007), implementando no algoritmo a capacidade de localização de tumores com geometria circular bidimensional.

Problemas inversos podem ser descritos como os métodos que tentam encontrar a causa (tamanho e posição do tumor) de um resultado conhecido (distribuição de temperatura na superfície da pele).

Existem várias técnicas para a localização de tumores: as invasivas, que necessitam de procedimentos cirúrgicos como cortes ou a introdução de sondas, e as não-invasivas, como ultra-som, MRI (Imagem por Ressonância Magnética) e os métodos térmicos. Entre as não-invasivas os métodos térmicos têm-se destacado por serem uma proposta econômica e segura (DENG e LIU, 2004).

O Algoritmo Genético é um método evolutivo que, nos trabalhos anteriores, se mostrou viável para problemas de diagnósticos baseados em informações térmicas. Uma de suas vantagens é a de dispensar uma suposição inicial sobre a posição do tumor e não serem necessários cálculos de sensibilidades ou direções de procura.

O presente trabalho utiliza-se desta técnica inversa, que em vez de partir de um tumor cuja posição e tamanho são conhecidos e calcular a distribuição de temperatura que este provoca na superfície da pele, parte-se de uma distribuição de temperatura medida na prática por equipamentos dotados de termômetros criados para este fim, e dela obtém-se a posição e o tamanho do tumor.

A distribuição de temperatura e o fluxo de calor em um maciço de pele podem ser simulados pela equação biotérmica de Pennes, que foi anteriormente estudada no contexto de MEC por Chan em 1992.

Técnicas numéricas baseadas no Método da Reciprocidade Dual (MRD) foram utilizadas para a solução direta da equação biotérmica por Liu e Xu em seus trabalhos de 1999 e 2000.

Problemas utilizando MEC para identificação de fontes de calor na superfície da pele a partir de medidas simultâneas de temperatura e fluxos de calor foram estudados por Ren *et al* em 1995 e por Majchrzak e Paruch (2004), que calcularam parâmetros físicos a partir de um algoritmo de mínimos-quadrados, baseados em coeficientes de sensibilidade.

Os modelos dos tumores aqui serão tratados de forma tridimensional, e não mais plana como nos trabalhos anteriores de Chan (1992), Deng e Liu (2000), Liu e Xu (2000) e Deng e Liu (2004), Partridge e Wrobel, (2007) e Bueno (2008). Assim buscando uma forma de obter resultados mais completos e satisfatórios.

1.2 CONCEITOS MÉDICOS EMPREGADOS

1.2.1 Câncer de pele

A pele é o revestimento externo do corpo, considerado o maior órgão do corpo humano e o mais pesado. Na anatomia, tem como suas principais funções a proteção dos tecidos subjacentes, regulação da temperatura corpórea, reserva de nutrientes e ainda conter terminações nervosas sensitivas (BRIOSCHI *et al*, 2003).

A pele apresenta três camadas (Figura 1.1): epiderme, derme e o hipoderme subcutâneo (tecnicamente externo à pele, mas relacionado a esta funcionalmente).

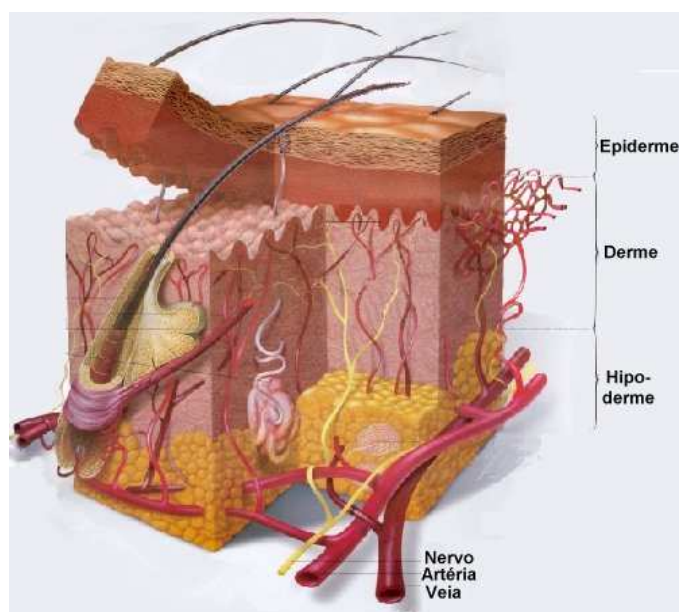


Figura 1.1: Camadas da pele (<http://anatomibydiogo.blogspot.com/> acessado em 10/05/2011).

A pele é praticamente idêntica em todos os grupos étnicos humanos. Nos indivíduos de pele escura os melanócitos produzem mais melanina que naqueles de pele clara, porém essa quantidade é similar.

Embora o câncer de pele seja o tipo de câncer mais freqüente, correspondendo a cerca de 25% de todos os tumores malignos registrados no Brasil, quando detectado precocemente este tipo de câncer apresenta altos percentuais de cura (BRIOSCHI *et al*, 2003).

O câncer de pele é mais comum em indivíduos com mais de 40 anos sendo relativamente raro em crianças e negros, com exceção daqueles que apresentam doenças cutâneas prévias. Indivíduos de pele clara, sensível à ação dos raios solares, ou com doenças cutâneas prévias são as principais vítimas do câncer de pele. Os negros normalmente têm câncer de pele nas regiões palmares e plantares (BRIOSCHI *et al*, 2003).

1.2.2 Melanomas

O melanoma cutâneo (figura 1.2) é um tipo de câncer que tem origem nos melanócitos (células produtoras de melanina, substância que determina a cor da pele) e tem predominância em adultos brancos. Embora só represente 4% dos tipos de câncer de pele, o melanoma é o mais grave devido à sua alta possibilidade de metástase, sendo metástase o nome dado a formação de uma nova lesão tumoral partir de outra, mas sem continuidade entre as duas.

Foi observado que o melanoma cutâneo ocorre preferencialmente no sexo feminino entre os 30 e os 79 anos de idade, localizando-se o maior pico dos 60 aos 69 anos, e predominantemente em indivíduos de cor branca. (PINHEIRO *et al*, 2003).

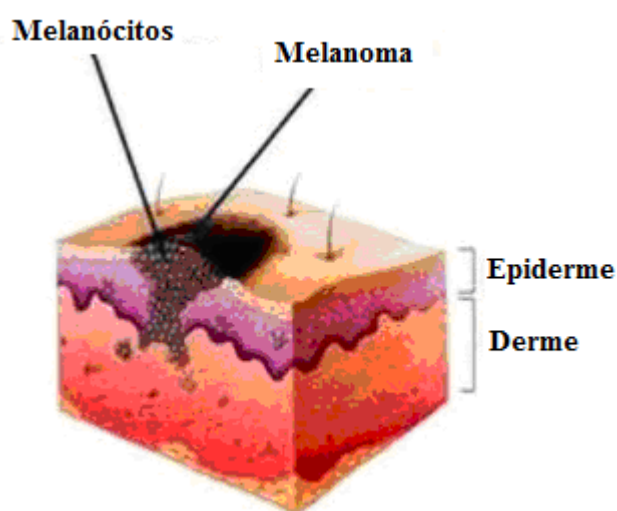


Figura 1.2: Local de formação do melanoma (traduzido de <http://o-cancer-de-pele.blogspot.com/2010/09/melanoma.html>, acessado em 10/05/2011).

A detecção precoce da doença é muito importante já que as chances de cura do melanoma são tanto maiores quanto mais cedo é diagnosticada a doença e iniciado o tratamento. (FIGUEIREDO *et al*, 2003).

Segundo Lang (1998) pacientes com lesões de espessura menor que 0,75mm possuem prognóstico excelente, ao contrário daqueles com lesões de espessura maior que 3mm, que possuem uma alta probabilidade de ocorrência de metástase.

Para o estudo do melanoma maligno é importante que se conheça sua classificação segundo o nível de invasão, que está diretamente relacionado à sua profundidade.

O fator de classificação dos melanomas é dado pelo índice de Breslow ou estadiamento vertical. Segundo Reed e Albino (1999) o índice Breslow é classificado em:

Tis, (in situ) ou tumor superficial;

TI, profundidade de até 0,75mm;

TII, profundidade de 0,75 até 1,5mm;

TIII, profundidade de 1,5 até 3mm;

TIV, profundidade de 3 até 4mm e

TV, profundidade maior do que 4mm.

Esse índice, que também representa a espessura tumoral, é considerado na atualidade o melhor atributo isolado para o acompanhamento clínico do paciente. É reconhecido como a medida para classificar os pacientes de acordo com o risco de desenvolver metástases (PINHEIRO *et al*, 2003).

Ser capaz de determinar a profundidade de um melanoma de forma não invasiva, significaria ser capaz de diagnosticar casos de melanomas segundo os índices citados. Assim a determinação da profundidade do melanoma é de fundamental importância para a escolha da forma de tratamento.

1.2.3 Câncer de mama

Segundo o INCA (Instituto Nacional do Câncer) o câncer de mama é o segundo tipo de câncer mais frequente no mundo e é o mais comum entre as mulheres, respondendo por 22% dos casos novos a cada ano. Se diagnosticado e tratado oportunamente, o prognóstico é relativamente bom. No Brasil, as taxas de mortalidade por câncer de mama são elevadas, muito provavelmente porque a doença é diagnosticada em estágios avançados. Na população mundial, a sobrevivência média após cinco anos do diagnóstico é de 61%.

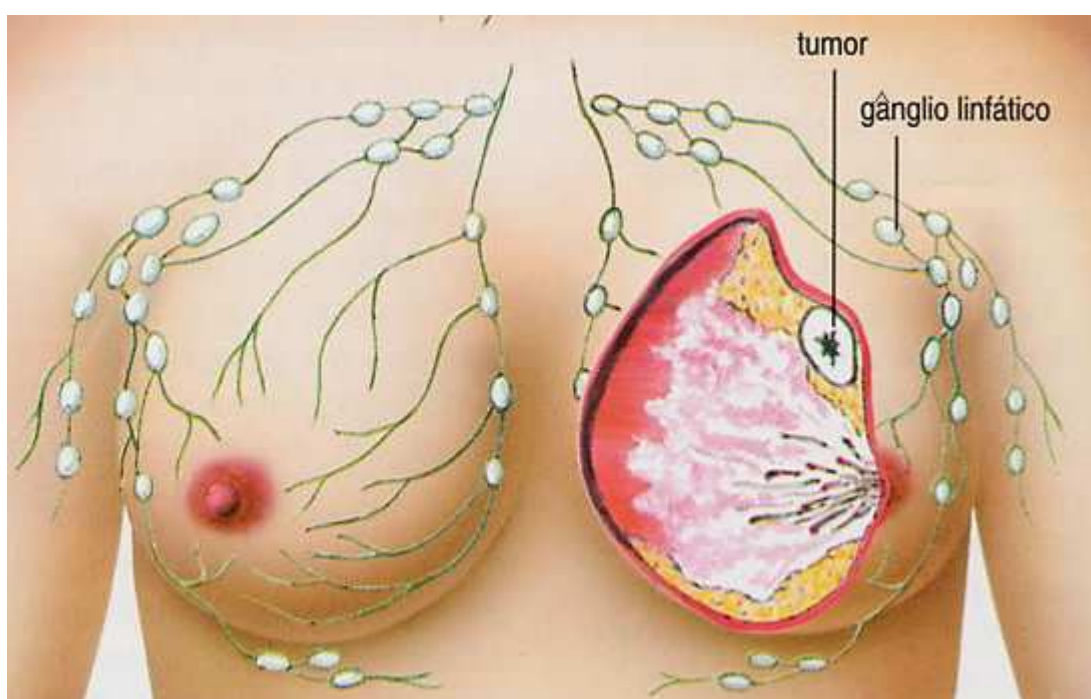


Figura 1.3: Tumor de mama. (<http://www.dihitt.com.br/barra/quimioterapia-contra-cancer-de-mama-pode-ser-desnecessaria-para-algumas-pacientes> acessado em 20/09/2011).

O tamanho do tumor juntamente com a condição dos linfonodos (Gânglios Linfáticos, Figura 1.3) axilares são os dois mais importantes indicadores prognósticos para câncer de mama, estando diretamente relacionados com o risco de reincidência, tanto que se constituem na base do estadiamento TNM (T: Tamanho, N: Localização no corpo do paciente e M: distância da ocorrência de metástase) estabelecido e promulgado pela União Internacional Contra o Câncer (ABREU e KOIFMAN, 2002).

O risco dos linfonodos estarem comprometidos é diretamente proporcional ao tamanho do tumor. Os tumores com até 1 cm de diâmetro apresentam a probabilidade média de 20% a 30% de estarem envolvendo linfonodos comprometidos pela doença (ABREU e KOIFMAN, 2002).

A Classificação Internacional de Tumores da União Internacional Contra o Câncer – UICC classifica os tumores de mama quanto ao seu tamanho da seguinte forma (SOBIN e WITTEKIND, 2002):

Tis: tumor *in situ* (superficial ou aparente);

T1: Tumor com 2 cm ou menos em sua maior dimensão.

T1mic: Microinvasão de 0,1 cm ou menos em sua maior dimensão;

T1a: Com mais de 0,1 cm, até 0,5 cm em sua maior dimensão;

T1b: Com mais de 0,5 cm, até 1 cm em sua maior dimensão;

T1c: Com mais de 1 cm, porém não mais de 2 cm em sua maior dimensão;

T2: Tumor com mais de 2 cm, porém não mais de 5 cm em sua maior dimensão;

T3: Tumor com mais de 5 cm em sua maior dimensão;

T4: Tumor de qualquer tamanho com extensão direta à parede torácica ou à pele.

Semelhante aos casos de melanomas onde determinar a profundidade de um melanoma é de fundamental importância, nos tumores de mama, por se tratarem na maiorias dos casos de lesões subcutâneas, a determinação do tamanho da lesão é de fundamental importância para a escolha da forma de tratamento e das possíveis conseqüências da lesão.

Assim o acompanhamento da redução de tamanho e/ou do crescimento de um foco cancerígeno poderá determinar a real eficácia de um tratamento, muitas vezes de alto custo, ou a necessidade de busca de outra forma terapêutica em tempo hábil.

1.3 MEDIDORES DE TEMPERATURA

1.3.1 Tipos de termômetros mais usados na literatura médica

Os termômetros usados para medir a temperatura do corpo humano precisam cobrir uma faixa de temperatura de 35 a 40 °C, pelo fato de que a maioria das variações de temperatura fisiológicas e patológicas ocorrem dentro desse intervalo, desde as temperaturas mais baixas, no início da manhã ou em tempo frio, às temperaturas mais altas durante doenças que causam febre ou prática exercícios físicos (DUBOIS, 1951 *apud* TOGAWA, 1985).

Muitos tipos de sensores de temperatura estão disponíveis para termometria médica e assim sempre haverá alternativas destes sensores. Togawa (1985) estudou os diversos tipos de termômetros disponíveis para a comunidade médica. Segundo ele os principais medidores de temperaturas disponíveis são:

1º. Termosistores

É o sensor termosensitivo mais utilizado. Tem um grande coeficiente de temperatura de cerca de $4\% \text{ } ^\circ\text{C}^{-1}$, que é cerca de 10 vezes maior que o de elementos metálicos termosensíveis.

A sua precisão a longo prazo é de 0,1 °C, mas foi atingido precisões de até $10^{-4} \text{ } ^\circ\text{C}$ com um tempo de estabilidade de 100 dias. Possui comportamento não-linear, mas sua característica de resistência proporcional a temperatura pode ser corrigida adicionando um resistor fixo, de modo que a saída seja linear e com precisão de 0,03 °C dentro de uma faixa de 20 °C. Pode ser equalizado pela adição de duas resistências fixas diferentes entre si, de modo a produzir resultados com precisão de 0,01 °C em uma faixa de temperatura de 10° C.

2º. Termopares

O termopar é um sensor termoelétrico típico. Ele fornece uma força eletromotriz que é proporcional à diferença de temperatura. Embora esta força eletromotriz não seja linear dentro de uma ampla faixa de temperatura, a não-linearidade é pequena dentro da faixa de temperatura utilizada na termometria médica. O erro na variação de temperatura em situações controladas pode chegar a cerca de 0,05 °C. A variação na sensibilidade em

termopares comerciais é de 0,5% para ligas de Cobre/Níquel e 0,25% para ligas de Platina/Ródio. Uma precisão final de 0,3 °C é comumente atingida por termômetros comerciais sem calibração individual.

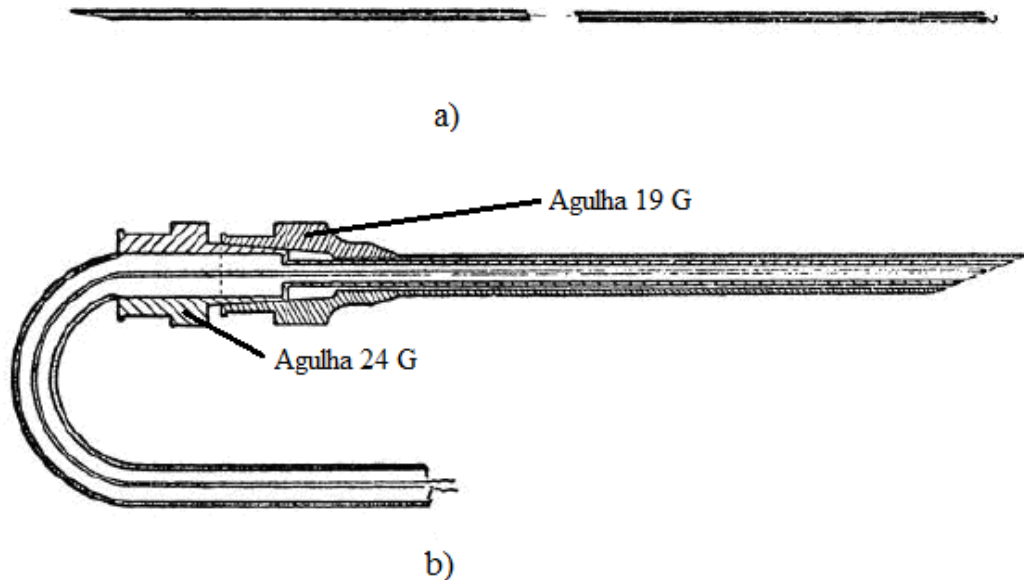


Figura 1.4: a) Termopar 40 Gauge (0,123mm) dentro de agulha 26 Gauge (0,457mm) utilizado por Pennes em seu trabalho. b) Termopar de 40 Gauge (0,123mm) dentro da agulha de 24 Gauge (0,5652mm) por sua vez dentro de outra agulha 19 Gauge (1,067mm) (adaptado de PENNES, 1948).

3º. Fio fino de película termosensível

O material mais comumente utilizado como elemento é a platina. Este possui uma maior estabilidade e uma menor não-linearidade, e seu coeficiente de temperatura é cerca de $0,4\% \text{ } ^\circ\text{C}^{-1}$, um décimo dos termistores. Esta característica o torna impróprio para o uso como um termômetro em uma faixa estreita de temperatura. Por outro lado, os fios finos com elementos de película fina, tem a vantagem notável de terem uma resposta rápida. Por exemplo, um fio de platina de diâmetro $2,5 \mu\text{m}$ pode obter respostas consideráveis em cerca de 0,1 ms.

4º. Diodos e Transistores em junção PN

O coeficiente de temperatura obtido através da tensão em uma junção PN (P: polo positivo e N: Polo negativo) obtido sob um fluxo de corrente constante, pode ser usado como um sensor de temperatura. O coeficiente de temperatura é de $2 \text{ mV } ^\circ\text{C}^{-1}$, aproximadamente 50

vezes maior que o de um termopar. A não-linearidade não é grande e pode ser compensada. O erro é inferior a 0,05 °C dentro de uma faixa de -50 °C a + 100 °C.

5°. Osciladores de cristal

Um oscilador de quartzo com um formato adequado tem um coeficiente de temperatura de cerca de 35 ppm °C⁻¹ em sua frequência de ressonância. Aos 28 MHz a variação na frequência é de cerca de 1000 Hz °C⁻¹. Embora a resolução de temperatura seja limitada pela estabilidade do ressonador, uma precisão de 0,00005 °C é atingida em medições de curto prazo.

Termômetros comerciais de quartzo podem ser encontrados com resolução absoluta de 0,04 °C em uma faixa de temperatura de -80 a 250 °C.

6°. Detectores de infravermelho

A resolução de temperatura de um termômetro de radiação comercial é de 0,02 °C dentro de um intervalo de 0 a 50°C. O tamanho do ponto de captura é de alguns milímetros de diâmetro e o tempo de resposta é menos de 1 s.

1.3.2 Medição de temperatura na superfície da pele

Sondas de contato montadas sob tecidos são as mais convenientes para medir a temperatura na superfície da pele quando se está monitorando esta por longos períodos. Porém se forem necessárias medições térmicas instantâneas, os termômetros de radiação serão a melhor solução, pois obtém a leitura sem contato e, portanto, perturbando menos as condições térmicas na superfície da pele.

1.3.2.1 Sondas de contato

Termopares e termosistores têm sido comumente utilizados como sensor de temperatura de contato. O desempenho dos termopares foi estudado com detalhes em Stoll e Hardy, 1950 (*apud* TOGAWA, 1985) onde avaliaram a espessura da sonda e a pressão de contato que também interfere nos valores encontrados.

O tempo de contato da sonda termopar é determinada principalmente pelo seu design, porém o tempo de contato com a pele pode ser reduzido se a sonda passar por um processo de preaquecimento antes da leitura (TOGAWA, 1985).

1.3.2.2 Termômetro de radiação

O termômetro de radiação é capaz de medir a temperatura sem o contato, o que torna esta solução muito vantajosa pois a condição térmica da superfície da pele não é perturbada pelo equipamento de medição. A ferramenta mais utilizada no cotidiano médico é a Termografia.

Criada na década de 60 a Termografia apresentava resultados sugestivos, porém até os anos 80 ainda obtinha imagens de baixa resolução e sensibilidade. No final da década de 90 surgiram os atuais sensores infravermelhos de alta sensibilidade. O fator decisivo foi uma sensibilidade de até 0,02 °C, obtida nos detectores mais recentes com resultado em tempo real (BRIOSCHI *et al*, 2003).

O procedimento utiliza um sistema mecânico que posiciona o sensor próximo ao paciente e computadores fornecem a representação gráfica dos padrões térmicos presentes na pele humana, com valores de alta resolução e alta sensibilidade.

Brioschi e seus co-autores (2003) exemplificam o uso dessa técnica em diversos casos do cotidiano médico: Doenças vasculares; Varizes; Microangiopatia diabética; Trombose venosa profunda; Vascularização da cabeça e do pescoço e Cirurgia cardiovascular.

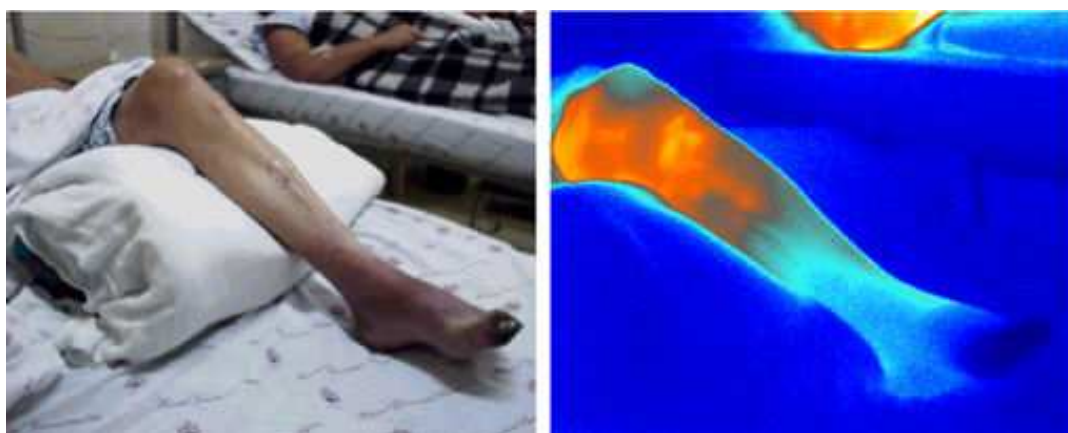


Figura 1.5:Exemplo de termografia para detecção de nível de amputação (BRIOSCHI *et al*, 2003).

1.4 OBJETIVOS

Sabendo da necessidade de determinação do tamanho de um tumor e que este produz uma variação de temperatura na superfície da pele, vê-se aqui uma possibilidade de colaborar com as pesquisas sobre tumores cancerígenos a partir de informações térmicas da superfície da pele.

O presente trabalho tem os seguintes objetivos:

- 1° Detalhar a forma de implementação em elementos de contorno tridimensional para problemas térmicos;
- 2° Determinar a função de aproximação, em MRD, que traz os melhores resultados para a modelagem térmica tridimensional e comparar com os resultados do modelo bidimensional;
- 3° Criar um algoritmo genético, com funções rápidas e eficientes, capaz de traduzir leituras na superfície da pele em informações de localização e tamanho de tumores, e assim colaborar com os estudos sobre esta ferramenta de otimização;
- 4° Analisar os resultados encontrados, discutir as aplicações e limitações do método;
- 5° Deixar uma contribuição à comunidade científica, mais especificamente à engenharia médica, aqui desenvolvendo uma ferramenta numérica capaz de colaborar com o diagnóstico e tratamento de tumores.

1.5 ESTRUTURA DO TEXTO

Este trabalho está dividido em sete capítulos, descritos a seguir.

O primeiro é a introdução, onde se apresenta quais as motivações e principais conceitos que vieram a tornar possível a realização deste trabalho.

No segundo capítulo é apresentado o trabalho de Pennes e sua equação biotérmica acompanhada de como foi feita a simplificação de suas constantes.

O capítulo três considera a formulação e conceitos do Métodos dos Elementos de Contorno com Reciprocidade Dual que serão necessários neste trabalho.

No quarto capítulo apresenta-se como foi construído o modelo tridimensional para que fosse possível comparar os seus resultados com os casos de referência bidimensionais. Além de apresentar detalhes da escolha de qual associação de funções de aproximação e funções acrescidas encontram resultados mais precisos quando comparado com os modelos da literatura.

O capítulo cinco concentra-se em descrever a formulação do algoritmo genético encontrada na literatura, e apresentar as estruturas específicas do algoritmo construído neste trabalho.

O sexto capítulo apresenta os resultados obtidos neste trabalho para os casos de localização dos tumores.

No sétimo são apresentados os resultados para os problemas de tumores superficiais, com localização conhecida, sendo necessário determinar suas dimensões.

E por último, no oitavo capítulo estão o resumo dos resultados apresentados, as discussões e conclusões sobre os mesmos e as possibilidades de uso do método, além de sugestões para trabalhos que podem ser viabilizados com o uso desta ferramenta numérica.

2 A EQUAÇÃO BIOTÉRMICA DE PENNES

2.1 O TRABALHO DE PENNES

Em seu trabalho publicado no 1º volume do “Journal of Applied Physiology” em 1948 Pennes estudou a distribuição radial de temperatura no antebraço do corpo humano, colocando termopares nos braços de seus pacientes. Ele também fez uma grande pesquisa sobre a forma de medição de temperatura na pele, mais especificamente no antebraço.

O objetivo do estudo foi avaliar a aplicabilidade da teoria do fluxo de calor em tecidos do antebraço, em função da taxa local de produção de calor local e do fluxo de sangue local.

Uma característica importante da abordagem de Pennes é que o seu balanço microscópico de energia térmica dos tecidos é linear, o que significa que a equação é passível de análise por vários métodos usados para resolver a equação de condução de calor (WISSLER, 1998).

A equação de Pennes passou a ganhar grande aceitação, visto que a mesma apresentava resultados que concordavam com as observações experimentais, porém importantes questões sobre sua validade continuavam ainda sem resposta. Essas questões vinham de três preocupações: uma é que os dados experimentais de Pennes parecem variar frente os seus resultados teóricos; a segunda é que Pennes focou sua atenção na transferência de calor entre o sangue capilar e o tecido, porém é facilmente demonstrado que a temperatura do sangue nas artérias pré-capilares e as veias pós-capilares são próximas à temperatura do tecido ao seu redor; a terceira preocupação era que o efeito da perfusão de calor provavelmente não é isotrópico.

Essas preocupações levaram vários pesquisadores a proporem alternativas para a equação de Pennes, porém em 1998, Wissler publicou uma revisão sobre o artigo de Pennes, que veio para apoiar a teoria de Pennes. Ele propôs uma forma mais rigorosa de analisar seus dados por meio dos resultados fornecidos pelos experimentos de Barcroft e Edholm (1946, apud WISSLER, 1998), nos quais Pennes se baseava, e validou a teoria de Pennes.

Conseqüentemente, este modelo foi ainda mais aceito e passou a ser adotado por muitos autores que estudam os modelos matemáticos de transferência de calor no corpo humano.

2.2 MODELO MATEMÁTICO

Segundo Pennes (1948) a taxa de transferência de calor entre o sangue e o tecido é proporcional ao produto da taxa de fluxo de sangue e à diferença entre a temperatura do sangue arterial e à temperatura do tecido local. Assim ele escreveu a equação biotérmica da seguinte forma:

$$h_b = \omega_b \rho_b c_b (1 - \kappa)(T_a - T) \quad (2.1)$$

Onde h_b é a taxa de transferência de calor por unidade de volume do tecido, ω_b é a taxa do fluxo de sangue por unidade de volume do tecido, ρ_b é a densidade do sangue c_b é o calor específico do sangue, κ é um fator que leva em conta o equilíbrio térmico incompleto entre tecido e sangue, T_a é a temperatura do sangue arterial e T é a temperatura do tecido no local.

Pennes assumiu que κ varia entre 0 e 1, porém considerou $\kappa = 0$ para suas curvas teóricas assim como outros pesquisadores após ele (WISSLER, 1998).

O balanço térmico de energia por perfusão no tecido é expresso da seguinte forma:

$$\rho c \frac{\partial T}{\partial t} = k \nabla^2 T + \omega_b \rho_b c_b (T_a - T) + Q \quad (2.2)$$

Que pode ser reescrita como:

$$\frac{\rho c}{k} \frac{\partial T}{\partial t} = \nabla^2 T + \frac{\omega_b \rho_b c_b}{k} (T_a - T) + \frac{Q}{k} \quad (2.3)$$

Onde ρ , c e k representam respectivamente densidade, calor específico e condutividade térmica do tecido e Q é a taxa de produção de calor metabólica por unidade de volume de tecido.

A equação (2.3) está sujeita às condições de contorno habituais para problemas térmicos:

1º) temperatura prescrita $T = \bar{T}$;

2º) fluxo de calor prescrita $q = \bar{q}$;

3º) a convecção $q = -h_0(T - T_0)$, onde h_0 é o coeficiente de transferência de calor e T_0 é a temperatura do fluido circunvizinho;

4º) radiação $q = -\sigma\varepsilon(T_r^4 - T^4)$, onde σ é a constante de Stefan-Boltzman e ε é o fator de radiatividade que atua entre a superfície e a temperatura ambiente exterior T_r .

Para uma análise em um determinado instante, a equação (2.3) deve ser simplificada para a forma estacionária, ficando assim escrita:

$$\nabla^2 T = -\frac{\omega_b \rho_b c_b}{k} (T_a - T) - \frac{Q}{k} \quad (2.4)$$

2.2.1 Simplificação matemática das constantes

Associando as constantes da equação (2.4), tem-se:

$$\nabla^2 T = -c_1(T_a - T) - c_2 \quad (2.5)$$

Onde c_1 e c_2 são definidos como:

$$c_1 = \frac{\omega_b \rho_b c_b}{k}$$

$$c_2 = \frac{Q}{k}$$

Efetuada a multiplicação, a equação (2.5) também pode ser escrita como:

$$\nabla^2 T = -c_1 T_a + c_1 T - c_2 \quad (2.6)$$

Sendo T_a constante pode-se reduzir a equação (2.6) para:

$$\nabla^2 T = c_3 + c_1 T \quad (2.7)$$

Onde:

$$c_3 = -c_1 T_a - c_2$$

Na equação (2.7), considerando somente a constante c_3 , tem-se um problema de solução da equação de Poisson e quando ao considera-se $c_1 T$ tem-se uma equação de Helmholtz. O primeiro termo é uma função do espaço, mas não traz a variável do problema, e o segundo é dependente da variável T .

Estas equações, neste trabalho, são resolvidas usando o MEC com MRD, métodos que serão detalhados no capítulo a seguir.

3 MÉTODO DOS ELEMENTOS DE CONTORNO PARA PROBLEMAS DE POTENCIAL

3.1 INTRODUÇÃO

O método dos elementos de contorno é um bem estabelecido método numérico, cuja principal característica é a redução na dimensão do problema (BREBBIA e DOMINGUES 1989, BREBBIA *et al*, 1984 e WROBEL e ALIABADI, 2002).

Este método é capaz de resolver problemas em domínios complexos a partir de informações conhecidas no contorno. Os métodos clássicos para resolver problemas contínuos na engenharia em geral utilizam alguma forma de discretização do domínio.

Os principais métodos numéricos para a obtenção da solução destes problemas são:

Método das Diferenças Finitas (MDF);

Método dos Elementos Finitos (MEF);

Método dos Elementos de Contorno (MEC).

3.1.1 Método das Diferenças Finitas (MDF)

A técnica das diferenças finitas aproxima as derivadas da equação diferencial que rege cada problema usando série de Taylor e as expressa em função do número de pontos de uma malha definida em todo o domínio. Isso resulta em uma série de equações algébricas, as quais são resolvidas para as condições de contorno predefinidas.

No entanto a forma de discretização do modelo é claramente a maior dificuldade da técnica, principalmente em situações que envolvem geometria curva, dificultada pelo tratamento das condições de contorno nessas situações.

Para os casos de contornos mais gerais a malha de diferenças finitas pode não ter precisão para reproduzir a geometria desses problemas. Além disso, para a introdução de condições de contorno que envolvam derivadas este método requer o uso de pontos externos fictícios ou definição de uma série de ordem mais baixa a qual reduz a precisão dos resultados (DIAS, 2009).

3.1.2 Método dos Elementos Finitos (MEF)

Este método envolve a aproximação de variáveis sobre pequenas partes do domínio chamadas de elementos, em termos de funções polinomiais de interpolação. O erro introduzido por essa aproximação é distribuído através de uma equação de resíduos ponderados. Isso resulta em matrizes locais de influência que guardam as propriedades de cada elemento. A associação dessas matrizes locais de influência resulta em uma matriz global capaz de representar as propriedades do modelo contínuo.

A desvantagem deste método é a quantidade de dados necessários para discretizar o domínio, e com isso, dependendo da malha, esta técnica pode fornecer resultados que venham a comprometer a precisão da análise (DIAS, 2009).

3.1.3 Método dos Elementos de Contorno (MEC)

O Método dos Elementos de Contorno, como o seu próprio nome diz, é o único que pode exigir apenas uma discretização do contorno, podendo ou não ter pontos no domínio para melhorar a precisão dos resultados ou obter informações em postos internos, quando desejado.

O MEC pode ser mais facilmente aplicado a problemas com domínios complexos. Na maioria das vezes, por aproximar os resultados a partir de informações conhecidas no contorno, pode-se modelar com mais facilidade problemas que apresentam dificuldades elevadas de modelagem (DIAS, 2009).

Esta característica é muito importante neste trabalho, onde cada cromossomo gerado pelo algoritmo genético representaria uma malha diferente se fosse utilizado diferenças finitas ou elementos finitos. Já com o método dos elementos de contorno a malha básica não será modificada, uma vez que o contorno não é alterado. É necessário apenas mudar a posição dos elementos que discretizam a superfície do tumor, o que pode ser feito simplesmente recalculando as coordenadas dos nós em função da posição central e do tamanho do tumor.

No MEC a solução é obtida através de um processo de discretização da equação integral que governa o problema. Este processo de discretização conduz a um sistema de equações algébrico que uma vez resolvido fornece as incógnitas do contorno.

O Método dos Elementos de Contorno pode ser facilmente ajustado a contornos geometricamente complexos, bidimensionais ou tridimensionais, além disso, uma vez que todas as aproximações estão restritas ao contorno pode-se modelar regiões com gradientes elevados com melhor exatidão que o Método dos Elementos Finitos (BACARJI, 2001).

3.2 FORMULAÇÃO PARA EQUAÇÃO DE POISSON E LAPLACE

O primeiro passo para dedução da integral de contorno é a escolha do método que vai ser utilizado. Dentre esses métodos podem ser citados o método dos resíduos ponderados, o Teorema de Betti, a identidade de Green e o princípio dos trabalhos virtuais. Neste trabalho a método utilizado é o dos resíduos ponderados.

Considere a equação de Poisson:

$$\nabla^2 u = b \text{ em } \Omega \quad (3.1)$$

Com as condições de contorno básicas:

- 1° Temperatura conhecida, $u = \bar{u}$;
- 2° Fluxo conhecido, $q = \partial u / \partial n = \bar{q}$;
- 3° Convecção, $q = -h(T - T_0)$ e
- 4° Radiação, $q = -\sigma\epsilon(T^4 - T_r^4)$.

Onde n é o vetor normal externo ao contorno, $\Gamma = \Gamma_1 + \Gamma_2$ e a grafia de barra na parte superior de uma variável indica que esta tem seu valor conhecido. Condições de contorno mais complexas serão combinações das apresentadas acima, como por exemplo:

$$\alpha u + \beta q = \gamma \quad (3.2)$$

onde α , β e γ são parâmetros conhecidos e podem ser facilmente incluídos conforme Brebbia *et al* (1984).

As condições de contorno 3° e 4° serão tratadas na seção 4.5.

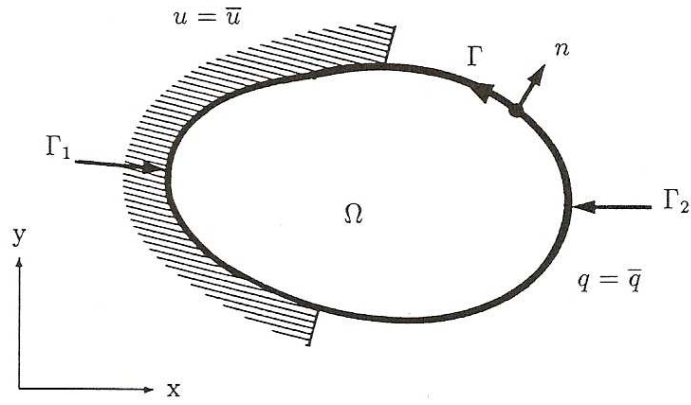


Figura 3.1: Definição geométrica do problema (BREBBIA e DOMINGUES, 1989).

Se o valor exato (porém desconhecido) de u e q for substituído por uma solução aproximada u^* e $q^* = \partial u^* / \partial n$, o erro introduzido pode ser minimizado através da ponderação dos resíduos. Definindo R como o resíduo, pode-se escrever:

$$R = \nabla^2 u - b \neq 0 \text{ no } \Omega;$$

$$R_1 = u - \bar{u} \neq 0 \text{ sobre } \Gamma_1;$$

$$R_2 = q - \bar{q} \neq 0 \text{ sobre } \Gamma_2.$$

A equação de resíduos ponderados fica definida então como:

$$\int_{\Omega} R u^* d\Omega = \int_{\Gamma_2} R_2 u^* d\Gamma - \int_{\Gamma_1} R_1 q^* d\Gamma \quad (3.3)$$

ou

$$\int_{\Omega} (\nabla^2 u - b) u^* d\Omega = \int_{\Gamma_2} (q - \bar{q}) u^* d\Gamma - \int_{\Gamma_1} (u - \bar{u}) q^* d\Gamma \quad (3.4)$$

O objetivo deste procedimento é forçar o resíduo ser bem próximo de zero. Calculando duas integrações por partes a partir da equação (3.4), obtém-se:

$$\int_{\Omega} (\nabla^2 u^*) u d\Omega - \int_{\Omega} b u^* d\Omega = - \int_{\Gamma_2} \bar{q} u^* d\Gamma - \int_{\Gamma_1} q u^* d\Gamma + \int_{\Gamma_2} u q^* d\Gamma + \int_{\Gamma_1} \bar{u} q^* d\Gamma \quad (3.5)$$

Esta equação é o ponto de partida para a aplicação do método dos elementos de contorno. Para transformar a equação (3.5) em uma integral de contorno é necessário calcular a solução fundamental para u^* .

3.2.1 Solução fundamental

A solução fundamental u^* representa o valor gerado por uma fonte unitária concentrada agindo num ponto i . O efeito dessa fonte é propagado de i para infinito sem qualquer consideração de condições de contorno. Por causa disto, u^* satisfaz a equação de Poisson seguinte:

$$\nabla^2 u^* + \Delta i = 0 \quad (3.6)$$

Onde Δi representa a função delta de Dirac que tende ao infinito no ponto $x = x_i$ e é igual a zero em todos os outros pontos. A integral do Δi sobre o domínio é igual a um. Assim a integral da função delta de Dirac multiplicada por qualquer outra função é igual ao valor da função no ponto i (BREBBIA e DOMINGUES, 1989). Então:

$$\int_{\Omega} (\nabla^2 u^*) u d\Omega = \int_{\Omega} (-\Delta_i) u d\Omega = u_i \quad (3.7)$$

Usando as propriedades da solução fundamental, (3.5) pode ser escrita como,

$$u_i + \int_{\Gamma_2} u q^* d\Gamma + \int_{\Gamma_1} \bar{u} q^* d\Gamma + \int_{\Omega} b u^* d\Omega = \int_{\Gamma_2} \bar{q} u^* d\Gamma + \int_{\Gamma_1} q u^* d\Gamma \quad (3.8)$$

Segundo Brebbia e Domingues (1989), sabe-se que a solução fundamental da equação (3.6) para meios isotrópicos bi-dimensionais é:

$$u^* = \frac{1}{2\pi} \ln\left(\frac{1}{r}\right) \quad (3.9)$$

E para meios tridimensionais tem-se:

$$u^* = \frac{1}{4\pi r} \quad (3.10)$$

onde r é a distância do ponto de aplicação i da fonte concentrada para qualquer outro ponto considerado no somatório.

3.2.2 Equação integral de contorno

Sabendo que $\Gamma = \Gamma_1 + \Gamma_2$, é possível simplificar a equação (3.8) da seguinte forma:

$$u_i + \int_{\Gamma} uq^* d\Gamma + \int_{\Omega} bu^* d\Omega = \int_{\Gamma} u^* qd\Gamma \quad (3.11)$$

A integral no domínio Ω , $\int_{\Omega} bu^* d\Omega$, é consequência do termo b da equação de Poisson, que terá sua solução demonstrada no item 3.3 desse capítulo.

A equação (3.11) deduzida semelhantemente para a equação de Laplace,

$$\nabla^2 u = 0 \quad (3.12)$$

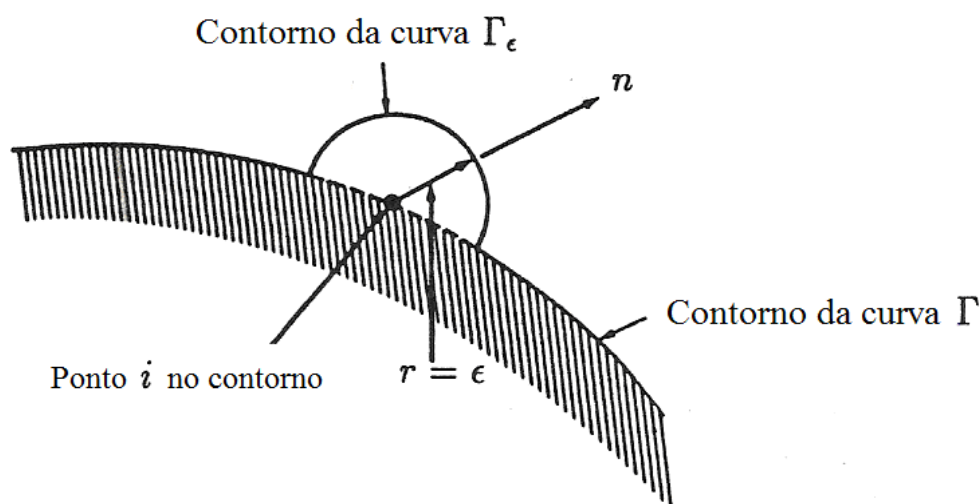
fica assim definida,

$$u_i + \int_{\Gamma} uq^* d\Gamma = \int_{\Gamma} u^* qd\Gamma \quad (3.13)$$

Considerando um contorno suave e substituindo a solução fundamental em (3.13) para casos bidimensionais, tem-se:

$$\lim_{\varepsilon \rightarrow 0} \left\{ \int_{\Gamma_{\varepsilon}} uq^* d\Gamma \right\} = \lim_{\varepsilon \rightarrow 0} \left\{ \int_{\Gamma_{\varepsilon}} u \left(-\frac{1}{2\pi} \cdot \frac{1}{\varepsilon} \right) d\Gamma \right\} = \lim_{\varepsilon \rightarrow 0} \left\{ -u \frac{\pi\varepsilon}{2\pi\varepsilon} \right\} = -\frac{1}{2} u_i \quad (3.14)$$

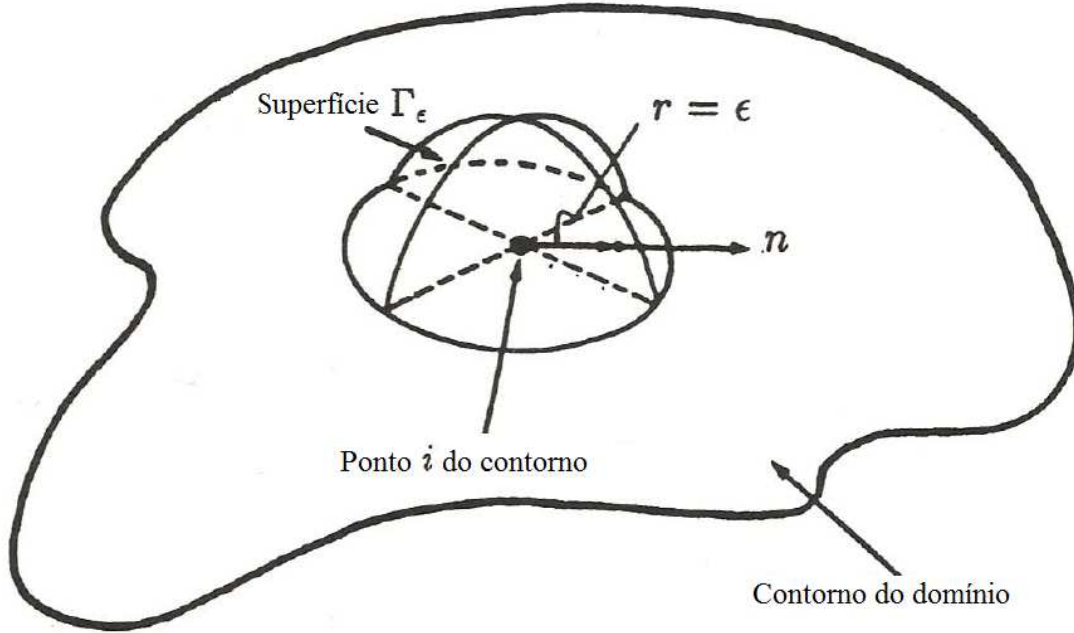
Onde um ponto no contorno pode ser representado por um ponto interno a um semicírculo de raio $r = \varepsilon$ onde $\varepsilon \rightarrow 0$, como ilustrado na figura 3.2.



Caso em 2D

Figura 3.2: Representação de um ponto no contorno bidimensional (BREBBIA e DOMINGUES, 1989).

De maneira similar, a aplicação para problemas tridimensionais é considerar que o domínio é acrescido por uma semi-esfera de raio ϵ no ponto i do contorno, como mostrado na figura 3.3:



Caso em 3D

Figura 3.3: Representação de um ponto no contorno tridimensional (BREBBIA e DOMINGUES, 1989).

O ponto i é considerado localizado no centro e então o limite quando o raio $\epsilon \rightarrow 0$ é determinado. Logo o ponto se tornará novamente um ponto do contorno e a expressão resultante será um caso especial de (3.8) para um ponto no contorno Γ .

Para casos tridimensionais:

$$\lim_{\epsilon \rightarrow 0} \left\{ \int_{\Gamma_\epsilon} uq^* d\Gamma \right\} = \lim_{\epsilon \rightarrow 0} \left\{ \int_{\Gamma_\epsilon} u \left(-\frac{1}{4\pi} \cdot \frac{1}{\epsilon^2} \right) d\Gamma \right\} = \lim_{\epsilon \rightarrow 0} \left\{ -u \frac{2\pi\epsilon^2}{4\pi\epsilon^2} \right\} = -\frac{1}{2} u_i \quad (3.15)$$

Assim as equações (3.14) e (3.15), para um ponto i no contorno ficam:

$$\frac{1}{2} u_i + \int_{\Gamma} uq^* d\Gamma = \int_{\Gamma} u^* q d\Gamma \quad (3.16)$$

Esta é a equação integral usada como ponto inicial para a formulação do método dos elementos de contorno.

3.2.3 Método dos elementos de contorno para a Equação de Laplace

A equação de contorno (3.16) pode ser generalizada,

$$c_i u_i + \int_{\Gamma} u q^* d\Gamma = \int_{\Gamma} u^* q d\Gamma \quad (3.17)$$

O valor de c_i para qualquer tipo de contorno pode ser representado por:

$$c_i = \frac{\theta}{2\pi} \quad (3.18)$$

Onde θ é o ângulo interno no ponto i em radianos e o valor de $c_i = 1/2$ é aplicado para nós localizados em contornos suave, com mostrado na figura (3.3).

O contorno Γ de uma superfície bidimensional qualquer pode ser discretizado em vários elementos a fim de simplificar a representação de qualquer contorno, onde as variáveis são somente os pontos iniciais e finais, definidos aqui como nós.

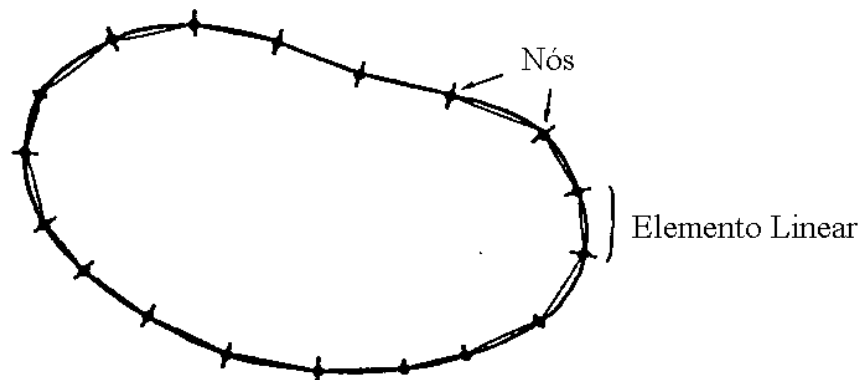


Figura 3.4: Contorno Γ discretizado em elementos lineares (BREBBIA e DOMINGUES, 1989).

O contorno Γ passa a ser então representado pelo somatório desses elementos. Assim a equação (3.17) fica representada em somatório da forma:

$$c_i u_i + \sum_{j=1}^N \int_{\Gamma_j} u q^* d\Gamma = \sum_{j=1}^N \int_{\Gamma_j} u^* q d\Gamma \quad (3.19)$$

Considerando sua interpolação do campo também linear, os valores de u e q variam dentro de cada elemento Γ_j (Figura 3.5 (a)) e estes então são interpolados pelas funções ϕ_1

e ϕ_2 , definidas em termos da coordenada homogênea ξ , como visto também na Figura 3.5 (a), por exemplo:

$$u(\xi) = \phi_1 u_1 + \phi_2 u_2 = [\phi_1 \quad \phi_2] \times \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix}$$

$$q(\xi) = \phi_1 q_1 + \phi_2 q_2 = [\phi_1 \quad \phi_2] \times \begin{bmatrix} q_1 \\ q_2 \end{bmatrix}$$

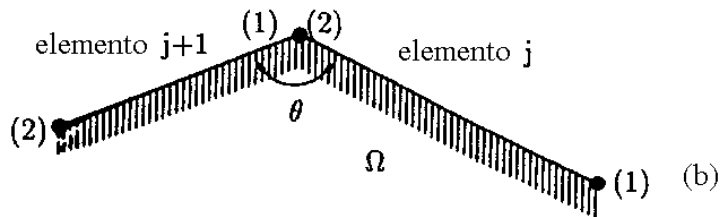
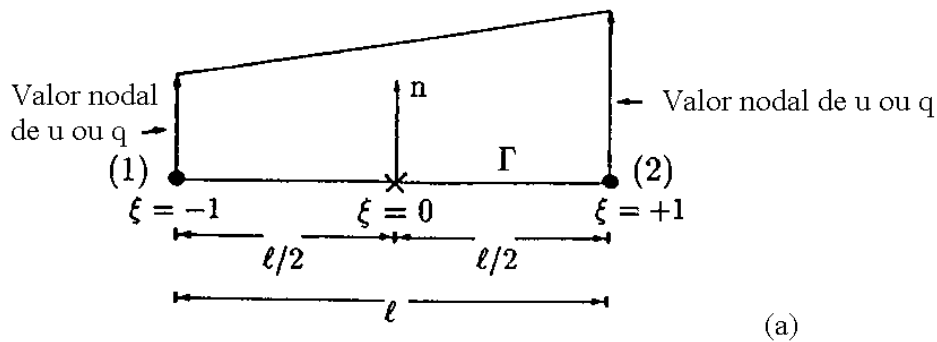


Figura 3.5:(a) Definição de elemento linear com suas coordenadas, (b) Interseção de elementos lineares (BREBBIA e DOMINGUES, 1989).

Em duas dimensões a coordenada ξ varia de -1 até +1 e as duas funções de interpolação são:

$$\phi_1 = \frac{1}{2}(1 - \xi) \quad (3.20)$$

$$\phi_2 = \frac{1}{2}(1 + \xi)$$

Aplicando (3.20) na integral (3.19) tem-se para cada elemento j a seguinte equação:

$$\int_{\Gamma_j} u q^* d\Gamma = \int_{\Gamma_j} [\phi_1 \quad \phi_2] q^* d\Gamma \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} = [h_{ij}^1 \quad h_{ij}^2] \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} \quad (3.21)$$

Onde para cada elemento têm-se dois termos assim definidos:

$$h_{ij}^1 = \int_{\Gamma_j} \phi_1 q^* d\Gamma \quad (3.22)$$

e

$$h_{ij}^2 = \int_{\Gamma_j} \phi_2 q^* d\Gamma \quad (3.23)$$

Similarmente para a outra integral:

$$\int_{\Gamma_j} q u^* d\Gamma = \int_{\Gamma_j} [\phi_1 \quad \phi_2] u^* d\Gamma \begin{bmatrix} q_1 \\ q_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{ij}^1 & g_{ij}^2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} q_1 \\ q_2 \end{bmatrix} \quad (3.24)$$

então:

$$g_{ij}^1 = \int_{\Gamma_j} \phi_1 u^* d\Gamma \quad (3.25)$$

e

$$g_{ij}^2 = \int_{\Gamma_j} \phi_2 u^* d\Gamma \quad (3.26)$$

Sabe-se que em alguns problemas específicos o fluxo em um determinado nó pode ter valores diferentes para os elementos em que esse nó é comum. Assim o valor de q_2 do elemento $j-1$ e o valor de q_1 do elemento j podem ser diferentes. Para considerar esta possibilidade do fluxo possuir valores diferentes em um mesmo nó, ele deve ser organizado em um vetor $2N$.

Substituindo a equação (3.21) e (3.24) na equação (3.19) a seguinte equação para o nó i é obtida:

$$c_i u_i + \begin{bmatrix} \overline{H}_{i1} & \overline{H}_{i2} & \dots & \overline{H}_{iN} \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ \vdots \\ u_N \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G_{i1} & G_{i2} & \dots & G_{iN} \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} q_1 \\ q_2 \\ \vdots \\ q_N \end{bmatrix} \quad (3.27)$$

Onde \overline{H}_{i1} é igual a h_{ij}^1 adicionado $h_{i,j-1}^2$, termos dos elementos j e $j-1$ respectivamente. Então a fórmula (3.27) pode ser representada para cada nó i ,

$$c_i u_i + \sum_{j=1}^N \overline{H}_{ij} u_j = \sum_{j=1}^{2N} G_{ij} q_j \quad (3.28)$$

Fazendo a simplificação,

$$H_{ij} = \overline{H}_{ij} + c_i \delta_{ij} \quad (3.29)$$

Onde δ é o delta de Kronecker. Dessa forma c_i é acrescentado ao \overline{H} quando $i = j$, então a equação (3.28) pode ser escrita como,

$$\sum_{j=1}^N H_{ij} u_j = \sum_{j=1}^{2N} G_{ij} q_j \quad (3.30)$$

Assumindo agora que a posição do nó i também varia de 1 a N e a solução fundamental é aplicada para cada nó sucessivamente, um sistema de equações é obtido da aplicação de (3.30) para cada ponto do contorno discretizado.

Essa equação pode ser expressa em forma matricial,

$$Hu = Gq \quad (3.31)$$

Onde H é uma matriz $N \times N$ e G é uma matriz retangular $N \times 2N$. Assim u e q são vetores de comprimento N e $2N$ respectivamente.

Note que N_1 valores de u e N_2 valores de q são conhecidos em Γ_1 e Γ_2 respectivamente ($N_1 + N_2 = N$). Assim somente N valores são desconhecidos no sistema de equações (3.31). Introduzindo as condições de contorno, movimentando as respectivas colunas entre H e G e efetuando as operações com os valores constantes, o sistema de equações anterior pode ser escrito como:

$$Ax = y \quad (3.32)$$

Sendo x o vetor de incógnitas no contorno, que pode ter valores de u ou q . E y é o vetor resultado da multiplicação das colunas das matrizes H e G com os valores correspondentes de u e q conhecidos.

3.2.4 Considerações para problemas tridimensionais

Os elementos usados em problemas tridimensionais são elementos de superfície que cobrem o contorno do corpo. Eles são geralmente de dois tipos: triângulos ou quadriláteros, e as duas formas podem ser curvas ou planas. As funções u e q podem ser constantes nos elementos, variar linearmente ou serem funções de segunda ordem em elementos curvos.

O desenvolvimento dos elementos planos constantes é o mais simples quando comparado com os elementos curvos. Porém, os elementos curvos são recomendados para superfícies com bordas curvas ou arredondadas.

Neste trabalho adotou-se os elementos constantes planos, por trabalhar com contornos definidos como faces planas. E escolheu-se o elemento triangular (Figura 3.6), pois este permite com um mesmo número de pontos, obter o dobro do número de elementos.

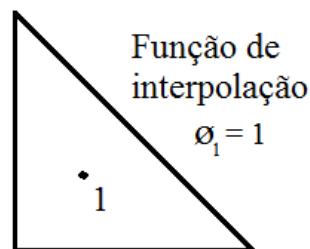


Figura 3.6: Elemento de superfície triangular constante.

A solução fundamental para problemas tridimensionais foi definida anteriormente em (3.10) e tem r definido como:

$$r = (r_x^2 + r_y^2 + r_z^2)^{1/2} \quad (3.33)$$

Onde as componentes r_x , r_y e r_z , são as projeções do vetor \vec{r} , em x , y e z .

3.3 RECIPROCIDADE DUAL

O Método da Reciprocidade Dual foi proposto em 1983 por Nardini e Brebbia e foi expandido para diversos casos por Partridge *et al* em 1992. Este método é utilizado para levar integrais de domínio ao contorno, como por exemplo a integral no domínio em (3.11), transformando-a em uma equação integral somente com termos de contorno.

Vale dizer que embora não se utilize a discretização do domínio em células, o MRD pode exigir a consideração de pontos internos na intenção de dar mais precisão aos resultados (BARBIRATO e VENTURINI, 2005).

A equação biotérmica de Pennes, organizada na forma (2.7), tem no lado direito dois termos que podem ser considerados separadamente, sendo um do tipo constante “ c_3 ” e um termo do tipo variável multiplicada por uma constante “ $c_1 T$ ” ou aqui escrito como ku .

3.3.1 Termo do tipo constante

3.3.1.1 Solução Particular

Os dois termos mencionados acima são tratados separadamente. Primeiro considere a equação $\nabla^2 u = b$ assumindo que o potencial u pode ser escrito como:

$$u = \tilde{u} + \hat{u} \quad (3.34)$$

Onde \tilde{u} é a solução homogênea e \hat{u} é a solução particular da equação. Dessa maneira é válido dizer que:

$$\nabla^2 \hat{u} = b \quad (3.35)$$

Portanto a integral de domínio em (3.11) fica:

$$\int_{\Omega} b u^* d\Omega = \int_{\Omega} (\nabla^2 \hat{u}) u^* d\Omega \quad (3.36)$$

Integrando por partes, considerando a solução fundamental, equação (3.8), chega-se ao seguinte resultado:

$$\int_{\Omega} bu^* d\Omega = \int_{\Omega} (\nabla^2 \hat{u}) u^* d\Omega = \int_{\Omega} \hat{u} (\nabla^2 u^*) d\Omega + \int_{\Gamma} u^* \hat{q} d\Gamma - \int_{\Gamma} q^* \hat{u} d\Gamma = -c_i \hat{u}_i + \int_{\Gamma} u^* \hat{q} d\Gamma - \int_{\Gamma} q^* \hat{u} d\Gamma \quad (3.37)$$

Onde $\hat{q} = \partial \hat{u} / \partial n$.

O Método da Reciprocidade Dual propõe o uso de uma série de soluções particulares \hat{u}_j , onde o número de soluções particulares é correspondente ao número de nós no problema. Considerando que se tem N nós no contorno e L nós internos, tem-se então $N + L$ valores de \hat{u}_j .

3.3.1.2 Equação matricial de contorno

A seguinte aproximação de b é considerada (PARTRIDGE *et al* 1992):

$$b \cong \sum_{j=1}^{N+L} \alpha_j f_j \quad (3.38)$$

Onde α_j é um vetor de constantes desconhecido que será determinado e f_j são funções de aproximação. A solução particular \hat{u}_j e a função de aproximação f_j devem atender à relação:

$$\nabla^2 \hat{u}_j = f_j \quad (3.39)$$

Substituindo (3.39) em (3.38):

$$b \cong \sum_{j=1}^{N+L} \alpha_j (\nabla^2 \hat{u}_j) \quad (3.40)$$

Assim a integral do problema pode ser escrita como:

$$\int_{\Omega} bu^* d\Omega = \sum_{j=1}^{N+L} \alpha_j \int_{\Omega} (\nabla^2 \hat{u}_j) u^* d\Omega \quad (3.41)$$

Integrando por partes, como já foi feito para obter na equação (3.4), e substituindo na equação integral de contorno inicialmente resolvida, tem-se:

$$c_i u_i + \int_{\Gamma} u q^* d\Gamma - \int_{\Gamma} u^* q d\Gamma = \sum_{j=1}^{N+L} \alpha_j \left(c_i \hat{u}_{ij} + \int_{\Gamma} \hat{u}_j q^* d\Gamma - \int_{\Gamma} u^* \hat{q}_j d\Gamma \right) \quad (3.42)$$

O termo \hat{q}_j é definido como $\hat{q}_j = \partial \hat{u}_j / \partial n$, onde n é o vetor normal ao contorno Γ , e tem sua expansão da seguinte forma:

$$\hat{q}_j = \frac{\partial \hat{u}_j}{\partial x} \frac{\partial x}{\partial n} + \frac{\partial \hat{u}_j}{\partial y} \frac{\partial y}{\partial n} \quad (3.43)$$

Note que a equação (3.42) não envolve mais a integral no domínio. Isso se deve ao termo fonte b ter sido substituído por integrais de contorno equivalentes, o que foi feito aproximando b pelo uso da equação (3.41) e expressando então os dois lados da equação resultante com integrais de contorno, usando a técnica dos resíduos ponderados.

O próximo passo é escrever a equação (3.42) na forma discretizada com somatórios sobre os elementos de contorno, substituindo as integrais. Com isso tem-se para um nó i qualquer do contorno a seguinte expressão:

$$c_i u_i + \sum_{k=1}^N \int_{\Gamma_k} u q^* d\Gamma - \sum_{k=1}^N \int_{\Gamma_k} u^* q d\Gamma = \sum_{j=1}^{N+L} \alpha_j \left(c_i \hat{u}_{ij} + \sum_{k=1}^N \int_{\Gamma_k} \hat{u}_j q^* d\Gamma - \sum_{k=1}^N \int_{\Gamma_k} u^* \hat{q}_j d\Gamma \right) \quad (3.44)$$

Pode-se notar que, desde que \hat{u} e \hat{q} sejam funções conhecidas, uma vez que f é definido não há necessidade de aproximar suas variações para cada elemento do contorno usando funções de interpolações e valores nodais, como foi feito para u e q . No entanto fazer isso implica que as mesmas matrizes H e G , já definidas, podem ser usadas nos dois lados da equação.

Executando os somatórios e aplicando a equação (3.44) em todos os nós do contorno, pode-se expressar seus termos em forma de matriz. Também se considera que os vetores \hat{u}_j e \hat{q}_j sejam uma coluna das matrizes \hat{U} e \hat{Q} respectivamente. Pode-se escrever então a seguinte equação:

$$Hu - Gq = (H\hat{U} - G\hat{Q})\alpha \quad (3.45)$$

A equação (3.45) é a base para a aplicação do Método dos Elementos de Contorno com Reciprocidade Dual e envolve a discretização apenas do contorno.

3.3.1.3 O vetor α

Foi visto na equação (3.38) que:

$$b \cong \sum_{j=1}^{N+L} \alpha_j f_j$$

Considerando o valor de b para $N + L$ diferentes pontos da equação (3.38), pode-se expressá-la na forma matricial abaixo:

$$b = F\alpha \quad (3.46)$$

Onde cada coluna de F consiste num vetor de f_{ij} contendo os valores da função de aproximação a ser definida no item 3.3.4.

A função b então pode ser invertida para obter α :

$$\alpha = F^{-1}b \quad (3.47)$$

3.3.2 Termo do tipo ku

Este é o termo não-homogêneo, uma função desconhecida de u , e assim não se pode calcular explicitamente o vetor α . Porém pode-se escrever,

$$\alpha = -F^{-1}ku \quad (3.48)$$

E a equação (3.45) fica assim representada,

$$Hu - Gq = -(H\hat{U} - G\hat{Q})F^{-1}ku \quad (3.49)$$

As matrizes G , H , \hat{Q} e \hat{U} da equação (3.49) foram definidas na subseção anterior. A matriz F já foi definida, porém apenas usada para calcular o vetor α . O cálculo de F^{-1} não será alterado, porque ela depende somente de dados geométricos (seu cálculo será mostrado na próxima subseção).

Vendo a equação matricial (3.49) do lado direito, pode-se definir S como sendo,

$$S = (H\hat{U} - G\hat{Q})F^{-1}k \quad (3.50)$$

Assim (3.49) fica,

$$Hu - Gq = -Su \quad (3.51)$$

Colocando os termos em função de u em evidência do lado esquerdo,

$$(H + S)u = Gq \quad (3.52)$$

Semelhante ao descrito para a equação (3.28) pode-se aplicar as condições de contorno em (3.52) e obter um sistema de equações mais simples.

$$Ax = y \quad (3.53)$$

Onde as incógnitas de u e q são encontradas nos valores do vetor x .

3.3.3 Solução para equação de Pennes

Agora que se conhece a solução para as funções com termo constante (item 3.3.1), associando as equações 3.45 e 3.47 temos:

$$\nabla^2 u = b \quad \text{e} \quad b = c_3 \quad \Rightarrow \quad Hu - Gq = Sc_3$$

E para termos do tipo constante e variável (ku) partindo da equação 3.51 e substituindo a variável temos:

$$\nabla^2 u = c_1 u \quad \Rightarrow \quad Hu - Gq = Sc_1 u$$

Assim é possível encontrar a solução da equação de Pennes expressa na forma simplificada da equação 2.7:

$$\nabla^2 T = c_3 + c_1 T \quad \text{e} \quad T = u \quad \Rightarrow \quad \nabla^2 u = c_3 + c_1 u$$

Assim pode-se juntar os dois casos para resolver a equação de Pennes da seguinte forma:

$$Hu - Gq = Sc_3 + Suc_1 \quad (3.54)$$

Colocando em evidência:

$$(H - Sc_1)u = Gq + Sc_3 \quad (3.55)$$

Semelhante ao descrito anteriormente, pode-se aplicar as condições de contorno em (3.55) e obter um sistema de equações mais simples, na forma:

$$Ax = y + Sc_3 \quad (3.56)$$

Onde o vetor x armazenará o conjunto de soluções da equação de Pennes que até então era desconhecidas nos vetores u e q .

3.3.4 Funções de aproximação f

A solução particular \hat{u} e a sua derivada normal \hat{q} , que tem função de aproximação correspondente f usada na análise pelo método da reciprocidade dual, não são limitadas pela formulação exceto quando a matriz resultante F seja não singular.

Para definir estas funções propõe-se uma expansão para f e então se calcula \hat{u} e \hat{q} usando as equações (3.39) e (3.43) respectivamente.

Nardini e Brebbia (1983) propuseram os seguintes tipos de funções para f :

1. Elementos do triângulo de pascal;
2. Séries trigonométricas e
3. A função de distância r usada na definição da solução fundamental.

Muitos outros tipos de função podem ser propostas. A função r foi adotada inicialmente por Nardini e Brebbia (1983) e pela maioria dos pesquisadores por ser a alternativa mais simples e muito precisa (PARTRIDGE *et al*, 1992).

3.3.4.1 Em problemas bidimensionais

Analogamente a (3.33) em problemas bidimensionais temos r definido como:

$$r = (r_x^2 + r_y^2)^{1/2} \quad (3.57)$$

Onde as componentes r_x e r_y , são as projeções do vetor \vec{r} , em x e y .

A função \hat{q} será dada por:

$$\hat{q} = \frac{r}{3} [r_x \cos(n, x) + r_y \cos(n, y)] \quad (3.58)$$

Na equação anterior os cossenos diretores referem-se à direção normal externa no contorno em relação aos eixos x e y . Esta formulação pode ser facilmente obtida usando (3.43) e lembrando que $\partial r / \partial x = r_x / r$ e $\partial r / \partial y = r_y / r$.

Segundo Partridge *et al* 1992 $f = r$ é na realidade uma componente da série:

$$f = 1 + r + r^2 + \dots + r^m \quad (3.59)$$

As funções \hat{u} e \hat{q} correspondentes a (3.59) são:

$$\hat{u} = \frac{r^2}{4} + \frac{r^3}{9} + \dots + \frac{r^{m+2}}{(m+2)^2} \quad (3.60)$$

$$\hat{q} = \left(r_x \frac{\partial x}{\partial n} + r_y \frac{\partial y}{\partial n} \right) \left(\frac{1}{2} + \frac{r}{3} + \dots + \frac{r^m}{(m+2)} \right) \quad (3.61)$$

3.3.4.2 Em problemas tridimensionais

Sabendo que $r = (r_x^2 + r_y^2 + r_z^2)^{1/2}$ a função f para problemas tridimensionais está definida em Partridge *et al* (1992) como sendo também $f = 1 + r + r^2 + \dots + r^m$. Assim por consequência de suas três variáveis ontém-se \hat{u} e \hat{q} como tendo a seguinte forma:

$$\hat{u} = \frac{r^2}{6} + \frac{r^3}{12} + \dots + \frac{r^{m+2}}{(m+2)(m+3)} \quad (3.62)$$

$$\hat{q} = \left(r_x \frac{\partial x}{\partial n} + r_y \frac{\partial y}{\partial n} + r_z \frac{\partial z}{\partial n} \right) \left(\frac{1}{3} + \frac{r}{4} + \dots + \frac{r^m}{(m+3)} \right) \quad (3.63)$$

No capítulo 4 deste trabalho serão analisadas quais funções de aproximação apresentaram melhores resultados para os problemas térmicos regidos pela equação biotérmica de Pennes.

3.3.5 Funções acrescidas

Estas funções foram sugeridas no trabalho de Golberg e Chen (1994) e foram implementadas primeiramente em um trabalho de elasticidade de Bridges e Wrobel (1996), onde concluíram que elas podem produzir um aumento considerável na precisão.

No trabalho de Partridge e Wrobel (2007), em problemas de localização de tumores bidimensionais, foram usadas as funções acrescidas lineares 1 , x e y , que serão aqui empregadas na forma tridimensional de 1 , x , y e z . Cada função acrescida tem sua própria solução particular:

$$f = 1 \quad \hat{u} = (x^2 + y^2) / 4$$

$$f = x \quad \hat{u} = x^3 / 6$$

$$f = y \quad \hat{u} = y^3 / 6$$

$$f = z \quad \hat{u} = z^3 / 6$$

As funções acrescidas consideradas dão origem a quatro novas colunas na matriz F , $N+L+1$, $N+L+2$, $N+L+3$ e $N+L+4$, e quatro linhas semelhantes mantendo a matriz simétrica. Os termos em comum para as linhas e colunas adicionais recebem o valor de zero, como na Figura 3.7.

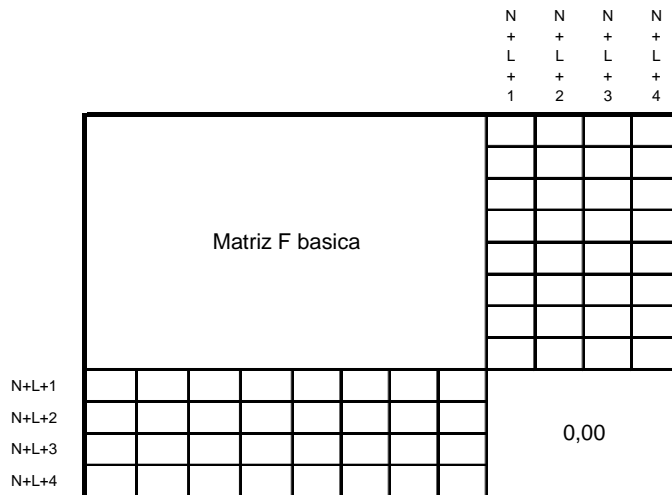


Figura 3.7: Ilustração de montagem da matriz F.

Da mesma maneira são acrescentadas quatro colunas adicionais à matriz \hat{U} , colunas $N+L+1$, $N+L+2$, $N+L+3$ e $N+L+4$, uma para cada condição considerada acima, e, semelhantemente para a matriz \hat{Q} , cada novo termo em \hat{U} e \hat{Q} é a solução particular correspondente ao termo de mesma posição na matriz F. São também acrescentados quatro zeros ao vetor b nas posições, $N+L+1$, $N+L+2$, $N+L+3$ e $N+L+4$.

4 MODELO TRIDIMENSIONAL

A validação dos resultados encontrados para o modelo tridimensional será feita comparando-os com os resultados dos modelos bidimensionais prismáticos da literatura, que serão os trabalhos de e Liu e Xu (2000), Partridge e Wrobel (2007) e com resultados melhorados por Bueno (2008). Este último apresentou um modelo onde o tumor tinha geometria circular e aqui terá sua evolução para um modelo esférico que será descrito no capítulo seguinte.

4.1 MODELO DE REFERÊNCIA BIDIMENSIONAL RETANGULAR

Nos trabalhos de Partridge e Wrobel (2007) e Bueno (2008) foram estudados modelos bidimensionais, com modelos de tumores retangulares, utilizando a representação de uma seção vertical de tecido de pele delimitado pelo contorno externo AB BC CD DA ou simplesmente, contorno Γ_2 . O contorno interno Γ_1 divide o domínio em duas partes: a parte interna Ω_1 é a representação do tecido doente (tumor) e Ω_2 representa o tecido da pele saudável.

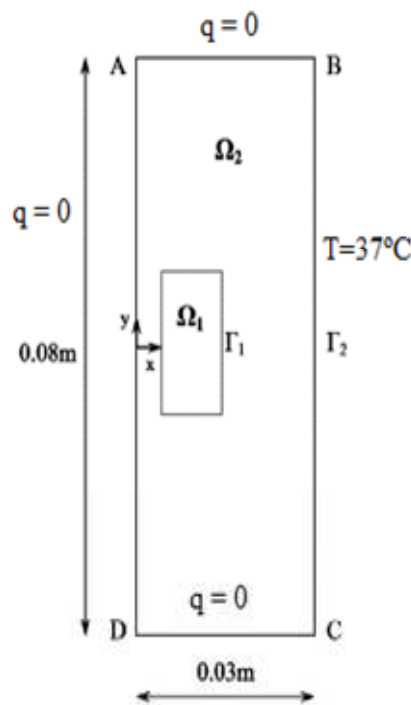


Figura 4.1: Tumor retangular dentro de uma matriz de tecido saudável (PARTRIDGE e WROBEL, 2007).

Os limites AB BC CD são limites internos, onde a pele faz contato com outras partes do corpo. O limite BC será considerado sob temperatura constante de $T = 37^\circ C$ (temperatura do corpo). Os limites AB e CD são limites artificiais, pois representam apenas uma parte do tecido, e neste caso é considerada a condição de contorno $q = 0$ (não há troca de calor nesta superfície). O limite AD é a superfície externa da pele e pode assumir a condição de contorno $q = 0$ se for afirmado, por exemplo, que a pele está enfaixada. Outras condições de contorno estão descritas no capítulo 4.

Ainda na figura 4.1, no limite Γ_1 existem as condições de contorno de compatibilidade que são: temperatura em um nó de Ω_1 igual à temperatura no nó correspondente em Ω_2 ($T_1 = T_2$) e a troca de calor feita entre as duas regiões é $q_1 = -q_2$.

Em BUENO (2008) a discretização em elementos de contornos era feita adotando 56 elementos lineares no contorno Γ_2 e 16 elementos lineares no contorno Γ_1 . É considerado um tumor retangular de espessura 0,01m, comprimento 0,02m e localizado no centro de coordenadas (0,01; 0,00). Tem-se então a Figura 4.2.

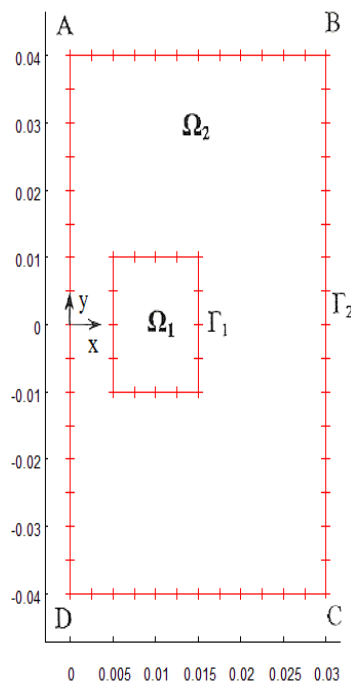


Figura 4.2: Discretização de um tumor retangular dentro de uma matriz de tecido saudável (BUENO, 2008)

4.2 MODELO TRIDIMENSIONAL PRISMÁTICO

O modelo tridimensional foi construído neste trabalho a fim de possibilitar a comparação dos resultados com os modelos bidimensionais dos trabalhos anteriores, tendo assim o modelo a forma de paralelepípedo ABCDEFGH (figura 4.3) representando uma amostra de pele com superfície retangular de $0,08 \times 0,08 \text{ m}^2$ e profundidade de $0,03 \text{ m}$.

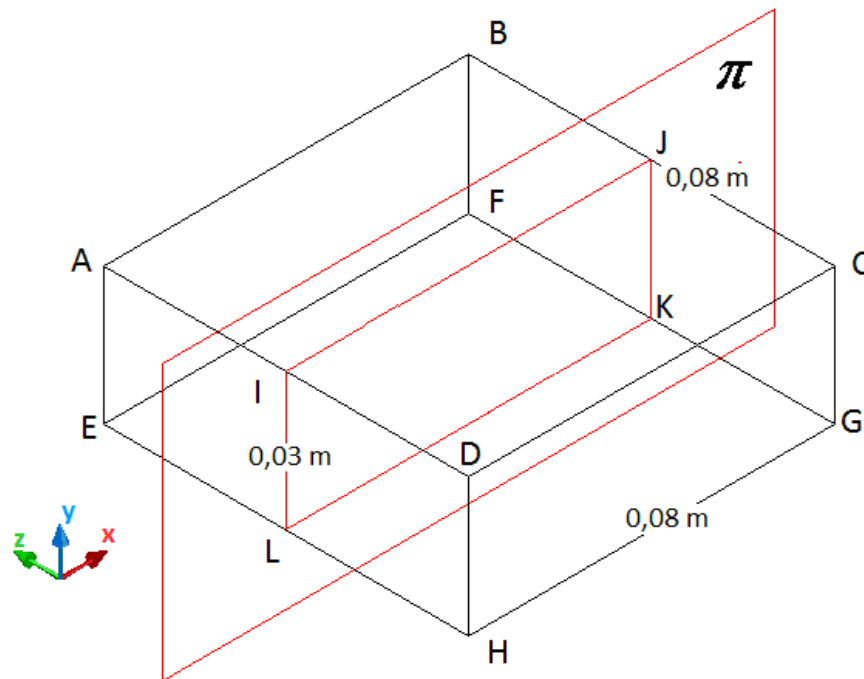


Figura 4.3: Obtenção do modelo 2D simplificado a partir do modelo 3D construído no trabalho.

Quando o plano π corta o modelo tridimensional obtém-se o modelo bidimensional, IJKL equivalente a ABCD da figura 4.1, estudado nos trabalhos anteriores.

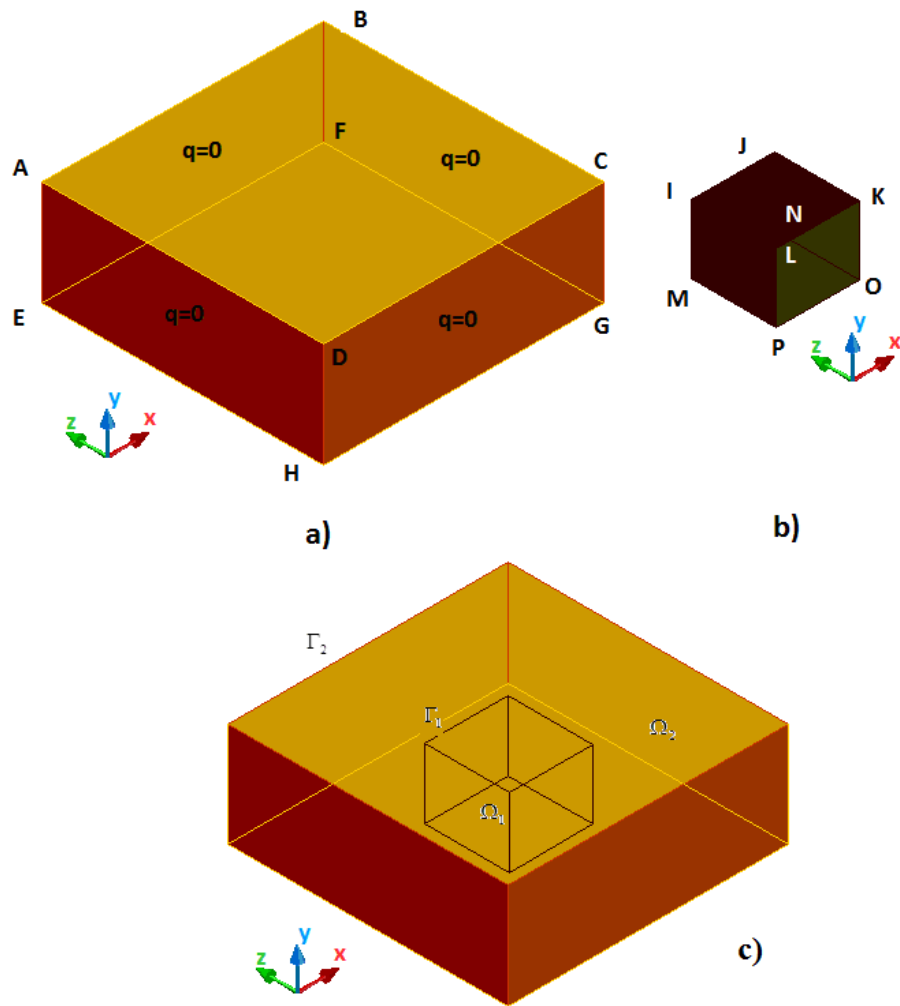


Figura 4.4: a) Modelo tridimensional de tecido orgânico saudável, b) Modelo tridimensional de tumor prismático e c) Tumor prismático dentro do tecido saudável.

A figura 4.4 (a) mostra uma representação do modelo tridimensional de um tecido de pele delimitado pelo contorno do paralelepípedo reto formado pelos pontos A,B,C,D,E,F,G e H definido agora como contorno Γ_2 (figura 4.4 (c)). Já na figura 4.4 (b), delimitado pelos pontos I,J,K,L,M,N,O e P, tem-se o modelo tridimensional prismático de um tumor chamado agora de contorno Γ_1 (figura 4.4 (c)). Este último estará em alguma posição dentro do contorno Γ_2 , de forma análoga ao descrito anteriormente para o modelo bidimensional retangular.

Considerando o contorno Γ_2 , a face EFGH é uma superfície interna que será considerada de temperatura constante $T = 37^\circ C$ (temperatura interna do corpo). O limite ABCD é a

superfície externa da pele e pode assumir a condição de contorno $q = 0$ se for afirmado que a pele está enfaixada.

Outra condição de contorno mais real para o contorno ABCD seria considerar a convecção, ou seja, a transmissão de calor com o meio externo. Todos os demais limites de Γ_2 são limites internos artificiais, pois o modelo representa apenas uma amostra do tecido, onde a pele faz contato com outras partes da própria pele podendo ser considerada a condição de contorno $q = 0$ (não há troca de calor nesta superfície).

Assim como no modelo bidimensional, o contorno Γ_1 será considerado como um tumor interno ao contorno Γ_2 (Figura 4.4) onde as condições de contorno de compatibilidade, serão a temperatura em um nó de Γ_1 igual à temperatura no nó correspondente em Γ_2 ($T_1 = T_2$) e a troca de calor feita entre as duas regiões é $q_1 = -q_2$. Semelhante à descrição para duas dimensões, lembrando que agora estas observações ocorrem em 6 superfícies de modelo em forma de paralelepípedo.

A discretização em elementos de contornos foi feita adotando 288 elementos triangulares constantes no contorno Γ_2 e 48 elementos constantes triangulares no contorno Γ_1 . É considerado inicialmente um tumor prismático com medidas $0,02 \times 0,02 \times 0,01 \text{ m}^3$ e com centro localizado nas coordenadas $(0,00; 0,00; 0,01)$ correspondendo às coordenadas x , z e y respectivamente. Tem-se então a Figura 4.5.

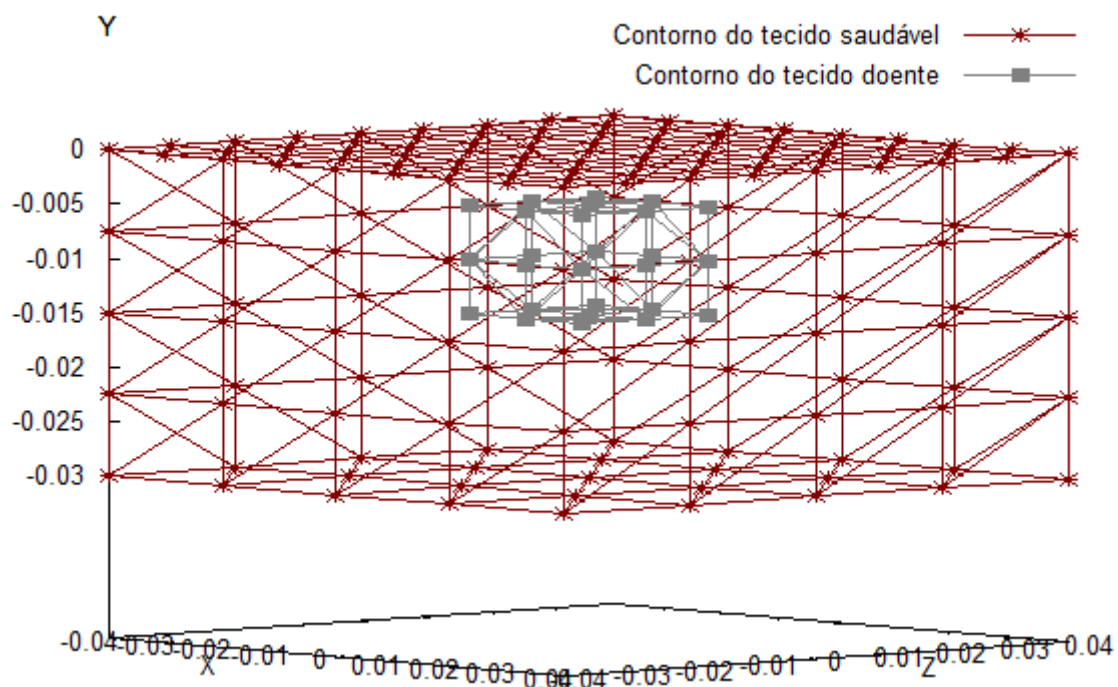


Figura 4.5: Modelo discretizado em elementos de contorno triangulares.

Para encontrarmos a distribuição de temperatura na superfície ABCD desse tecido (figura 4.3) aplica-se a equação de Biotérmica de Pennes (Capítulo 2) e sua solução pelo Método dos Elementos de Contorno com a Aplicação de Reciprocidade Dual (Capítulo 3).

Os valores dos parâmetros necessários para calcular c_1 e c_2 na equação (2.5) foram obtidos do trabalho de Liu e Xu (2000) como sendo: $\rho_b = 1000 \text{ kg/m}^3$, $c_b = 4000 \text{ J/(kg}^\circ\text{C)}$ e $k = 0,5 \text{ W/(m}^\circ\text{C)}$, além de, $\omega_b = 0,0005 \text{ ml}_b / (\text{ml}_t \text{ s)}$ e $Q = 420 \text{ J/(m}^3 \text{ s)}$ para tecido saudável, enquanto os valores para tecido com um tumor são $\omega_b = 0,002 \text{ ml}_b / (\text{ml}_t \text{ s)}$ e $Q = 4200 \text{ J/(m}^3 \text{ s)}$, em que as subscrições b e t representam sangue e tecido, respectivamente. A temperatura do sangue arterial é $T_a = 37^\circ \text{C}$.

4.3 ESCOLHA DAS FUNÇÕES DE APROXIMAÇÃO E FUNÇÕES ACRESCIDAS

Como visto no capítulo 3 tanto as funções de aproximação quanto as funções acrescidas podem trazer grande melhoria na precisão do resultado de um modelo que utiliza o Método dos Elementos de Contorno com Reciprocidade Dual. Portanto é necessário estudar qual ou quais destas funções produzem o melhor resultado para o modelo.

Os testes para a escolha do melhor algoritmo para resultados do modelo tridimensional foram divididos em duas partes: a primeira são os algoritmos implementados somente com as funções de aproximação; e a segunda são os testes onde se avalia a contribuição das funções acrescidas lineares.

O modelo escolhido para validação dos algoritmos foi o modelo prismático que permite comparação com os modelos retangulares dos trabalhos anteriores de Liu e Xu (2000), Partridge e Wrobel (2007) e Bueno (2008).

4.3.1 Casos usando somente as funções de aproximação

Três casos foram considerados para a avaliação dos resultados:

Casos considerando tecido saudável;

Casos considerando tecido com tumor no centro do modelo; e

Casos onde o tumor encontra-se em posição não-simétrica.

4.3.1.1 Tecido saudável

Foram feitos exemplos de algoritmos considerando as funções $f = r$, $f = r^3$, $f = 1 + r$ e $f = 1 + r^3$. O resumo dos resultados e a comparação deles com o modelo bidimensional de referência encontram-se na Tabela 4.1.

Tabela 4.1: Resultados para as funções estudadas sem a contribuição das funções acrescidas.

Posição em X	Referencia 2D	Sem funções acrescidas							
		f=r		f=1+r		f=r ³		f=1+r ³	
		Valor	Erro	Valor	Erro	Valor	Erro	Valor	Erro
-0,035	37,14886	35,23785	5,1%	36,8097	0,9%	54,592	-47,0%	37,1507	0,0%
-0,030	37,14885	34,89681	6,1%	36,7926	1,0%	50,857	-36,9%	37,1245	0,1%
-0,025	37,14885	34,55578	7,0%	36,7754	1,0%	47,123	-26,8%	37,0984	0,1%
-0,020	37,14884	34,23605	7,8%	36,7276	1,1%	44,184	-18,9%	37,0889	0,2%
-0,015	37,14882	33,91633	8,7%	36,6798	1,3%	41,246	-11,0%	37,0793	0,2%
-0,010	37,14880	33,74154	9,2%	36,6358	1,4%	39,705	-6,9%	37,0862	0,2%
-0,005	37,14884	33,56675	9,6%	36,5918	1,5%	38,164	-2,7%	37,0931	0,2%
0,000	37,14887	33,57119	9,6%	36,6014	1,5%	38,204	-2,8%	37,0889	0,2%
0,005	37,14884	33,57563	9,6%	36,6110	1,4%	38,244	-2,9%	37,0847	0,2%
0,010	37,14880	33,75979	9,1%	36,6643	1,3%	39,788	-7,1%	37,0776	0,2%
0,015	37,14882	33,94396	8,6%	36,7176	1,2%	41,333	-11,3%	37,0705	0,2%
0,020	37,14884	34,27468	7,7%	36,7563	1,1%	44,027	-18,5%	37,0859	0,2%
0,025	37,14885	34,60539	6,8%	36,7949	1,0%	46,722	-25,8%	37,1012	0,1%
0,030	37,14885	34,96063	5,9%	36,7967	0,9%	49,504	-33,3%	37,1268	0,1%
0,035	37,14886	35,31588	4,9%	36,7984	0,9%	52,287	-40,7%	37,1524	0,0%

Nota-se que as funções $f = r$ e $f = r^3$ sem as funções acrescidas apresentam resultados com maiores erros. A função de aproximação que está mais próxima de obter o resultado esperado para este caso é $f = 1 + r^3$. Abaixo está o resultado na superfície da pele para este caso.

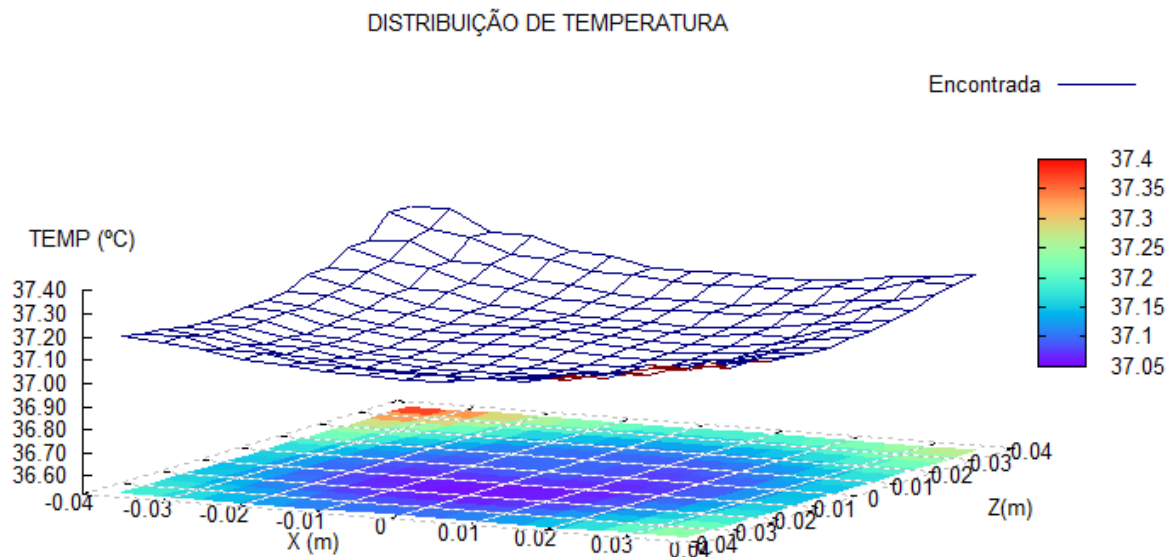


Figura 4.6: Resultados para tecido saudável utilizando $f = 1 + r^3$.

Sendo este caso uma consideração de tecido saudável é correto esperar que a solução ótima para este caso seja quando a distribuição de temperatura na superfície da pele esteja o mais

próximo possível de um plano. Assim o uso das funções de aproximação sem as funções acrescidas não obteve um desempenho satisfatório para o modelo sem a presença de tumores.

4.3.1.2 Tecido com presença de tumor

Para os casos com presença de tumor foi escolhido o modelo com tumor de medidas $0,02 \times 0,02 \times 0,01 \text{ m}^3$ e com centro localizado nas coordenadas $(0,00; 0,00; 0,01)$, como descrito na figura 4.5. Exemplo este que pode ser encontrado na forma bidimensional nos trabalhos de Partridge e Wrobel (2007) e Bueno (2008).

Assim como nos casos de tecido saudável, foram feitos exemplos de algoritmos considerando as funções $f = r$, $f = r^3$, $f = 1 + r$ e $f = 1 + r^3$. O resumo dos resultados e a comparação deles com o modelo bidimensional de referência encontram-se na tabela abaixo.

Tabela 4.2: Resultados para as funções estudadas, sem a contribuição das funções acrescidas.

Posição em X	Referencia 2D	Sem funções acrescidas							
		f=r		f=1+r		f=r ³		f=1+r ³	
		Valor	Erro	Valor	Erro	Valor	Erro	Valor	Erro
-0,035	37,1782	33,3305	10,3%	36,8382	0,9%	81,7657	-119,9%	37,0934	0,2%
-0,030	37,1855	33,2193	10,7%	36,8414	0,9%	69,2333	-86,2%	37,0626	0,3%
-0,025	37,1989	33,1081	11,0%	36,8447	1,0%	56,7009	-52,4%	37,0318	0,4%
-0,020	37,2205	33,2636	10,6%	36,8057	1,1%	47,2696	-27,0%	37,0359	0,5%
-0,015	37,2523	33,4192	10,3%	36,7667	1,3%	37,8383	-1,6%	37,0399	0,6%
-0,010	37,2926	33,9662	8,9%	36,7256	1,5%	34,2271	8,2%	37,1361	0,4%
-0,005	37,3284	34,5133	7,5%	36,6846	1,7%	30,6159	18,0%	37,2323	0,3%
0,000	37,3424	34,5170	7,6%	36,6844	1,8%	30,1468	19,3%	37,2303	0,3%
0,005	37,3284	34,5206	7,5%	36,6842	1,7%	29,6777	20,5%	37,2283	0,3%
0,010	37,2926	33,9821	8,9%	36,7255	1,5%	32,2195	13,6%	37,1289	0,4%
0,015	37,2523	33,4436	10,2%	36,7669	1,3%	34,7613	6,7%	37,0295	0,6%
0,020	37,2205	33,2983	10,5%	36,8070	1,1%	42,8674	-15,2%	37,0230	0,5%
0,025	37,1989	33,1530	10,9%	36,8472	0,9%	50,9735	-37,0%	37,0166	0,5%
0,030	37,1855	33,2775	10,5%	36,8452	0,9%	62,0809	-66,9%	37,0468	0,4%
0,035	37,1782	33,4020	10,2%	36,8431	0,9%	73,1882	-96,9%	37,0770	0,3%

Novamente as funções $f = r$ e $f = r^3$ sem as funções acrescidas apresentam resultados com maiores erros. A função de aproximação que está mais próxima de obter o resultado esperado para este caso é $f = 1 + r^3$. A seguir temos o resultado na superfície da pele para este caso.

DISTRIBUIÇÃO DE TEMPERATURA

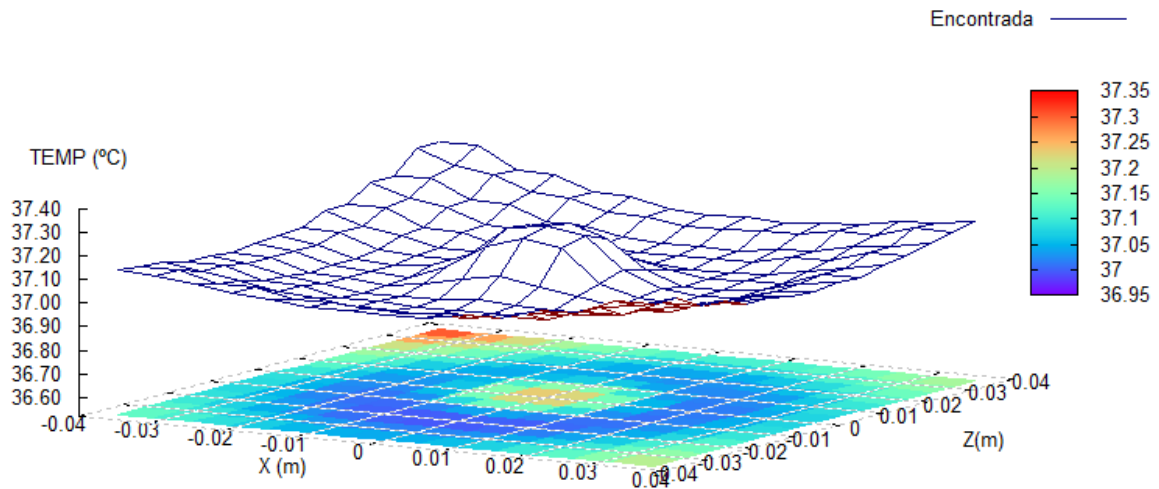


Figura 4.7: Resultados para tecido com tumor, utilizando $f = 1 + r^3$.

Considerando o uso de $f = 1 + r^3$, esta apresenta um erro muito pequeno quando comparada ao mesmo caso do modelo bidimensional (Tabela 4.2), porém observa-se que existe uma grande variação da temperatura nas bordas do modelo tridimensional (figura 4.7), onde se esperava encontrar uma superfície plana. Esta conclusão está ligada ao fato do tecido ser saudável naquela região, sendo necessário investigar melhores soluções para o problema.

4.3.2 Casos com contribuição das funções acrescidas

Assim como nos casos anteriores foram feitos exemplos de algoritmos considerando as funções $f = r$, $f = r^3$, $f = 1 + r$ e $f = 1 + r^3$, porém agora com a contribuição das funções acrescidas lineares 1, x , y e z .

Os exemplos aqui também foram divididos em casos considerando a presença ou não de tecido doente.

4.3.2.1 Tecido saudável

Implementando no algoritmo as funções de aproximação junto com as funções acrescidas lineares 1, x , y e z para o modelo de pele saudável é possível elaborar o resumo dos resultados e a comparação deles com o modelo bidimensional conforme a Tabela 4.3.

Tabela 4.3: Resultados para tecido saudável, com a contribuição das funções acrescidas.

Posição em X	Referencia 2D	Com as funções acrescidas							
		f=r		f=1+r		f=r ³		f=1+r ³	
		Valor	Erro	Valor	Erro	Valor	Erro	Valor	Erro
-0,035	37,1489	33,4282	10,0%	36,8907	0,7%	56,5873	-52,3%	37,3993	-0,7%
-0,030	37,1489	33,3231	10,3%	36,8845	0,7%	52,9132	-42,4%	37,3719	-0,6%
-0,025	37,1489	33,2181	10,6%	36,8783	0,7%	49,2390	-32,5%	37,3444	-0,5%
-0,020	37,1488	33,1042	10,9%	36,8708	0,7%	46,0396	-23,9%	37,3195	-0,5%
-0,015	37,1488	32,9903	11,2%	36,8632	0,8%	42,8402	-15,3%	37,2947	-0,4%
-0,010	37,1488	32,9318	11,4%	36,8696	0,8%	41,0492	-10,5%	37,2804	-0,4%
-0,005	37,1488	32,8732	11,5%	36,8759	0,7%	39,2582	-5,7%	37,2662	-0,3%
0,000	37,1489	32,8772	11,5%	36,8762	0,7%	39,1570	-5,4%	37,2651	-0,3%
0,005	37,1488	32,8811	11,5%	36,8764	0,7%	39,0559	-5,1%	37,2640	-0,3%
0,010	37,1488	32,9493	11,3%	36,8707	0,7%	40,6234	-9,4%	37,2757	-0,3%
0,015	37,1488	33,0174	11,1%	36,8650	0,8%	42,1910	-13,6%	37,2874	-0,4%
0,020	37,1488	33,1462	10,8%	36,8736	0,7%	45,1120	-21,4%	37,3091	-0,4%
0,025	37,1489	33,2750	10,4%	36,8822	0,7%	48,0331	-29,3%	37,3307	-0,5%
0,030	37,1489	33,4056	10,1%	36,8902	0,7%	51,4011	-38,4%	37,3545	-0,6%
0,035	37,1489	33,5362	9,7%	36,8982	0,7%	54,7690	-47,4%	37,3783	-0,6%

Notamos que as funções $f = r$ e $f = r^3$ mesmo com a contribuição das funções acrescidas apresentam resultados com maiores erros e portanto não serão utilizadas para a solução do modelo.

As funções que apresentam resultado mais próximo para este caso foram $f = 1 + r$ e $f = 1 + r^3$. A seguir estão os gráficos tridimensionais para o dois casos.

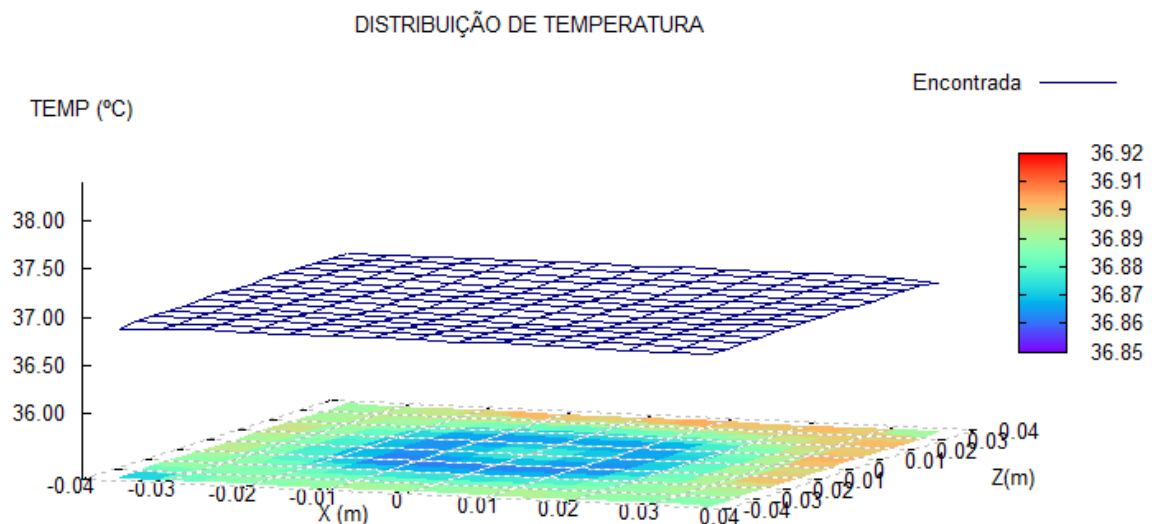


Figura 4.8: Resultados para tecido saudável, utilizando $f = 1 + r$ com funções acrescidas.

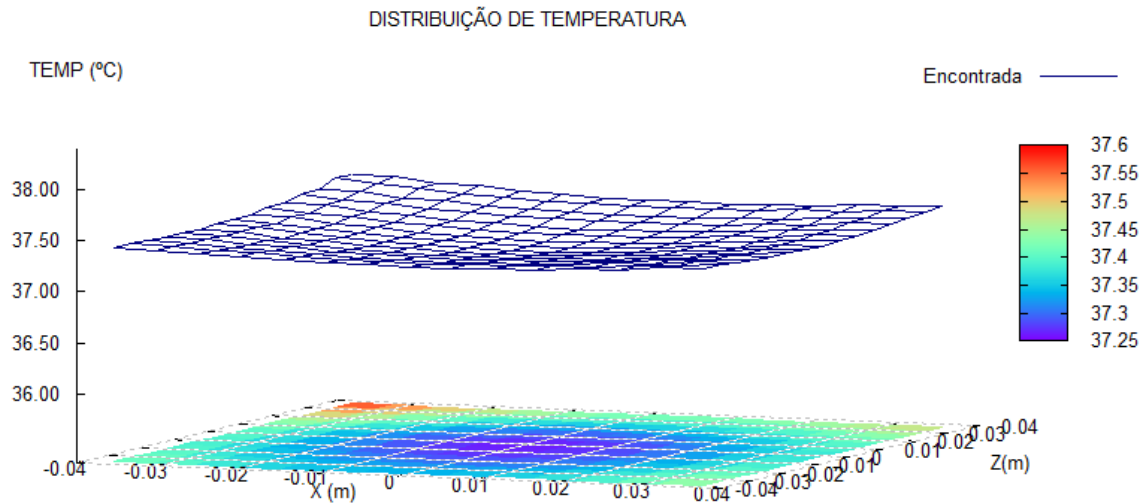


Figura 4.9: Resultados para tecido saudável, utilizando $f = 1 + r^3$ com funções acrescidas. Pode-se observar que foram encontradas superfícies de distribuição de temperatura bem próximas do esperado: superfícies planas de temperatura.

4.3.2.2 Tecido doente devido à presença de tumor

Assim como nos casos que não consideram a contribuição das funções de acrescidas o modelo de tumor aqui estudado é o da figura 4.5, com medidas 0,02 x 0,02 x 0,01 m e com centro localizado nas coordenadas (0,00; 0,00; 0,01). Exemplo este pode ser encontrado na forma bidimensional nos trabalhos de Partridge e Wrobel (2007) e Bueno (2008).

Foram feitos exemplos de algoritmos considerando as funções $f = r$, $f = r^3$, $f = 1 + r$ e $f = 1 + r^3$, acrescidas com as funções lineares 1, x , y e z . O resumo dos resultados e a comparação deles com o modelo bidimensional de referência encontram-se na Tabela 4.4, a seguir.

Tabela 4.4: Resultados para as funções estudadas, com a contribuição das funções acrescidas.

Posição em X	Referencia em 2D	Com funções acrescidas							
		f=r		f=1+r		f=r ³		f=1+r ³	
		Valor	Erro	Valor	Erro	Valor	Erro	Valor	Erro
-0,035	37,1782	33,4134	10,1%	36,9161	0,7%	117,4509	-215,9%	37,3486	-0,5%
-0,030	37,1855	33,3207	10,4%	36,9179	0,7%	95,1818	-156,0%	37,3106	-0,3%
-0,025	37,1989	33,2279	10,7%	36,9197	0,8%	72,9127	-96,0%	37,2726	-0,2%
-0,020	37,2205	33,4049	10,3%	36,9468	0,7%	55,5844	-49,3%	37,2524	-0,1%
-0,015	37,2523	33,5819	9,9%	36,9739	0,7%	38,2562	-2,7%	37,2321	0,1%
-0,010	37,2926	34,1180	8,5%	37,0417	0,7%	32,2441	13,5%	37,2393	0,1%
-0,005	37,3284	34,6541	7,2%	37,1095	0,6%	26,2320	29,7%	37,2464	0,2%
0,000	37,3424	34,6577	7,2%	37,1098	0,6%	25,7724	31,0%	37,2453	0,3%
0,005	37,3284	34,6614	7,1%	37,1100	0,6%	25,3128	32,2%	37,2443	0,2%
0,010	37,2926	34,1348	8,5%	37,0428	0,7%	30,2586	18,9%	37,2347	0,2%
0,015	37,2523	33,6083	9,8%	36,9756	0,7%	35,2045	5,5%	37,2250	0,1%
0,020	37,2205	33,4462	10,1%	36,9495	0,7%	51,1732	-37,5%	37,2420	-0,1%
0,025	37,1989	33,2841	10,5%	36,9234	0,7%	67,1420	-80,5%	37,2590	-0,2%
0,030	37,1855	33,4014	10,2%	36,9233	0,7%	87,9008	-136,4%	37,2932	-0,3%
0,035	37,1782	33,5187	9,8%	36,9232	0,7%	108,6596	-192,3%	37,3274	-0,4%

Com estes resultados é possível eliminar a possibilidade de uso das funções $f = r$ e $f = r^3$ por apresentaram péssimos resultados em todos os exemplos apresentados.

Novamente têm-se resultados com erros baixos para as funções $f = 1+r$ e $f = 1+r^3$, sendo ainda necessário analisar mais detalhadamente essas funções com e sem a contribuição das funções acrescidas. Assim os casos a seguir consideram que o tumor está localizado em alguma posição que não seja o centro do modelo.

4.3.3 Casos considerando tumor posicionado de forma não simétrica

Para julgar o comportamento destas funções de aproximação para os possíveis casos de posição do tumor, foi analisado então um modelo, agora não simétrico, com tumor de tamanho (0,02 x 0,02 x 0,01 m³) e com centro localizado nas coordenadas (0,015; 0,00; 0,01), portanto deslocado na coordenada x , o qual continua com a seção equivalente em duas dimensões necessário para comparação dos resultados tomados como referência nos trabalhos de Partridge e Wrobel (2007) e Bueno (2008).

Tabela 4.5: Comparação dos resultados.

Posição em X	Referencia 2D	Sem funções acrescidas				Com funções acrescidas			
		f=1+r		f=1+r ³		f=1+r		f=1+r ³	
		Valor	Erro	Valor	Erro	Valor	Erro	Valor	Erro
-0,035	37,15875598	36,90132	0,7%	37,06672	0,2%	36,98842	0,5%	37,38048	-0,6%
-0,030	37,16201762	36,9145	0,7%	37,03418	0,3%	36,97689	0,5%	37,34503	-0,5%
-0,025	37,16527926	36,92769	0,6%	37,00165	0,4%	36,96537	0,5%	37,30959	-0,4%
-0,020	37,1738596	36,91588	0,7%	36,97559	0,5%	36,95514	0,6%	37,27379	-0,3%
-0,015	37,18243994	36,90408	0,7%	36,94953	0,6%	36,94492	0,6%	37,238	-0,1%
-0,010	37,20199548	36,86183	0,9%	36,94474	0,7%	36,95242	0,7%	37,2187	0,0%
-0,005	37,22155102	36,81959	1,1%	36,93994	0,8%	36,95992	0,7%	37,19941	0,1%
0,000	37,25948835	36,7445	1,4%	37,0195	0,6%	37,01189	0,7%	37,21284	0,1%
0,005	37,29742568	36,66942	1,7%	37,09906	0,5%	37,06386	0,6%	37,22626	0,2%
0,010	37,32482488	36,64842	1,8%	37,18993	0,4%	37,09333	0,6%	37,24607	0,2%
0,015	37,35222408	36,62743	1,9%	37,2808	0,2%	37,12281	0,6%	37,26589	0,2%
0,020	37,33044416	36,63352	1,9%	37,23147	0,3%	37,05741	0,7%	37,26936	0,2%
0,025	37,30866424	36,63962	1,8%	37,18215	0,3%	36,99201	0,8%	37,27283	0,1%
0,030	37,27971133	36,6624	1,7%	37,13639	0,4%	36,92168	1,0%	37,28879	0,0%
0,035	37,25075842	36,68518	1,5%	37,09063	0,4%	36,85136	1,1%	37,30474	-0,1%

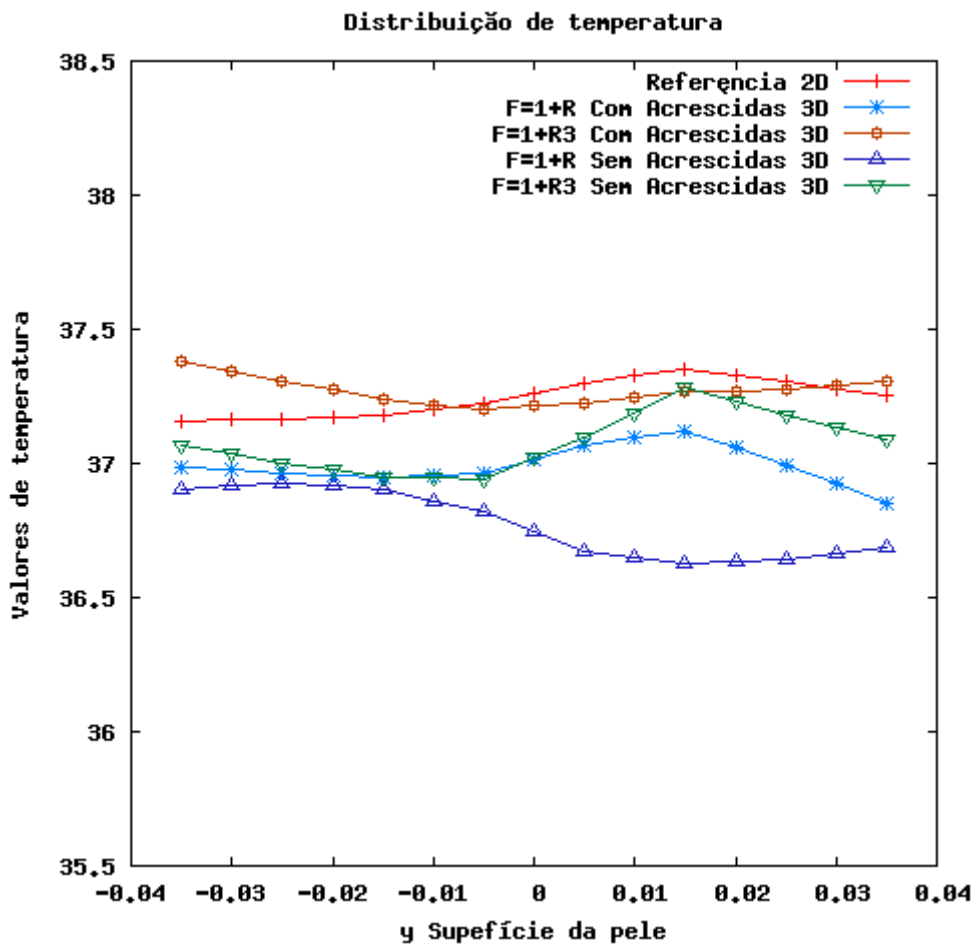


Figura 4.10: Comparação gráfica dos resultados da Tabela 4.5.

Nesta última figura pode-se observar que “ $f = 1 + r$ sem as funções acrescidas” e que “ $f = 1 + r^3$ com funções acrescidas” demonstraram comportamento de trechos ascendentes e descendentes muito diferentes dos esperados (modelo de referência 2D), logo não podem ser aceitas para representar o modelo físico.

Portanto as funções com melhor comportamento são as funções “ $f = 1 + r$ com as funções acrescidas” e “ $f = 1 + r^3$ sem funções acrescidas”.

Comparando o comportamento tridimensional das duas funções aceitas acima se chega às figuras 4.11 e 4.12.

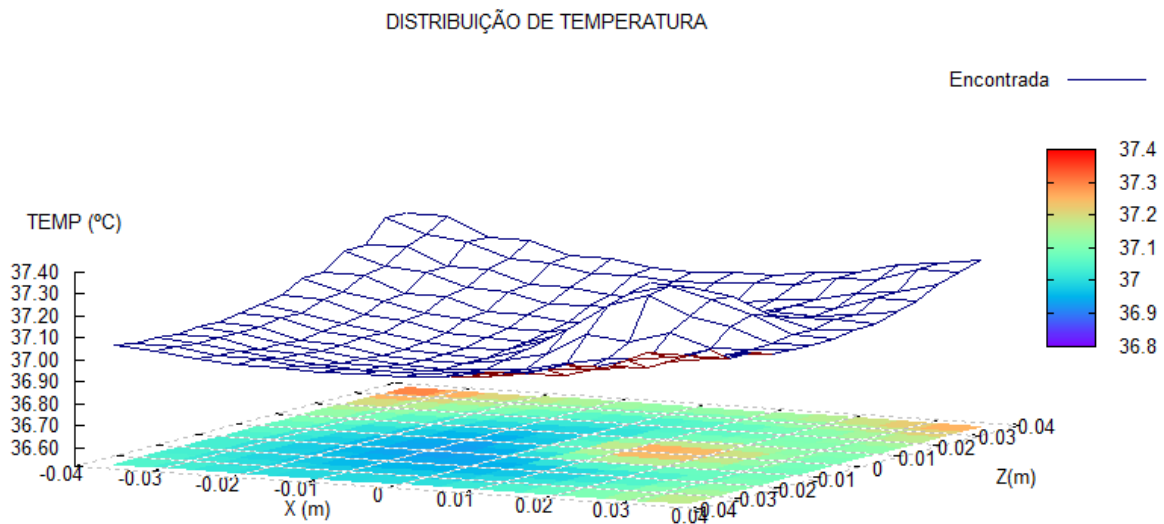


Figura 4.11: Distribuição de temperatura para o modelo não simétrico, usando $f = 1 + r^3$ sem funções acrescidas.

DISTRIBUIÇÃO DE TEMPERATURA

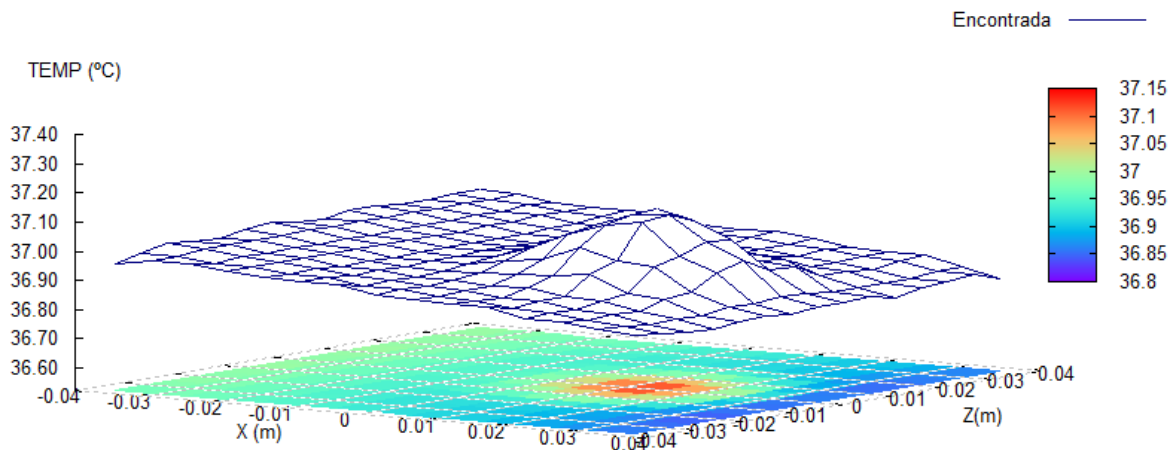


Figura 4.12: Distribuição de temperatura para o modelo não simétrico, usando

$$f = 1 + r \text{ com as funções acrescidas.}$$

Na figura 4.11 observa-se que a função “ $f = 1 + r^3$ sem funções acrescidas” não foi capaz de capturar um bom comportamento nas bordas do modelo.

Na figura 4.12 observa-se uma distribuição de temperatura com um comportamento plano onde não existe tumor e uma elevação de temperatura exatamente acima do tumor. Assim será adotado o algoritmo implementado com $f = 1 + r$, com as funções acrescidas lineares 1, x , y e z para ser utilizado como função a ser otimizado no algoritmo genético descrito na continuação do trabalho.

4.4 MODELAGEM DE TUMORES ESFÉRICOS

Semelhante ao descrito para a escolha do modelo tridimensional prismático, foi desenvolvido um modelo esférico visando uma modelagem mais realista.

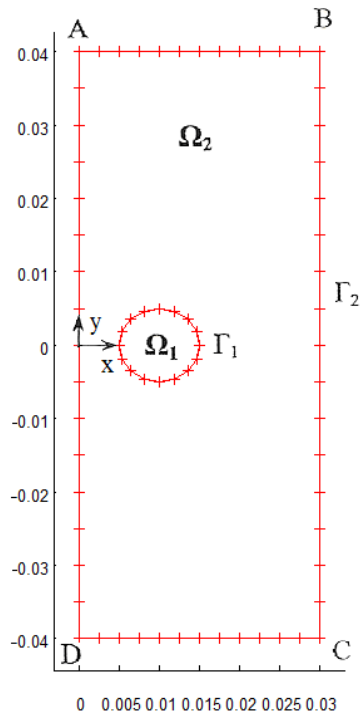


Figura 4.13: Tumor circular discretizado dentro de um domínio de tecido saudável, localizado nas coordenadas 0,015; 0,00 (em metros) com diâmetro de 0,01m. (BUENO 2008).

O domínio de tecido saudável do modelo circular, apresenta as mesmas dimensões e discretização encontrada no modelo retangular, o qual deu origem ao modelo prismático apresentado anteriormente.

Seguindo raciocínio semelhante, a modelagem esférica do tumor aproveita a discretização do domínio de tecido saudável (288 elementos triangulares), e o tecido doente foi discretizado de duas formas, a fim de avaliar qual teria os melhores resultados.

Dois níveis de discretização foram propostos:

Modelo 1, com 68 elementos de contorno triangulares (Figura 4.14); e

Modelo 2, com menor nível de discretização, 48 elementos de contorno triangulares (Figura 4.15).

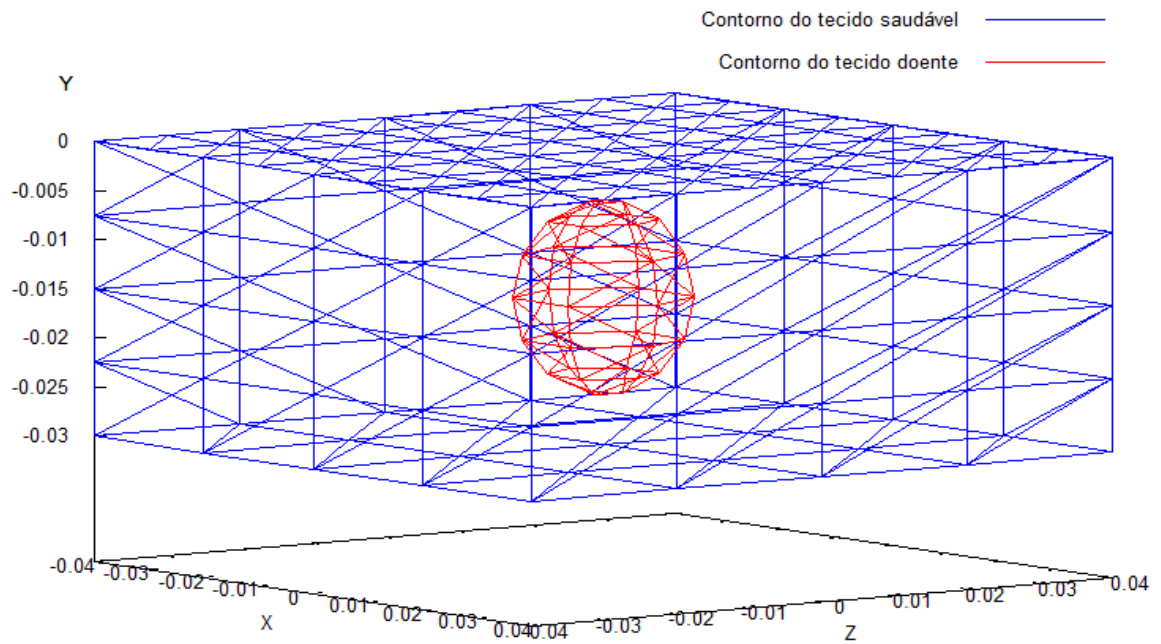


Figura 4.14: Modelo esférico discretizado com 68 elementos triangulares, Modelo 1.

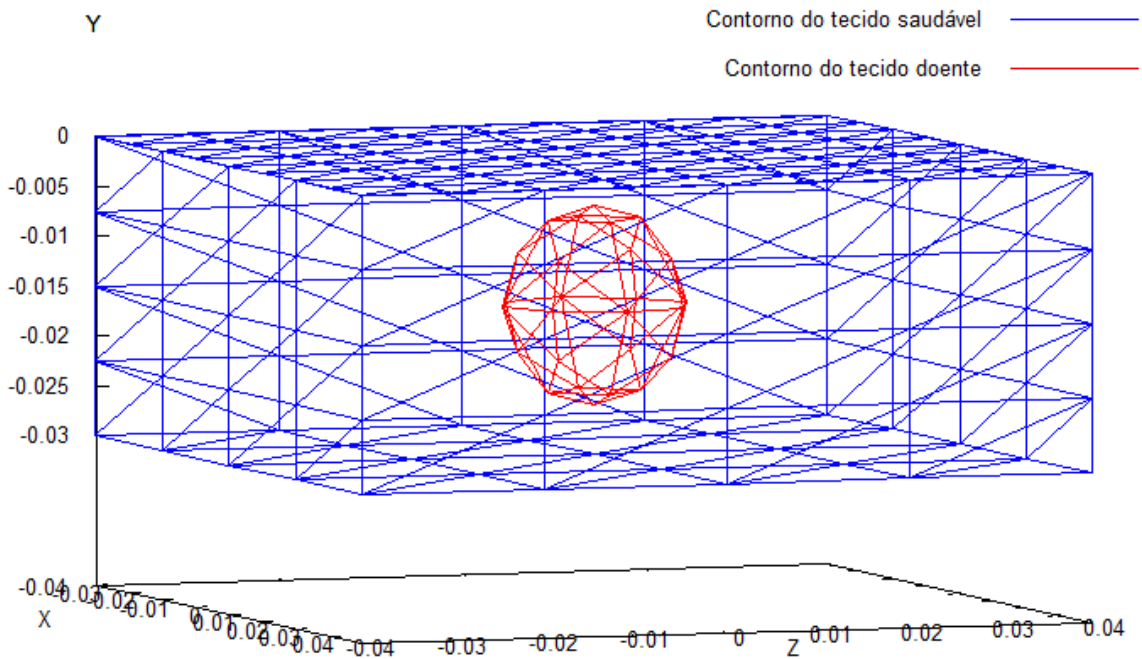


Figura 4.15: Modelo esférico discretizado com 48 elementos triangulares, Modelo 2.

Comparando os valores encontrados nos dois modelos tridimensionais com o modelo bidimensional circular estudado por Bueno (2008) temos a figura 4.16.

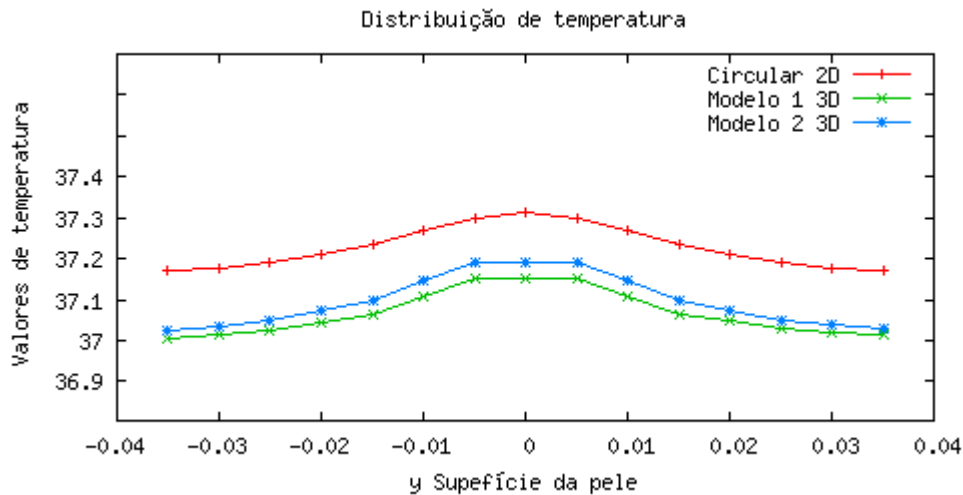


Figura 4.16: Comparação gráfica dos resultados dos modelos tridimensionais com o modelo bidimensional.

A comparação gráfica, assim como esperado, mostra o perfil característico de aquecimento na região acima do tecido doente e uma diferença nos resultados encontrados.

Em forma de tabela podemos mensurar as diferenças de resultado independente da escala do gráfico, assim apresenta-se a Tabela 4.6.

Tabela 4.6: Comparação dos resultados dos modelos tridimensionais com o modelo bidimensional.

Posição em X	Referência 2D	Modelo 1 3D		Modelo 2 3D	
		Valor	Variação	Valor	Variação
-0,035	37,17256	37,00728	0,4%	37,02215	0,4%
-0,030	37,17874	37,01637	0,4%	37,03496	0,4%
-0,025	37,19029	37,02545	0,4%	37,04777	0,4%
-0,020	37,20861	37,04486	0,4%	37,07328	0,4%
-0,015	37,23475	37,06427	0,5%	37,09880	0,4%
-0,010	37,26730	37,10827	0,4%	37,14506	0,3%
-0,005	37,29831	37,15228	0,4%	37,19132	0,3%
0,000	37,31196	37,15246	0,4%	37,19152	0,3%
0,005	37,29831	37,15265	0,4%	37,19171	0,3%
0,010	37,26730	37,10917	0,4%	37,14593	0,3%
0,015	37,23475	37,06569	0,5%	37,10014	0,4%
0,020	37,20861	37,04704	0,4%	37,07535	0,4%
0,025	37,19029	37,02839	0,4%	37,05056	0,4%
0,030	37,17874	37,02062	0,4%	37,03900	0,4%
0,035	37,17256	37,01285	0,4%	37,02743	0,4%

Observa-se que os dois modelos tridimensionais esféricos apresentam uma variação muito pequena, menos de 0,5%. Assim a modelagem escolhida para ser utilizada no algoritmo

dos exemplos posteriores é o modelo 2, pois apresenta a mesma quantidade de elementos do modelo prismático apresentado anteriormente (48 elementos na discretização do tecido doente), o que permite a construção de um algoritmo de localização único, que seja capaz de tratar os modelos prismáticos e esféricos em um mesmo código.

A superfície de distribuição de temperatura para o modelo esférico de 48 elementos e com centro nas coordenadas (0,00; 0,015; 0,00) e diâmetro de 0,02 m fica:

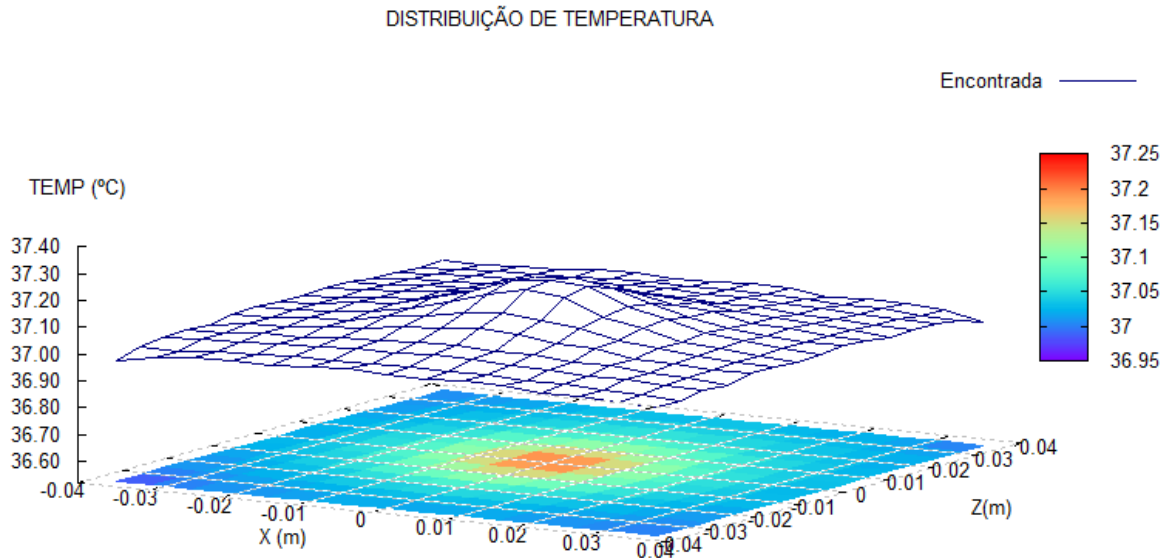


Figura 4.17: Distribuição de temperatura para o modelo esférico de 48 elementos, centro nas coordenadas (0,00; 0,015, 0,00) e diâmetro de 0,02 m.

4.5 CONSIDERAÇÃO DE OUTRAS CONDIÇÕES DE CONTORNO

Assim como referido anteriormente, pode-se considerar outras condições de contorno mais realistas quando se considera a superfície da pele exposta e em equilíbrio com o ambiente, e não mais enfaixada como nos exemplos anteriores. Estas condições são:

Convecção:

$$q = -h(T - T_0) \quad (4.1)$$

Radiação:

$$q = -\sigma\epsilon(T^4 - T_r^4) \quad (4.2)$$

Onde $q = K\partial T / \partial n$, \bar{T} e \bar{q} são valores conhecidos, h é o coeficiente de transferência de calor, T_0 é a temperatura média do fluido circunvizinho, σ é a constante de Stefan-Boltzmann, ε é a emissividade entre a superfície e o contorno radiativo e T_r é a temperatura do ambiente radiativo.

Um caso considerando convecção e radiação juntos pode ser escrito como:

$$-q = \sigma\varepsilon(T^4 - T_r^4) + h(T - T_0) \quad (4.3)$$

Pode-se expandir a equação anterior para a forma:

$$-q = \sigma\varepsilon(T^2 + T_r^2)(T + T_r)(T - T_r) + h(T - T_0) \quad (4.4)$$

Como é conhecido, o coeficiente de transferência de calor aparente da radiação, para pequenas variações de temperatura ambiente é $h_r = \sigma\varepsilon(T^2 + T_r^2)(T + T_r)$. E em condições normais $h_r = 6,19 \text{ W/m}^2$ (LIU e XU, 2000). Assim temos:

$$-q = h_r(T - T_r) + h(T - T_0) \quad (4.5)$$

Nas mesmas situações citadas acima, de pequenas variações de temperatura ambiente para radiação e convecção, é possível considerar $T_r = T_0$ que equivale à temperatura do ambiente em questão, neste trabalho adotada como $T_a = 25^\circ\text{C}$. Assim (4.5) fica escrita como:

$$-q = (h_r + h)(T - T_a) \quad (4.6)$$

Segundo Liu e Xu (2000) para uma análise preliminar $h_{ef} = h_r + h = 10 \text{ W/m}^2$. Assim a condição de contorno para os elementos que estão em contato com o ambiente externo fica simplificada como:

$$q = -h_{ef}(T - T_a) \quad (4.7)$$

Este valor de temperatura externa é mais baixo que temperatura na superfície da pele, o que indica que haverá uma redução dos valores de temperatura observados.

O exemplo a seguir corresponde a um modelo retangular de tamanho (0,02 x 0,01 x 0,02 m³) e centro posicionado em (0,00; 0,01; 0,00), solucionado com as condições de contorno convectivas descritas acima e comparado, na tabela 4.7, com o modelo o bidimensional.

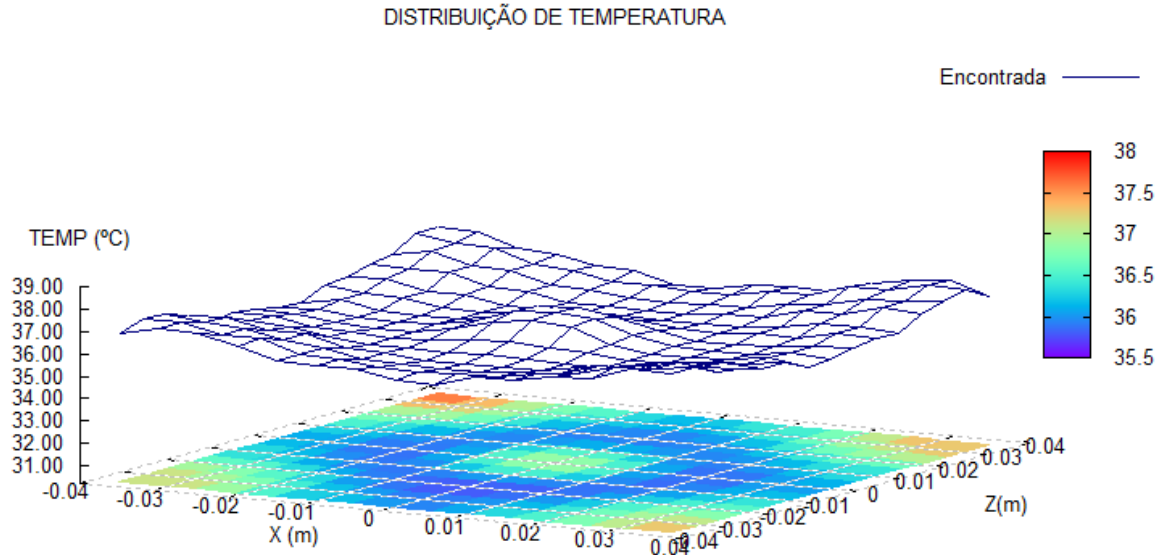


Figura 4.18: Distribuição de temperatura para o modelo retangular convectivo tamanho (0,02 x 0,01 x 0,02 m³) e centro posicionado em (0,00; 0,01; 0,00).

Tabela 4.7: Comparação do modelo tridimensional convectivo com valores do modelo bidimensional.

Posição em X	Referência 2D	Modelo 3D	
		Valor	Variação
-0,035	36,4937	36,0609	1,2%
-0,030	36,4108	35,9834	1,2%
-0,025	36,4216	35,9059	1,4%
-0,020	36,4870	35,9406	1,5%
-0,015	36,5951	35,9753	1,7%
-0,010	36,7295	36,4219	0,8%
-0,005	36,8390	36,8685	-0,1%
0,000	36,8777	36,8675	0,0%
0,005	36,8390	36,8666	-0,1%
0,010	36,7295	36,4168	0,9%
0,015	36,5951	35,9671	1,7%
0,020	36,4870	35,9258	1,5%
0,025	36,4216	35,8844	1,5%
0,030	36,4108	35,9497	1,3%
0,035	36,4937	36,0150	1,3%

Observa-se uma pequena variação dos resultados que se deve ao fato de que a discretização tridimensional apresenta uma malha menos refinada do que a malha bidimensional, pois

esta possui relativamente menor quantidade de elementos, o que possibilita um maior discretização com custo computacional menor.

Mais exemplos de problemas convectivos serão apresentados nos capítulos 6 e 7, junto com os resultados do problema inverso.

A seguir apresenta-se a teoria e as aplicações do algoritmo genético para determinar a localização e o tamanho do tumor, isto é, a partir dessas distribuições térmicas será possível encontrar qual o tamanho e a posição do tumor que gera as distribuições de temperatura ilustradas anteriormente.

5 ALGORITMO DE OTIMIZAÇÃO

5.1 INTRODUÇÃO

As pesquisas de modelos computacionais inteligentes tem se caracterizado pela tendência em buscar inspiração na natureza, onde existe uma grande número de exemplos vivos de processos de evolução e busca de pontos ótimos que podem ser classificados como inteligentes (TANOMARU, 1995).

Para cientistas de computação, matemáticos e engenheiros, muitas das soluções que a natureza encontrou para problemas complexos de adaptação fornecem modelos interessantíssimos. Embora não se possa afirmar que todas estas foram soluções ótimas, não há a menor dúvida de que os processos naturais são capazes de encontrar boas soluções.

Enquanto alguns profissionais da biologia e da física tentam descobrir os mistérios da natureza, alguns cientistas tentam reproduzir estes fenômenos em seus laboratórios e passam a buscar uma forma de imitar estes processos para resolver diversos tipos de problemas.

5.2 O ALGORITMO GENÉTICO

5.2.1 O método

Os algoritmos genéticos são uma família de modelos computacionais inspirados na biologia, mais precisamente na reprodução dos seres vivos. São criados para seguirem suas leis de reprodução garantindo a evolução de uma determinada população de indivíduos.

De forma geral a evolução natural implementa mecanismos adaptativos de otimização que, embora estejam longe de ser uma forma aleatória de busca, com certeza envolvem aleatoriedade.

A teoria sobre a origem das espécies de Charles Darwin serviu de inspiração para o trabalho de John Holland (1975, *apud* TANOMARU, 1995) que publicou em seu livro “Adaptação de sistemas Naturais e Artificiais” as bases dos algoritmos de otimização baseados nos processos reprodutivos.

Somente em 1989 quando David Goldberg, um dos alunos de doutorado de Holland, publicou em seu livro um tutorial completo sobre os AGs (Algoritmos Genéticos) é que o método começou a ser amplamente utilizado em trabalhos de diversas áreas, devido a suas grandes vantagens. São elas:

- Realizam buscas simultâneas em várias regiões do espaço de busca, pois trabalham com populações (vários pontos) e não com um único indivíduo (um ponto);
- Utilizam informações de potencial, custo ou recompensa e não derivadas como muitos outros métodos de minimização de funções;
- Possibilidade de trabalhar com múltiplas variáveis;
- Fornecem uma lista de possíveis soluções ótimas, destacando aquelas, ou aquela, com a maior aptidão para a solução ideal;
- São de fácil implementação, permitindo a modulação. Assim eles podem ser transferidos de um problema para outro com poucas modificações.

5.2.2 Principais conceitos utilizados

Antes de prosseguir com a análise das características destes algoritmos, alguns conceitos básicos são necessários. Estes conceitos podem ser encontrados na teoria de genética da biologia e aqui são expostos explicando o funcionamento básico destes nos algoritmos.

Principais conceitos:

Cromossomo - cadeia de bits que representa uma solução possível para o problema;

Gene - representação de cada parâmetro que varia de acordo com o alfabeto utilizado, podendo ser binário, inteiro ou real. Neste trabalho assim como em Castro e Partridge (2006) e Bueno (2008) adota-se os genes em formato binário;

População - conjunto de pontos (indivíduos) no espaço de busca, em uma determinada geração;

Geração - iteração completa do AG que cria uma nova população;

Alelo – na biologia representa as formas alternativas de um determinado gene; Nos AG's representa os valores que o gene pode assumir.

Os algoritmos genéticos são modelos matemáticos que transformam possíveis soluções em uma estrutura que simula um cromossomo e aplicam operadores de seleção e "crossover" a essas estruturas de forma a buscar informações relativas à solução do problema.

5.3 FORMULAÇÃO DO ALGORITMO

O AG trabalha de forma a impor critérios de seleção a uma determinada geração, beneficiando os indivíduos como melhor desempenho, originando uma próxima geração com indivíduos teoricamente mais aptos. Este desempenho e aptidão são determinados pela pontuação que lhe é dado em relação a um determinado objetivo.

Lemonge e Barbosa (2004) citam os principais aspectos para resolver um problema de otimização por AG's:

- Escolher uma forma de representação genética que armazene as informações necessárias do problema.
- Um procedimento abrangente para criar uma população inicial de possíveis soluções;
- Uma função de avaliação que retorna a aptidão de cada indivíduo;
- Operadores genéticos que manipulam a codificação dos pais durante o processo de reprodução, dando origem a novos indivíduos;
- Parâmetros a serem utilizados no algoritmo após o processo de cruzamento e mutação que indicam sinais de convergência ou possibilidade de parada.

Esses aspectos serão descritos separadamente a seguir.

5.3.1 Representação genética

Antes de iniciar os trabalhos de criação dos indivíduos que serão submetidos à evolução é necessário determinar a codificação a ser utilizada para representar os indivíduos (possíveis soluções).

Existem vários tipos de codificação possíveis de serem utilizadas, dentre elas destacam-se a codificação binária e a codificação real. Neste trabalho, assim como em Partridge e Wrobel (2007), Castro e Partridge (2006) e Bueno (2008), se trabalhará com codificação binária que é a mais indicada para problemas com variáveis independentes e com maior analogia com os exemplos biológicos.

5.3.1.1 Dimensionamento das variáveis

As variáveis têm que ser capazes de representar todo o espaço de busca em que se deseja investigar, ou seja, todo cromossomo gerado no algoritmo deve ser possível de ser representado na codificação escolhida.

Se um cromossomo representa n parâmetros de uma função, então o espaço de busca é um espaço com n dimensões.

Para cada dimensão escolhe-se qual o nível de precisão que se deseja trabalhar e em seguida anota-se quantos pontos (np) essa precisão representa dentro de seu espaço de busca.

O número de pontos possíveis para uma codificação binária é dado por:

$$np = 2^l \quad (5.1)$$

Onde l é o número de bits em cada cromossomo.

Sabendo disto, agora só resta mapear essa representação binária dentro de um intervalo real $[a, b]$ qualquer. Isso pode ser feito pela fórmula:

$$x = \min + (\max - \min) \frac{b_{10}}{2^l - 1} \quad (5.2)$$

Onde x é o número no intervalo $[a, b]$ codificado pelo binário b . $\min = a$ e $\max = b$, são os valores mínimo e máximo respectivamente do intervalo que se deseja representar e b_{10} é o valor do binário b em base decimal.

5.3.2 População inicial

A literatura de AG's não possui um critério específico para a determinação da quantidade de indivíduos a ser adotada em um determinado problema, portanto a escolha vai depender da experiência adquirida ao longo do processo (LEMONGE e BARBOSA, 2004).

Com uma população pequena o desempenho do AG pode cair, pois se terá representado apenas uma pequena parte do espaço de busca do problema. Já com grandes populações haverá uma maior diversidade de soluções, contudo o tempo de processamento será elevado. Portanto, as principais influências deste parâmetro estão relacionadas com o desempenho global e com a eficiência do modelo de busca (CASTRO e PARTRIDGE, 2006).

Uma das sugestões de Kahn (2002) é que o tamanho da população cresça exponencialmente com o tamanho do problema.

Outra sugestão de Kahn (2002) é consequência de suas observações práticas e de outros pesquisadores. Ele diz que para a maioria dos problemas com uma variável a população deve estar entre l e $2l$:

$$l \leq n \leq 2l \quad (5.3)$$

Onde l é o número de bits do cromossomo.

A primeira geração de soluções deve ser criada aleatoriamente, geralmente feita por algoritmos randômicos livres de tendências específicas. Esta primeira população é responsável por abranger todo o espaço de busca onde o algoritmo irá selecionar as regiões mais aptas a se reproduzirem para gerarem filhos. A falta de material genético indicando somente uma região do espaço de busca pode implicar em problemas de convergência, principalmente se a resposta ótima estiver na região não representada.

5.3.3 Função de aptidão

Na função de aptidão é onde ocorre a avaliação dos indivíduos. É a parte mais importante, pois é onde o AG se encontra com o problema. Avaliar um cromossomo em um AG significa determinar a aptidão de sobrevivência em relação aos demais indivíduos da população (OCHI e ROCHA, 2000).

Em problemas de otimização onde exista um grande número de restrições ou em alguns casos onde a FO (Função Objetivo) que se deseja minimizar ou maximizar pode apresentar pontos de máximos ou mínimos globais melhores fora do intervalo a ser estudado, pode-se utilizar artifícios de penalização para reduzir drasticamente a possibilidade de reprodução desses indivíduos que não atendam às restrições impostas.

Nesses casos a FO pode ser montada da seguinte forma (LEMONGE e BARBOSA, 2004);

$$F(x) = f(x) + penal(x) \quad (5.4)$$

Se o problema não apresentar restrições em sua formulação, a função de penalização não é considerada e a função de aptidão será própria função objetivo.

Porém na maioria dos casos o valor da FO não é indicado para ser usado como parâmetro direto de aptidão para seleção. Diferenças acentuadas no valor da FO podem levar à convergência prematura, assim como valores muito próximos tornam a seleção aleatória. Com a intenção de reduzir esses efeitos, ordena-se os valores da FO de forma a se ter uma função de aptidão que seja possível controlar a pressão de seleção.

Pressão de seleção é a relação entre a maior aptidão e a aptidão média da população. Se em uma determinada geração existir um indivíduo com um valor de aptidão muito maior que os demais isso levará a uma pressão de seleção muito grande nessa região e conseqüentemente a uma convergência prematura próxima a ele. Por outro lado se a pressão de seleção é muito baixa, os valores de aptidão estarão muito próximos e o processo se tornará aleatório.

5.3.3.1 Ordenamento linear

Neste método a função de aptidão é dada por:

$$AF_i = \min + (\max - \min) \frac{N - i}{N - 1} \quad (5.5)$$

Onde i é o índice do cromossomo na população em ordem decrescente de valor da função objetivo e N é o número de indivíduos da população.

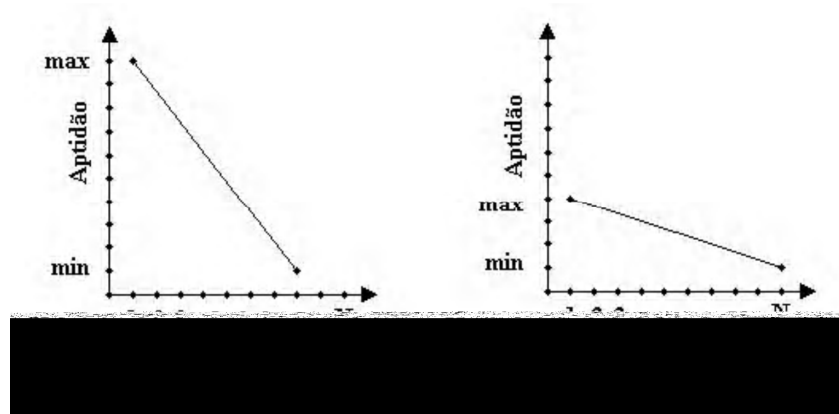


Figura 5.1: Pressão de Seleção (LACERDA e CARVALHO, 1999).

A alta pressão de seleção favorece os melhores cromossomos, direcionando a busca para as melhores soluções encontradas até então, isto é, explorando a região do espaço de busca que está próxima dos melhores resultados. Já a baixa pressão de seleção favorece os piores cromossomos, direcionando a busca para regiões desconhecidas no espaço de busca (CASTRO e PARTRIDGE, 2006).

5.3.3.2 Ordenamento exponencial

Segundo Michalewicz (1996) o ordenamento exponencial é dado por:

$$AF_i = q(1 - q)^{i-1} \quad (5.6)$$

Em que $q \in [0,1]$ e i é o índice de posição do cromossomo na população em ordem decrescente do valor da função objetivo. Este tipo de ordenamento permite um maior controle da intensidade de pressão de seleção do que do ordenamento linear.

Valores de q próximos a 1 permitem um grande privilégio de reprodução para os cromossomos com melhores resultados em cada geração.

A variação deste parâmetro durante o processo pode ser usado com um fator regulador da quantidade de gerações a ser utilizada. Ou se tiver seu valor elevado logo nas primeiras gerações pode causar uma convergência prematura.

5.3.4 Seleção

Com a população devidamente organizada, o algoritmo nesta fase deve escolher aqueles que farão parte da próxima geração ou serão submetidos ao cruzamento. Assim cada indivíduo deve receber uma probabilidade de ser escolhido de acordo com sua colocação na função de aptidão.

Algumas formas de seleção serão descritas a seguir. Cabe ao programador definir, em função de cada problema, qual ou quais os métodos serão mais adequados ao seu caso.

5.3.4.1 Elitismo

É possível que no processo de escolha, mesmo com alta probabilidade de seleção, que um indivíduo com alta aptidão seja eliminado. Portanto pode ser importante garantir que o melhor indivíduo passe de uma geração para a outra sem alterações.

Para tanto se utiliza uma estratégia denominada Elitismo. Essa técnica simples consiste em apenas eleger um ou dois cromossomos de uma geração e inseri-lo diretamente na próxima, privando-os de passar pelos demais processos de seleção. Porém, deve-se garantir a sua probabilidade de reprodução e possível evolução, o que pode levá-lo a ser substituído já na próxima geração.

5.3.4.2 Amostragem estocástica universal

Este método, também conhecido como algoritmo da roleta, pode ser exemplificado por uma população disposta em um gráfico circular dividido em fatias onde cada fatia tem tamanho proporcional à aptidão que cada cromossomo representa. No centro do círculo é colocada uma ou mais setas (Figura 5.2). Após girar a roleta e ela parar, a seta indicará um cromossomo ou, a cada dois giros, um par de cromossomos que farão parte da população intermediária e que passarão pelos demais operadores de cruzamento e mutação. Esta operação é repetida diversas vezes de acordo com o tamanho da população.

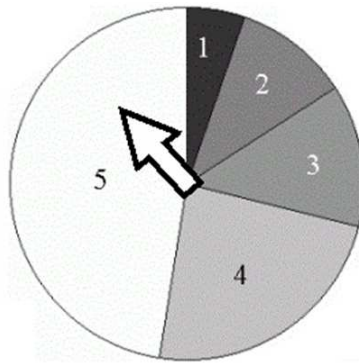


Figura 5.2: Exemplo de roleta.

5.3.4.3 Torneio

Nesse caso utiliza-se o algoritmo da roleta para se encontrar dois ou mais cromossomos, aquele com maior desempenho entre os escolhidos será o eleito para fazer parte da população intermediária.

Este método visa diminuir, mas não elimina a possibilidade de um cromossomo de baixo desempenho fazer parte da população intermediária. E em caso de população com baixa diversidade de informação genética pode contribuir para rápidas convergências.

5.3.4.4 Cruzamento e mutação

Os operadores de cruzamento (crossover) e a mutação são os principais mecanismos de busca dos AG's. São eles que exploram as regiões desconhecidas do espaço de busca. O operador de cruzamento é aplicado aos pares de cromossomos selecionados pela roleta ou roleta com torneio e cada par de cromossomos gera dois cromossomos filhos. Cada um dos cromossomos pais tem sua cadeia cortada em um posto aleatório, produzindo duas cabeças e duas caudas. As caudas são trocadas, gerando dois novos cromossomos.

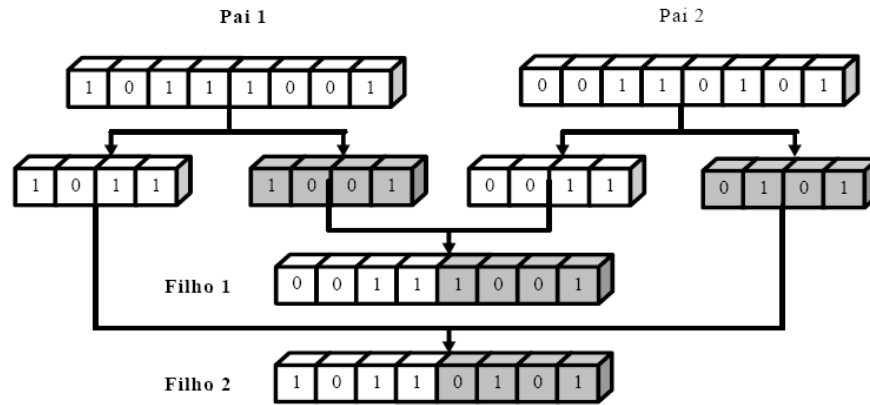


Figura 5.3: Cruzamento de um ponto (SAMPAIO, 2004)

O tipo de cruzamento mais conhecido é o de n pontos uniformes. O cruzamento de 1 ponto é o descrito na Figura 5.3. O de 2 pontos é apresentado na Figura 5.4. Os dois pontos de corte são escolhidos aleatoriamente e as seções entre os dois pontos são trocadas entre os pais.

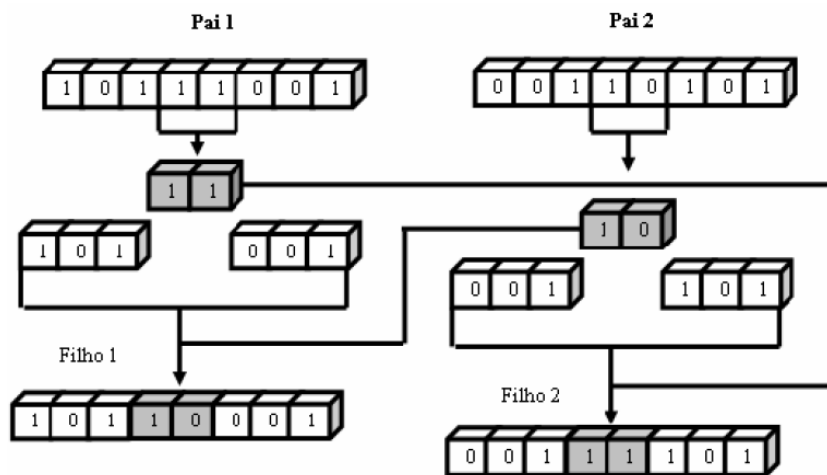


Figura 5.4: Cruzamento de dois pontos (SAMPAIO, 2004).

Os indivíduos resultantes da operação de cruzamentos agora serão submetidos à operação de mutação.

A mutação consiste em efetuar a inversão de 0 para 1 ou de 1 para 0, passando em todos os bits dos filhos gerados no cruzamento, porém somente naqueles os quais a operação de probabilidade se mostra verdadeira. Geralmente se trabalha com uma probabilidade de 1%, ou seja, somente 1 a cada 100 bits analisados serão invertidos.

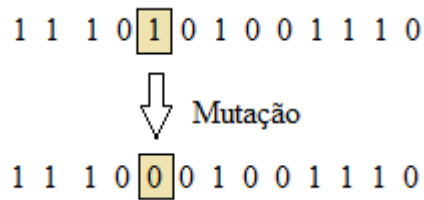


Figura 5.5: Processo de mutaçao que ocorre quando a operaçao de probabilidade é verdadeira.

5.3.5 Critérios de atualizaçao e parada

Juntando os novos indivíduos resultantes das operaçoes de elitismo e cruzamento, assim como suas demais operaçoes, pode-se atualizar a populaçao anterior com os novos cromossomos gerados. Geralmente trabalha-se com um número fixo de representantes, de forma que a atualizaçao seja feita sobre todos.

Depois de atualizado é possível novamente ordená-los sobre os valores da funçao objetivo e executar novamente todos os processos, caracterizando assim um processo cíclico infinito. Fica então necessária a determinaçao de um critério de parada que interromperá o processo quando sua necessidade for atingida ou quando um exaustivo número de ciclos for executado caracterizando algum problema de convergência no processo.

Existem diversos tipos de critérios de parada, alguns deles podem ser:

- O algoritmo atingir um determinado número de ciclos;
- Chegar ao valor ótimo da funçao objetivo, se este for conhecido;
- Quando determinado indivíduo atingir um determinado potencial na funçao objetivo, e este for julgado satisfatório;
- Convergência, isto é, quando não ocorrer melhoramento significativo na qualidade dos cromossomos em um dado número de geraçoes.

Vale ressaltar que não existe um critério exato para se encerrar a execuçao de um AG, ficando a escolha feita a critérios do pesquisador.

5.4 CARACTERÍSTICAS ESPECÍFICAS DO ALGORITMO GENÉTICO CONSTRUÍDO

Partindo dos cinco aspectos citados por Lemonge e Barbosa (2004) como exposto em 5.3, as características do AG desenvolvido são descritas a seguir.

5.4.1 Representação genética

Codificação binária, com cromossomos de 14 dígitos, sendo:

- 4 dígitos para representar a coordenada x, a partir da equação 5.1 tem-se então $np = 2^4$, portanto, 16 possíveis soluções para a coordenada x, mapeada no intervalo $[-0,03 ; 0,03]$ em metros, garantindo uma precisão de +/- 1,875 mm nas soluções.
- 3 dígitos para a coordenada y, portanto 8 possíveis soluções, mapeadas no intervalo de $[-0,002 ; 0,023]$ garantindo a precisão de 1,5 mm em y.
- 4 dígitos para representar a coordenada z, portanto, 16 possíveis soluções para a coordenada z, mapeada no intervalo $[-0,03 ; 0,03]$ em metros, tendo assim precisão de +/- 1,875 mm nas soluções.
- 3 dígitos para o tamanho, portanto são possíveis 8 tamanhos distintos de tumores mapeados no intervalo $[0,25 ; 2,00]$ onde são valores proporcionais às dimensões 0,02 em x, 0,01 em y e 0,02 em z. Logo o tumor descrito como (0,02; 0,01; 0,02) tem valor equivalente a 1,00 no mapeamento descrito.

Assim a combinação deste mapeamento torna possível 16.384 soluções distintas, sendo este o tamanho do espaço de busca, onde apenas uma será dada como solução ideal.

O espaço a ser procurado compreende toda região de tecido discretizada definida anteriormente como sendo 0,03m x 0,08m. Os cromossomos que indicarem tumor saindo do espaço de busca são automaticamente punidos na função de aptidão por possuírem uma distribuição de temperatura muito descontínua e cheia de picos completamente diferente de uma distribuição real.

5.4.2 População inicial

A população inicial é criada aleatoriamente a partir do algoritmo de geração de números randômicos (PRESS *et al*, 1986), de forma que cada dígito tenha 50% de possibilidade de assumir um valor binário (0 ou 1).

Uma população com 25 indivíduos é adotada. Este número reduzido de indivíduos só foi possível, para um problema de 4 variáveis, devido à eficiência das funções “histórico” e “busca em proximidade” desenvolvidas neste trabalho (itens 5.5 e 5.6).

5.4.3 Função de aptidão

A função objetivo deve minimizar o valor da soma dos quadrados das diferenças entre as temperaturas calculadas na superfície em ABCD do domínio Ω_2 (Figura 4.3) e os valores da distribuição de temperatura, obtidos anteriormente que correspondam à posição e ao tamanho de um tumor que se deseja localizar;

Os cromossomos são ordenados de acordo com seu potencial no valor inverso da função objetivo e a função de aptidão é feita por escalonamento linear.

5.4.4 Operadores genéticos

Os indivíduos que têm a maior probabilidade de seleção de acordo com a função de aptidão são selecionados para crossover, usando o método da roda de roleta descrito por Goldberg (1989).

Crossovers de quatro até oito pontos são realizados entre os pares de cromossomos selecionados, sendo 1 ou 2 por alelo.

Um processo de elitismo é empregado onde os dois melhores indivíduos de uma geração passam automaticamente à próxima, assegurando que a melhor solução não seja perdida;

5.4.5 Critérios de parada

Dois critérios de parada foram definidos:

- Critério número 1: um máximo de 60 gerações é permitido. Se chegar até a última geração, o processo de repetição é interrompido e o algoritmo retorna à melhor resposta até o momento;
- Critério número 2: Possibilidade de looping após explorar todos os números imediatamente próximos da melhor solução, definido pela função “busca em proximidade”.

Além destas características comuns na maioria dos AG's, outras funções foram propostas para melhorar o desempenho do mesmo, visto as dificuldades encontradas para a solução de alguns casos.

Para solucionar estas dificuldades foram construídas as funções “histórico” e “busca em proximidade” descritas a seguir.

5.5 FUNÇÃO HISTÓRICO

O algoritmo genético pode ser criticado por realizar uma “busca aleatória”, por não ser fácil identificar uma formulação matemática que explique e garanta seu funcionamento.

Em exemplos onde a função a ser otimizada é uma função “pesada” (que possui alto custo computacional e leva um tempo considerável para ser calculada) o algoritmo genético pode sim se tornar inviável devido ao grande número cálculos desta função que ele deverá realizar até chegar à resposta ótima.

Porém é fácil perceber que o AG executa muitos cálculos repetidos. Por exemplo:

A função elitismo, que é de fundamental importância para o sucesso de um AG, leva para a próxima geração as duas melhores soluções da geração anterior. Ou seja, na geração seguinte, a função de aptidão (que em alguns casos pode ser muito lenta), será calculada novamente para as duas melhores soluções já determinadas na geração anterior;

No processo de cruzamento criam-se a partir dos pais, filhos que exceto nas primeiras gerações, possuem uma grande probabilidade de serem idênticos os pais ou a indivíduos que já existiram anteriormente. Este fato se torna muito mais grave quanto mais próximo

da convergência, chegando ao ponto de que nas últimas gerações 80% dos indivíduos possuem o mesmo valor.

Para evitar este problema foi criada uma função que armazena um histórico de todos os indivíduos que já foram calculados até o momento e sempre antes do cálculo da função objetivo submete-se este indivíduo ao histórico. Se este já teve um antepassado com as mesmas informações genéticas, dispensa-se o cálculo da função objetivo e é atribuído o mesmo valor que seu antepassado idêntico teve.

O histórico também contribui com uma nova possibilidade de avaliar a eficiência do AG, pois se sabe que o espaço de busca é finito. Uma forma arcaica de encontrar a solução ideal seria avaliar todas as soluções possíveis, porém isto é inviável devido ao grande número de soluções. Assim saber quantos indivíduos foram calculados durante o processo de otimização é um bom indicativo da eficiência do método.

5.6 “BUSCA EM PROXIMIDADE”

Como dito anteriormente o cruzamento (crossover) é uma das principais ferramentas de busca de um AG, e ele é um dos grandes responsáveis por explorar as regiões desconhecidas do espaço de busca.

A principal crítica que pode ser feita ao operador de cruzamento de um AG é que se os dois indivíduos pais contêm a mesma informação genética, sempre vão ser gerados dois indivíduos idênticos aos pais.

Nas primeiras gerações este problema pode não ser muito perceptível, até então uma baixa pressão de seleção pode resolver o problema, porém, nas últimas gerações este problema é muito grave. Uma busca refinada da solução pode não ser possível, pois a falta de informação genética pode indicar um máximo local como solução do problema.

Outro fato importante é que em situações onde a função a ser otimizada possui oscilações próximas ao ponto de máximo, a falta de informação genética pode novamente levar o AG a apontar uma solução próxima ao ponto máximo e não encontrá-lo exatamente.

Para resolver estes dois problemas propõem-se: sempre que um indivíduo recém criado na função de cruzamento for idêntico a um indivíduo que já existiu (pesquisa no histórico), o substituir por uma variação inédita do melhor indivíduo até o momento.

O efeito que será inserido no AG é o de varredura na proximidade do ponto máximo, impedindo a convergência, até o momento em que todos os pontos próximos do melhor resultado tenham sido analisados. Neste momento o algoritmo entraria em looping por não ser mais possível encontrar indivíduos inéditos na proximidade do melhor resultado, assim um número máximo de tentativas para a geração de um indivíduo inédito deve ser determinado. Tem-se aqui então um novo critério de parada (neste trabalho foram adotadas 1000 tentativas).

Esta variação provocada nas proximidades do ponto ótimo deve ser controlada para que o AG não encontre um ponto qualquer no espaço de busca, e este esteja muito longe da região pesquisada. Deve-se definir qual a máxima variação (distância) que o AG vai concentrar a busca. A distância de variação no algoritmo deste trabalho foi de 1 ponto para as variáveis y e “Tamanho”, por apresentarem alelos de 3 dígitos e 2 pontos para as variáveis x e z que apresentam alelos de 4 dígitos binários.

Este processo só participará expressivamente do conjunto quando o algoritmo iniciar o processo de convergência. Portanto não vai ameaçar a capacidade de busca do AG e sim adicionará na parte final uma grande capacidade de refinamento da solução, além de reduzir a grande quantidade de cálculos repetidos que o AG executaria na etapa de convergência.

O Algoritmo Genético deste trabalho foi desenvolvido com foco na solução de problemas de localização de tumores, porém, isso não impede que o mesmo seja usado para problemas de otimização em geral. As implementações citadas podem trazer muitos benefícios para a solução de outros problemas.

6 SOLUÇÃO DE PROBLEMAS COM TUMORES SUBMERSOS NO TECIDO SAUDÁVEL

Aqui o Algoritmo Genético descrito anteriormente é associado às técnicas numéricas do Método dos Elementos de Contorno do capítulo 3 para formar uma ferramenta com o objetivo de obter a posição e o tamanho do tumor a partir de uma determinada distribuição de temperatura de na superfície da pele.

São ditos tumores submersos, aqueles onde não é possível pré-identificar a posição do tumor pelo simples fato de estar a alguns centímetros ou milímetros abaixo da superfície da pele. São os casos da maioria dos tumores de mama, como descritos no capítulo 1.

No capítulo seguinte serão expostos exemplos de tumores com eflorescência ou com local já conhecido, como é o caso da maioria dos melanomas, onde o principal objetivo é determinar quais as suas dimensões para efeito de diagnóstico e principalmente acompanhamento de tratamento.

Aqui o método é usado para obter a posição e o tamanho do tumor para os casos de geometria previamente definida. O principal objetivo de avaliar a eficiência do Algoritmo Genético desenvolvido é definir a capacidade do mesmo em resolver este tipo de problema inverso com quatro variáveis: coordenadas x , y , z e Tamanho.

Como visto, o método é de um tipo evolutivo baseado no processo de seleção natural, não requerendo nenhum cálculo de derivadas, sensibilidades ou direções de buscas.

Serão analisados casos variando o tamanho dos tumores e a disposição dos mesmos, além de casos considerando ou não a condição de contorno convecção e radiação. Por último, casos considerando a presença ou não de ruídos (possíveis erros nos equipamentos de leitura). Os casos analisados nesta seção são:

- Caso 1 - Prismático medidas 0,02 x 0,01 x 0,02 m e centro em (0,00; 0,01; 0,00);
- Caso 2 - Prismático medidas 0,025 x 0,0125 x 0,025 m e centro em (-0,015; 0,011; 0;00);

- Caso 3 - Prismático medidas 0,015 x 0,0075 x 0,015 m e centro em (0,00; 0,005; 0,015);
- Caso 4 - Prismático com medidas 0,03 x 0,015 x 0,03 m e centro em (0,01125; 0,0011; 0,01125);
- Caso 5 - Esférico diâmetro 0,02 m e centro em (0,00; 0,01; 0,00);
- Caso 6 - Esférico de diâmetro 0,02 m e centro em (-0,015; 0,02; 0,01125);
- Caso 7 - Esférico de diâmetro 0,015 m e centro em (-0,075; 0,014; 0,0075);
- Caso 8 - Esférico de diâmetro 0,01 m e centro em (0,00; 0,008; 0,0225);
- Caso 9 - Prismático medidas 0,03 x 0,015 x 0,03 m e centro em (0,00; 0,011; 0,00). Considerando convecção e radiação;
- Caso 10 - Prismático medidas 0,035 x 0,0175 x 0,035 m e centro em (0,00; 0,02; 0,0125). Considerando convecção e radiação;
- Caso 11 - Esférico de diâmetro 0,015 m e centro em (0,00375; 0,008; 0,0075). Considerando convecção e radiação;
- Caso 12 - Esférico de diâmetro 0,02 m e centro em (0,0075; 0,011; 0,0075). Considerando convecção e radiação;
- Caso 13 - Prismático medidas 0,02 x 0,01 x 0,02 m e centro em (0,00; 0,011; 0,00), erro de leitura $\sigma = 0,0267^\circ\text{C}$;
- Caso 14 - Prismático medidas 0,025 x 0,0125 x 0,025 m e centro em (-0,015; 0,011; 0,00), erro de leitura $\sigma = 0,046^\circ\text{C}$;
- Caso 15 - Prismático medidas 0,035 x 0,0175 x 0,035 m e centro em (0,00; 0,02; 0,01125), erro de leitura $\sigma = 0,0267^\circ\text{C}$ e convecção e radiação juntos;
- Caso 16 - Modelo esférico diâmetro 0,02 m e centro em (0,00; 0,01; 0,00) e desvio padrão de $\sigma = 0,0267^\circ\text{C}$;

- Caso 17 - Modelo esférico diâmetro 0,02 m e centro em (0,015; 0,02; 0,01125) e desvio padrão de $\sigma = 0,0578^{\circ}\text{C}$;
- Caso 18 - Modelo esférico diâmetro 0,015 m e centro em (0,00375; 0,008; 0,0075) e desvio padrão de $\sigma = 0,0178^{\circ}\text{C}$ e convecção e radiação juntos;

6.1 CASOS COM GEOMETRIA PRISMÁTICA

6.1.1 Caso 1

Partindo da distribuição de temperatura apresentada na Figura 6.1, deseja-se determinar qual a posição e tamanho de tumor que originou tal distribuição de acordo com o modelo definido no capítulo 4. Para geometria prismática com medidas 0,02 x 0,01 x 0,02 m nas coordenadas de centro (0,00; 0,01; 0,00), em metros.

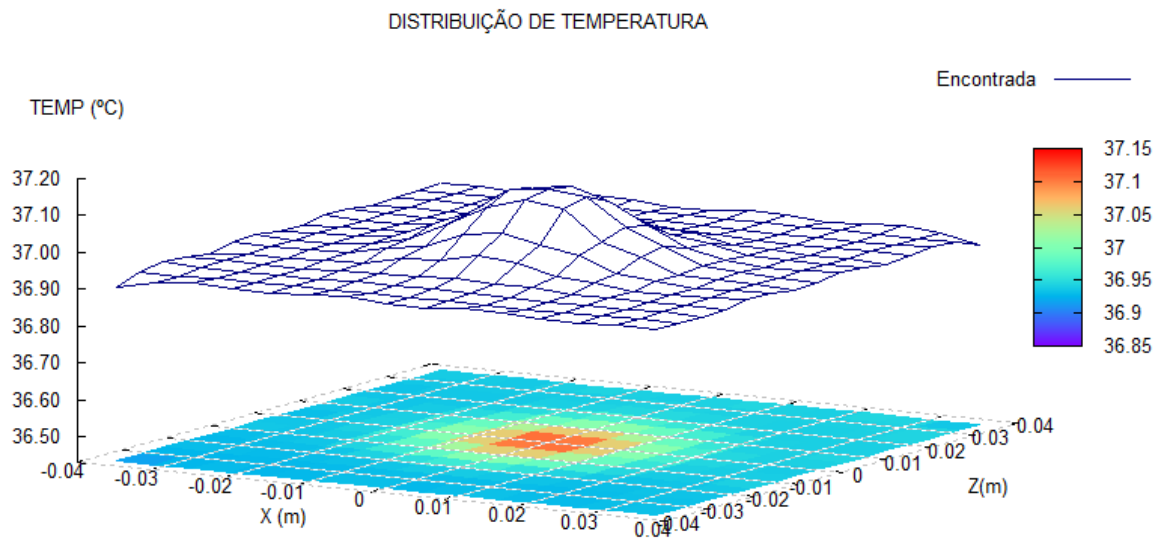


Figura 6.1: Distribuição de temperatura. Caso 1 prismático medidas 0,02 x 0,01 x 0,02 m e centro em (0,00; 0,01; 0,00).

Utilizou-se o algoritmo genético descrito anteriormente. A população inicial gerada aleatoriamente pode ser ilustrada segundo as coordenadas x, y e z conforme a figura (6.2). Omitiu-se a quarta variável que corresponde ao tamanho do tumor, para possibilitar a visualização da população inicial no espaço de busca.

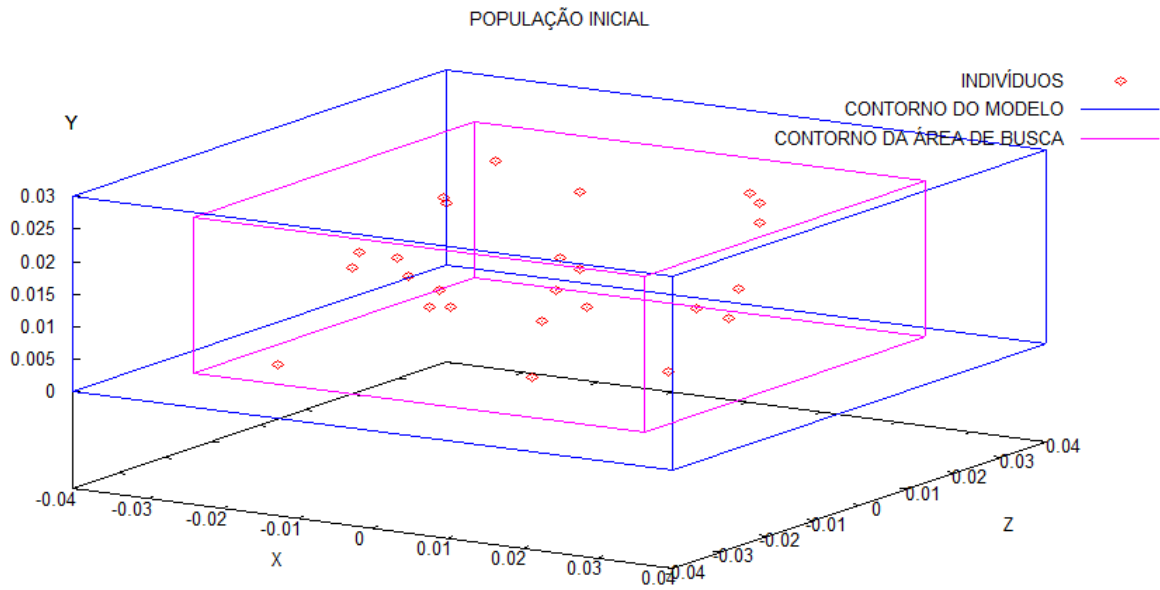


Figura 6.2: População inicial do Caso 1, omitindo a variável tamanho.

Observamos que a população está disposta aleatoriamente no espaço de busca, assim como proposto na criação aleatória da população inicial.

Após 6 gerações já era possível observar a presença da solução ideal entre os 25 indivíduos daquela população, conseqüentemente ela está presente em todas as gerações futuras.

O algoritmo foi encerrado após 51 gerações por ter sido atingido o critério de parada número 2, (possibilidade de looping após explorar todos os números imediatamente próximos da melhor solução). O contador do histórico indica que foram calculados 951 possíveis soluções dentre as 16.384 possíveis, para o mapeamento de variáveis escolhido, o que comprova a eficiência do método de busca.

A solução encontrada foi tumor com medidas 0,02 x 0,01 x 0,02 m nas coordenadas de centro (0,00; 0,011; 0,00). Sua classificação segundo a União Internacional Contra o Câncer é T2 (Tumor com mais de 2 cm, porém não mais de 5 cm em sua maior dimensão), na maior diagonal do paralelepípedo ele possui 0,03 m, que produz a distribuição de temperatura da figura 6.4 (Encontrada), comparada com a distribuição original (Gerada diretamente).

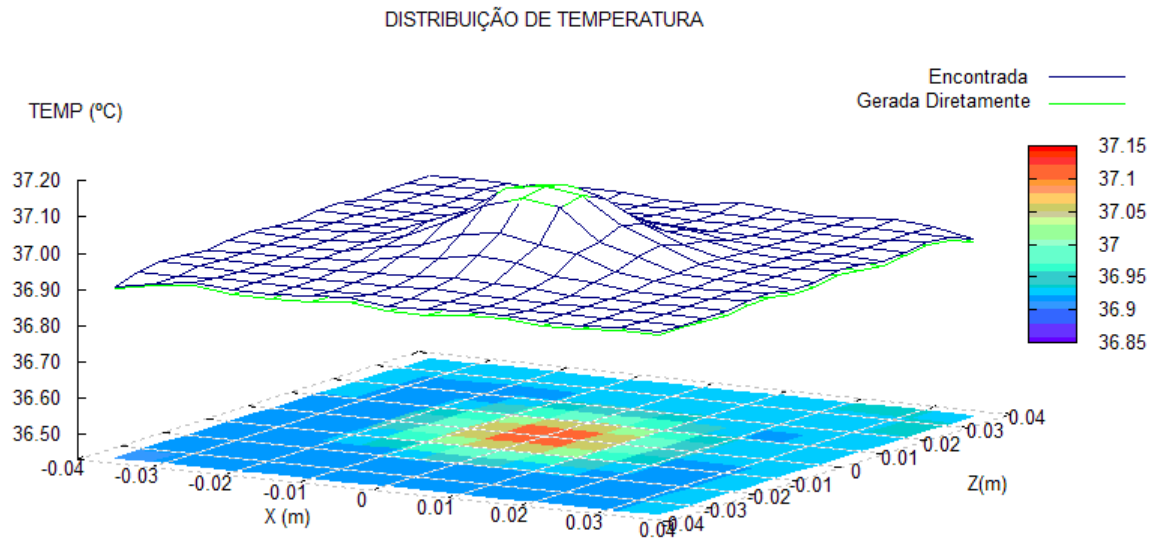


Figura 6.3: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 1.

Observa-se uma pequena variação dos valores encontrados na análise inversa em relação aos valores gerados diretamente devido ao fato do mapeamento binário das variáveis não ser capaz de representar exatamente o valor procurado (precisão apresentada anteriormente). Mas observa-se que esta pequena variação não prejudica em nada a qualidade da solução encontrada.

Tabela 6.1: Resultado Caso 1

	Original	Encontrada
Coordenadas		
X	0,0000	0,0000
Y	0,0100	0,0110
Z	0,0000	0,0000
Tamanho		
X	0,0200	0,0200
Y	0,0100	0,0100
Z	0,0200	0,0200

6.1.2 Caso 2

Tumor procurado: Geometria prismática com medidas 0,025 x 0,0125 x 0,025 m nas coordenadas de centro (-0,015; 0,011; 0,00).

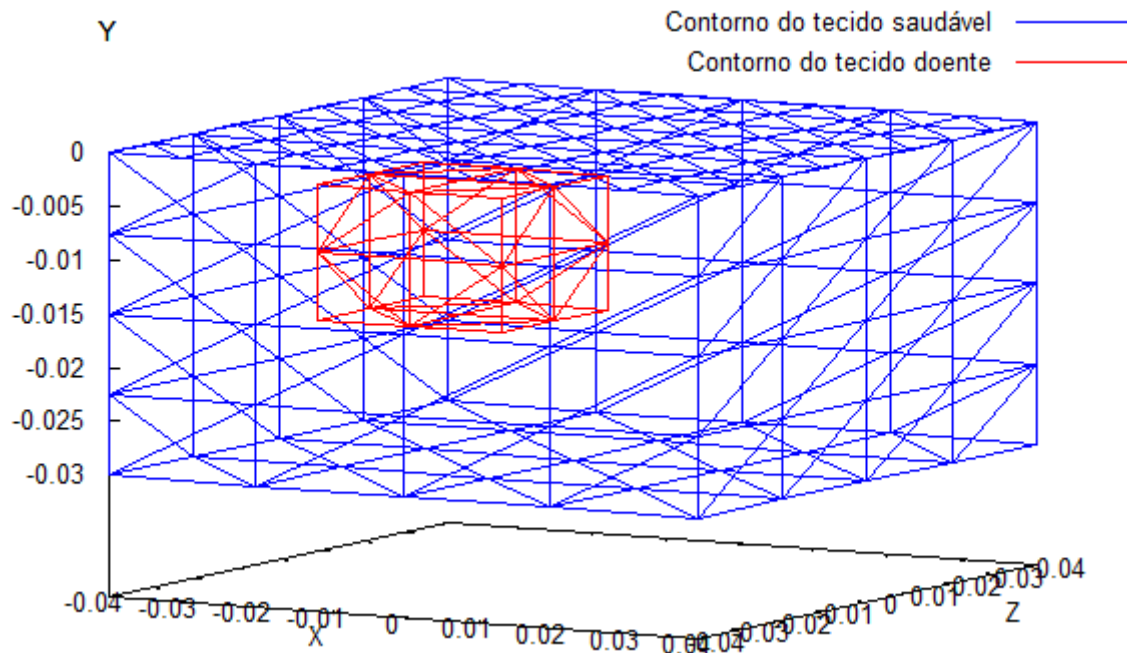


Figura 6.4: Modelo Caso 2 prismático medidas 0,025 x 0,0125 x 0,025 m e centro em (-0,015; 0,011; 0;00).

Utilizando o Algoritmo Genético descrito anteriormente, após 23 gerações passou a ser possível observar a presença da solução ideal entre os indivíduos da população. O algoritmo foi encerrado após 58 gerações por ter sido atingido o critério de parada “número 2”, após explorar toda a vizinhança do ponto ótimo com um histórico de 1057 indivíduos analisados.

A solução encontrada foi tumor com medidas exatamente iguais ao procurado por ter suas características exatamente possíveis na discretização adotada (item 5.4).

A classificação segundo a União Internacional Contra o Câncer é T2 (Tumor com mais de 2 cm, porém não mais de 5 cm em sua maior dimensão), produzindo a distribuição de temperatura da figura a seguir, onde observa-se que a distribuição encontrada é exatamente a mesma procurada.

DISTRIBUIÇÃO DE TEMPERATURA

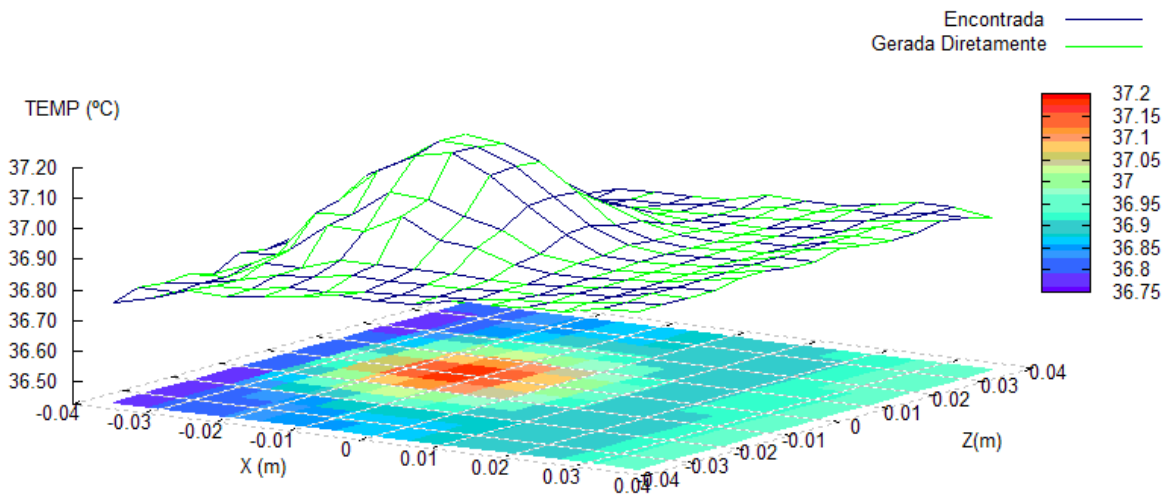


Figura 6.5: Comparação das distribuições de temperaturas geradas diretamente e encontradas, no Caso 2.

6.1.3 Caso 3

Tumor procurado: Geometria prismática com medidas 0,015 x 0,0075 x 0,015 m nas coordenadas de centro (0,00; 0,005; 0,015).

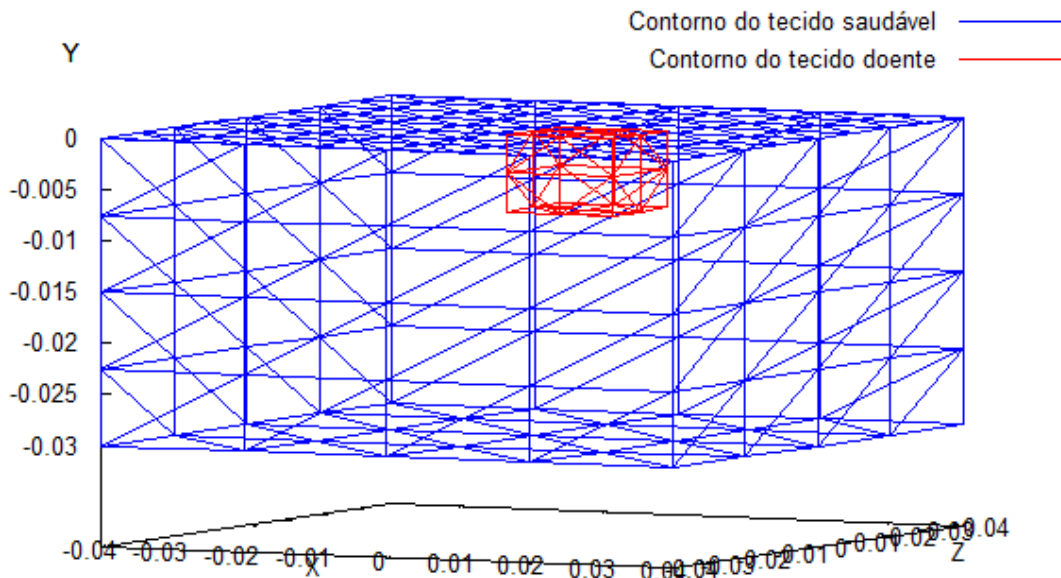


Figura 6.6: Modelo Caso 3 prismático medidas 0,015 x 0,0075 x 0,015 m e centro em (0,00; 0,005; 0,015).

Utilizando o Algoritmo Genético descrito anteriormente, após 21 gerações passou a ser possível observar a presença da solução ideal entre os indivíduos da população. O

algoritmo foi encerrado após 46 gerações por ter sido atingido o critério de parada “número 2”, após explorar toda a vizinhança do ponto ótimo com um histórico de 850 indivíduos analisados.

A solução encontrada foi tumor com medidas exatamente iguais ao procurado por ter suas características exatamente possíveis na discretização adotada (item 5.4). 0,015 x 0,015 x 0,0075 m nas coordenadas de centro (0;00; 0,005; 0,015).

A classificação segundo a União Internacional Contra o Câncer é T2 (Tumor com mais de 2 cm, porém não mais de 5 cm em sua maior dimensão), na maior diagonal do paralelepípedo ele possui 0,0225 m que produz a distribuição de temperatura da figura a seguir, onde se observa que a encontrada é exatamente a mesma procurada.

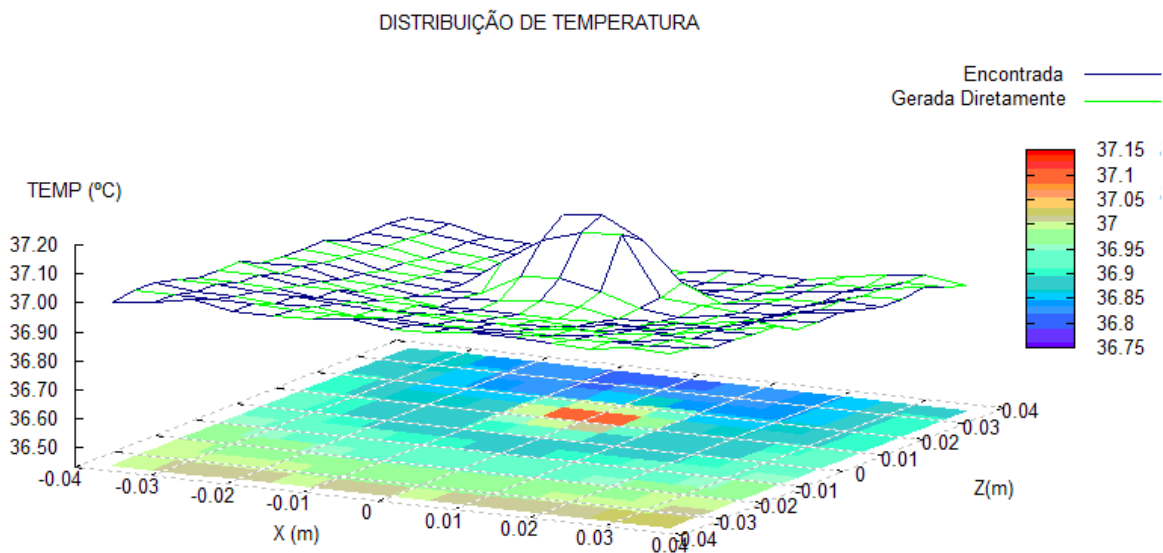


Figura 6.7: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 3.

6.1.4 Caso 4

Tumor procurado: Geometria prismática com medidas 0,03 x 0,015 x 0,03 m nas coordenadas de centro (0,01125; 0,0011; 0,01125).

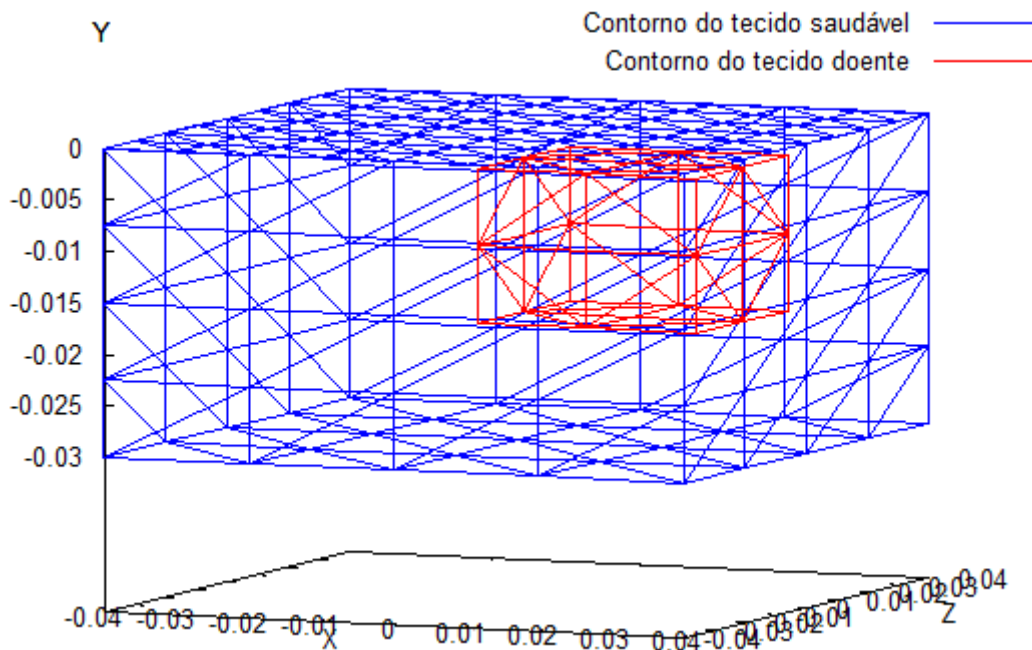


Figura 6.8: Modelo Caso 4. Prismático com medidas 0,03 x 0,015 x 0,03 m e centro em (0,01125; 0,0011; 0,01125).

Foram necessárias 40 gerações para que o algoritmo encontrasse a solução ideal. Ele foi encerrado após 50 gerações por ter atingido o critério de parada “número 2”, com um total de 903 indivíduos analisados.

A solução encontrada foi tumor com medidas exatamente iguais ao procurado por ter suas características exatamente possíveis na discretização adotada, dimensões 0,03 x 0,015 x 0,03 m e centro em (0,01125; 0,0011; 0,01125).

A classificação segundo a União Internacional Contra o Câncer é T2 (Tumor com mais de 2 cm, porém não mais de 5 cm em sua maior dimensão), na maior diagonal do paralelepípedo ele possui 0,045 m, que produz a distribuição de temperatura da figura a seguir, onde se observa que a distribuição encontrada é exatamente a mesma procurada.

DISTRIBUIÇÃO DE TEMPERATURA

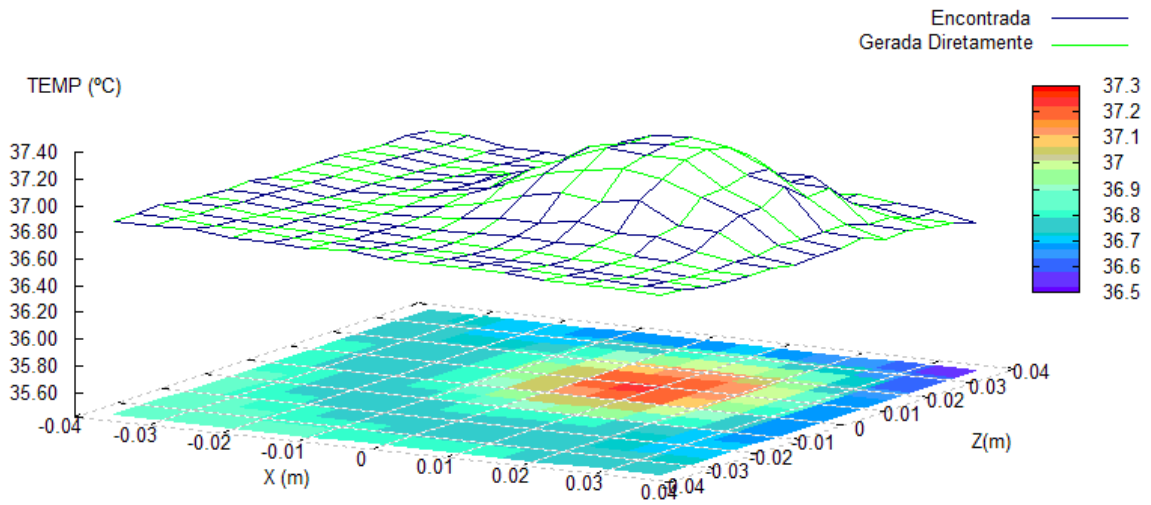


Figura 6.9: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 4.

6.2 CASOS COM GEOMETRIA ESFÉRICA

6.2.1 Caso 5

Partindo da distribuição de temperatura apresentada na Figura 6.10, deseja-se determinar qual a posição e tamanho de tumor que originou tal distribuição. Sabendo que esta foi gerada a partir de um tumor de geometria esférica com diâmetro 0,02 m nas coordenadas de centro (0,00; 0,01; 0,00).

DISTRIBUIÇÃO DE TEMPERATURA

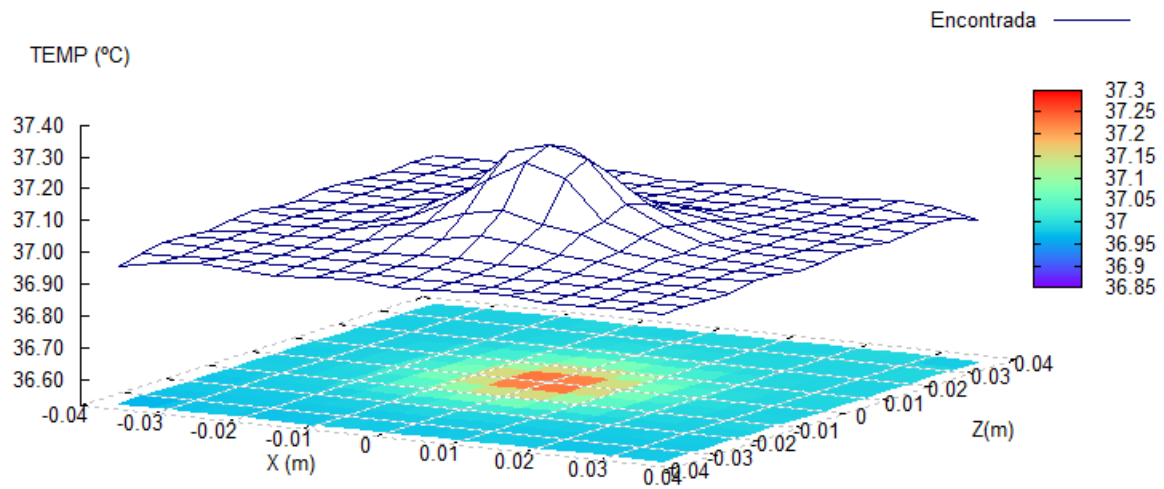


Figura 6.10: Distribuição de temperatura do Caso 5. Modelo esférico diâmetro 0,02 m e centro em (0,00; 0,01;0,00).

A solução ideal surgiu entre a população após 12 gerações. O algoritmo foi encerrado após 60 gerações por ter sido atingido o critério de parada número 1, (Número máximo de gerações). O contador do histórico indica que foram calculados 1119 possíveis soluções das 16.384 possíveis, para o mapeamento de variáveis escolhido.

A solução encontrada foi tumor com diâmetro 0,02 m nas coordenadas de centro (0,00; 0,011; 0,00). Sua classificação segundo a União Internacional Contra o Câncer é T1c (Tumor com mais de 1 cm, porém não mais de 2 cm em sua maior dimensão), o qual produz a distribuição de temperatura da Figura 6.11 (Encontrada), comparada com a distribuição original (Gerada diretamente).

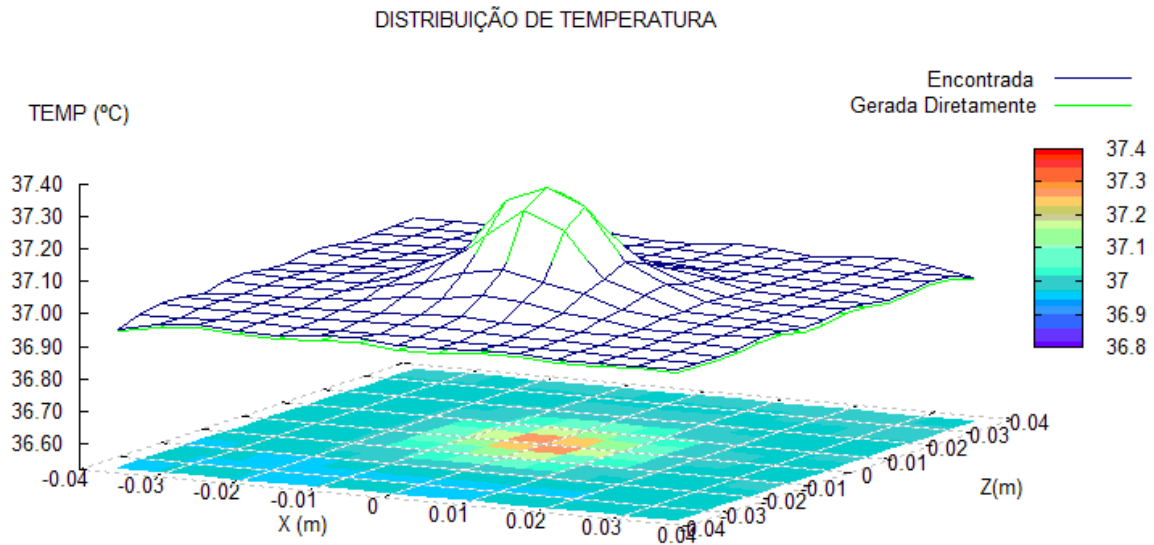


Figura 6.11: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 5.

Observa-se uma pequena variação dos valores encontrados em relação aos valores observados devido ao fato de que o mapeamento binário das variáveis não é capaz de representar exatamente o valor procurado. Mas é possível observar que esta pequena variação não prejudica em nada a qualidade da solução encontrada.

Tabela 6.2: Resultado Caso 5

	Original	Encontrada
Coordenadas		
X	0,0000	0,0000
Y	0,0100	0,0110
Z	0,0000	0,0000
Diametro		
D	0,0200	0,0200

6.2.2 Caso 6

Tumor procurado: Geometria esférica com diâmetro 0,02 m nas coordenadas de centro (-0,015; 0,02; 0,01125).

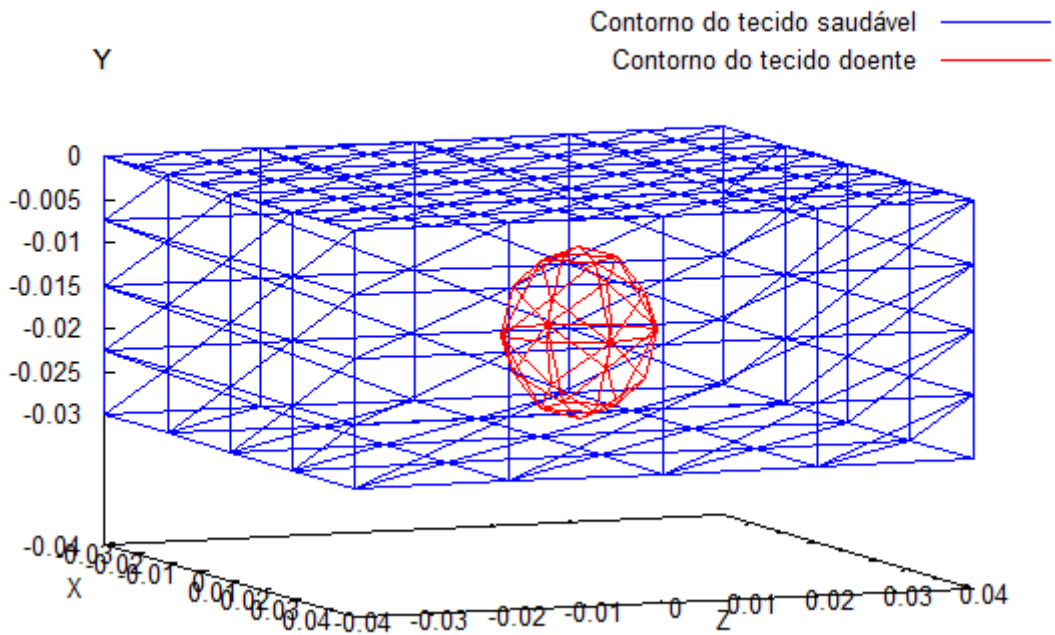


Figura 6.12: Modelo Caso 6. Esférico de diâmetro 0,02 m e centro em (-0,015; 0,02; 0,01125).

Após 19 gerações passou a ser possível observar a presença da solução ideal entre os indivíduos da população. O algoritmo foi encerrado após 46 gerações por ter sido atingido o critério de parada “número 2”, após explorar toda a vizinhança do ponto ótimo com um histórico de 830 indivíduos analisados.

A solução encontrada foi tumor com medidas exatamente iguais ao procurado por ter suas características exatamente possíveis na discretização adotada (item 5.4).

A classificação segundo a União Internacional Contra o Câncer e União Internacional Contra o Câncer é T1c (Tumor com mais de 1 cm, porém não mais de 2 cm em sua maior dimensão) e produz a distribuição de temperatura da figura a seguir, onde se observa que a distribuição encontrada é exatamente a mesma procurada.

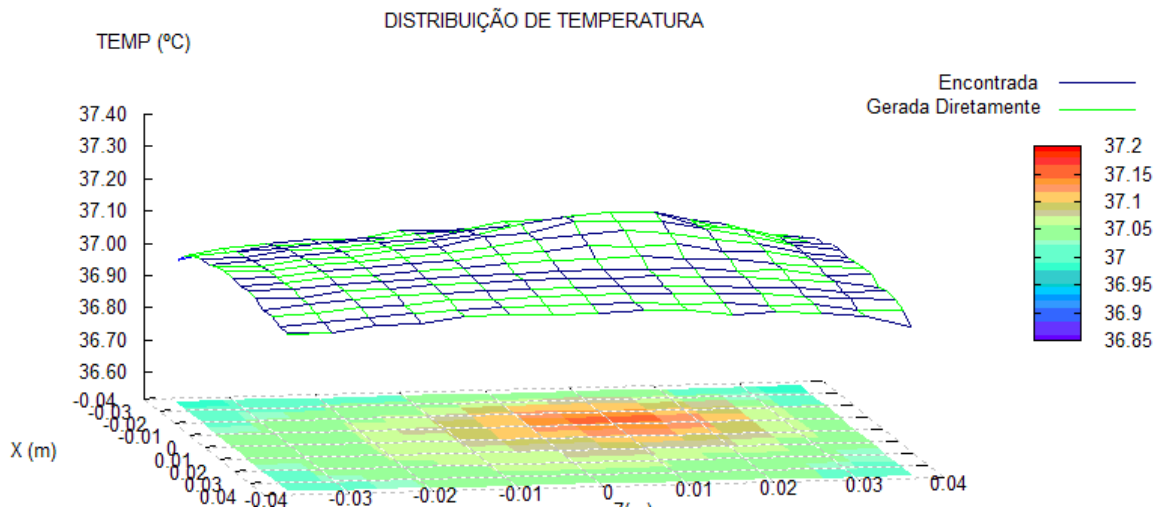


Figura 6.13: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 6.

6.2.3 Caso 7

Tumor procurado: Geometria esférica com diâmetro 0,015 m nas coordenadas de centro (-0,075; 0,014; 0,0075).

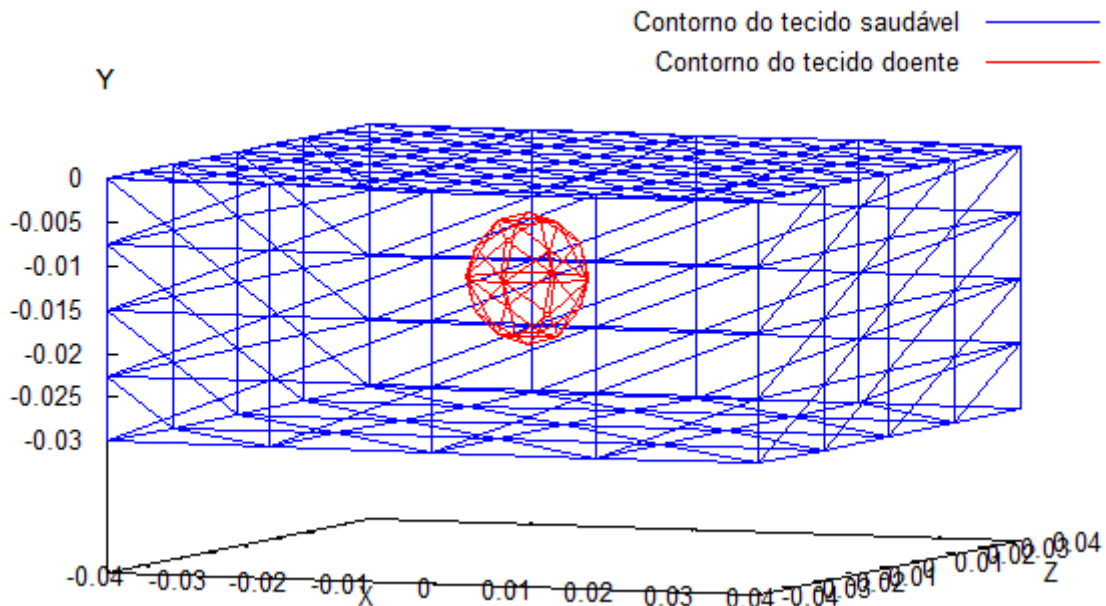


Figura 6.14: Modelo Caso 7. Esférico de diâmetro 0,015 m e centro em (-0,075; 0,014; 0,0075).

Após 20 gerações passou a ser possível observar a presença da solução ideal entre os indivíduos da população. O algoritmo foi encerrado após 46 gerações por ter sido atingido

o critério de parada “número 2”, após explorar toda a vizinhança do ponto ótimo com um histórico de 835 indivíduos analisados.

A solução encontrada foi tumor com medidas exatamente iguais ao procurado por ter suas características exatamente possíveis na discretização adotada.

A classificação segundo a União Internacional Contra o Câncer é T1c (Tumor com mais de 1 cm, porém não mais de 2 cm em sua maior dimensão), que produz a distribuição de temperatura da figura a seguir, onde se observa que a encontrada é exatamente a mesma procurada.

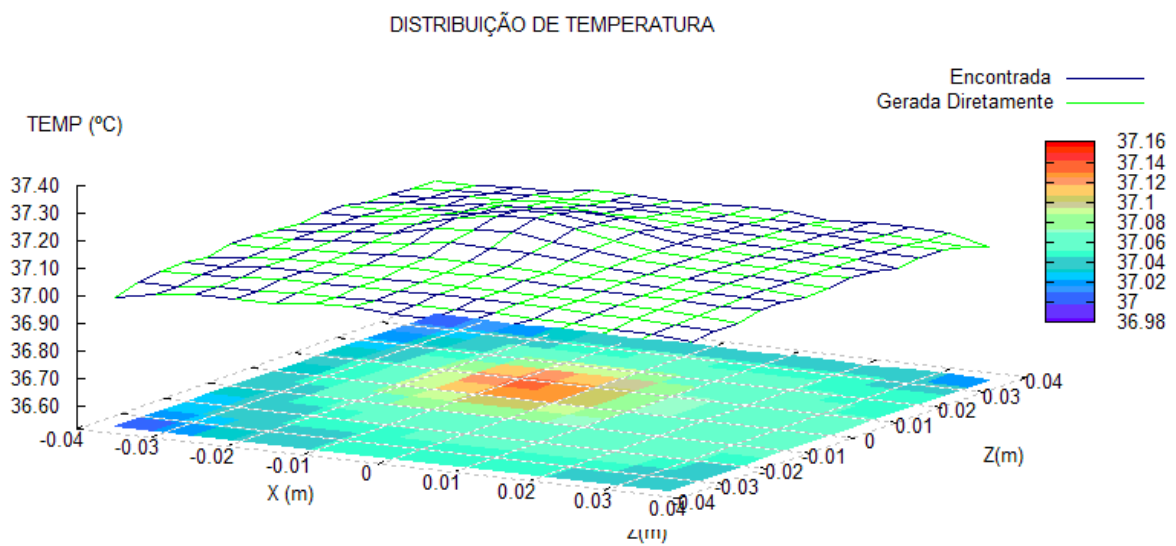


Figura 6.15: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 7.

6.2.4 Caso 8

Tumor procurado: Geometria esférica com diâmetro 0,01 m nas coordenadas de centro (0,00; 0,008; 0,0225).

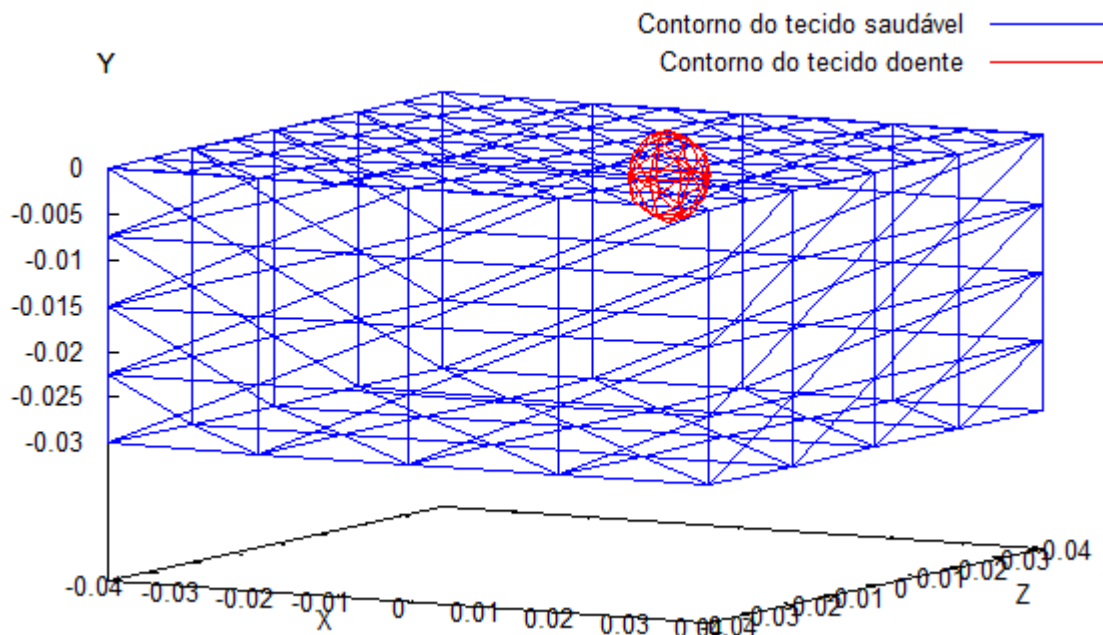


Figura 6.16: Modelo Caso 8. Esférico de diâmetro 0,01 m e centro em (0,00; 0,008; 0,0225).

Após 29 gerações passou a ser possível observar a presença da solução ideal entre os indivíduos da população. O algoritmo foi encerrado após 60 gerações por ter sido atingido o critério de parada “número 1”, Número máximo de 60 gerações permitidas com um histórico de 1070 indivíduos analisados.

A solução encontrada foi tumor com medidas exatamente iguais ao procurado por ter suas características exatamente possíveis na discretização adotada.

A classificação segundo a União Internacional Contra o Câncer é T1b (Tumor com mais de 0,5 cm, até 1 cm em sua maior dimensão), que produz a distribuição de temperatura da figura a seguir, onde se observa que aquela encontrada é exatamente a mesma procurada.

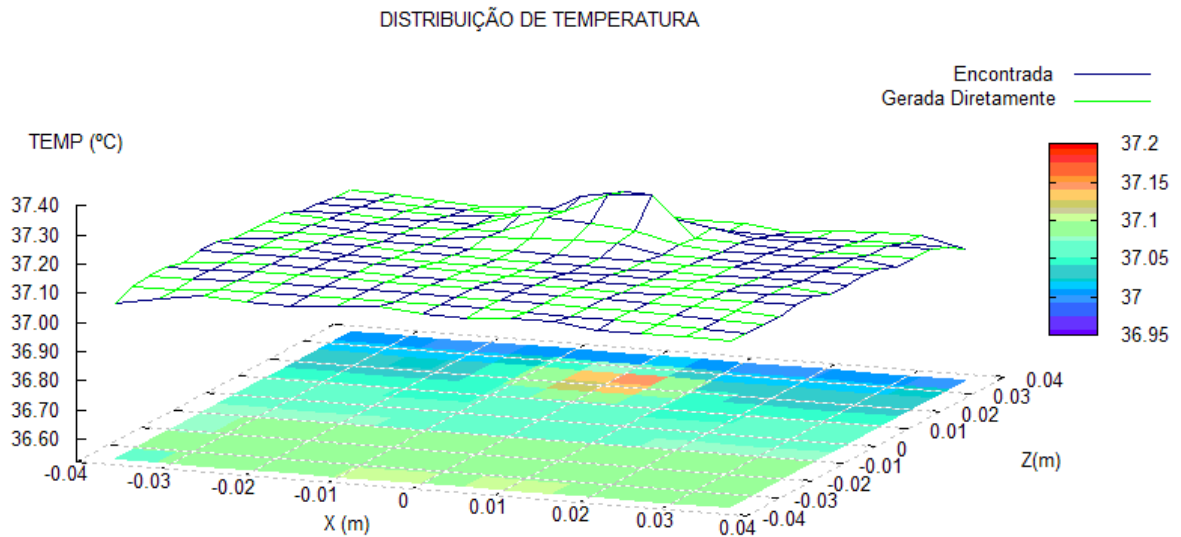


Figura 6.17: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 8.

6.3 CASOS CONSIDERANDO CONVECÇÃO E RADIAÇÃO

Como visto em 4.5 podemos considerar convecção e radiação juntos, a fim de obter uma condição de contorno mais realista onde a superfície da pele poderá estar exposta ao ambiente e não mais enfaixada como nos exemplos anteriores.

6.3.1 Caso 9

Tumor procurado: Geometria prismática com medidas 0,03 x 0,015 x 0,03 m nas coordenadas de centro (0,00; 0,011; 0,00).

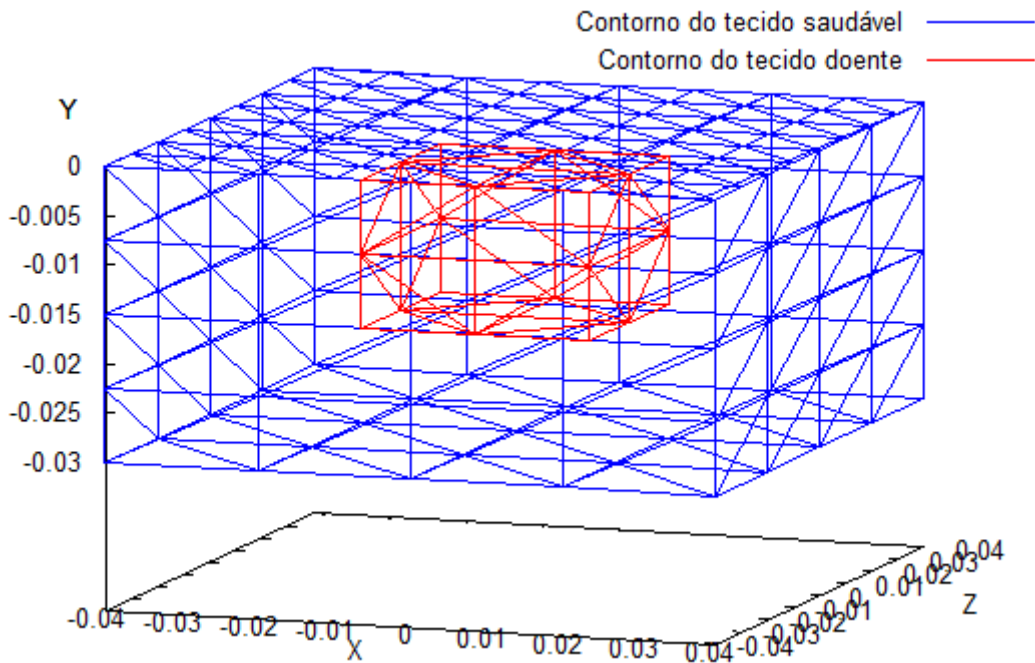


Figura 6.18: Modelo Caso 9 prismático medidas 0,03 x 0,015 x 0,03 m e centro em (0,00; 0,011; 0,00).

Foram necessárias 45 gerações para que o algoritmo encontrasse a solução ideal. Ele foi encerrado após 54 gerações por ter sido atingido o critério de parada “número 2”, com um total de 988 indivíduos analisados.

A solução encontrada foi tumor com medidas 0,03 x 0,015 x 0,03 m nas coordenadas de centro (0,00; 0,011; 0,00). Sua classificação segundo a União Internacional Contra o Câncer é T3 (Tumor com mais de 5 cm em sua maior dimensão), na maior diagonal do paralelepípedo ele possui 0,0525 m, o qual produz a distribuição de temperatura da figura 6.19 (Encontrada), comparada com a distribuição original (Gerada diretamente).

DISTRIBUIÇÃO DE TEMPERATURA

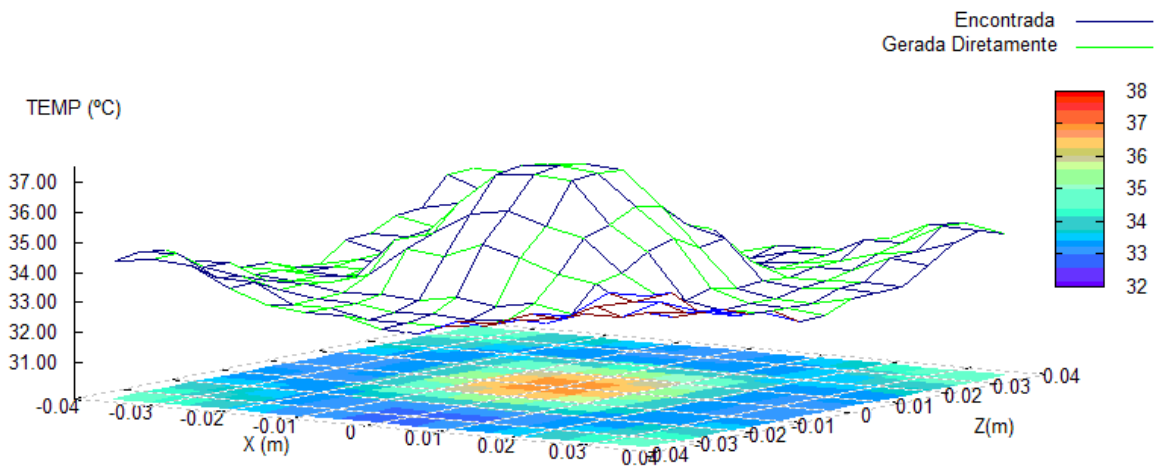


Figura 6.19: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 9.

6.3.2 Caso 10

Tumor procurado: Geometria prismática com medidas 0,035 x 0,0175 x 0,035 m nas coordenadas de centro (0,00; 0,02; 0,0125).

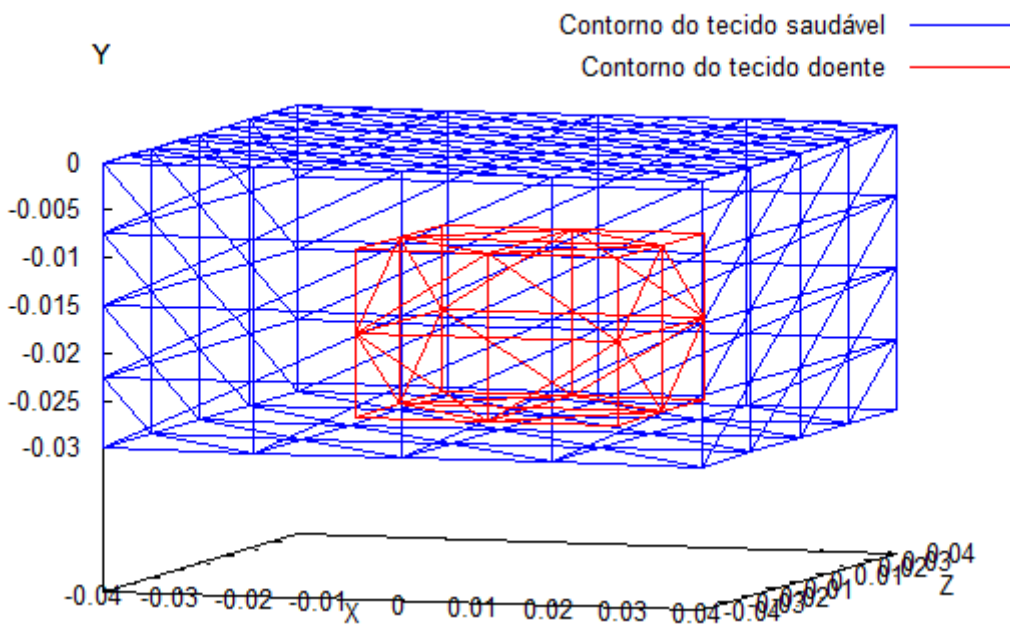


Figura 6.20: Modelo Caso 10 prismático medidas 0,035 x 0,0175 x 0,035 m e centro em (0,00; 0,02; 0,0125).

Foram necessárias 24 gerações para que o algoritmo encontrasse a solução ideal. O algoritmo foi encerrado após 43 gerações por ter sido atingido o critério de parada “número 2”, com um total de 783 indivíduos analisados.

A solução encontrada foi tumor com medidas 0,035 x 0,0175 x 0,035 m nas coordenadas de centro (0,00; 0,02; 0,01125). Sua classificação segundo a União Internacional Contra o Câncer é T3 (Tumor com mais de 5 cm em sua maior dimensão), na maior diagonal do paralelepípedo ele possui 0,0525 m, que produz a distribuição de temperatura da figura 6.21 (Encontrada), comparada com a distribuição original (Gerada diretamente).

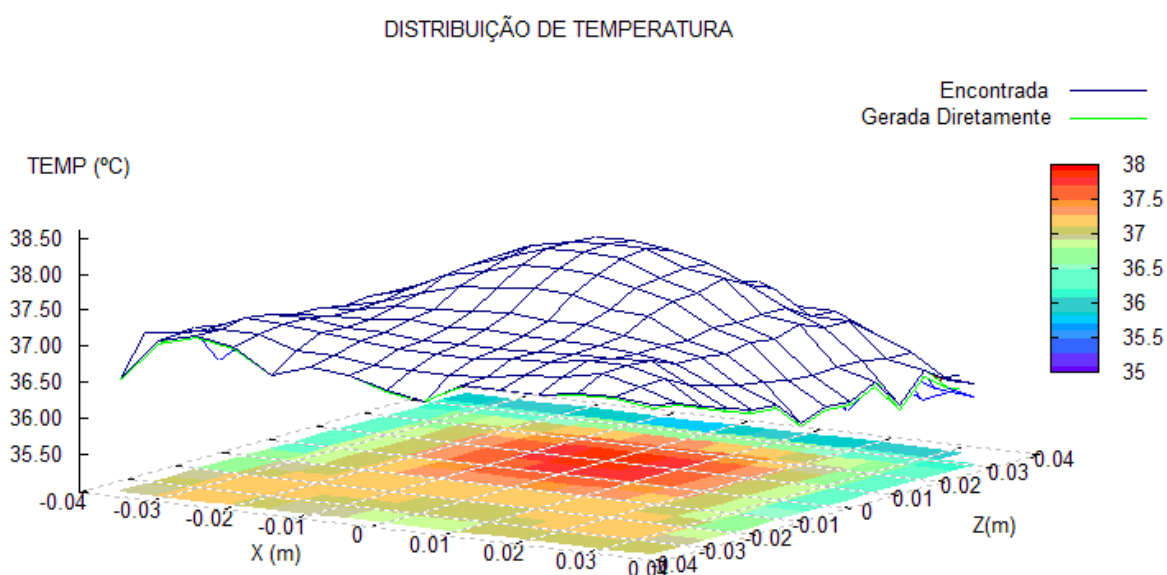


Figura 6.21: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 10.

Observa-se uma pequena variação dos valores encontrados em relação aos valores observados devido ao fato do mapeamento binário das variáveis não ser capaz de representar exatamente o valor procurado. Mas observa-se que esta pequena variação não prejudica em nada a qualidade da solução encontrada.

Tabela 6.3: Resultados Caso 10

	Original	Encontrada
Coordenadas		
X	0,00000	0,00000
Y	0,02000	0,02000
Z	0,01250	0,01125
Tamanho		
X	0,03500	0,03500
Y	0,01750	0,01750
Z	0,03500	0,03500

6.3.3 Caso 11

Tumor procurado: Geometria esférica com diâmetro 0,015 m nas coordenadas de centro (0,00375; 0,008; 0,0075).

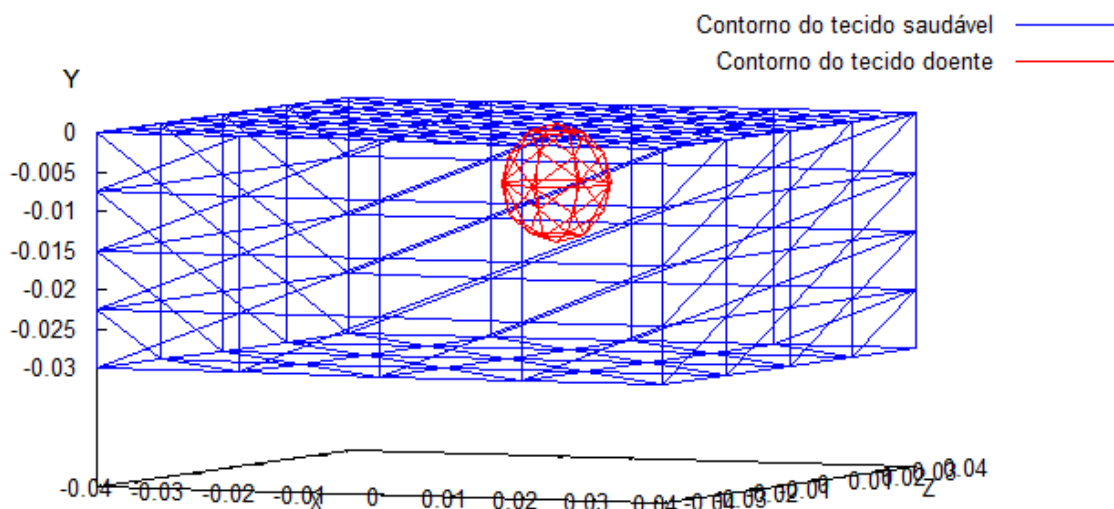


Figura 6.22: Modelo Caso 11. Esférico de diâmetro 0,015 m e centro em (0,00375; 0,008; 0,0075).

Após 24 gerações passou a ser possível observar a presença da solução ideal entre os indivíduos da população. O algoritmo foi encerrado após 38 gerações por ter sido atingido o critério de parada “número 2”, após explorar toda a vizinhança do ponto ótimo com um histórico de 698 indivíduos analisados.

A classificação segundo a União Internacional Contra o Câncer é T1c (Tumor com mais de 1 cm, porém não mais de 2 cm em sua maior dimensão), que produz a distribuição de temperatura da figura a seguir, onde se observa que a distribuição encontrada é exatamente a mesma procurada.

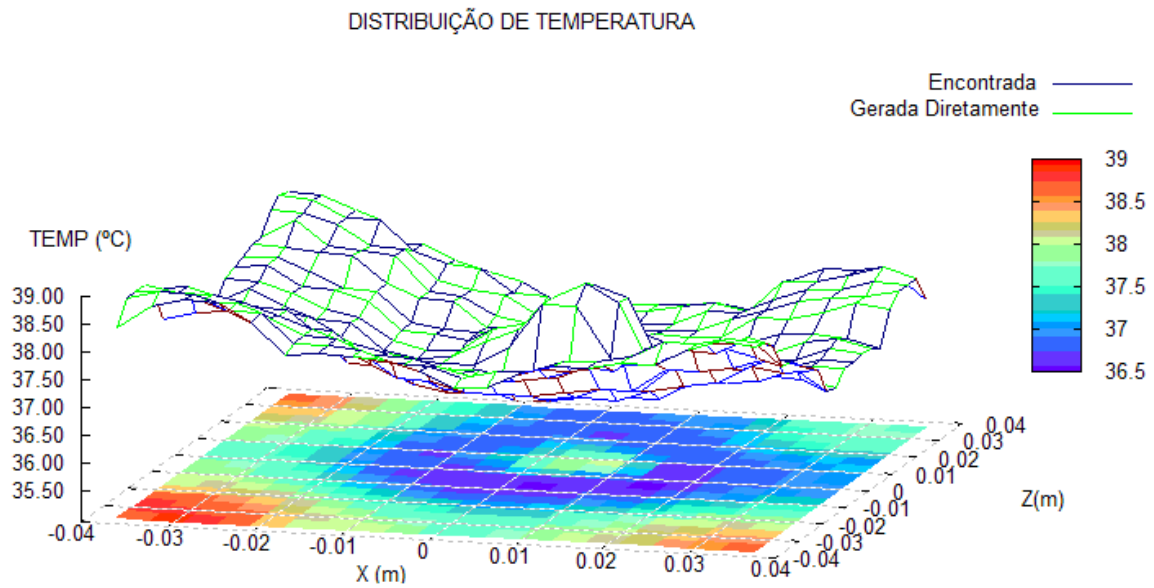


Figura 6.23: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 11.

6.3.4 Caso 12

Tumor procurado: Geometria esférica com diâmetro 0,02 m nas coordenadas de centro (0,0075; 0,011; 0,0075).

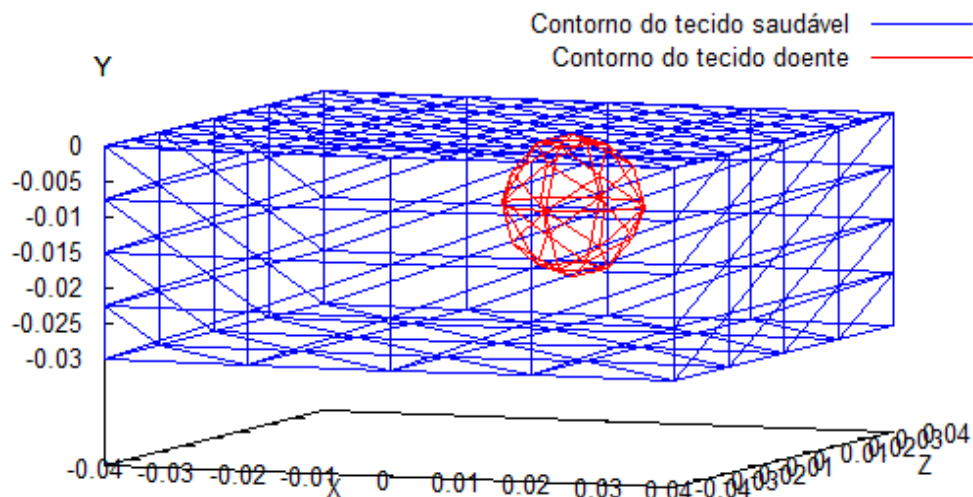


Figura 6.24: Modelo Caso 12. Esférico de diâmetro 0,02 m e centro em (0,0075; 0,011; 0,0075).

Após 29 gerações passou a ser possível observar a presença da solução ideal entre os indivíduos da população. O algoritmo foi encerrado após 60 gerações por ter sido atingido

o critério de parada “número 1 - Número máximo de 60 gerações permitidas”, com um histórico de 1092 indivíduos analisados.

A classificação segundo a União Internacional Contra o Câncer é T1c (Tumor com mais de 1 cm, porém não mais de 2 cm em sua maior dimensão), que produz a distribuição de temperatura da figura a seguir, onde se observa que a distribuição encontrada é exatamente a mesma procurada.

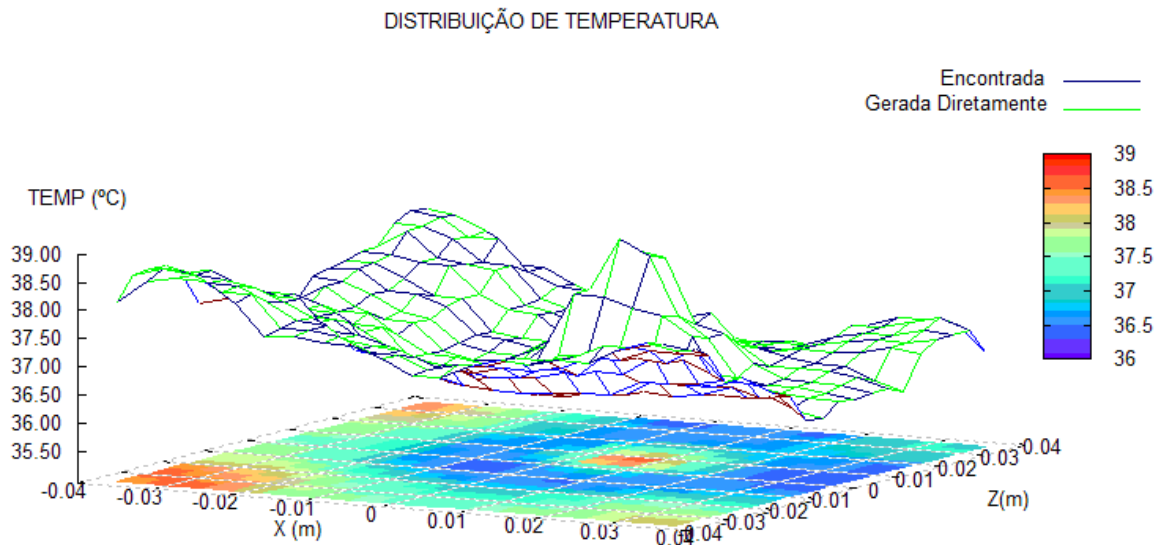


Figura 6.25: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 12.

6.4 CONSIDERAÇÃO DE IMPERFEIÇÕES NOS EQUIPAMENTOS DE LEITURA

Como foi descrito em 1.3 os equipamentos para leitura da temperatura na superfície da pele possuem precisão na ordem de 0,05 °C como é o caso dos Termopares e Junção PN, 0,04 °C em osciladores de cristal de quartzo comerciais, chegando a 0,02 °C nos medidores de radiação por infravermelho mais atuais, com o benefício de leituras instantâneas.

Para simular uma medição de temperatura na superfície da pele e avaliar a capacidade do algoritmo genético de se adequar aos equipamentos existentes, foram introduzidas imprecisões nos arquivos de temperaturas originais.

Essas imperfeições foram adicionadas de forma randômica (PRESS *et al*, 1986) controlando o desvio padrão, de forma que, para os mais precisos seja 0,01 °C até os mais imprecisos 0,06 °C.

6.5 CASO COM GEOMETRIA PRISMÁTICA

6.5.1 Caso 13

Partindo da distribuição de temperatura apresentada na Figura 6.1 (Caso 1), aplicando um erro de leitura com desvio padrão de $\sigma = 0,0267\text{ °C}$ a distribuição de temperatura na superfície da pele fica como na Figura 6.24.

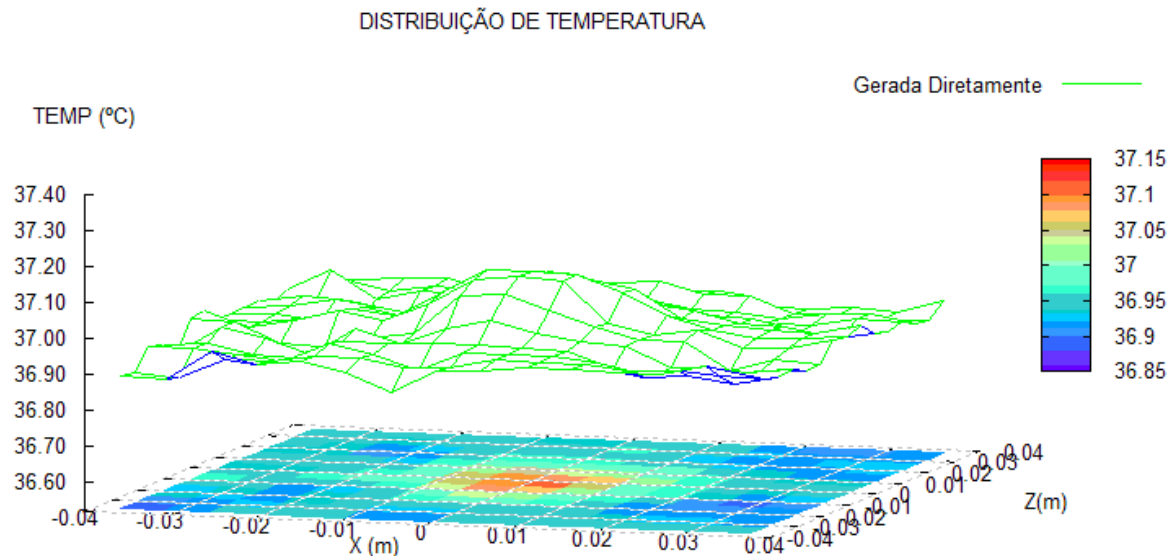


Figura 6.26: Distribuição de temperatura gerada diretamente . Caso 13 prismático medidas 0,02 x 0,01 x 0,02 m e centro em (0,00; 0,011; 0,00), erro de leitura $\sigma = 0,0267\text{ °C}$.

Assim deseja-se determinar qual a posição e tamanho do tumor que originou tal distribuição.

Após 26 gerações observa-se a presença da solução ideal entre os 25 indivíduos daquela população, conseqüentemente ela está presente em todas as gerações futuras. O algoritmo foi encerrado após 55 gerações por ter sido atingido o critério de parada número 2, (possibilidade de looping após explorar todos os números imediatamente próximos da melhor solução). O contador do histórico indica que foram calculados 955 possíveis soluções das 16.384 possíveis, para o mapeamento de variáveis escolhido.

A solução encontrada foi tumor com medidas 0,02 x 0,01x 0,02 m nas coordenadas de centro (0,00; 0,011; 0,00). Sua classificação segundo a União Internacional Contra o Câncer é T2 (Tumor com mais de 2 cm, porém não mais de 5 cm em sua maior dimensão), na maior diagonal do paralelepípedo ele possui 0,03 m, o qual produz a distribuição de temperatura da figura 6.27 (Encontrada), comparada com a distribuição original (Gerada diretamente).

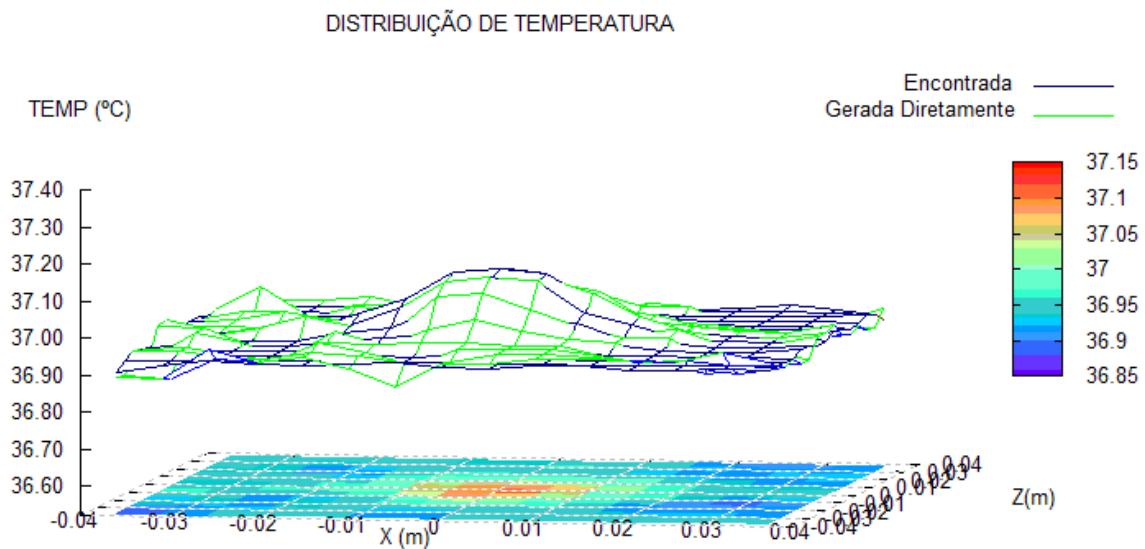


Figura 6.27: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 13.

6.5.2 Caso 14

Partindo da distribuição de temperatura apresentada na Figura 6.5 (Caso 2), aplicando um erro de leitura com desvio padrão de $\sigma = 0,046^{\circ}\text{C}$ a distribuição de temperatura na superfície da pele fica como na Figura 6.28.

DISTRIBUIÇÃO DE TEMPERATURA

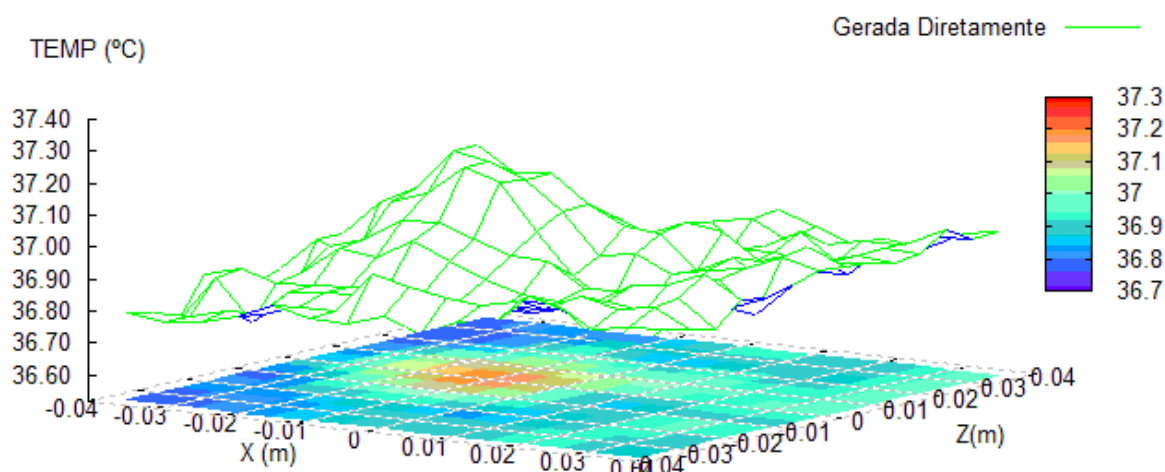


Figura 6.28: Distribuição de temperatura gerada diretamente . Caso 14 prismático medidas 0,025 x 0,0125 x 0,025 m e centro em (-0,015; 0,011; 0,00), erro de leitura $\sigma = 0,046^{\circ}\text{C}$.

A solução ideal só foi encontrada após 31 gerações de 25 indivíduos. O algoritmo foi encerrado após 60 gerações por ter sido atingido o critério de parada número 1, (Número máximo de gerações). O contador do histórico indica que foram calculadas 1.070 possíveis soluções das 16.384 possíveis.

A solução encontrada foi tumor com medidas 0,025 x 0,0125 x 0,025 m nas coordenadas de centro (-0,015; 0,011; 0,00). Sua classificação segundo a União Internacional Contra o Câncer é T2 (Tumor com mais de 2 cm, porém não mais de 5 cm em sua maior dimensão), o qual produz a distribuição de temperatura da figura 6.29 (Encontrada), comparada com a distribuição original (Gerada diretamente) .

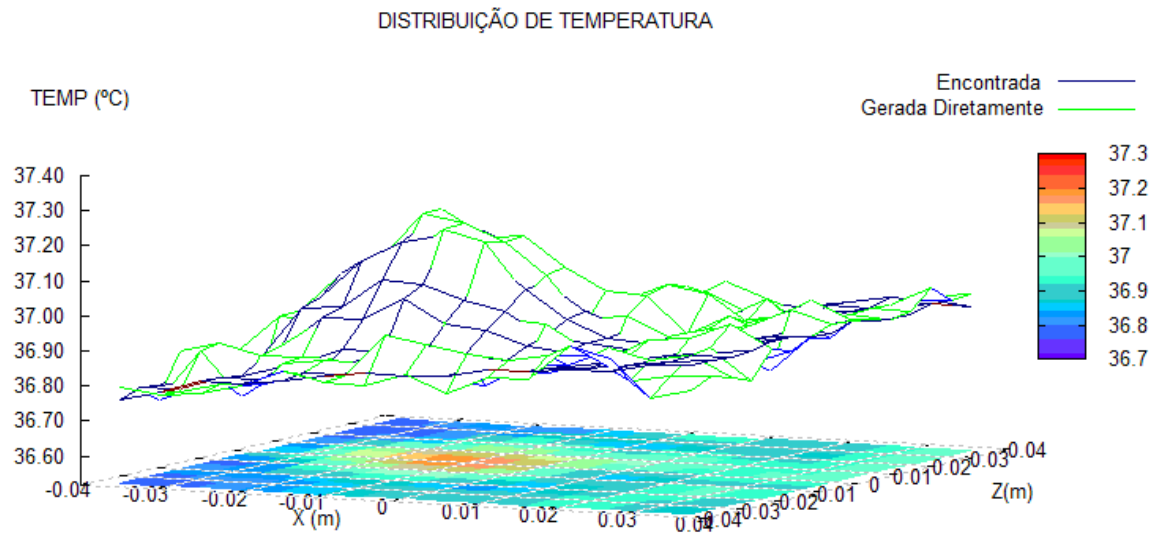


Figura 6.29: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 14.

6.5.3 Caso 15

Partindo da distribuição de temperatura apresentada na Figura 6.13 (Caso 6), portanto um exemplo com convecção e radiação, aplicando um erro de leitura com desvio padrão de $\sigma = 0,0267\text{ }^{\circ}\text{C}$ a distribuição de temperatura na superfície da pele fica como na Figura 6.30.

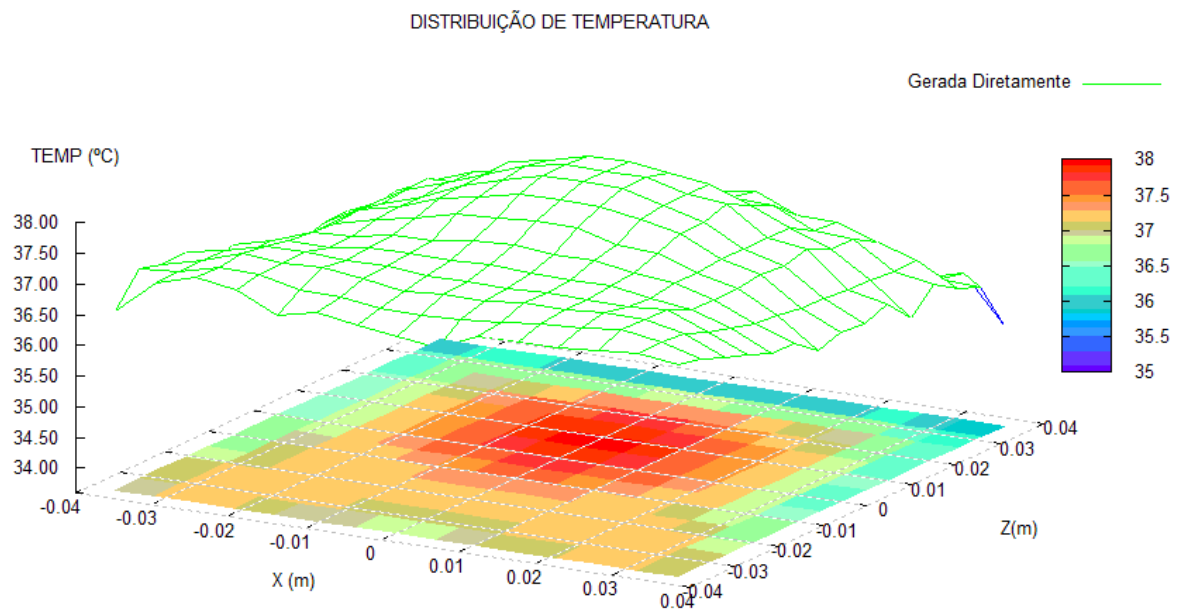


Figura 6.30: Distribuição de temperatura gerada diretamente. Caso 15 prismático medidas $0,035 \times 0,0175 \times 0,035\text{ m}$ e centro em $(0,00; 0,02; 0,01125)$, erro de leitura $\sigma = 0,0267\text{ }^{\circ}\text{C}$.

Após 10 gerações passou a ser possível observar a presença da solução ideal entre os indivíduos da população. O algoritmo foi encerrado após 36 gerações por ter sido atingido o critério de parada “número 2”, após explorar toda a vizinhança do ponto ótimo com um histórico de 654 indivíduos analisados. Foi encontrada a distribuição de temperatura da figura a seguir, onde se observa que a distribuição encontrada é exatamente a mesma procurada.

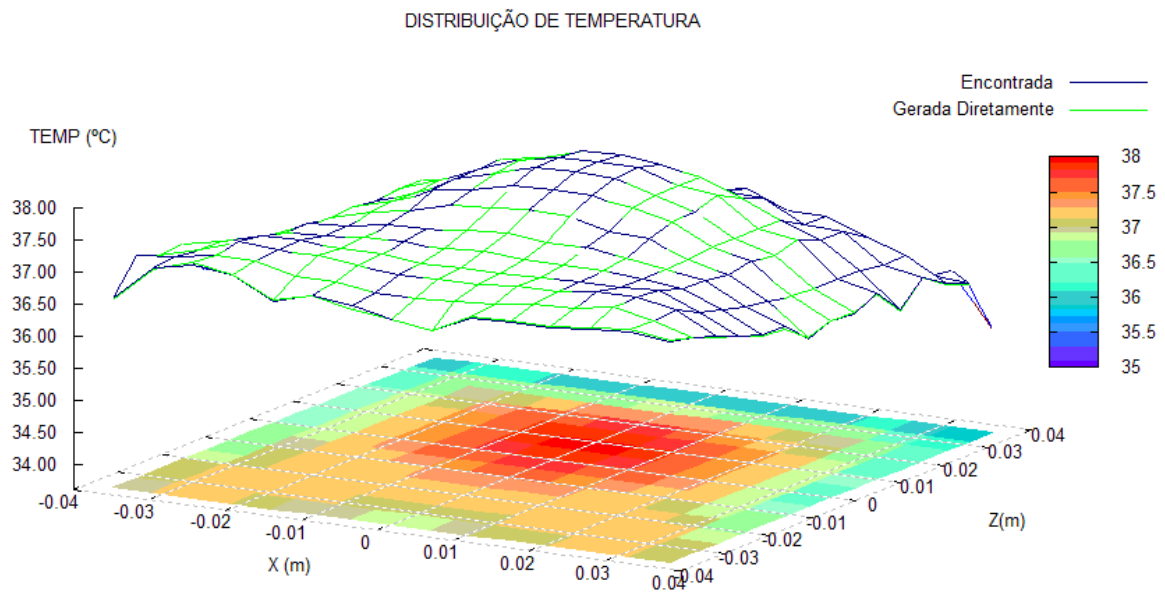


Figura 6.31: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 15.

6.6 CASOS COM GEOMETRIA ESFÉRICA

6.6.1 Caso 16

Partindo da distribuição de temperatura apresentada na Figura 6.10 (Caso 5), aplicando um erro de leitura com desvio padrão de $\sigma = 0,0267^\circ\text{C}$ a distribuição de temperatura na superfície da pele fica como na Figura 6.32

DISTRIBUIÇÃO DE TEMPERATURA

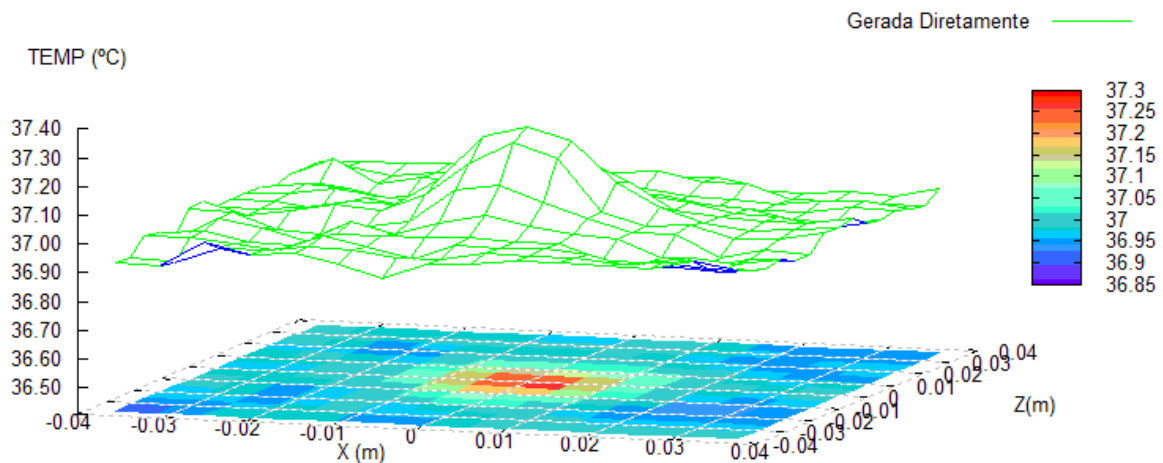


Figura 6.32: Distribuição de temperatura do Caso 16. Modelo esférico diâmetro 0,02 m e centro em (0,00; 0,01; 0,00) e desvio padrão de $\sigma = 0,0267$ °C.

A solução ideal surgiu entre a população após 9 gerações. O algoritmo foi encerrado após 59 gerações por ter sido atingido o critério de parada número 2, (possibilidade de looping após explorar todos os números imediatamente próximos da melhor solução). O contador do histórico indica que foram calculados 1083 possíveis soluções das 16.384 possíveis.

A solução encontrada foi tumor com diâmetro 0,02 m nas coordenadas de centro (0,00; 0,011; 0,00). Sua classificação é T1c (Tumor com mais de 1 cm, porém não mais de 2 cm em sua maior dimensão), o qual produz a distribuição de temperatura da Figura 6.33 (Encontrada), comparada com a distribuição original (Gerada diretamente).

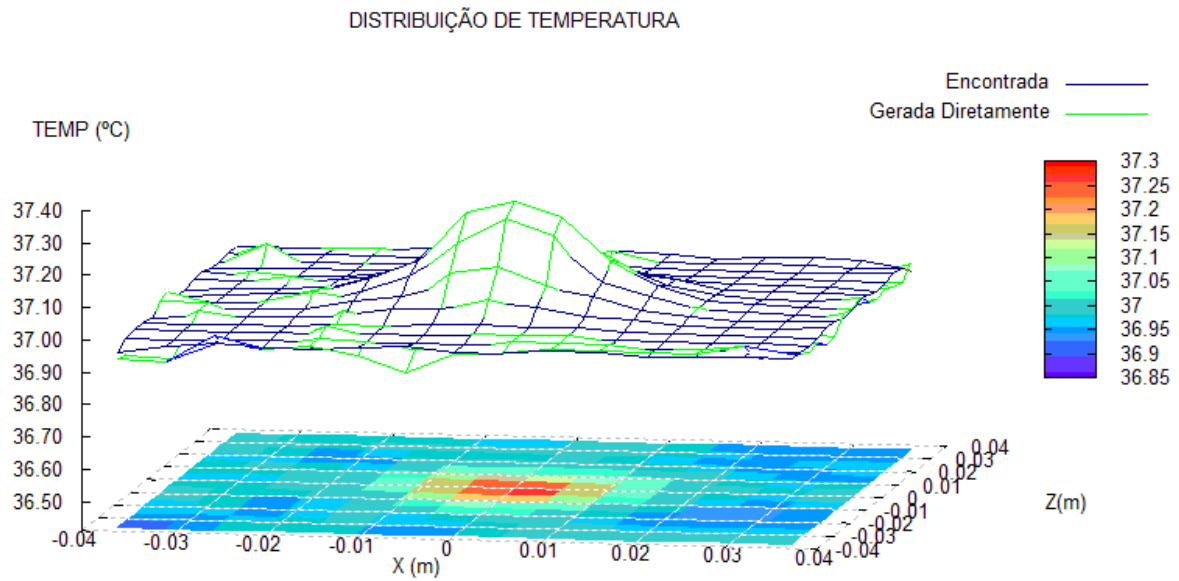


Figura 6.33: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 16.

6.6.2 Caso 17

Partindo da distribuição de temperatura apresentada na Figura 6.13 (Caso 6), aplicando um erro de leitura com desvio padrão de $\sigma = 0,0578^{\circ}\text{C}$ a distribuição de temperatura na superfície da pele fica como na Figura 6.34.

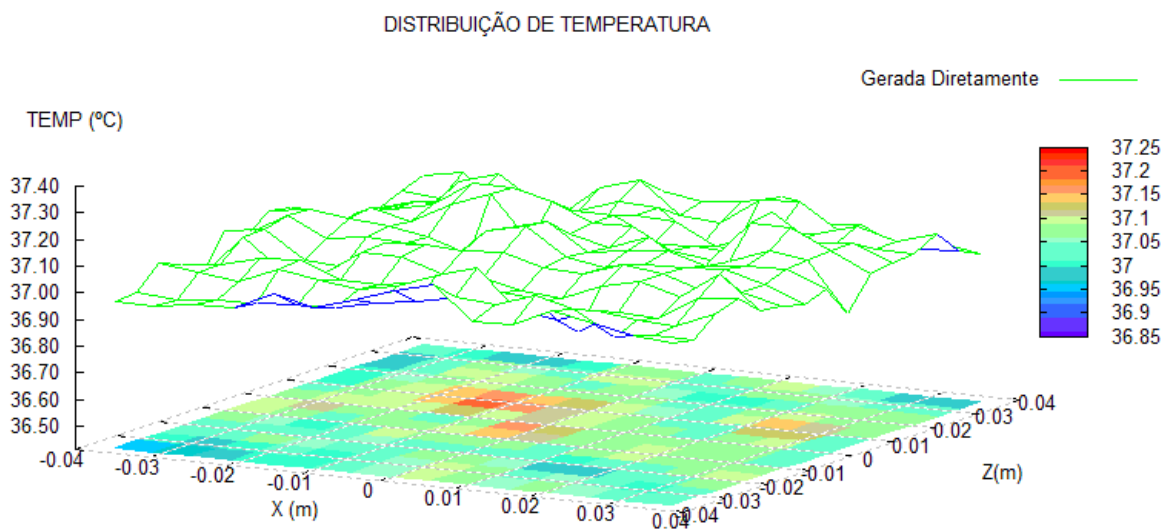


Figura 6.34: Distribuição de temperatura do Caso 17. Modelo esférico diâmetro 0,02 m e centro em (0,015; 0,02; 0,01125) e desvio padrão de $\sigma = 0,0578^{\circ}\text{C}$.

A solução ideal surgiu entre a população após 29 gerações. O algoritmo foi encerrado após 51 gerações por ter sido atingido o critério de parada número 2. O contador do histórico indica que foram calculados 902 possíveis soluções das 16.384 possíveis.

A solução encontrada foi tumor com diâmetro 0,02 m nas coordenadas de centro (0,01875; 0,02; 0,0075). Sua classificação é T1c, o qual produz a distribuição de temperatura da Figura 6.35 (Encontrada), comparada com a distribuição original (Gerada diretamente).

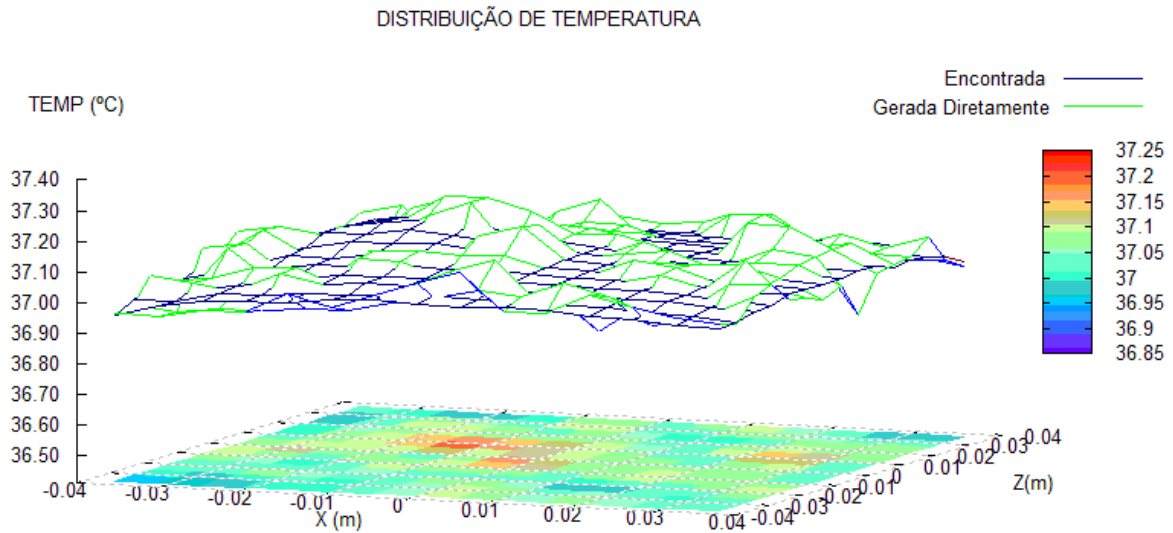


Figura 6.35: Comparação das distribuições de temperaturas gerada diretamente e encontradas, no Caso 17.

Observa-se uma variação dos valores encontrados em relação aos valores observados, que se deve ao nível de ruído que foi adicionado no arquivo de leitura ($\sigma = 0,0578^{\circ}\text{C}$). Pode-se observar que a imprecisão da leitura não prejudica a qualidade da solução encontrada.

Tabela 6.4: Resultados Caso 17

	Original	Encontrada
Coordenadas		
X	-0,01500	-0,01875
Y	0,02000	0,02000
Z	0,00113	0,01125
Diametro		
D	2,00	2,00

6.6.3 Caso 18

Partindo da distribuição de temperatura apresentada na Figura 6.23 (Caso 11), portanto um exemplo com convecção e radiação, aplicando um erro de leitura com desvio padrão de $\sigma = 0,0178^\circ\text{C}$ a distribuição de temperatura na superfície da pele fica como na Figura 6.36

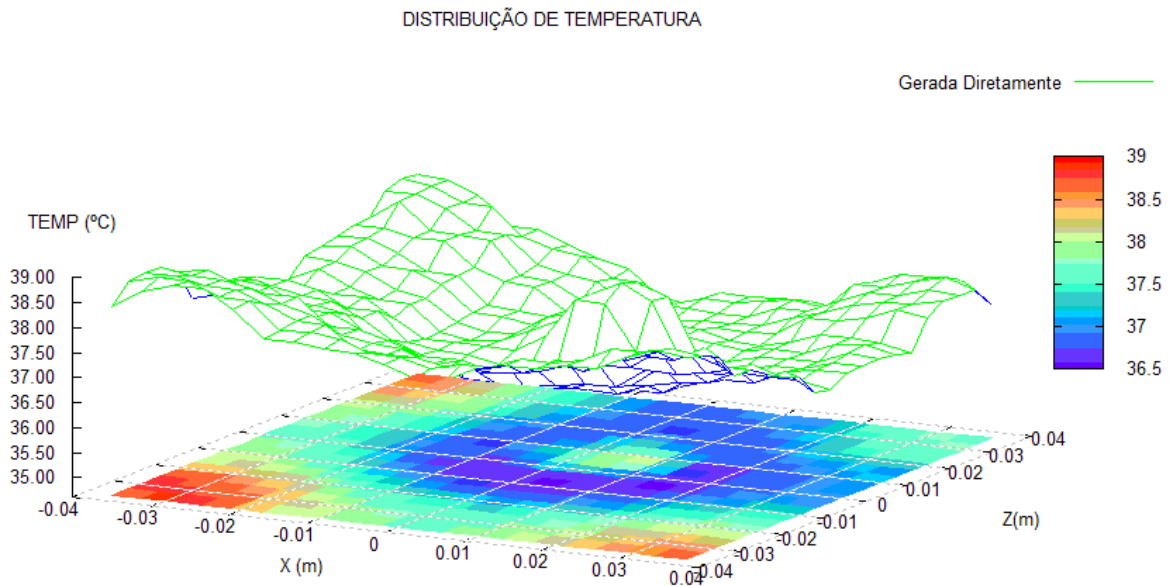


Figura 6.36: Distribuição de temperatura do Caso 18. Modelo esférico diâmetro 0,015 m e centro em (0,00375; 0,008; 0,0075) e desvio padrão de $\sigma = 0,0178^\circ\text{C}$.

A solução ideal surgiu entre a população após 6 gerações. O algoritmo foi encerrado após 41 gerações por ter sido atingido o critério de parada número 2. O contador do histórico indica que foram calculados 760 possíveis soluções das 16.384 possíveis.

A solução encontrada foi tumor com diâmetro 0,015 m nas coordenadas de centro (0,00375; 0,008; 0,0075). Sua classificação é T1c, o qual produz a distribuição de temperatura da Figura 6.37 (Encontrada), comparada com a distribuição original (Gerada diretamente).

DISTRIBUIÇÃO DE TEMPERATURA

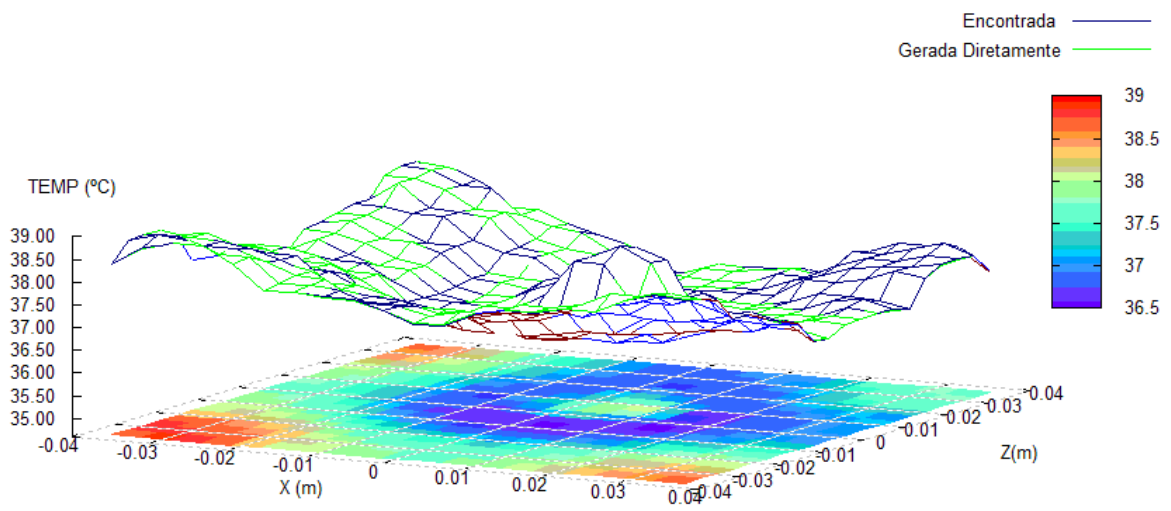


Figura 6.37: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 18.

7 SOLUÇÃO DE PROBLEMAS COM TUMORES COM LOCAL CONHECIDO

Neste capítulo o Algoritmo Genético é utilizado como ferramenta para determinar as dimensões de um tumor que já tenha seu local identificado, como é o caso de algumas lesões tumorais na pele, principalmente os melanomas, que são caracterizados pela produção anormal de melanina.

Como visto no primeiro capítulo, um dos principais parâmetros pra avaliação e acompanhamento de uma lesão é a determinação de suas dimensões. Assim, partindo da distribuição de temperatura na superfície da pele, serão determinadas suas dimensões.

Tumores de mama que tenha local identificado por algum outro método (exemplo: Ferramenta numérica de algoritmo genético apresentada até o capítulo anterior) pode ter seu acompanhamento dado pela ferramenta aqui apresentada.

Serão analisados casos variando o tamanho dos tumores e a disposição dos mesmos, além de casos considerando ou não a condição de contorno convecção e radiação e por ultimo casos considerando ou não a presença de ruídos (possíveis erros nos equipamentos de leitura). Os casos analisados nesta seção são:

- Caso 19 - Prismática de dimensões (0,01 0x 0,01 x 0,01);
- Caso 20 - Prismática de dimensões (0,02 0x 0,02 x 0,02);
- Caso 21 - Prismática de dimensões (0,0112x 0,0114 x 0,0158);
- Caso 22 - Prismática de dimensões (0,0112 x 0,0114 x 0,0158), considerando convecção e radiação;
- Caso 23 - Prismática de dimensões (0,021x0,020x0,015), considerando convecção e radiação;
- Caso 23 - Prismática de dimensões (0,01x0,01x0,01), considerando convecção e radiação;

- Caso 24 - Prismática de dimensões (0,01x0,01x0,01), considerando imperfeições nos equipamentos de leitura $\sigma = 0,0134$;
- Caso 25 - Prismática de dimensões (0,0112x0,0114x0,0158), considerando imperfeições nos equipamentos de leitura $\sigma = 0,0337$;
- Caso 26 - Prismática de dimensões (0,0112x0,0114x0,0158), considerando imperfeições nos equipamentos de leitura $\sigma = 0,0134$ e considerando convecção e radiação juntos;
- Caso 27 - Prismática de dimensões (0,021x0,020x0,015), considerando imperfeições nos equipamentos de leitura $\sigma = 0,0337$ e considerando convecção e radiação juntos;

7.1 CARACTERÍSTICAS DO ALGORITMO GENÉTICO

Nestes exemplos que serão aqui apresentados, tem-se um problema inverso mais simples por apresentar apenas três variáveis (tamanho em x, y e z). Por esse motivo, alguns parâmetros do algoritmo genético foram redimensionados, são eles:

- População de 20 indivíduos;
- Cromossomos de 4 dígitos binários para as três variáveis com mapeamento entre o intervalo [0,005;0,021], o que determina uma precisão 1mm em cada dimensão x, y e z;
- Distância de variação: uma posição para as três variáveis.

As alterações apresentadas dimensionam o algoritmo genético de forma compatível com o tamanho do problema. Evitando cálculos desnecessários e trazendo resultados mais rápidos.

7.2 CASOS COM GEOMETRIA PRISMÁTICA

7.2.1 Caso 19

Partindo da distribuição de temperatura apresentada na Figura 7.1, deseja-se determinar qual a posição e tamanho de tumor que originou tal distribuição.

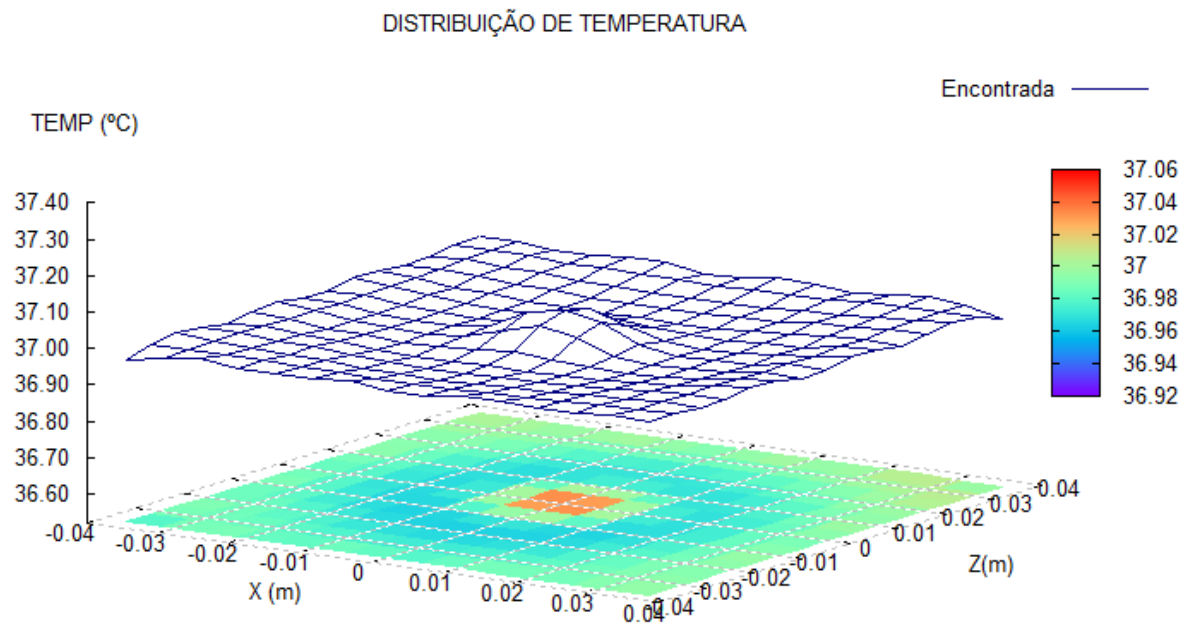


Figura 7.1: Distribuição de temperatura. Caso 19.

A distribuição de temperatura acima apresenta foi gerada partindo-se de um modelo de tumor superficial com geometria prismática de dimensões (0,01 0x 0,01 x 0,01).

Anotando os valores de temperatura obtidos nos pontos de leitura (centro dos elementos de contorno que compõe a superfície da pele Figuras 3.6 e 4.5), determina-se a precisão necessária dos equipamentos de leitura, neste caso de uma pequena lesão.

Tabela 7.1: Leituras gerada diretamente pelo tumor do Caso 19 (0,01 0x 0,01 x 0,01).

Nº do Elemento	Temperatura (°C)	Nº do Elemento	Temperatura (°C)	Nº do Elemento	Temperatura (°C)	Nº do Elemento	Temperatura (°C)
1	36,963	33	36,982	65	36,980	97	36,988
2	36,985	34	36,981	66	36,979	98	36,990
3	36,995	35	36,977	67	36,969	99	36,985
4	36,989	36	36,970	68	36,966	100	36,987
5	36,979	37	36,965	69	36,961	101	36,977
6	36,987	38	36,962	70	36,964	102	36,980
7	36,996	39	36,962	71	37,012	103	36,971
8	36,985	40	36,969	72	37,012	104	36,977
9	36,981	41	36,964	73	37,057	105	36,972
10	36,987	42	36,967	74	36,994	106	36,979
11	36,999	43	36,967	75	36,972	107	36,979
12	36,992	44	36,967	76	36,966	108	36,988
13	36,991	45	36,980	77	36,973	109	36,991
14	36,999	46	36,983	78	36,980	110	36,999
15	37,003	47	36,997	79	36,994	111	37,004
16	37,005	48	37,007	80	37,007	112	37,013
17	36,998	49	36,994	81	36,995	113	36,997
18	36,986	50	36,978	82	36,983	114	36,996
19	36,985	51	36,970	83	36,974	115	36,996
20	36,980	52	36,964	84	36,974	116	36,991
21	36,979	53	36,961	85	36,963	117	36,993
22	36,972	54	36,968	86	36,965	118	37,003
23	36,974	55	36,992	87	36,966	119	36,991
24	36,968	56	37,056	88	36,965	120	36,987
25	36,974	57	37,013	89	36,971	121	36,992
26	36,970	58	37,013	90	36,966	122	37,005
27	36,980	59	36,968	91	36,967	123	36,996
28	36,979	60	36,966	92	36,972	124	36,990
29	36,991	61	36,973	93	36,979	125	37,003
30	36,992	62	36,979	94	36,988	126	37,012
31	37,002	63	36,994	95	36,998	127	37,005
32	36,996	64	36,990	96	36,992	128	36,979

Maior valor (°C)	37,057
Menor valor (°C)	36,961
Maior variação (°C)	0,097
Média (°C)	36,984
Desvio padrão (°C)	0,018

Observa-se que a maior variação de temperatura encontrada é de 0,097 °C e que o desvio padrão entre as medidas é de 0,018°C, assim é necessário um equipamento que obtenha leituras mais precisas que 0,018°C.

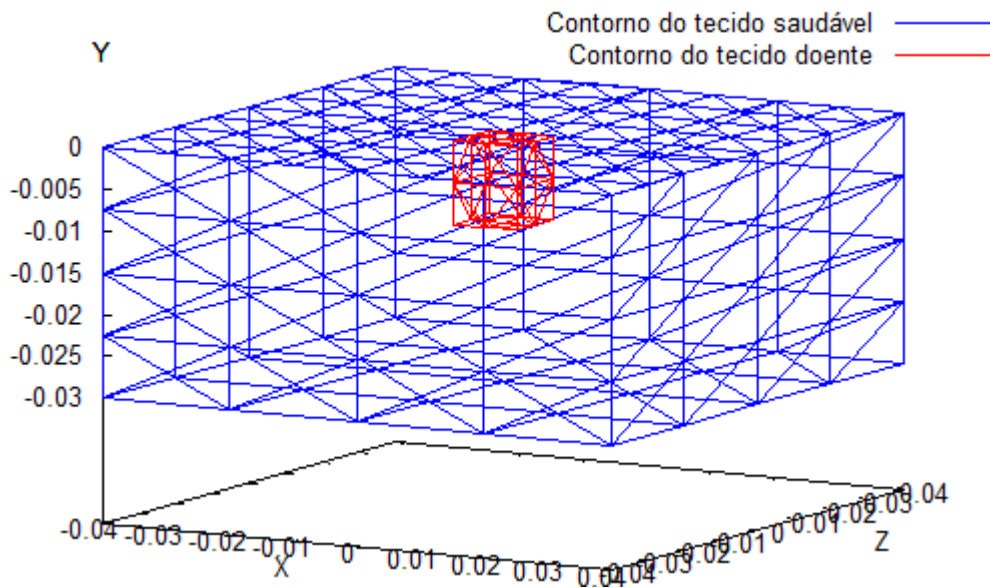


Figura 7.2: Tumor superficial de dimensões (0,01x0,01x0,01), Caso 19.

Após 16 gerações já era possível observar a presença da solução ideal entre os 20 indivíduos daquela população. O algoritmo foi encerrado após a 21ª pelo critério de parada número 2. O contador do histórico indica que foram calculados 293 possíveis soluções das 4.096 possíveis, para o mapeamento de variáveis escolhido, o que comprova a eficiência do método de busca.

A solução encontrada foi tumor com medidas exatamente iguais ao procurado por ter suas características exatamente possíveis na discretização adotada.

7.2.2 Caso 20

Partindo da distribuição de temperatura apresentada na figura a seguir, desejamos determinar qual a posição e o tamanho do tumor que originou tal distribuição.

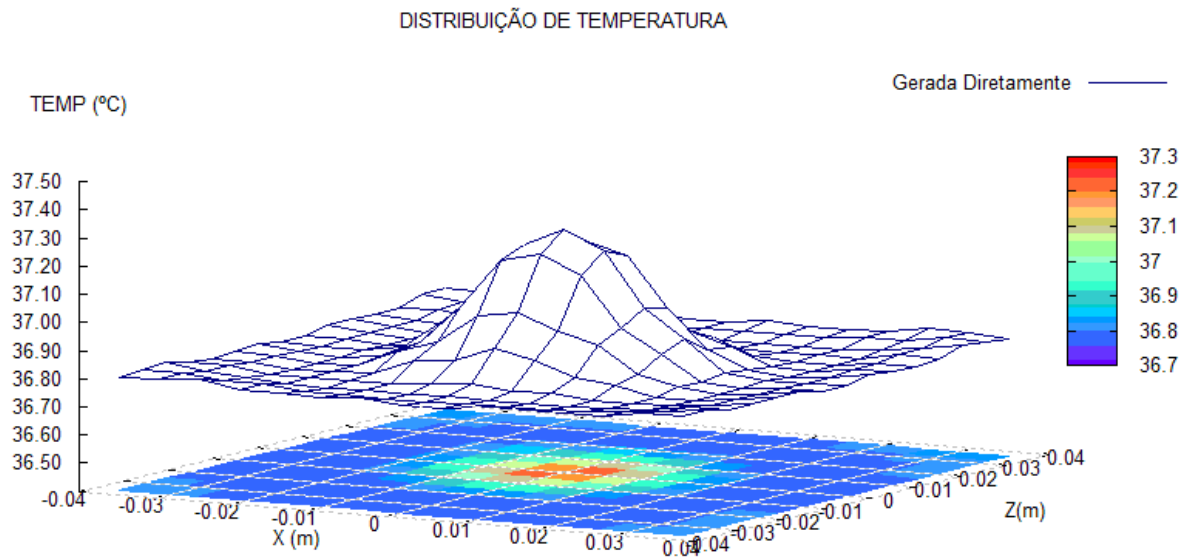


Figura 7.3: Distribuição de temperatura. Caso 20.

A distribuição de temperatura acima apresentada foi gerada partindo-se de um modelo de tumor superficial com geometria prismática de dimensões (0,02 0x 0,02 x 0,02).

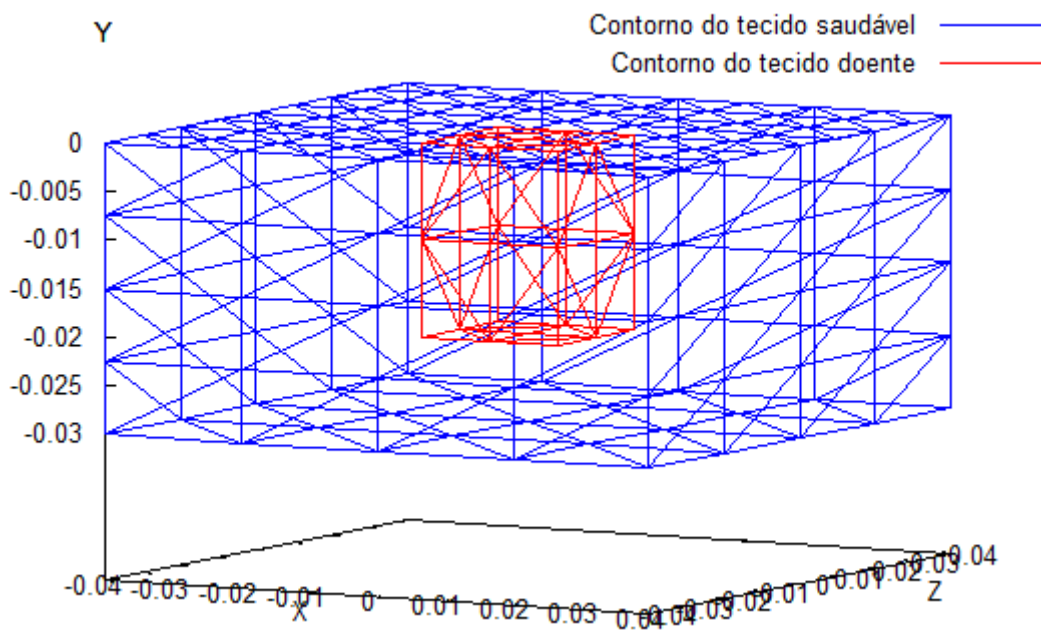


Figura 7.4: Tumor superficial de dimensões (0,02x0,02x0,02), Caso 20.

Após 5 gerações já era possível observar a presença da solução ideal entre os 20 indivíduos daquela população. O algoritmo foi encerrado após a 16ª pelo critério de parada número 2. O contador do histórico indica que foram calculados 235 possíveis soluções das 4.096

possíveis, para o mapeamento de variáveis escolhido, o que comprova a eficiência do método de busca.

A solução encontrada foi tumor com medidas exatamente iguais ao procurado por ter suas características retratadas com exatidão na discretização adotada .

7.2.3 Caso 21

Partindo da distribuição de temperatura apresentada na figura a seguir, deseja-se determinar qual a posição e o tamanho de tumor que originou tal distribuição.

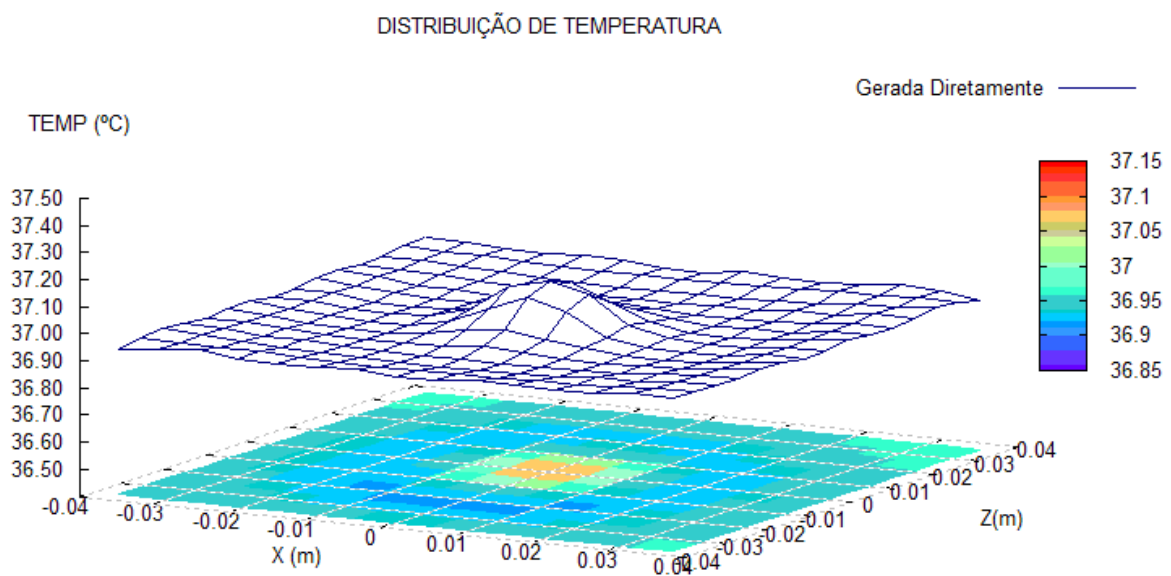


Figura 7.5: Distribuição de temperatura. Caso 21.

A distribuição de temperatura acima apresentada foi gerada partindo-se de um modelo de tumor superficial com geometria prismática de dimensões (0,0112x 0,0114 x 0,0158).

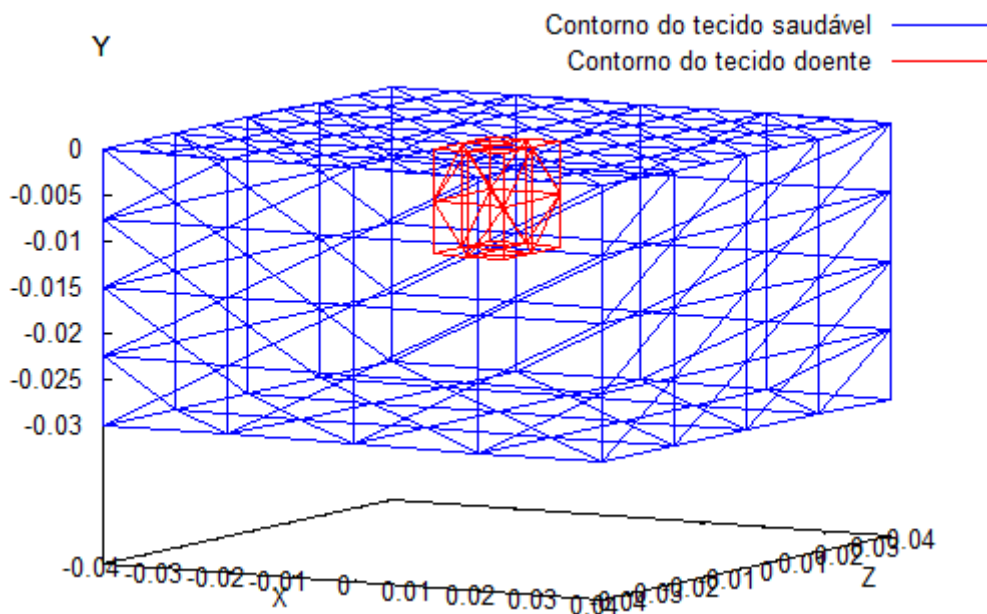


Figura 7.6: Tumor superficial de dimensões (0,0112x0,0114x0,0158), Caso 21 e 22.

Após 7 gerações já era possível observar a presença da solução ideal entre os 20 indivíduos daquela população. O algoritmo foi encerrado após a 15ª pelo critério de parada número 2. O contador do histórico indica que foram calculados 222 possíveis soluções das 4.096 possíveis.

A solução encontrada foi tumor com medidas 0,011 x 0,011 x 0,016 m, o qual produz a distribuição de temperatura (Encontrada), comparada com a distribuição original (Gerada diretamente).

DISTRIBUIÇÃO DE TEMPERATURA

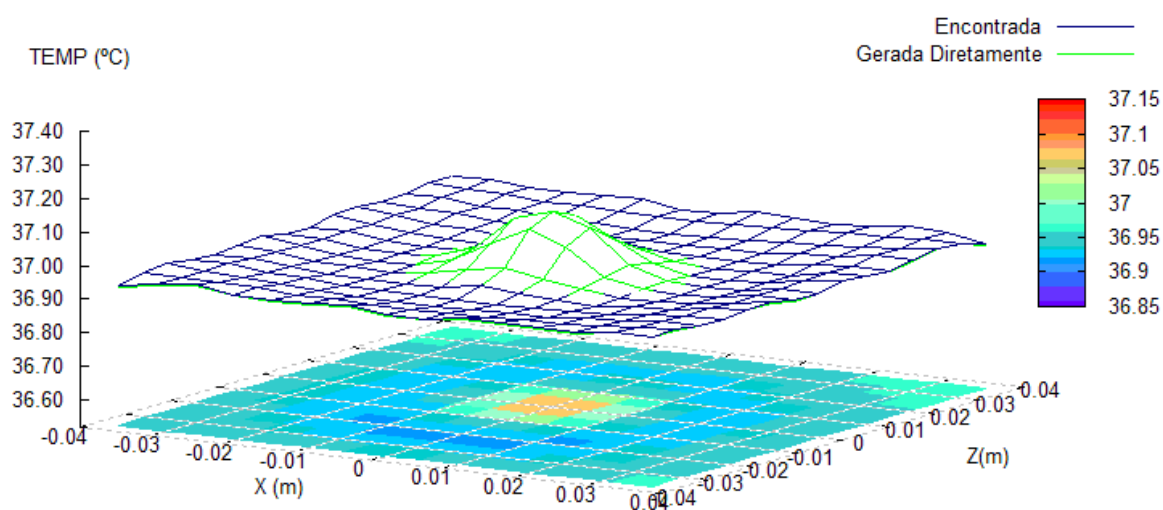


Figura 7.7: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 21.

Observa-se uma pequena variação dos valores encontrados em relação aos valores observados devido ao fato do mapeamento binário das variáveis não ser capaz de representar exatamente o valor procurado (precisão apresentada anteriormente). Mas observa-se que esta pequena variação não prejudica em nada a qualidade da solução encontrada.

Tabela 7.2: Resultados Caso 21

	Original	Encontrada
Tamanho		
X	0,0112	0,0110
Y	0,0114	0,0110
Z	0,0158	0,0160

7.3 CASOS CONSIDERANDO CONVECÇÃO E RADIAÇÃO

7.3.1 Caso 22

Partindo da distribuição de temperatura apresentada na figura a seguir, deseja-se determinar qual a posição e tamanho de tumor que originou tal distribuição.

DISTRIBUIÇÃO DE TEMPERATURA

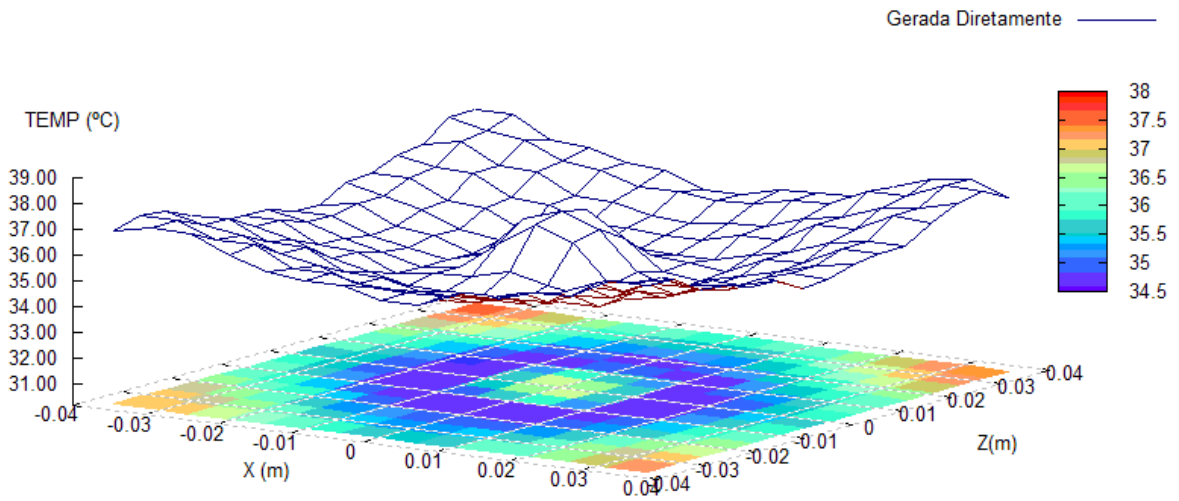


Figura 7.8: Distribuição de temperatura. Caso 22.

A distribuição de temperatura acima apresenta foi gerada partindo-se de um modelo de tumor superficial com geometria prismática de dimensões (0,0112 x 0,0114 x 0,0158), Figura 7.6 (Caso 21).

Após 18 gerações já era possível observar a presença da solução ideal entre os 20 indivíduos daquela população. O algoritmo foi encerrado após a 23ª pelo critério de parada número 2. O contador do histórico indica que foram calculados 329 possíveis soluções das 4.096 possíveis.

A solução encontrada foi tumor com medidas 0,011 x 0,011 x 0,016 m, o qual produz a distribuição de temperatura (Encontrada), comparada com a distribuição original (Gerada diretamente).

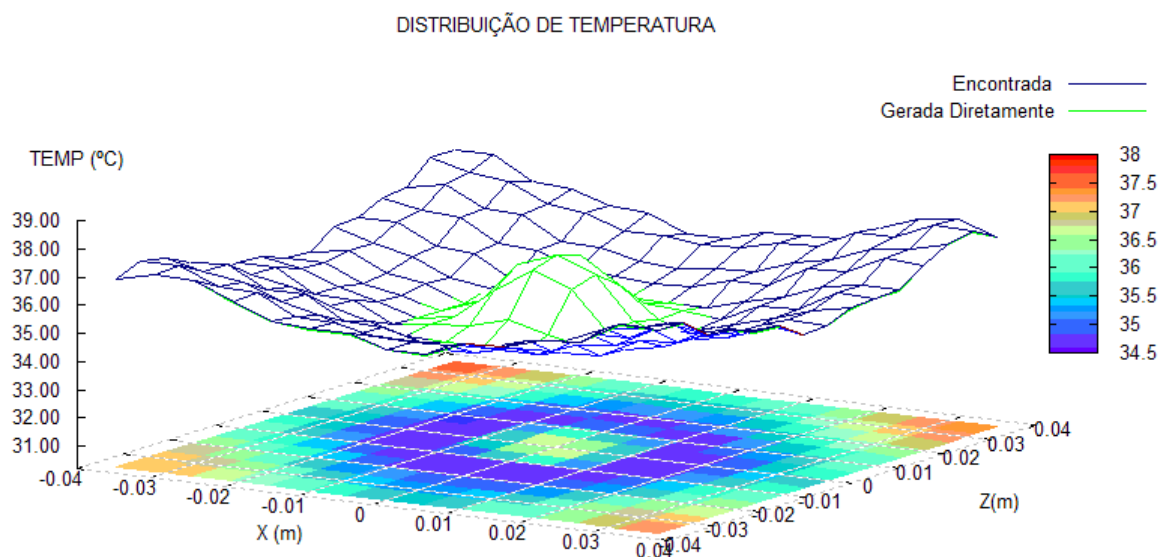


Figura 7.9: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 22.

Observa-se uma pequena variação dos valores encontrados em relação aos valores observados devido ao fato do mapeamento binário das variáveis não ser capaz de representar exatamente o valor procurado (precisão apresentada anteriormente). Mas observa-se que esta pequena variação não prejudica em nada a qualidade da solução encontrada.

Tabela 7.3: Resultados Caso 22

	Original	Encontrada
Tamanho		
X	0,0112	0,0110
Y	0,0114	0,0110
Z	0,0158	0,0160

7.3.2 Caso 23

Partindo da distribuição de temperatura apresentada na figura a seguir, deseja-se determinar qual a posição e o tamanho de tumor que originou tal distribuição.

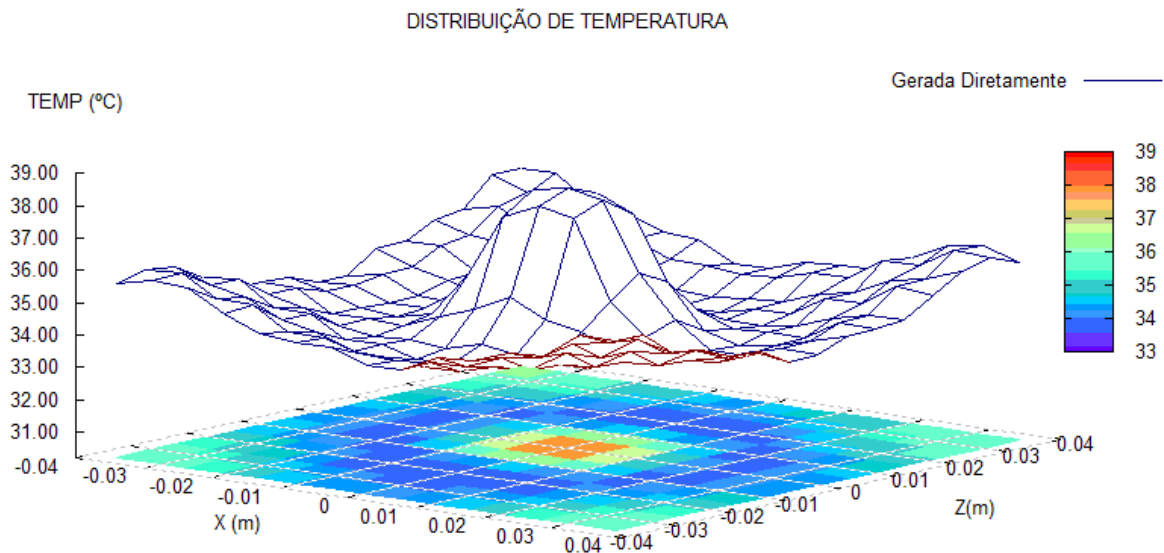


Figura 7.10: Distribuição de temperatura. Caso 23.

A distribuição de temperatura acima apresentada foi gerada partindo-se de um modelo de tumor superficial com geometria prismática de dimensões (0,021x0,020x0,015).

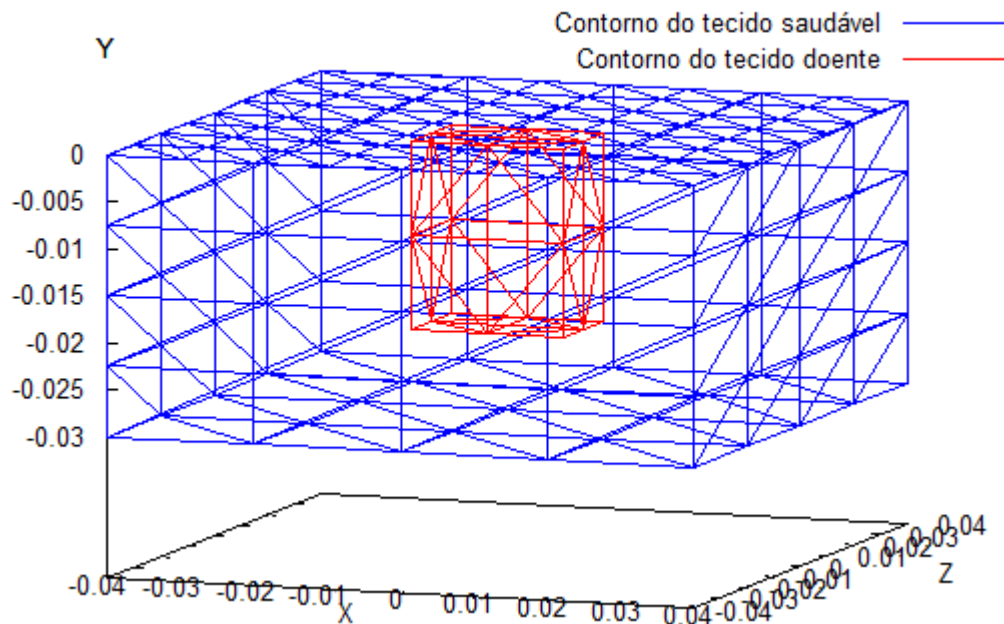


Figura 7.11: Tumor superficial de dimensões (0,021x0,020x0,0150), Caso 23.

Após 2 gerações já era possível observar a presença da solução ideal entre os 20 indivíduos daquela população. O algoritmo foi encerrado após a 10ª pelo critério de parada número 2. O contador do histórico indica que foram calculados 172 possíveis soluções das 4.096 possíveis.

A solução encontrada foi tumor com medidas 0,020 x 0,020 x 0,015 m, o qual produz a distribuição de temperatura (Encontrada), comparada com a distribuição original (Gerada diretamente).

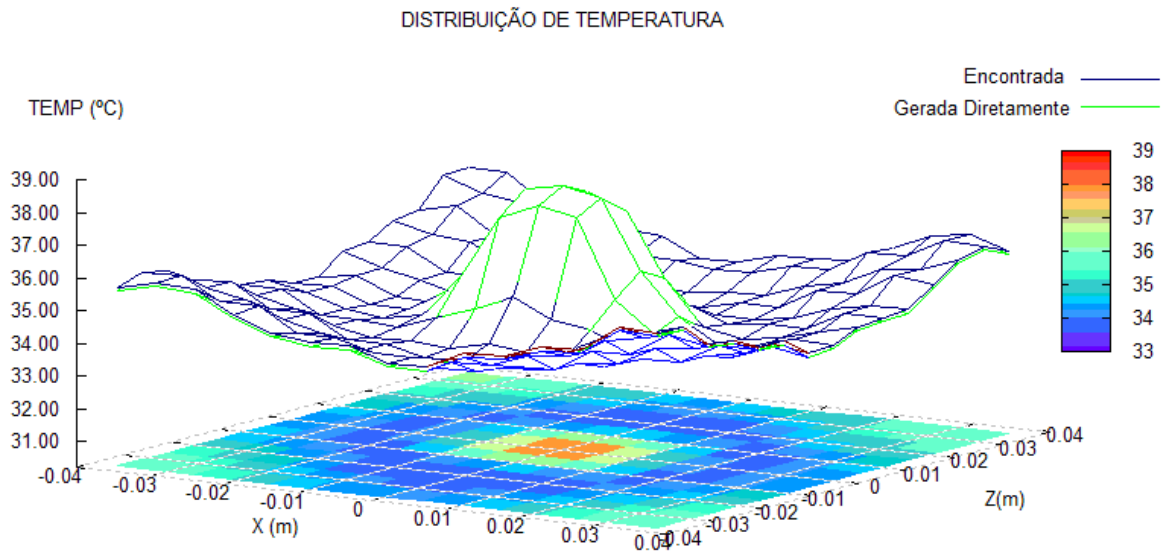


Figura 7.12: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 23.

Observa-se uma pequena variação dos valores encontrados em relação aos valores observados devido uma finalização antecipada do algoritmo pelo critério número 2. Se este problema fosse frequente poderia ser solucionado aumentando o raio de variação, na função busca por variação. Mas observa-se que esta pequena variação ainda não prejudicou a qualidade da solução.

Tabela 7.4: Resultados Caso 23

	Original	Encontrada
Tamanho		
X	0,0210	0,0200
Y	0,0200	0,0200
Z	0,0150	0,0150

7.4 CONSIDERAÇÃO DE IMPERFEIÇÕES NOS EQUIPAMENTOS DE LEITURA

7.4.1 Caso 24

Partindo da distribuição de temperatura apresentada na Figura 7.1 (Caso 19) e aplicando um erro de leitura com desvio padrão de $\sigma = 0,0134^{\circ}\text{C}$, a distribuição de temperatura na superfície da pele fica como na Figura 7.13

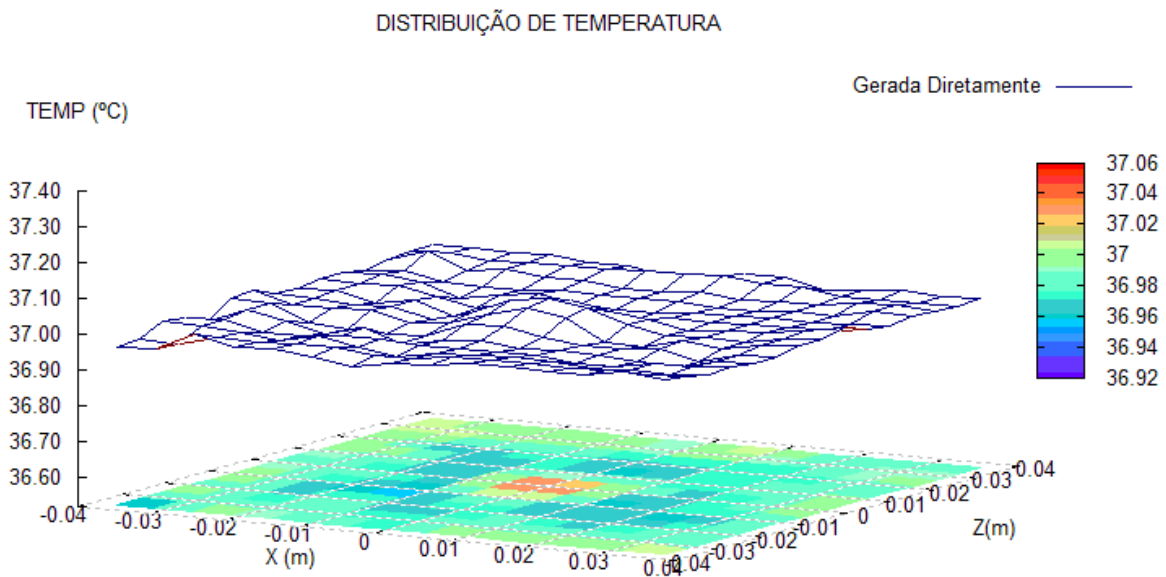


Figura 7.13: Distribuição de temperatura. Caso 24.

Após 11 gerações já era possível observar a presença da solução ideal entre os 20 indivíduos daquela população. O algoritmo foi encerrado após a 18ª pelo critério de parada número 2. O contador do histórico indica que foram calculados 262 possíveis soluções das 4.096 possíveis.

A solução encontrada foi tumor com medidas 0,01 x 0,01 x 0,01 m, o corresponde exatamente ao tumor procurado (o mesmo do caso 19), mostrando que o erro de leitura com desvio padrão de $\sigma = 0,0134^{\circ}\text{C}$ não interferiu na qualidade da solução.

7.4.2 Caso 25

Partindo da distribuição de temperatura apresentada na Figura 7.5 (Caso 21) e aplicando um erro de leitura com desvio padrão de $\sigma = 0,0337\text{ }^{\circ}\text{C}$ a distribuição de temperatura na superfície da pele fica como na Figura 7.14

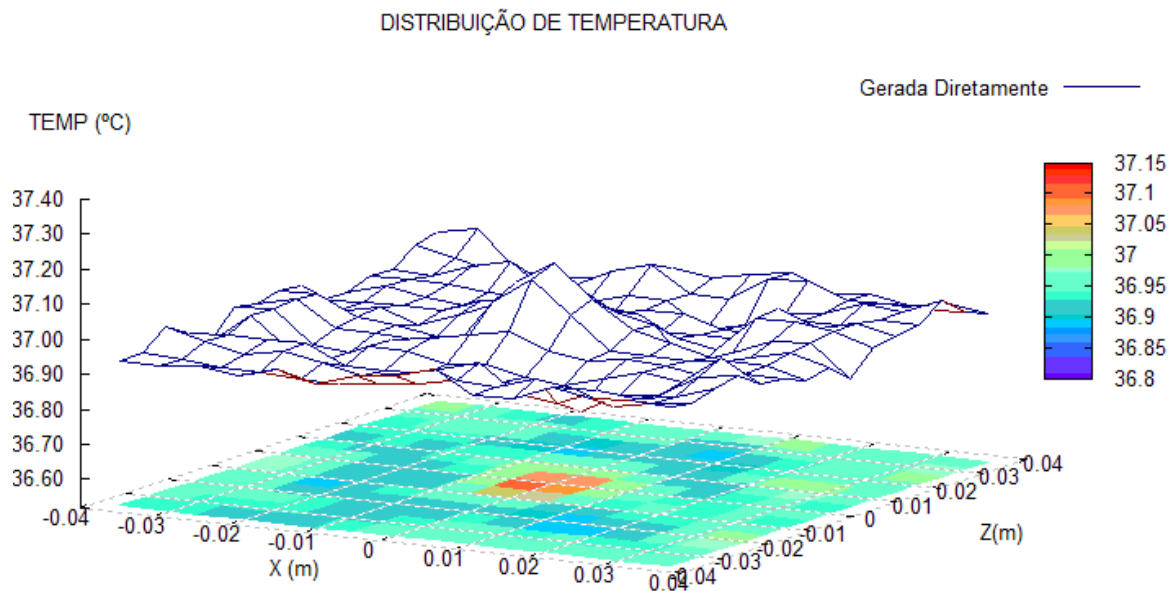


Figura 7.14: Distribuição de temperatura. Caso 25.

Após 09 gerações já era possível observar a presença da solução ideal entre os 20 indivíduos daquela população. O algoritmo foi encerrado após a 21ª pelo critério de parada número 2. O contador do histórico indica que foram calculados 306 possíveis soluções das 4.096 possíveis.

A solução encontrada foi tumor com medidas 0,012 x 0,011 x 0,014 m, onde a solução procurada era 0,0112 x 0,0114 x 0,0158 m, mostrando que o erro de leitura com desvio padrão de $\sigma = 0,0337\text{ }^{\circ}\text{C}$ trouxe uma imprecisão para a solução do AG, visto que no caso onde não havia erros de leitura o AG encontrou uma resposta mais precisa, (caso 21, 011 x 0,011 x 0,016).

Tabela 7.5: Resultados Caso 25

	Original	Encontrado	
		Sem interferencia (Caso 21)	Com Interferência $\sigma=0.0337\text{ }^{\circ}\text{C}$ (Caso 25)
Tamanho			
X	0,0112	0,0110	0,012
Y	0,0114	0,0110	0,011
Z	0,0158	0,0160	0,014

7.5 CASOS COM IMPERFEIÇÕES NOS EQUIPAMENTOS DE LEITURA JUNTO COM CONVECÇÃO E RADIAÇÃO

7.5.1 Caso 26

Partindo da distribuição de temperatura apresentada na Figura 7.8 (Caso 22, Convecção e radiação), aplicando um erro de leitura com desvio padrão de $\sigma = 0,0312\text{ }^{\circ}\text{C}$ deseja-se encontrar quais as dimensões da lesão superficial que gerou tal distribuição.

Após 21 gerações já era possível observar a presença da solução ideal entre os 20 indivíduos daquela população. O algoritmo foi encerrado após a 29ª pelo critério de parada número 2. O contador do histórico indica que foram calculados 394 possíveis soluções das 4.096 possíveis.

A solução encontrada foi tumor com medidas 0,011 x 0,011 x 0,016 m, onde a solução procurada era 0,0112 x 0,0114 x 0,0158 m, mostrando que o erro de leitura com desvio padrão de $\sigma = 0,0312\text{ }^{\circ}\text{C}$ não trouxe imprecisões a solução do AG, visto que no caso onde não havia erros de leitura o AG encontrou a mesma solução (caso 21, 0,011 x 0,011 x 0,016).

A solução encontrada foi tumor com medidas 0,011 x 0,011 x 0,016 m, o qual produz a distribuição de temperatura (Encontrada), comparada com a distribuição original (Gerada diretamente).

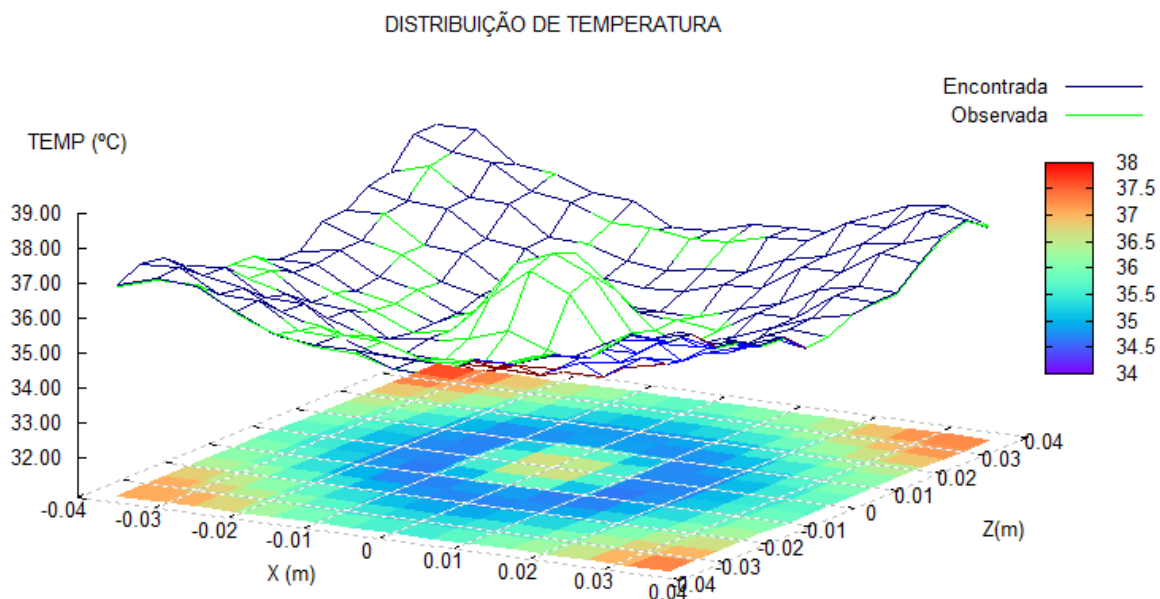


Figura 7.15: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 26.

Tabela 7.6: Resultados Caso 26

	Original	Encontrado	
		Sem interferencia (Caso 22)	Com Interferência $\sigma=0.0312\text{ }^{\circ}\text{C}$ (Caso 26)
Tamanho			
X	0,0112	0,0110	0,011
Y	0,0114	0,0110	0,011
Z	0,0158	0,0160	0,016

7.5.2 Caso 27

Partindo da distribuição de temperatura apresentada na Figura 7.10 (Caso 23, Convecção e radiação), aplicando um erro de leitura com desvio padrão de $\sigma = 0,0578\text{ }^{\circ}\text{C}$ deseja-se encontrar quais as dimensões da lesão superficial que gerou tal distribuição.

Após a 12ª geração já era possível observar a presença da solução ideal entre os 20 indivíduos daquela população. O algoritmo foi encerrado após 18ª pelo critério de parada número 2. O contador do histórico indicou que foram calculados 261 possíveis soluções das 4.096 possíveis.

A solução encontrada foi tumor com medidas 0,018 x 0,020 x 0,016 m, onde a solução procurada era 0,021 x 0,020 x 0,015 m, mostrando que o erro de leitura com desvio padrão de $\sigma = 0,0578\text{ }^{\circ}\text{C}$ trouxe uma imprecisão para a solução do AG, visto que no caso onde

não havia erros de leitura o AG encontrou uma resposta precisa (Caso 23, 0,021 x 0,020 x 0,015).

A solução encontrada produz a distribuição de temperatura (Encontrada), comparada com a distribuição original (Gerada diretamente) na figura 7.16.

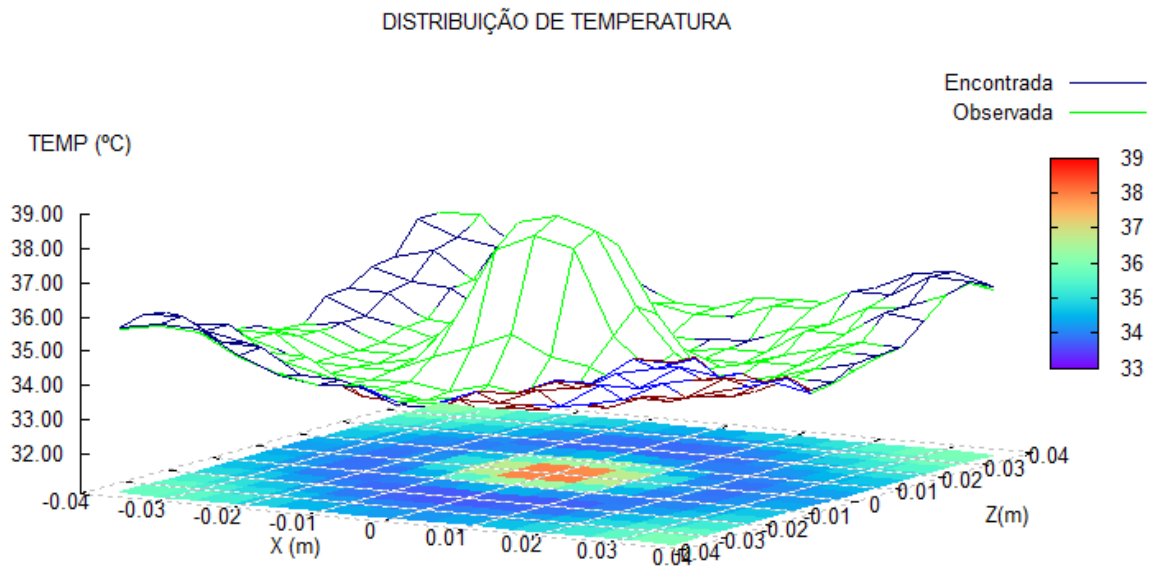


Figura 7.16: Comparação das distribuições de temperatura gerada diretamente e encontrada, no Caso 27.

Tabela 7.7: Resultados Caso 27

	Original	Encontrado	
		Sem interferencia (Caso 23)	Com Interferência $\sigma=0.0578^{\circ}\text{C}$ (Caso 27)
Tamanho			
X	0,0210	0,0210	0,0180
Y	0,0200	0,0200	0,0200
Z	0,0150	0,0150	0,0160

8 CONSIDERAÇÕES FINAIS E CONCLUSÕES

8.1 RESUMO DOS RESULTADOS E DISCUSSÕES

Os casos 1 a 18 representam exemplos de situações onde a ferramenta de algoritmo genético foi submetida a uma avaliação de sua capacidade de localizar vários casos com diferentes situações de posição e tamanho de tumores.

Conforme apresentado no capítulo 6 avaliou-se a precisão do algoritmo analisando os casos 1 a 18 resumidos nas Tabelas 8.1 a 8.5 a seguir:

Tabela 8.1: Tumores submersos de geometria prismática.

Geometria Prismática	Caso 1		Caso 2		Caso 3		Caso 4	
	Orig.	Enc.	Orig.	Enc.	Orig.	Enc.	Orig.	Enc.
Coordenadas								
X	0,00000	0,00000	-0,01500	-0,01500	0,00000	0,00000	0,01125	0,01125
Y	0,01000	0,01100	0,01100	0,01100	0,00500	0,00500	0,00110	0,00110
Z	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,01500	0,01500	0,01125	0,01125
Tamanho								
X	0,02000	0,02000	0,02500	0,02500	0,01500	0,01500	0,03000	0,03000
Y	0,01000	0,01000	0,01250	0,01250	0,00750	0,00750	0,01500	0,01500
Z	0,02000	0,02000	0,00250	0,00250	0,00150	0,00150	0,03000	0,03000
Informações referentes ao desempenho do Algoritmo Genético								
Nº de gerações possíveis	60		60		60		60	
Nº de gerações utilizados	51		58		46		50	
Geração onde surge a solução	6		23		21		40	
Contador do histórico	951		1057		850		903	
Número de possibilidades	16384		16384		16384		16384	
Critério de parada	2		2		2		2	

Em todos os casos (1, 2, 3 e 4) aqui resumidos o AG encontrou soluções precisas das dimensões e tamanho dos tumores procurados.

No Caso 1 a variação na precisão da coordenada Y se deve ao mapeamento binário que, da forma como foi definido, é capaz de representar precisões de até 0,0015 m.

O AG trabalha com modelos que envolvem aleatoriedade, podendo, se estiver com sorte, encontrar a solução exata de um problema logo nas primeiras gerações, como no Caso 1 (geração onde surge a solução: 6). Porém como se deve garantir que esta realmente seja a melhor solução é necessário processar mais gerações a fim de garantir a qualidade da solução (Número de gerações utilizadas: 51).

Tabela 8.2: Tumores submersos de geometria esférica.

Geometria esférica	Caso 5		Caso 6		Caso 7		Caso 8	
	Orig.	Enc.	Orig.	Enc.	Orig.	Enc.	Orig.	Enc.
Coordenadas								
X	0,00000	0,00000	-0,01500	-0,01500	-0,07500	-0,07500	0,00000	0,00000
Y	0,01000	0,01100	0,02000	0,02000	0,01400	0,01400	0,00800	0,00800
Z	0,00000	0,00000	0,01125	0,01125	0,00750	0,00750	0,02250	0,02250
Diâmetro								
D	0,02000	0,02000	0,02000	0,02000	0,01500	0,01500	0,01000	0,01000
Informações referentes ao desempenho do Algoritmo Genético								
Nº de gerações possíveis	60		60		60		60	
Nº de gerações utilizados	60		46		46		60	
Geração onde surge a solução	12		19		20		29	
Contador do histórico	1119		830		835		1070	
Número de possibilidades	16384		16384		16384		16384	
Critério de parada	1		2		2		1	

Soluções precisas foram encontradas nos casos de geometria esférica (5, 6, 7 e 8), independente do diâmetro e da posição dos tumores procurados.

No Caso 5 a variação na precisão na coordenada Y se deve ao mapeamento binário que é capaz de representar precisões de até 0,0015 m.

Observa-se no Caso 5 que o algoritmo teve mais dificuldade em garantir que a solução encontrada na 12ª geração era a melhor solução, tanto que o algoritmo foi conduzido até o limite máximo de gerações estipulado no início do programa.

No Caso 8 o algoritmo atingiu o limite de gerações, porém é fácil observar que a solução ideal só surgiu entre os indivíduos da população após 29 gerações, o que exigiu do algoritmo uma melhor investigação das proximidades desta solução.

Tabela 8.3: Tumores submersos com convecção e radiação.

Convecção e radiação	Prismáticos				Esféricos			
	Caso 9		Caso 10		Caso 11		Caso 12	
	Orig.	Enc.	Orig.	Enc.	Orig.	Enc.	Orig.	Enc.
Coordenadas								
X	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00375	0,00375	0,00750	0,00750
Y	0,01100	0,01100	0,02000	0,02000	0,00800	0,00800	0,01100	0,01100
Z	0,00000	0,00000	0,01250	0,01125	0,00750	0,00750	0,00750	0,00750
Tamanho/Diâmetro								
X	0,03000	0,02000	0,03500	0,03500	0,01500	0,01500	0,02000	0,02000
Y	0,15000	0,01000	0,01750	0,01750				
Z	0,03000	0,02000	0,03500	0,03500				
Informações referentes ao desempenho do Algoritmo Genético								
Nº de gerações possíveis	60		60		60		60	
Nº de gerações utilizados	54		43		38		60	
Geração onde surge a solução	45		24		24		29	
Contador do histórico	988		783		698		1029	
Número de possibilidades	16384		16384		16384		16384	
Critério de parada	2		2		2		1	

A implementação de uma condição de contorno mais realista não prejudicou a capacidade do algoritmo de encontrar soluções precisas para os modelos prismáticos (casos 9 e 10) e esféricos (11 e 12).

No Caso 10 a variação na precisão na coordenada Z se deve ao mapeamento binário que é capaz de representar precisões de até 0,001875m.

Observa-se no Caso 9 que a solução ideal só foi encontrada na geração de número 45, que está próxima à geração 54 que determinou o fim da busca. Assim somente após investigar com detalhes a proximidade da melhor solução que existia até aquele momento foi possível encontrar a solução mais precisa. Nesse momento o algoritmo construído dependia principalmente da ferramenta de “busca por proximidade”, sendo possível notar que a mesma foi responsável pela precisão desta solução.

Tabela 8.4: Imperfeições no equipamento de leitura (Geometria prismática)

Com ruído (Geometria Prismática)	Caso 13		Caso 14		Caso 15	
	Desvio padrão		Desvio padrão		Desvio padrão	
	0.0267		0.046		0.0267	
	Orig.	Enc.	Orig.	Enc.	Orig.	Enc.
Coordenadas						
X	0.0000	0.0000	-0.0150	-0.0150	0.0000	0.0000
Y	0.0110	0.0110	0.0110	0.0110	0.0200	0.0200
Z	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0113	0.0113
Tamanho						
X	0.0200	0.0200	0.0250	0.0250	0.0350	0.0350
Y	0.0100	0.0100	0.0125	0.0125	0.0175	0.0175
Z	0.0200	0.0200	0.0250	0.0250	0.0350	0.0350
Informações referentes ao desempenho do Algoritmo Genético						
Nº de gerações possíveis	60		60		60	
Nº de gerações utilizados	55		60		36	
Geração onde surge a solução	26		31		10	
Contador do histórico	955		1070		654	
Número de possibilidades	16384		16384		16384	
Critério de parada	2		1		2	

A adição de ruídos nos dados de entrada, com a intenção de simular imperfeições nos equipamentos de medida não alterou a capacidade do mesmo de encontrar soluções precisas para os casos apresentados.

Vale ressaltar que o Caso 15 representa um exemplo de implementação das condições de contorno convecção e radiação, associada a leituras do arquivo de entrada ruidosas ($\sigma = 0,0267 \text{ } ^\circ\text{C}$). Mesmo assim o algoritmo encontrou precisamente a solução procurada.

Tabela 8.5: Imperfeições no equipamento de leitura (Geometria esférica).

Com ruído (Geometria Esférica)	Caso 16		Caso 17		Caso 18	
	Desvio Padrão		Desvio Padrão		Desvio Padrão	
	0,0267		0,0578		0,0178	
	Orig.	Enc	Orig.	Enc	Orig.	Enc
Coordenadas						
X	0,000000	0,000000	-0,015000	-0,018750	0,003750	0,003750
Y	0,010000	0,011000	0,020000	0,020000	0,008000	0,008000
Z	0,000000	0,000000	0,001130	0,001125	0,007500	0,007500
Diâmetro						
D	0,0200	0,0200	0,2000	0,2000	0,0150	0,0150
Informações referentes ao desempenho do Algoritmo Genético						
Nº de gerações possíveis	60		60		60	
Nº de gerações utilizados	59		51		41	
Geração onde surge a solução	9		29		6	
Contador do histórico	1083		902		760	
Número de possibilidades	16384		16384		16384	
Critério de parada	2		2		2	

A adição de ruídos nos dados de entrada também não trouxe imprecisão ao modelo esférico nos Casos 16, 17 e 18.

Assim como no Caso 15, o Caso 18 representa um exemplo de implementação das condições de contorno convecção e radiação associada com leituras ruidosas.

Observa-se no Caso 16 que o algoritmo teve dificuldade em garantir que a solução encontrada na 9ª geração era mesmo a melhor solução. O algoritmo ainda foi conduzido até 59ª geração antes esgotar as possibilidades de busca para ser encerrado.

Nos Casos 16 e 17 as variações na precisão das coordenadas X, Y e Z se devem novamente ao mapeamento binário que é capaz de representar precisões de até 0,0015 m para as coordenadas X e Z e 0,001875m para a coordenada Y, não prejudicando a qualidade da localização.

Conforme apresentado no capítulo 7 os Casos 19 a 27 são exemplos de situações com três variáveis às quais a ferramenta de algoritmo genético foi submetida, assim pode-se confirmar a eficiência do algoritmo analisando as Tabelas 8.6, 8.7 e 8.8 a seguir:

Tabela 8.6: Tumores com local conhecido.

Geometria Prismática	Caso 19		Caso 20		Caso 21	
	Orig.	Enc.	Orig.	Enc.	Orig.	Enc.
Dimensões						
X	0,0100	0,0000	0,0200	0,0200	0,1120	0,0110
Y	0,0100	0,0100	0,0200	0,0200	0,0114	0,0110
Z	0,0100	0,0000	0,0200	0,0200	0,0158	0,0160
Informações referentes ao desempenho do Algoritmo Genético						
Nº de gerações possíveis	60		60		60	
Nº de gerações utilizados	21		16		15	
Geração onde surge a solução	16		5		7	
Contador do histórico	293		235		222	
Número de possibilidades	4096		4096		4096	
Critério de parada	2		2		2	

Observa-se que o número de variáveis menor (três) trouxe uma redução na quantidade de gerações utilizadas pelo algoritmo para encontrar a solução, fato que era esperado devido à redução do problema.

Nos casos aqui apresentados (19, 20 e 21) o AG encontrou soluções precisas das dimensões dos tumores procurados.

No Caso 21 as variações na precisão das dimensões X, Y e Z se devem ao mapeamento binário que aqui é capaz de representar precisões de até 0,001 m para as coordenadas X, Y e Z.

Tabela 8.7: Tumores com local conhecido.

Convecção e radiação / ruído	Caso 22		Caso 23		Caso 24		Caso 25	
					Desvio Padrão		Desvio Padrão	
					0,0134		0,0337	
	Orig.	Enc.	Orig.	Enc.	Orig.	Enc.	Orig.	Enc.
Dimensões								
X	0,0112	0,0110	0,0210	0,0200	0,0100	0,0100	0,0112	0,0120
Y	0,0114	0,0110	0,0200	0,0200	0,0100	0,0100	0,0114	0,0110
Z	0,0158	0,0160	0,0150	0,0150	0,0100	0,0100	0,0158	0,0140
Informações referentes ao desempenho do Algoritmo Genético								
Nº de gerações possíveis	60		60		60		60	
Nº de gerações utilizados	23		10		18		21	
Geração onde surge a solução	18		2		11		9	
Contador do histórico	329		172		262		306	
Número de possibilidades	4096		4096		4096		4096	
Critério de parada	2		2		2		2	

O número de gerações necessário novamente foi baixo devido o tamanho do problema, confirmado o correto dimensionamento do algoritmo genético.

A implementação de uma condição de contorno mais realista (Casos 22 e 23) ao modelo não prejudicou a capacidade do algoritmo de encontrar soluções precisas.

A adição de ruído nos dados de entrada do Caso 24 não alterou a capacidade do mesmo de encontrar a solução. Porém o caso 25, que tem o mesmo tumor original do Caso 21, apresentou uma imprecisão um pouco maior, indicando que a interferência no arquivo de entrada prejudicou a solução encontrada, porém, este erro ainda é pequeno e não comprometeu a qualidade da solução.

Nos Casos 22 e 23 as variações na precisão das dimensões X, Y e Z se devem ao mapeamento binário que é capaz de representar precisões de até 0,001 m para as coordenadas X, Y e Z.

Tabela 8.8: Tumores com local conhecido, ruído junto com convecção e radiação.

Ruído junto com convecção e radiação	Caso 26		Caso 27	
	Desvio Padrão		Desvio Padrão	
	0,0312		0,0578	
	Orig.	Enc.	Orig.	Enc.
Dimensões				
X	0,0112	0,0110	0,0210	0,0180
Y	0,0114	0,0110	0,0200	0,0200
Z	0,0158	0,0160	0,0150	0,0160
Informações referentes ao desempenho do Algoritmo Genético				
Nº de gerações possíveis	60		60	
Nº de gerações utilizados	29		18	
Geração onde surge a solução	21		12	
Contador do histórico	394		261	
Número de possibilidades	4096		4096	
Critério de parada	2		2	

A implementação de uma condição de contorno de convecção e radiação associada com adição de ruídos nos dados de entrada não gerou interferência nos resultados obtidos no Caso 26, visto que este apresenta o mesmo tumor original do Caso 22 e ambos apresentaram a mesma solução mantendo até as mesmas imprecisões devido o mapeamento de variáveis.

Partindo das mesmas informações que o caso 23 (convecção e radiação) o Caso 27 com ruído no arquivo de entrada de $\sigma = 0,0578^\circ\text{C}$ encontrou uma imprecisão nos seus resultados, indicando que para desvio padrão acima de $0,05^\circ\text{C}$ comprometeu a qualidade da solução.

A precisão nos equipamentos de medição de temperatura é o principal fator que limita as aplicações das ferramentas de diagnósticos térmicos. O trabalho de Pennes em 1948 (revisado por WISSLER, 1998) se baseia em informações de equipamentos de leitura do tipo termopares que chegavam à precisão de $0,01^\circ\text{C}$ (PENNES, 1948). Assim modelos (bidimensionais e tridimensionais) baseados na equação biotérmica que informam precisões acima destas devem ser vistos com cautela, ou junto com novas medições práticas mais precisas.

O menor tumor apresentado nos exemplos é o Caso 19 (tumor superficial com medidas 0,01 x 0,01 x 0,01 em metros) com uma amplitude total na variação de temperatura de 0,097 °C e desvio padrão de 0,018 °C (Tabela 7.1), mostrando que tumores desta magnitude, ou menores, exigem leituras de temperatura com precisão na ordem de 0,02°C. Esta medida é a mais precisa conseguida nos equipamentos de radiação por infravermelho comerciais (BRIOSCHI *et al*, 2003) e é um pouco menos precisa que a usada para a validação dos modelos e equações que sustentam este trabalho: 0,01 °C (PENNES, 1948 e WISSELER, 1998).

O mapeamento de variáveis que em muitos casos parecer ser o limitante para a precisão da solução (valores que estão na ordem de 1 mm a 1,5 mm) foram definidos de forma tão precisa quanto gerem variações de temperatura perceptíveis aos equipamentos de medição, visto que o menor tumor na superfície da pele que os equipamentos conseguem capturar (fator que torna as variações térmicas mais acentuadas) possui dimensão média de 1 cm (Caso 19).

8.2 CONCLUSÕES

Os métodos térmicos são uma alternativa para auxiliar os profissionais da saúde no diagnóstico de tumores e também se mostram como uma solução para o acompanhamento do tratamento dos mesmos.

Existem duas situações distintas quando o assunto é identificação de tumores: diagnósticos de lesões com local ainda desconhecido; e acompanhamento de tratamento de lesões já conhecidas. O segundo pode ser considerado um caso particular do primeiro, tornando o problema mais simples. Assim foram construídos algoritmos específicos para atender cada situação, o que traz um aumento na precisão dos resultados e um tempo menor de análise.

Existem várias alternativas de equipamentos de leitura da temperatura na superfície da pele humana, podendo, nos dias atuais, atingir precisão de 0,02 °C no caso dos medidores de radiação infravermelha (em modelos comerciais). Estes possuem a vantagem de não necessitar de contato com a superfície avaliada, eliminando a necessidade de considerar o equilíbrio térmico entre equipamento de medição e a pele, possibilitando medidas instantâneas.

No capítulo quatro definiu-se uma geometria tridimensional de forma que a seção transversal central fosse idêntica ao modelo bidimensional encontrado nos trabalhos anteriores, possibilitando assim a validação dos resultados.

Foi observado que a função de aproximação $f = 1 + r$, associada a funções acrescidas lineares 1, x , y e z obteve os melhores resultados para o modelo tridimensional, sendo capaz de capturar o comportamento da distribuição de temperatura na superfície da pele.

Dois modelos esféricos tridimensionais foram desenvolvidos variando a discretização adotada para o modelo do tumor (48 e 68 elementos triangulares constantes). Observou-se uma variação mínima no resultado obtido entre os mesmos, assim adotou-se o modelo de 48 elementos na superfície do tumor por apresentar o mesmo número de elementos que o modelo prismático, o que possibilita a criação de um algoritmo em MEC com MRD único para os dois modelos.

O MEC se mostra uma ferramenta viável para solução dos problemas inversos com algoritmo genético, devido ao fato de dispensar uma nova discretização do domínio para cada indivíduo analisado no algoritmo genético.

O algoritmo do Método dos Elementos de Contorno associado com o Método da Reciprocidade Dual é um fator limitante para o nível de discretização, visto que o algoritmo consome muito tempo de processamento. Este quando associado com o AG efetua vários cálculos da rotina da função objetivo (MEC com MRD para cada indivíduo em cada geração) assim o problema pode tornar-se centenas ou milhares de vezes mais lento, dependendo do tamanho da população e do número de gerações necessários.

O Algoritmo Genético em sua formulação tradicional efetua cálculos repetitivos, o que é um fator limitante, principalmente em funções objetivo de processamento lento como é o caso do MEC com MRD. Esse problema foi combatido com a adição de funções que evitam o reprocessamento de indivíduos já calculados anteriormente e concentrando os esforços do algoritmo em efetuar uma varredura das possíveis soluções próximas à melhor até o momento. Estas rotinas trouxeram uma grande redução no tempo de processamento e na probabilidade de falha do algoritmo genético.

Esta ferramenta aqui estudada pode ajudar no acompanhamento e diagnóstico de lesões cancerígenas com dimensão a partir de 1 cm, como é o caso da maioria das lesões de câncer de mama, ou lesões graves de câncer de pele.

Os estudos e experiências desenvolvidas no que diz respeito ao Algoritmo Genético podem ser aplicados a qualquer problema inverso que envolva funções objetivos das mais simples às mais complexas.

8.3 SUGESTÕES PARA TRABALHOS FUTUROS

Após a realização deste trabalho algumas sugestões para os pesquisadores que se interessarem são deixadas:

- Adaptar o algoritmo à arquitetura dos processadores paralelos, fato este que é possível em pontos específicos do AG, como no cálculo em MEC dos indivíduos de uma determinada população. Este pode trazer um ganho de velocidade considerável à ferramenta aproveitando melhor as tecnologias atuais;
- Desenvolver análises experimentais com exemplos práticos. Este deverá ser feito junto a profissionais da área de saúde, pois envolverá pessoas em delicado estado de saúde.

BIBLIOGRAFIA

ABREU, E.; KOIFMAN, S. Fatores prognósticos do câncer na mama feminina. *Revista brasileira de Cancerologia*, v. 48, n. 1, p. 113-131, jan./fev./mar. 2002.

BACARJI, E. *Aplicação do método dos elementos de contorno à análise de pavimentos de edifícios*. 2001. 160 f. Tese (Doutorado) - Escola de Engenharia de São Carlos, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2001.

BARBIRATO, J. C. C.; VENTURINI, W. S. Métodos dos elementos de contorno com reciprocidade dual para a análise transiente tridimensional da mecânica do fraturamento. *Cadernos de Engenharia de Estruturas*, São Carlos, v.7, n. 24, p. 63-88, 2005.

BREBBIA, C. A.; TELLES, J. C. F.; WROBEL, L. C. *Boundary element techniques: theory and applications in engineering*. 1st ed. Berlim: Springer – Verlag, 1984, 464 p.

BREBBIA, C. A.; DOMINGUES, J. *Boundary elements: an introductory course*. 2nd ed. New York: McGraw-Hill Book Company; Southampton: Computational Mechanics Publications; Boston: Computational Mechanics Publications, 1989, 292 p.

BRIDGES, T. R.; WROBEL, L. C. A dual reciprocity formulation for elasticity problems with body forces using augmented thin plate splines, *Communications in Numerical Methods in Engineering*, v. 12, issue 3, p. 209–220, mar. 1996.

BRIOSCHI, M. L.; MACEDO, J. F.; COELHO, R. A. M. Termometria cutânea: novos conceitos. *Jornal Vascular Brasileiro*, v. 2, n. 2, p. 151-159, 2003.

BUENO, F. R. *Análise inversa com uso de algoritmo genético para localização de tumores de pele discretizados em Elementos de Contorno com Reciprocidade Dual*. 2008. 90 f. Dissertação (Mestrado em Estruturas e Construção Civil) – Faculdade de Tecnologia, Universidade de Brasília, Brasília, 2008.

CASTRO, L. C. L. B.; PARTRIDGE, P. W. Minimum weight design of framed structures using a genetic algorithm considering dynamic analysis. *Latin American Journal of Solids and Structures*, v. 3, n. 2, p. 107–123, 2006.

CHAN, C. L. Boundary element method analysis of the bioheat transfer equation. *Journal of Biomechanical Engineering*, v. 114, n. 3, p. 358–365, ago. 1992.

DENG, Z. S.; LIU, J. Modelling of multidimensional freezing problem during cryosurgery by the dual reciprocity boundary element method. *Engineering Analysis with Boundary Elements*, v. 28, n. 2, p. 97–108, fev. 2004.

DENG, Z. S.; LIU, J. Parametric studies on the phase shift method to measure the blood perfusion of biological bodies. *Medical Engineering & Physics*, v. 22, n. 10, p. 693–702, dez. 2000.

DIAS, R. *Formulação bidimensional do método dos elementos de contorno para problemas de potencial elétrico em meios estratificados*. 2009. 146 f. Dissertação (Mestrado) – Setor de Ciências Exatas e Setor de Tecnologia, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2009.

FIGUEIREDO, L. C. et al. Câncer de pele: estudo dos principais marcadores moleculares do melanoma cutâneo. *Revista Brasileira de Cancerologia*, v. 49, n. 3, p. 179-183, jul./ago./set. 2003.

GOLBERG, M. A.; CHEN, C. S. The theory of radial basis functions applied to the BEM for inhomogeneous partial differential equations. *Boundary Elements Communications*, v. 5, p. 57–61, 1994.

GOLDBERG, D. E. *Genetic algorithms in search, optimization and machine learning*. 1st ed. Boston: Addison Wesley Longman Publishing Co., 1989.

INSTITUTO NACIONAL DO CÂNCER (Brasil). *Estimativas 2000 de incidência e mortalidade por câncer no Brasil*. Rio de Janeiro, 2000.

KAHN, N. *Population sizing in genetic and evolutionary algorithms*. Internal report, University of Illinois at Urbana Champaign, 2002.

LACERDA, E. G. M.; DE CARVALHO, A. C. P. L. F. Introdução aos algoritmos genéticos. In: GALVÃO, C. O. (org.); VALENÇA, M. J. S. (org.). *Sistemas Inteligentes: Aplicações a Recursos Hídricos e Ciências Ambientais*, 1 ed. Porto Alegre: Editora da UFRGS e Associação Brasileira de Recursos Hídricos, 1999. p. 99-148.

LANG, P. G. Jr.. Malignant melanoma. *Medical Clinics of North America*, v. 82, n. 6, p. 1325-1358, nov. 1998.

LEMONGE, A. C. C.; BARBOSA, H. J. C. An adaptive penalty scheme for genetic algorithms in structural optimization. *International Journal for Numerical Methods In Engineering*, v. 59, n. 5, p. 703-736, fev. 2004.

LIU, J.; XU, L. X. Boundary information based diagnostics on the thermal states of biological bodies. *International Journal of Heat and Mass Transfer*, v. 43, n. 16, p. 2827–2839, ago. 2000.

LIU, J.; XU, L. X. Estimation of blood perfusion using phase shift in temperature response to sinusoidal heating at skin surface. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, v. 46, n. 9, p. 1037–1043, set. 1999.

MAJCHRZAK, E.; PARUCH, M. Identification of the tumour region on the basis of skin surface temperature. In: ECCOMAS, 2004, Jyväskylä. *Proceedings....* Jyväskylä, 2004. p. 1–14.

MICHALEWICZ, Z. *Genetic algorithms + data structures = evolution programs*, 3th ed. Berlin: Springer – Verlag, 1996, 407 p.

NARDINI, D.; BREBBIA, C. A. A new approach to free vibration analysis using boundary elements. *Applied Mathematical Modelling*, v. 7, n. 3, p. 157–162, jun. 1983.

OCHI, L. S.; ROCHA, M. L. A new evolutionary algorithm for the vehicle routing and scheduling problem. In: International Conference on Intelligence Systems: Artificial Intelligence Applications for the New Millennium, 9, 2000, Louisville. *Proceedings...* Louisville, 2000, p. 135-140.

PARTRIDGE, P. W.; WROBEL, L. An inverse geometry problem for the localisation of skin tumours by thermal analysis. *Engineering Analysis with Boundary Elements*, v. 31, n. 10, p. 803-811, out. 2007.

PARTRIDGE, P. W.; WROBEL, L. C, BREBBIA, C. A. *The dual reciprocity boundary element method*. London: Elsevier Applied Science; Southampton: Computational Mechanics Publications, 1992, 276 p.

PENNES, H. H. Analysis of tissue and arterial blood temperatures in the resting human forearm. *Journal of Applied Physiology*, v. 1, n. 2, p. 93–122, ago. 1948.

PINHEIRO, A. M. C.; FRIEDMAN, H.; CABAL, A. L. S. V.; RODRIGUES, H. A. Melanoma cutâneo: características clínicas, epidemiológicas e histopatológicas no Hospital Universitário de Brasília entre janeiro de 1994 e abril de 1999. *Anais Brasileiros de Dermatologia*, Rio de Janeiro, v. 78, n. 2, 2003.

PRESS, W. H. et al. *Numerical recipes: the art of scientific computing*. 1st ed. Cambridge: Cambridge University Press, 1986. 848 p.

REED, J.; ALBINO, A. P. Update of diagnostic and prognostic markers in cutaneous malignant melanoma. *Dermatologic Clinics*, v. 17, n. 3, p. 631-643, jul. 1999.

REN, Z. P. et al. Boundary element method for solving normal or inverse bio-heat transfer problem of biological bodies with complex shape. *Journal of Thermal Science*, v. 4, n. 2, p. 117-124, abril 1995.

SAMPAIO, C. C. D. *Determinação de uma rede ótima de transporte utilizando o algoritmo genético*. 2004. 98f. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Tecnologia, Universidade de Brasília, Brasília. 2004.

SOBIN, L. H.; WITTEKIND, C. *TNM Classification of Malignant Tumours*. 6th ed. New York: Wiley-Liss, 2002. 264 p.

TANOMARU, J. Motivação, fundamentos e aplicação de algoritmos genéticos. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE REDES NEURAIS, 2., 1995. Curitiba. *Anais...* Curitiba: [s.n.], 1995. p. 373-403.

TOGAWA, T. Body temperature measurement. *Clinical Physics and Physiological Measurement*. v. 6, n. 2, p. 83-108, maio 1985.

WISSLER, E. H. Pennes' 1948 paper revisited. *Journal of Applied Physiology*, v. 85, n. 1, p. 35-41, jul. 1998.

WISSLER, E. H. Steady-state temperature distribution in man. *Journal of Applied Physiology*, v. 16, n. 4, p. 734-740, jul. 1961.

WROBEL, L.C. *The boundary element method- Applications in Thermo-Fluids And Acoustics*. 1st ed. London: Wiley, 2002. Vol. 1.