

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

**FABRÍCIO RIBEIRO BUENO**

**DISSERTAÇÃO DE MESTRADO 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 DISCRETIZADOS EM ELEMENTOS DE CONTORNO  
COM RECIPROCIDADE DUAL**

**FABRÍCIO RIBEIRO BUENO**

**ORIENTADOR: PAUL WILLIAM PARTRIDGE**

**DISSERTAÇÃO DE MESTRADO EM ESTRUTURAS E  
CONSTRUÇÃO CIVIL**

**PUBLICAÇÃO: E.DM – 008 A/08  
BRASÍLIA/DF: AGOSTO – 2008**

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

**ANÁLISE INVERSA COM USO DE ALGORITMO GENÉTICO PARA  
LOCALIZAÇÃO DE TUMORES DE PELE DISCRETIZADOS EM  
ELEMENTOS DE CONTOURNO COM RECIPROCIDADE DUAL**

**FABRÍCIO RIBEIRO BUENO**

**DISSERTAÇÃO 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 MESTRE 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. CARLOS FRIEDRICH LOEFFTER NETO, DSc (UFES)  
(Examinador Externo)**

**BRASÍLIA/DF, 13 DE AGOSTO DE 2008**

## **FICHA CATALOGRÁFICA**

**BUENO, FABRÍCIO RIBEIRO**

Análise inversa com uso de Algoritmo Genético para localização de tumores de pele discretizados em Elementos de Contorno com Reciprocidade Dual. [Distrito Federal] 2008.

xix, 76p., 297 mm (ENC/FT/UnB, Mestre, Estrutura e Construção Civil, 2008).

Dissertação de Mestrado – 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. (2008). Análise inversa com uso de Algoritmo Genético para localização de tumores de pele discretizados em Elementos de Contorno com Reciprocidade Dual. Dissertação de Mestrado em Estruturas e Construção Civil, Publicação E.DM – 008 A/08, Departamento de Engenharia Civil e Ambiental, Universidade de Brasília, Brasília, DF, 76p.

## **CESSÃO DE DIREITOS**

AUTOR: Fabrício Ribeiro Bueno.

TÍTULO: Análise inversa com uso de Algoritmo Genético para localização de tumores de pele discretizados em Elementos de Contorno com Reciprocidade Dual [Distrito Federal] 2008.

GRAU: Mestre

ANO: 2008

É concedida à Universidade de Brasília permissão para reproduzir cópias desta dissertação de mestrado 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 trabalham para que meus irmãos e eu possamos ir em frente.

À Mônica, namorada que conheci nas aulas do mestrado. Muito obrigado pela ajuda, incentivo, correções, amizade, carinho, pelos vários cartõezinhos, etc.

Ao amigo Marcos Honorato, companheiro das aulas, academia e principalmente do vídeo-game.

Aos amigos Marcos Daniel e Kellen Schmidt. Vocês me ajudaram muito também.

À Dona Arlene, minha mãe em Brasília. Tia, também gosto muito da senhora, quem sabe um dia vou lá em Boa Vista. E muito obrigado pelos vários almoços e festas.

Ao meu primo Leomar, seu filho Leonardo e sua esposa Wesleyne (Nani) minha família nesta cidade. Vocês fazem Brasília parecer uma cidade normal. Nani, seu bolo de chocolate é muito bom.

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

Professores Guilherme Sales, Marcus Vinícius e Janes Cleiton. Obrigado pelos conselhos e por acreditarem em mim.

Ao CNPQ por financiar este trabalho.

Dedico este trabalho a meus pais Ailton e Vânia.

Pai e Mãe, o mérito é de vocês.

## RESUMO

### **ANÁLISE INVERSA COM USO DE ALGORITMO GENÉTICO PARA LOCALIZAÇÃO DE TUMORES DE PELE DISCRETIZADOS EM ELEMENTOS DE CONTORNO COM RECIPROCIDADE DUAL**

Autor: Fabrício Ribeiro Bueno.

Orientador: Paul William Partridge.

Programa de Pós-graduação em Estruturas e Construção Civil.

Brasília, agosto de 2008.

Neste trabalho, assim como em Partridge e Wrobel (2007), o Método dos Elementos de Contorno com Reciprocidade Dual é associado a um Algoritmo Genético, gerando uma ferramenta que, através de uma distribuição de temperatura medida na superfície da pele, calcula, por um processo inverso, a localização e o tamanho de um tumor.

O método parte de uma série de cadeias de binários aleatórios que representam cada uma uma possível solução do problema armazenando a posição do centro e o tamanho do tumor. Esses números binários são chamados de cromossomos que são melhorados a cada geração por um processo numérico de cruzamento e mutação, imitando o processo biológico de reprodução com seleção natural.

O Método da Reciprocidade Dual aqui foi implementado para a função de aproximação  $r^3$  com termos lineares acrescidos 1, x e y. O que não quer dizer que não possam ser utilizadas outras funções.

Foram melhorados os resultados do trabalho anterior (Partridge e Wrobel, 2007), além de modificar as rotinas, tornando-as capazes de localizar tumores com geometria circular. Também são apresentados resultados para exemplos com condições de contorno convectivos e com ruído, como é o caso para problemas reais.

Os resultados para os diferentes tamanhos, localizações, geometrias e condições de contorno foram satisfatórios, comprovando a eficiência do processo inverso de Algoritmos Genéticos com aplicação de Método dos Elementos de Contorno.

Palavras chaves: Análise inversa, Algoritmo genético, Método dos Elementos de contorno, Reciprocidade Dual.

## **ABSTRACT**

### **INVERSE ANALYSIS USING GENETIC ALGORITHM FOR LOCALISATION OF SKIN TUMOURS USING THE BOUNDARY ELEMENT METHOD WITH DUAL RECIPROCITY.**

Author: Fabrício Ribeiro Bueno.

Supervisor: Paul William Partridge.

Programa de Pós-graduação em Estruturas e Construção Civil

Brasília, August, 2008.

Here, as in Partridge and Wrobel (2007), the Boundary Element Method with Dual Reciprocity is associated with a genetic algorithm, creating a tool that using a distribution of temperature measured on the surface of the skin, estimates by an inverse process the localization and size of a tumor.

The method starts from a series of random binary strings, each representing a possible solution of the problem containing the position of the centre and size of the tumor. These binary numbers are called chromosomes and they are improved at each generation using a numerical process of crossover and mutation, like the biological process of reproduction with natural selection.

The Dual Reciprocity Method has been implemented here for the approximation function  $r^3$  with augmentation 1, x and y. That does not mean that other functions can not be used.

The results of previous work (Partridge and Wrobel, 2007) were improved upon and the routines were changed, making it possible to find tumors with circular geometry. Results are also presented where examples with convective boundary conditions with noise were considered as in the case in real problems.

The results for different sizes, positions, geometries and boundary conditions were satisfactory, showing the efficiency of the inverse process using Genetic Algorithms with application of the Boundary Elements Method.

Keywords: Inverse Analysis, Genetic algorithm, Boundary Elements method, Dual Reciprocity.

# SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b> .....	<b>1</b>
1.1	APRESENTAÇÃO .....	1
1.2	OBJETIVOS .....	2
1.3	ESTRUTURA DO TEXTO .....	2
<b>2</b>	<b>A EQUAÇÃO BIOTÉRMICA DE PENNES</b> .....	<b>4</b>
<b>3</b>	<b>MÉTODO DOS ELEMENTOS DE CONTORNO PARA PROBLEMAS DE POTENCIAL</b> .....	<b>6</b>
3.1	INTRODUÇÃO .....	6
3.2	FORMULAÇÃO PARA EQUAÇÃO DE POISSON E LAPLACE .....	8
3.2.1	Solução fundamental.....	9
3.2.2	Equação integral de contorno.....	10
3.2.3	Método dos elementos de contorno para a Equação de Laplace.....	11
3.3	RECIPROCIDADE DUAL.....	15
3.4	Termo do tipo constante .....	16
3.4.1.1	Solução Particular.....	16
3.4.1.2	Equação matricial de contorno .....	17
3.4.1.3	O vetor $\alpha$ .....	18
3.4.2	Termo do tipo $ku$ .....	19
3.4.3	Funções de aproximação $f$ .....	20
3.4.4	Funções acrescidas.....	20
<b>4</b>	<b>PROBLEMA DIRETO PARA A DISTRIBUIÇÃO DE TEMPERATURA</b> .....	<b>22</b>
4.1	MODELAGEM DO TECIDO.....	22
4.2	RESULTADOS .....	25
4.2.1	Tecido saudável.....	25
4.2.2	Casos com tumores retangulares.....	26
4.2.2.1	Outros casos retangulares analisados. ....	27
4.2.3	Casos com tumores circulares .....	29
4.2.3.1	Casos circulares analisados. ....	29
<b>5</b>	<b>ALGORITMO GENÉTICO</b> .....	<b>32</b>
5.1	INTRODUÇÃO .....	32
5.2	TEOREMA FUNDAMENTAL DOS ALGORITMOS GENÉTICOS.....	33
5.3	CONVERGÊNCIA DOS ALGORITMOS GENÉTICOS .....	36
5.4	FUNCIONAMENTO E FORMULAÇÃO .....	37
5.4.1	Representação genética .....	37
5.4.1.1	Dimensionamento das variáveis. ....	38
5.4.2	População inicial.....	38
5.4.3	Função de aptidão.....	39
5.4.3.1	Ordenamento linear .....	40
5.4.3.2	Ordenamento exponencial .....	41

5.4.4	<b>Seleção .....</b>	<b>41</b>
5.4.4.1	Elitismo.....	41
5.4.4.2	Amostragem estocástica universal. ....	42
5.4.4.3	Torneio .....	42
5.4.4.4	Cruzamento e mutação .....	42
5.4.5	<b>Cr�terios de atualiza�o e parada.....</b>	<b>44</b>
<b>6</b>	<b>PROBLEMA INVERSO DE LOCALIZA�O DE TUMOR .....</b>	<b>45</b>
6.1	<b>RESULTADOS .....</b>	<b>46</b>
6.1.1	<b>Retangulares .....</b>	<b>46</b>
6.1.2	<b>Circulares .....</b>	<b>52</b>
6.1.3	<b>Problemas com ru�do. ....</b>	<b>57</b>
6.1.4	<b>Casos considerando a convec�o.....</b>	<b>59</b>
6.1.5	<b>Problemas convectivos com ru�do.....</b>	<b>63</b>
<b>7</b>	<b>CONSIDERA�OES FINAIS.....</b>	<b>69</b>
7.1	<b>RESUMO DAS AN�LISES E DISCUSSOES .....</b>	<b>69</b>
7.2	<b>SUGESTOES PARA TRABALHOS FUTUROS.....</b>	<b>72</b>
	<b>BIBLIOGRAFIA .....</b>	<b>73</b>

## LISTA DE FIGURAS

Figura 3.1: Principais métodos numéricos (Bacarji, 2001). .....	7
Figura 3.2: Definição geométrica do problema. ....	8
Figura 3.3: Representação de um ponto no contorno. ....	11
Figura 3.4: Contorno $\Gamma$ discretizado em elementos lineares. ....	12
Figura 3.5:(a) Definição de elemento linear com suas coordenadas, (b) Interseção de elementos lineares. ....	13
Figura 3.6: Ilustração de montagem da F. ....	21
Figura 4.1: Tumor dentro de uma matriz de tecido saudável. ....	22
Figura 4.2: Tumor retangular dentro de uma matriz de tecido saudável, discretizado (Caso 1 retangular).....	24
Figura 4.3: Tumor circular dentro de uma matriz de tecido saudável, discretizado (Caso 1 circular).....	24
Figura 4.4: Tecido saudável. ....	25
Figura 4.5: Distribuição de temperatura Caso 1 retangular.....	27
Figura 4.6: Casos 2 a 5. Ilustração da localização dos tumores nos casos retangulares (sem escala). ....	28
Figura 4.7: Distribuição de temperatura para os casos retangulares. ....	29
Figura 4.8: Casos 2 a 5. Ilustração da localização dos tumores nos casos circulares (sem escala).....	30
Figura 4.9: Distribuição de temperatura para os casos circulares. ....	31
Figura 5.1: Pressão de Seleção (Lacerda e Carvalho, 1999). ....	41
Figura 5.2: Exemplo de roleta. ....	42
Figura 5.3: Cruzamento de um ponto (Sampaio, 2004) .....	43
Figura 5.4: Cruzamento de dois pontos (Castro e Partridge, 2005). ....	43
Figura 6.1: Sobreposição das curvas de distribuição de temperatura: Original e Encontrado. Caso 1 - Retangular. ....	47
Figura 6.2: Convergência do Algoritmo Genético para o Caso 1 retangular: População Inicial, Geração 30, Geração 60 e Geração 103. ....	48
Figura 6.3: Ilustração da localização do tumor Caso 6 retangular. ....	50
Figura 6.4: Ilustração da localização do tumor Caso 7 retangular. ....	51
Figura 6.5: Distribuição de temperatura dos Casos 6 e 7 retangulares.....	52

Figura 6.6: Sobreposição das curvas de distribuição de temperatura: Original e Encontrado. Caso 1 Circular. ....	53
Figura 6.7: Convergência do Algoritmo Genético para o Caso 3 circular: População inicial, geração nº 30, geração nº 60 e geração nº 112. ....	54
Figura 6.8: Ilustração da localização do tumor Caso 6 retangular. ....	55
Figura 6.9: Ilustração da localização do tumor Caso 7 circular. ....	56
Figura 6.10: Distribuição de temperatura dos Casos 6 e 7 circulares.....	57
Figura 6.11: Problema com ruído, Caso 8 retangular.....	58
Figura 6.12: Problema com ruído, $\sigma = 0,05$ .....	59
Figura 6.13: Distribuição de temperatura Exata e Encontrada para o Caso 10 retangular convectivo.....	60
Figura 6.14: Distribuição de temperatura Exata e Encontrada no Caso 11 retangular convectivo.....	61
Figura 6.15: Distribuição de temperatura Exata e Encontrada no Caso 12 retangular convectivo.....	62
Figura 6.16: Distribuição de temperatura Exata e Encontrada no Caso 8 circular convectivo.....	63
Figura 6.17: Caso 10 circular, convectivo e com ruído.....	64
Figura 6.18: Caso 11 circular, convectivo e com ruído.....	65
Figura 6.19: Caso 12 circular, convectivo e com ruído.....	66
Figura 6.20: Caso 13 circular, convectivo e com ruído.....	67
Figura 6.21: Caso 15 retangular, convectivo e com ruído.....	68

## LISTA DE TABELAS

Tabela 4.1: Distribuição de temperatura para tecido saudável.....	26
Tabela 5.1: Cromossomo, Esquemas, comprimento e definição de Ordem.....	34
Tabela 7.1: Resumo de resultados Tumores Retangulares .....	69
Tabela 7.2: Resumo de resultado de Tumores Circulares .....	71
Tabela 7.3: Problemas convectivos com ruído.....	71

## 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.

$\rho_b$  – Densidade do sangue.

$c_b$  – Calor específico do sangue.

$\omega_b$  – Pressão arterial do sangue.

$\partial$  – Notação de derivada parcial.

$T$  – Temperatura.

$( )_a$  – Referente a sangue arterial.

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

$Q$  – Aquecimento espacial.

$h_0$  – Coeficiente de transferência de calor.

$\sigma$  – Constante de Stefan-Boltzman.

$\varepsilon$  – Fator de radiatividade.

$\Gamma_{( )}$  – Linha de contorno.

$\Omega_{( )}$  – Região de domínio.

$\int_{\Gamma}$  – Integral no contorno.

$\int_{\Omega}$  – Integral no domínio.

$d(\ )$  – Indica derivada.

$u^*$  – Solução fundamental.

$q^*$  – Derivada normal da solução fundamental.

$\Delta_i$  – Função delta de Dirac.

$\phi$  – 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

Em diversos estudos anteriores, por exemplo, Chan (1992), Deng e Liu (2000), Liu e Xu (2000) e Deng e Liu (2004), tem sido mostrado que a temperatura na superfície da pele é controlada pelo metabolismo local, pela troca de calor com o ambiente e principalmente pelo fluxo de sangue.

Não há dúvidas 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 diminui o sangue que flui na pele, resultando na redução da temperatura superficial desta.

Portanto, temperatura anormal da pele pode indicar circulação sangüínea irregular, o que pode então ser utilizado para diagnósticos.

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 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 presente trabalho utiliza uma técnica inversa. 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 que seria medida na prática por equipamentos médicos e dela obtém-se a posição e o tamanho do tumor.

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). Estes são matematicamente complexos devido à sua natureza problemática, ou seja, pequenas imprecisões nos dados podem produzir grandes erros na solução.

A distribuição de temperatura e o fluxo de calor em um maciço de pele podem ser simulados pela equação biotérmica de Pennes, que tem uma solução fundamental previamente conhecida e implementada 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 seus co-autores em seus vários trabalhos.

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.

Este trabalho dá continuação ao estudo de Partridge e Wrobel (2007), que desenvolvem um procedimento inverso de Algoritmo Genético, pelo qual pode ser obtido o tamanho e o local de um tumor de pele a partir de medidas de temperatura da superfície desta. Este método é de um tipo evolutivo, portando não é necessária nenhuma suposição inicial sobre a posição do tumor e nem cálculos de sensibilidades ou direções de procura.

## **1.2 OBJETIVOS**

O presente trabalho tem os seguintes objetivos:

- 1º Melhorar os resultados apresentados no trabalho de Partridge e Wrobel (2007) e repetir os exemplos por eles apresentados;
- 2º Implementar no algoritmo a capacidade de determinação de tumores com outras geometrias, por exemplo, os circulares;
- 3º Analisar novos exemplos e discutir os seus resultados.

## **1.3 ESTRUTURA DO TEXTO**

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

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

No segundo capítulo é apresentada a equação biotérmica de Pennes acompanhada de como foi feita a simplificação de suas constantes.

O capítulo 3 possui a formulação e conceitos de Métodos dos Elementos de Contorno com Reciprocidade Dual que serão necessários neste trabalho.

No quarto capítulo consideram-se os resultados para o problema direto, aplicando os conceitos do capítulo 3 para obter a distribuição de temperatura na superfície da pele.

O capítulo cinco apresenta a formulação de algoritmos genéticos, como funcionam e quais os principais passos para se montar um algoritmo genético simples.

O sexto capítulo apresenta as definições adotadas no algoritmo genético constituinte deste trabalho, além dos resultados obtidos na localização dos tumores aplicados nos casos do capítulo 4 e outros casos novos.

E por último, no sétimo capítulo, encontram-se os resumos dos resultados e as conclusões sobre as análises feitas nas localizações dos tumores. Ao final deste estão algumas sugestões para trabalhos futuros.

## 2 A EQUAÇÃO BIOTÉRMICA DE PENNES

A equação biotérmica de Pennes pode ser escrita na forma seguinte (Partridge e Wrobel, 2007):

$$\rho c \frac{\partial T}{\partial t} = \nabla^2 T + \frac{\omega_b \rho_b c_b}{k} (T_a - T) + \frac{Q}{k} \quad (2.1)$$

Onde  $\rho$ ,  $c$  e  $k$  representam respectivamente densidade, calor específico e condutividade térmica do tecido;  $\rho_b, c_b$  são densidade e calor específico do sangue respectivamente,  $\omega_b$  é a pressão arterial do sangue,  $T_a$  é a temperatura do sangue arterial e  $Q$  é o aquecimento espacial. A equação (2.1) 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  $\sigma$  é a constante de Stefan-Boltzman e  $\varepsilon$  é o fator de radiatividade que atua entre a superfície e a temperatura ambiente exterior  $T_r$  (Partridge e Wrobel 2007). A equação (2.1) pode ser escrita, em forma estacionária, como:

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

ou

$$\nabla^2 T = -c_1(T_a - T) - c_2 \quad (2.3)$$

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 (2.3) também pode ser escrita como:

$$\nabla^2 T = -c_1 T_a + c_1 T - c_2 = b \quad (2.4)$$

Sendo  $T_a$  constante podemos reduzir a equação (2.4) para:

$$\nabla^2 T = c_3 - c_1 T \quad (2.5)$$

Onde:

$$c_3 = c_1 T_a - c_2$$

Na equação (2.5), considerando somente a constante  $c_3$ , temos um problema de solução da equação de Poisson e quando consideramos  $c_1 T$  temos 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).

Há muitos problemas na Engenharia que podem ser caracterizados matematicamente por equações diferenciais com as devidas condições de contorno, por exemplo: a maioria dos problemas da mecânica dos sólidos, mecânica dos fluidos e problemas térmicos, como o considerado neste trabalho.

A maior dificuldade com estas equações diferenciais é que a maioria delas não pode ser resolvida analiticamente. Para a obtenção da solução destes problemas faz-se necessário o uso de algum método numérico.

Os principais métodos numéricos são:

- Método das Diferenças Finitas (MDF);
- Método dos Elementos Finitos (MEF);
- Método dos Volumes Finitos (MVF);
- Método dos Elementos de Contorno (MEC).

É possível representar alguns desses métodos como na figura (3.1), onde se vê as suas principais diferenças quanto à modelagem ou forma de representar o problema real.

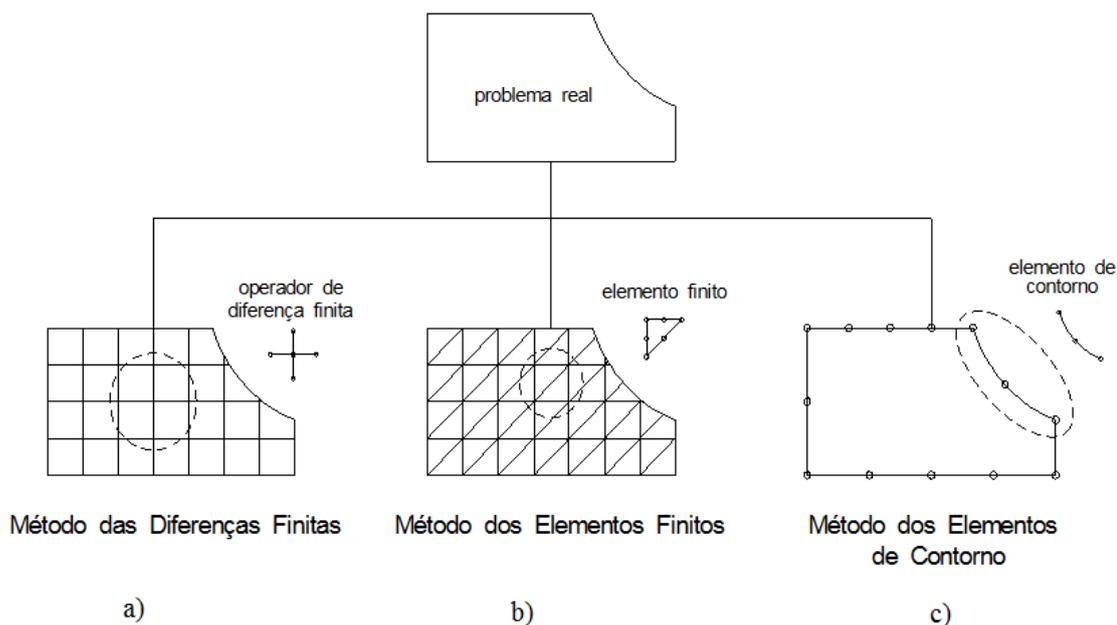


Figura 3.1: Principais métodos numéricos (Bacarji, 2001).

Tanto o método das diferenças finitas, método dos volumes finitos como o método dos elementos finitos exigem a criação de uma malha que discretiza todo o domínio estudado. Já o Método dos Elementos de Contorno, como o seu próprio nome diz, é o único que exige apenas uma discretização do contorno, podendo ou não ter pontos no domínio apenas para melhorar a precisão dos resultados.

Esta característica é muito importante neste trabalho, onde cada cromossomo gerado pelo algoritmo genético representaria uma malha diferente se utilizássemos diferenças finitas ou elementos finitos, por exemplo. 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 o contorno do tumor, o que pode ser feito simplesmente somando constantes às coordenadas desses nós (Partridge e Wrobel, 2007).

O Método dos Elementos de Contorno pode ser facilmente ajustado a contornos geometricamente complexos, 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. Porém, o método dos resíduos ponderados é o mais geral, permitindo soluções de equações diferenciais parciais mais complexas e também podendo ser usado para relacionar o método dos elementos de contorno com outros métodos ou técnicas numéricas (Partridge et al, 1992).

Considere a equação de Poisson:

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

Com as condições de contorno básicas:

- 1° Condição do tipo  $u = \bar{u}$  no contorno  $\Gamma_1$ ;
- 2° Condição do tipo  $q = \partial u / \partial n = \bar{q}$  no contorno  $\Gamma_2$ .

O tratamento para as condições de temperatura 3 e 4 (descritas no capítulo 2) são consideradas por exemplo no trabalho de Brebbia et al (1989).

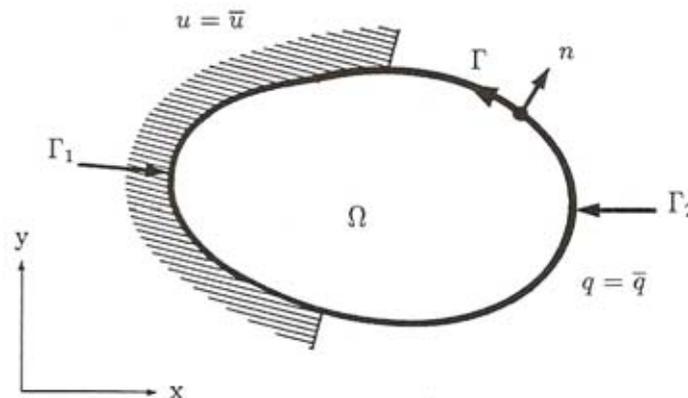


Figura 3.2: Definição geométrica do problema.

Definindo  $R$  como o resíduo, pode-se escrever:

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

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

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

Onde  $u$  e  $q$  assumirão valores aproximados e serão ponderados. A partir de então, serão representados pela função  $u^*$  e sua derivada normal  $q^* = \partial u^* / \partial n$ . A equação de resíduos ponderados fica definida então como:

$$\int_{\Omega} R u^* d\Omega = \int_{\Gamma_2} R_2 u^* d\Gamma - \int_{\Gamma_1} R_1 q^* d\Gamma \quad (3.2)$$

ou

$$\int_{\Omega} (\nabla^2 u - b) u^* d\Omega = \int_{\Gamma_2} (q - \bar{q}) u^* d\Gamma - \int_{\Gamma_1} (u - \bar{u}) q^* d\Gamma \quad (3.3)$$

Calculando duas integrações por partes a partir da equação integral (3.3), obtém-se:

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

Esta equação é o ponto de partida da aplicação do método dos elementos de contorno. Para transformar a equação (3.4) 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:

$$\nabla^2 u^* + \Delta i = 0 \quad (3.5)$$

Onde  $\Delta i$  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  $\Delta i$  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:

$$\int_{\Omega} (\nabla^2 u^*) u d\Omega = \int_{\Omega} (-\Delta_i) u d\Omega = u_i \quad (3.6)$$

Usando as propriedades da solução fundamental, (3.4) pode ser escrita como,

$$u_i + \int_{\Gamma_2} u q^* d\Gamma + \int_{\Gamma_1} \bar{u} q^* d\Gamma + \int_{\Omega} b u^* d\Omega = \int_{\Gamma_2} \bar{q} u^* d\Gamma + \int_{\Gamma_1} q u^* d\Gamma \quad (3.7)$$

Segundo Brebbia e Domingues (1989), sabe-se então que a solução fundamental da equação (3.5) para meios isotrópicos bi-dimensionais é:

$$u^* = \frac{1}{2\pi} \ln\left(\frac{1}{r}\right) \quad (3.8)$$

### 3.2.2 Equação integral de contorno

Sabendo que  $\Gamma = \Gamma_1 + \Gamma_2$  e com as condições de contorno anteriores, podemos simplificar a equação (3.7) da seguinte forma:

$$u_i + \int_{\Gamma} u q^* d\Gamma + \boxed{\int_{\Omega} b u^* d\Omega} = \int_{\Gamma} u^* q d\Gamma \quad (3.9)$$

A parte em destaque na equação (3.9) é uma integral no domínio  $\Omega$ , conseqüência do termo  $b$  da equação de Poisson, que terá sua solução demonstrada no item 3.3 desse capítulo.

A equação (3.9) deduzida semelhantemente para a equação de Laplace,

$$\nabla^2 u = 0 \quad (3.10)$$

fica assim definida,

$$u_i + \int_{\Gamma} u q^* d\Gamma = \int_{\Gamma} u^* q d\Gamma \quad (3.11)$$

Considerando um contorno suave e substituindo a solução fundamental em (3.11) teremos:

$$\lim_{\varepsilon \rightarrow 0} \left\{ \int_{\Gamma_\varepsilon} u q^* d\Gamma \right\} = \lim_{\varepsilon \rightarrow 0} \left\{ \int_{\Gamma_\varepsilon} u \left( -\frac{1}{2\pi} \cdot \frac{1}{\varepsilon} \right) d\Gamma \right\} = \lim_{\varepsilon \rightarrow 0} \left\{ -u \frac{\pi\varepsilon}{2\pi\varepsilon} \right\} = -\frac{1}{2} u_i \quad (3.12)$$

Onde um ponto no contorno pode ser representado por um ponto interno a um semicírculo de raio  $r = \epsilon$  onde  $\epsilon \rightarrow 0$ , como ilustrado na figura 3.3.

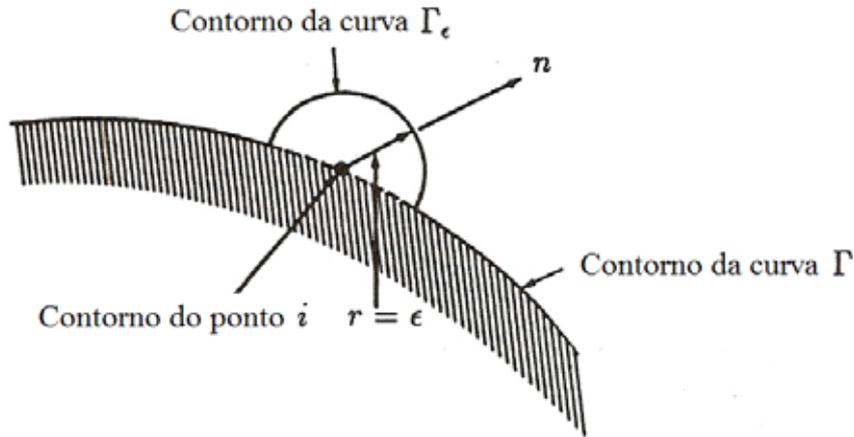


Figura 3.3: Representação de um ponto no contorno.

Assim a equação (3.11) para um ponto  $i$  no contorno fica:

$$\frac{1}{2}u_i + \int_{\Gamma} uq^* d\Gamma = \int_{\Gamma} u^* q d\Gamma \quad (3.13)$$

### 3.2.3 Método dos elementos de contorno para a Equação de Laplace

A equação de contorno (3.13) pode ser generalizada,

$$c_i u_i + \int_{\Gamma} uq^* d\Gamma = \int_{\Gamma} u^* q d\Gamma \quad (3.14)$$

Onde  $1/2$  está representado pelo coeficiente  $c_i$ . O valor de  $c_i = 1/2$  é aplicado para nós localizados em um contorno suave, de acordo com a figura (3.3). O valor de  $c_i$  para qualquer tipo de contorno pode ser representado por (Brebbia e Domingues, 1989):

$$c_i = \frac{\theta}{2\pi} \quad (3.15)$$

Onde  $\theta$  é o ângulo interno no ponto  $i$  em radianos.

O contorno  $\Gamma$  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.

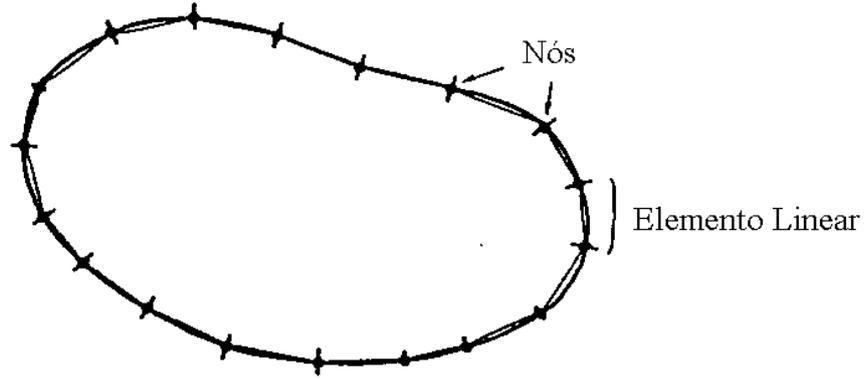


Figura 3.4: Contorno  $\Gamma$  discretizado em elementos lineares.

O contorno  $\Gamma$  passa a ser então representado pelo somatório desses elementos. Assim a equação (3.14) fica representada em somatório da forma:

$$c_i u_i + \sum_{j=1}^N \int_{\Gamma_j} u q^* d\Gamma = \sum_{j=1}^N \int_{\Gamma_j} u^* q d\Gamma \quad (3.15)$$

Considerando sua interpolação do campo também linear, os valores de  $u$  e  $q$  variam dentro de cada elemento  $\Gamma_j$  (Figura 3.5 (a)) e estes então são interpolados pelas funções  $\phi_1$  e  $\phi_2$ , definidas em termos da coordenada homogênea  $\xi$ , como visto também na Figura 3.5 (a), por exemplo:

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

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

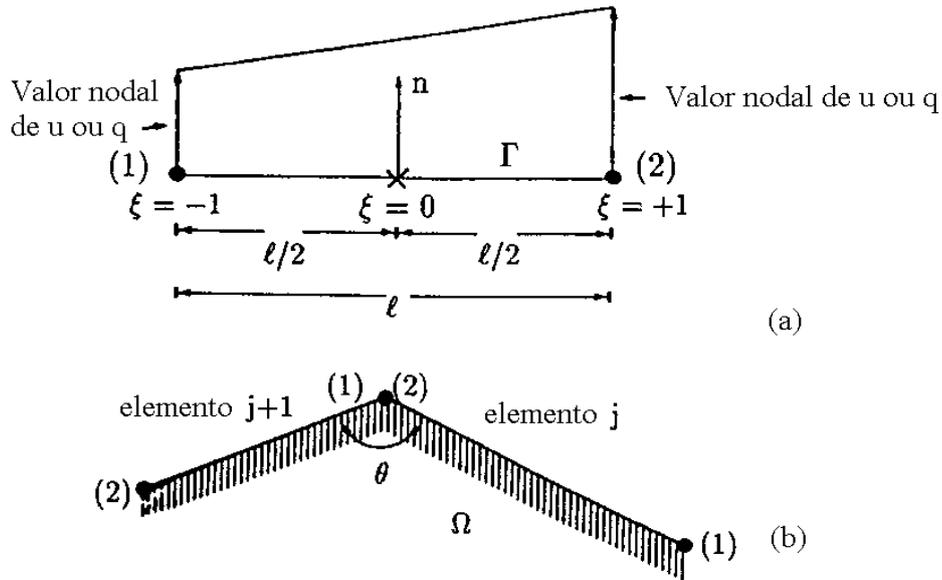


Figura 3.5:(a) Definição de elemento linear com suas coordenadas, (b) Interseção de elementos lineares.

Em duas dimensões a coordenada  $\xi$  varia de -1 até +1 e as duas funções de interpolação são (Brebbia e Domingues, 1989):

$$\phi_1 = \frac{1}{2}(1 - \xi) \quad (3.16)$$

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

Aplicando (3.16) na integral (3.15) tem-se para cada elemento  $j$  a seguinte equação:

$$\int_{\Gamma_j} uq^* d\Gamma = \int_{\Gamma_j} [\phi_1 \quad \phi_2] q^* d\Gamma \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} h_{ij}^1 & h_{ij}^2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} \quad (3.17)$$

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

$$h_{ij}^1 = \int_{\Gamma_j} \phi_1 q^* d\Gamma \quad (3.18)$$

e

$$h_{ij}^2 = \int_{\Gamma_j} \phi_2 q^* d\Gamma \quad (3.19)$$

Similarmente para a outra integral:

$$\int_{\Gamma_j} qu^* d\Gamma = \int_{\Gamma_j} [\phi_1 \quad \phi_2] u^* d\Gamma \begin{bmatrix} q_1 \\ q_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{ij}^1 & g_{ij}^2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} q_1 \\ q_2 \end{bmatrix} \quad (3.20)$$

então:

$$g_{ij}^1 = \int_{\Gamma_j} \phi_1 u^* d\Gamma \quad (3.21)$$

e

$$g_{ij}^2 = \int_{\Gamma_j} \phi_2 u^* d\Gamma \quad (3.22)$$

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 (3.16) e (3.20) na equação (3.15) a seguinte equação para o nó  $i$  é obtida:

$$c_i u_i + \begin{bmatrix} \overline{H}_{i1} & \overline{H}_{i2} & \dots & \overline{H}_{iN} \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ \vdots \\ u_N \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G_{i1} & G_{i2} & \dots & G_{iN} \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} q_1 \\ q_2 \\ \vdots \\ q_N \end{bmatrix} \quad (3.23)$$

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 (3.23) pode ser representada para cada nó  $i$ ,

$$c_i u_i + \sum_{j=1}^N \overline{H}_{ij} u_j = \sum_{j=1}^{2N} G_{ij} q_j \quad (3.24)$$

Fazendo a simplificação,

$$H_{ij} = \overline{H}_{ij} + c_i \delta_{ij} \quad (3.25)$$

Onde  $\delta$  é o delta de Kronecker. Dessa forma  $c_i$  é acrescentado ao  $\overline{H}$  quando  $i = j$ , então a equação (3.24) pode ser escrita como,

$$\sum_{j \rightarrow 1}^N H_{ij} u_j = \sum_{j \rightarrow 1}^{2N} G_{ij} q_j \quad (3.26)$$

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 (3.26) para cada ponto do contorno discretizado.

Essa equação pode ser expressa em forma matricial,

$$Hu = Gq \quad (3.27)$$

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  $\Gamma_1$  e  $\Gamma_2$  respectivamente ( $N_1 + N_2 = N$ ). Assim somente  $N$  valores são desconhecidos no sistema de equações (3.27). 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:

$$Ax = y \quad (3.28)$$

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.

### 3.3 RECIPROCIDADE DUAL

O Método da Reciprocidade Dual foi proposto em 1982 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 em destaque na equação (3.9), 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 (2.3), tem no lado direito dois termos que podem ser considerados separadamente. São eles:  $c$  e  $aT$ .

### 3.4 Termo do tipo constante

#### 3.4.1.1 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:

$$u = \tilde{u} + \hat{u} \quad (3.29)$$

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

$$\nabla^2 \hat{u} = b \quad (3.30)$$

Portanto a integral de domínio em (3.9) fica:

$$\int_{\Omega} b u^* d\Omega = \int_{\Omega} (\nabla^2 \hat{u}) u^* d\Omega \quad (3.31)$$

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

$$\begin{aligned} \int_{\Omega} b u^* d\Omega = \int_{\Omega} (\nabla^2 \hat{u}) u^* d\Omega = \int_{\Omega} \hat{u} (\nabla^2 u^*) d\Omega + \int_{\Gamma} u^* \hat{q} d\Gamma - \int_{\Gamma} q^* \hat{u} d\Gamma = \\ - c_i \hat{u}_i + \int_{\Gamma} u^* \hat{q} d\Gamma - \int_{\Gamma} q^* \hat{u} d\Gamma \end{aligned} \quad (3.32)$$

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  $\hat{u}_j$ .

### 3.4.1.2 Equação matricial de contorno

A seguinte aproximação de  $b$  é considerada (Partridge et al 1992):

$$b \cong \sum_{j=1}^{N+L} \alpha_j f_j \quad (3.33)$$

Onde  $\alpha_j$  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:

$$\nabla^2 \hat{u}_j = f_j \quad (3.34)$$

Substituindo (3.34) em (3.33):

$$b \cong \sum_{j=1}^{N+L} \alpha_j (\nabla^2 \hat{u}_j) \quad (3.35)$$

Assim a integral do problema pode ser escrita como:

$$\int_{\Omega} b u^* d\Omega = \sum_{j=1}^{N+L} \alpha_j \int_{\Omega} (\nabla^2 \hat{u}_j) u^* d\Omega \quad (3.36)$$

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

$$c_i u_i + \int_{\Gamma} u q^* d\Gamma - \int_{\Gamma} u^* q d\Gamma = \sum_{j=1}^{N+L} \alpha_j \left( c_i \hat{u}_{ij} + \int_{\Gamma} \hat{u}_j q^* d\Gamma - \int_{\Gamma} u^* \hat{q}_j d\Gamma \right) \quad (3.37)$$

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  $\Gamma$ , e tem sua expansão da seguinte forma:

$$\hat{q}_j = \frac{\partial \hat{u}_j}{\partial x} \frac{\partial x}{\partial n} + \frac{\partial \hat{u}_j}{\partial y} \frac{\partial y}{\partial n} \quad (3.38)$$

Note que a equação (3.37) 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 (3.35) 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 (3.37) 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:

$$c_i u_i + \sum_{k=1}^N \int_{\Gamma_k} u q^* d\Gamma - \sum_{k=1}^N \int_{\Gamma_k} u^* q d\Gamma = \sum_{j=1}^{N+L} \alpha_j \left( c_i \hat{u}_{ij} + \sum_{k=1}^N \int_{\Gamma_k} \hat{u}_j q^* d\Gamma - \sum_{k=1}^N \int_{\Gamma_k} u^* \hat{q}_j d\Gamma \right) \quad (3.39)$$

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 (3.39) 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:

$$Hu - Gq = (H\hat{U} - G\hat{Q})\alpha \quad (3.40)$$

A equação (3.40) é a base para a aplicação do Método dos Elementos de Contorno com Reciprocidade Dual e envolve a discretização apenas do contorno.

### 3.4.1.3 O vetor $\alpha$

Foi visto na equação (3.33) que:

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

Considerando o valor de  $b$  para  $N + L$  diferentes pontos da equação (3.33), pode-se expressá-la na forma matricial abaixo:

$$b = F\alpha \quad (3.41)$$

Onde cada coluna de  $F$  consiste num vetor de  $f_{ij}$  contendo os valores da função de aproximação definida no item 3.4.3.

A função  $b$  então pode ser invertida para obter  $\alpha$  :

$$\alpha = F^{-1}b \quad (3.42)$$

### 3.4.2 Termo do tipo $ku$

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

$$\alpha = F^{-1}ku \quad (3.43)$$

E a equação (3.40) fica assim representada,

$$Hu - Gq = (H\hat{U} - G\hat{Q})F^{-1}ku \quad (3.44)$$

As matrizes  $G$ ,  $H$ ,  $\hat{Q}$  e  $\hat{U}$  da equação (3.44) foram definidas na subseção anterior. A matriz  $F$  foi definida, mas usada apenas para calcular o vetor  $\alpha$ . 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 (3.44) do lado direito, pode-se definir  $S$  como sendo,

$$S = (H\hat{U} - G\hat{Q})F^{-1}k \quad (3.45)$$

Assim (3.43) fica,

$$Hu - Gq = Su \quad (3.46)$$

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

$$(H + S)u = Gq \quad (3.47)$$

Semelhante ao descrito para a equação (3.27) pode-se aplicar as condições de contorno em (3.47) e obter um sistema de equações mais simples.

$$Ax = y \quad (3.48)$$

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

### 3.4.3 Funções de aproximação $f$

Como definido,  $f$  é uma função de aproximação usada para montar a matriz  $F$ , que posteriormente é invertida para a forma  $F^{-1}$ . Existem vários tipos de funções  $f$  e no trabalho original em MRD (Nardini e Brebbia, 1983) foi usada a função de base radial linear  $r$ . Depois de muitas pesquisas para melhorar as funções de aproximação para a aplicação do método, surgiram muitas funções alternativas como de base radial cúbica  $r^3$ , a “thin-plate spline”  $r^2 \log(r)$  e sua generalização,  $r^{2n} \log(r)$ . Apesar disto, muitos trabalhos recentes que envolvem aplicações do método continuam usando a função linear, que tem a vantagem de ser mais simples.

No trabalho de Partridge e Wrobel (2007) foram feitos testes usando  $r$ ,  $r^3$  e  $r^2 \log(r)$ . Chegou-se a resultados utilizando cada uma destas funções e suas conclusões foram que as funções de base radical cúbica junto com as funções acrescidas, a serem descritas no próximo item, apresentam bons resultados. Portanto, neste trabalho,  $f = r^3$  e sua solução particular  $\hat{u} = r^5 / 25$  são usadas nas construções das matrizes.

### 3.4.4 Funções acrescidas

Estas funções foram sugeridas no trabalho de Golberg e Chen (1994) e 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. Cada função acrescida tem sua própria solução particular:

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

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

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

As funções acrescidas consideradas dão origem a três novas colunas na matriz  $F$ ,  $N+L+1$ ,  $N+L+2$  e  $N+L+3$ , e três linhas semelhantes mantendo a matriz simétrica. Os termos em comum para as linhas e colunas adicionais recebem o valor de zero, como na Figura 3.6.

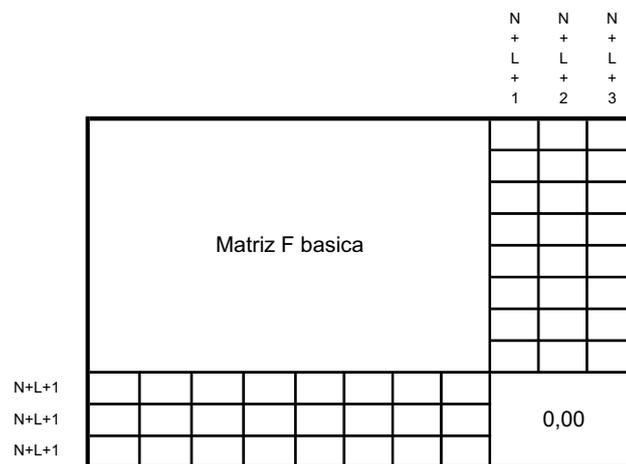


Figura 3.6: Ilustração de montagem da  $F$ .

Da mesma maneira são acrescentadas três colunas adicionais à matriz de  $\hat{U}$ , colunas  $N+L+1$ ,  $N+L+2$  e  $N+L+3$ , 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 três zeros ao vetor  $b$  nas posições,  $N+L+1$ ,  $N+L+2$  e  $N+L+3$ .

## 4 PROBLEMA DIRETO PARA A DISTRIBUIÇÃO DE TEMPERATURA

Antes de iniciar os cálculos inversos para localização de um tumor é preciso saber algumas informações sobre o problema direto. Neste trabalho ele consiste em determinar a distribuição de temperatura na superfície da pele em um tecido saudável devido a alterações no tecido pela presença de um tumor com posição e tamanho conhecidos.

### 4.1 MODELAGEM DO TECIDO.

A figura 4.1 mostra uma representação de uma seção vertical de um tecido de pele delimitado pelo contorno externo AB BC CD DA ou simplesmente contorno  $\Gamma_2$ . 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. Outra condição de contorno mais real para o contorno AD seria considerar a convecção, ou seja, a transmissão de calor com o meio externo.

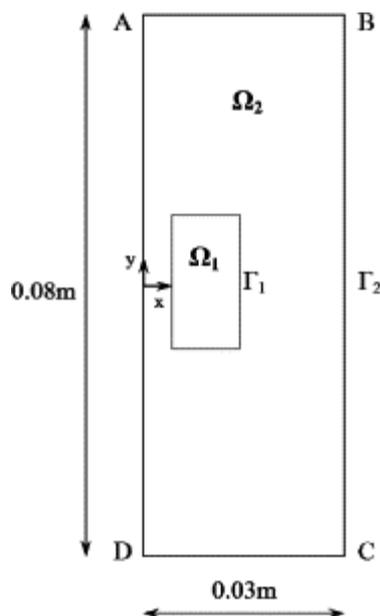


Figura 4.1: Tumor dentro de uma matriz de tecido saudável.

Novamente na Figura 4.1, o contorno interno  $\Gamma_1$  divide o domínio em duas partes: a parte interna  $\Omega_1$  é a representação do tecido doente (tumor) e  $\Omega_2$  representa o tecido da pele saudável. No limite  $\Gamma_1$  existem as condições de contorno de compatibilidade que são: temperatura em um nó de  $\Omega_1$  igual à temperatura no nó correspondente em  $\Omega_2$  ( $T_1 = T_2$ ) e a troca de calor feita entre as duas regiões é  $q_1 = -q_2$ , que também pode ser explicado como sendo devido ao sinal do vetor normal diferente.

Encontrar a distribuição de temperatura na superfície AD desse tecido pode ser feita pela aplicação da equação 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 2.3 foram obtidos do trabalho de Liu e Xu (2000) como sendo:  $\rho_b = 1000 \text{kg}/\text{m}^3$ ,  $c_b = 4000 \text{J}/(\text{kg}^\circ \text{C})$  e  $k = 0.5 \text{W}/(\text{m}^\circ \text{C})$ , além de,  $\omega_b = 0.0005 \text{ml}_b/(\text{ml}_t \text{s})$  e  $Q = 420 \text{J}/(\text{m}^3 \text{s})$  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  $Q = 4200 \text{J}/(\text{m}^3 \text{s})$ , em que as subscrições  $b$  e  $t$  representam sangue e tecido, respectivamente. A temperatura do sangue arterial é  $T_a = 37^\circ \text{C}$ .

Ainda na Figura 4.1, pode-se ver que é considerada uma seção de pele com profundidade de 0,03m e um comprimento de corte transversal de 0,08m. A discretização em elementos de contornos é feita adotando 56 elementos lineares no contorno  $\Gamma_2$  e 16 elementos lineares no contorno  $\Gamma_1$ . É considerado inicialmente 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.

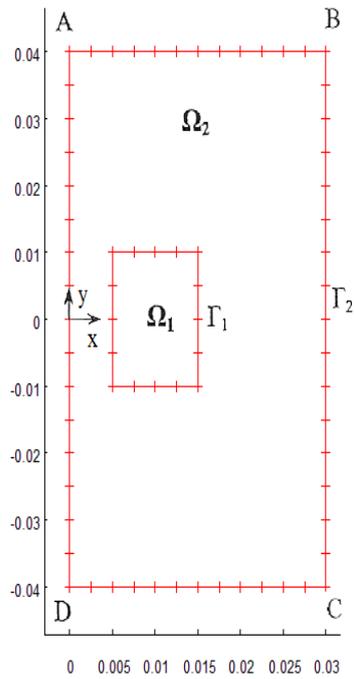


Figura 4.2: Tumor retangular dentro de uma matriz de tecido saudável, discretizado (Caso 1 retangular).

Seguindo raciocínio semelhante pode-se discretizar um tumor circular localizado em  $(0,01; 0,00)$  com diâmetro de  $0,01$ .

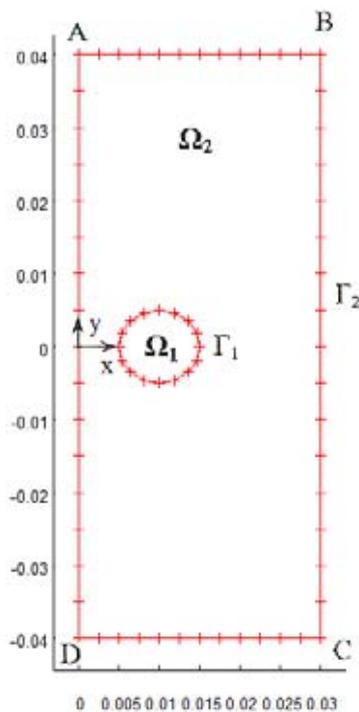


Figura 4.3: Tumor circular dentro de uma matriz de tecido saudável, discretizado (Caso 1 circular).

## 4.2 RESULTADOS

### 4.2.1 Tecido saudável

Antes de calcular a distribuição de temperatura para tecidos doentes será calculada qual a distribuição de temperatura de um tecido saudável.

Foi considerado um modelo em elementos de contorno idêntico ao anterior, porém sem a presença da região  $\Omega_1$  (Figura 4.4). Os valores  $\rho_b = 1000\text{kg}/\text{m}^3$ ,  $c_b = 4000\text{J}/(\text{kg}^\circ\text{C})$  e  $k = 0.5\text{W}/(\text{m}^\circ\text{C})$ , além de,  $\omega_b = 0.0005\text{ml}_b/(\text{ml}_t\text{s})$  e  $Q = 420\text{J}/(\text{m}^3\text{s})$  já foram descritos anteriormente para tecido saudável.

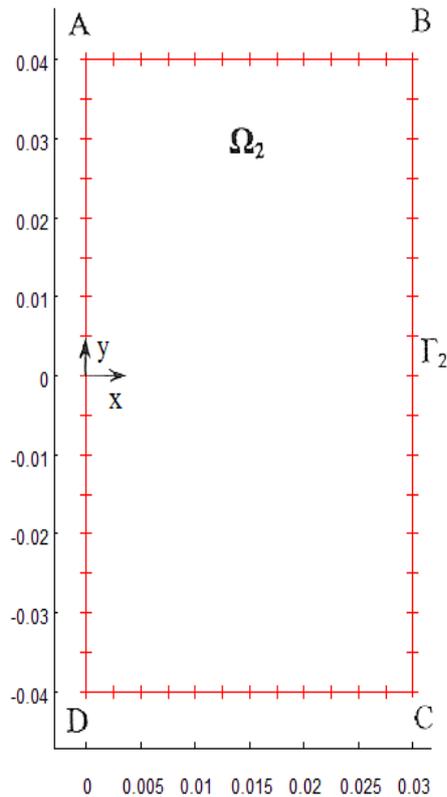


Figura 4.4: Tecido saudável.

A distribuição de temperatura na superfície foi encontrada constante, assim como o esperado, e o seu valor é:  $37.149^\circ\text{C}$  como mostra a tabela abaixo.

Tabela 4.1: Distribuição de temperatura para tecido saudável.

<b>y</b>	<b>T(°C)</b>
-3,50	37,1489
-3,00	37,1489
-2,50	37,1489
-2,00	37,1488
-1,50	37,1488
-1,00	37,1488
-0,50	37,1488
0,00	37,1489
0,50	37,1488
1,00	37,1488
1,50	37,1488
2,00	37,1488
2,50	37,1489
3,00	37,1489
3,50	37,1489

#### 4.2.2 Casos com tumores retangulares

Nos exemplos a seguir são consideradas diversas posições e tamanhos de tumores. O tumor da Figura 4.2, com dimensões 0,01m em  $x$  e 0,02m em  $y$ , é convencionado tumor padrão tamanho 1 retangular. Assim, por exemplo, um tumor com tamanho 0,02m em  $x$  e 0,04m em  $y$  é considerado de tamanho 2 por possuir o dobro das dimensões do tumor padrão. Um tumor com tamanho 0,0175m x 0,0035m é definido como Tamanho 1,75 por possuir dimensões 1,75 maiores do que o tumor original e etc.

No Caso 1 retangular o tumor é de tamanho 1, localizado na posição (0,01; 0,00) de acordo com a Figura 4.2 e produz uma distribuição de temperatura mostrada na Figura 4.5.

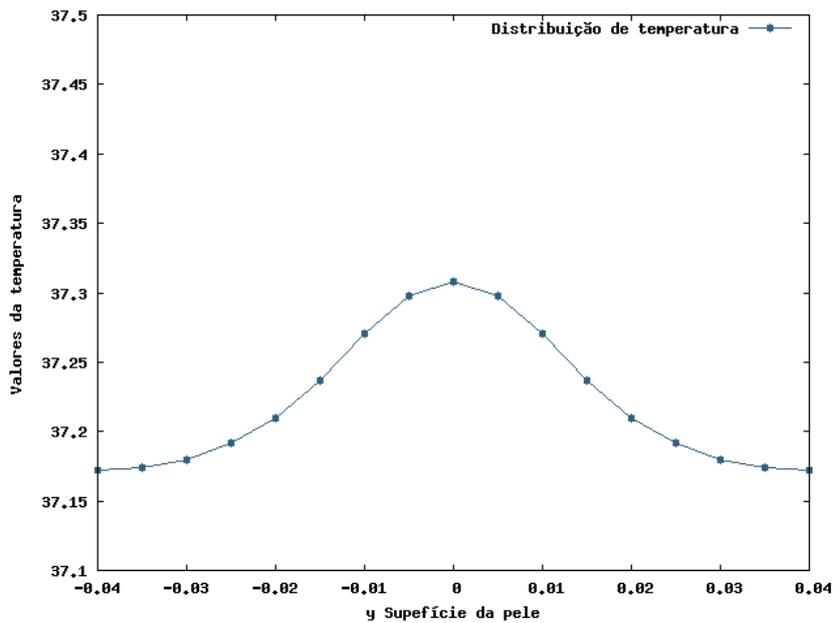


Figura 4.5: Distribuição de temperatura Caso 1 retangular.

Caso todo tecido fosse considerado saudável a temperatura na superfície da pele obtida seria constante (o gráfico permaneceria horizontal), no valor de 37,14°C. Esta observação da variação de temperatura será utilizada no próximo capítulo como ponto de partida para identificar qual a posição e o tamanho de um tumor que é capaz de gerar essa determinada variação.

#### 4.2.2.1 Outros casos retangulares analisados.

A fim de ter uma validação do programa desenvolvido em Método dos Elementos de Contorno com Reciprocidade Dual, vários exemplos foram calculados (Partridge e Wrobel, 2007). São eles:

Caso 1: Tamanho 1, posição de centro (0,01; 0,00). Figura 4.2 e 4.5.

Caso 2: Tamanho 1, posição de centro (0,02; 0,02). Figura 4.6 e 4.7.

Caso 3: Tamanho 0,5, posição de centro (0,005; 0,02). Figura 4.6 e 4.7.

Caso 4: Tamanho 1,75, posição de centro (0,016; 0,000). Figura 4.6 e 4.7.

Caso 5: Tamanho 0.5, posição de centro (0,02; 0,02). Figura 4.6 e 4.7.

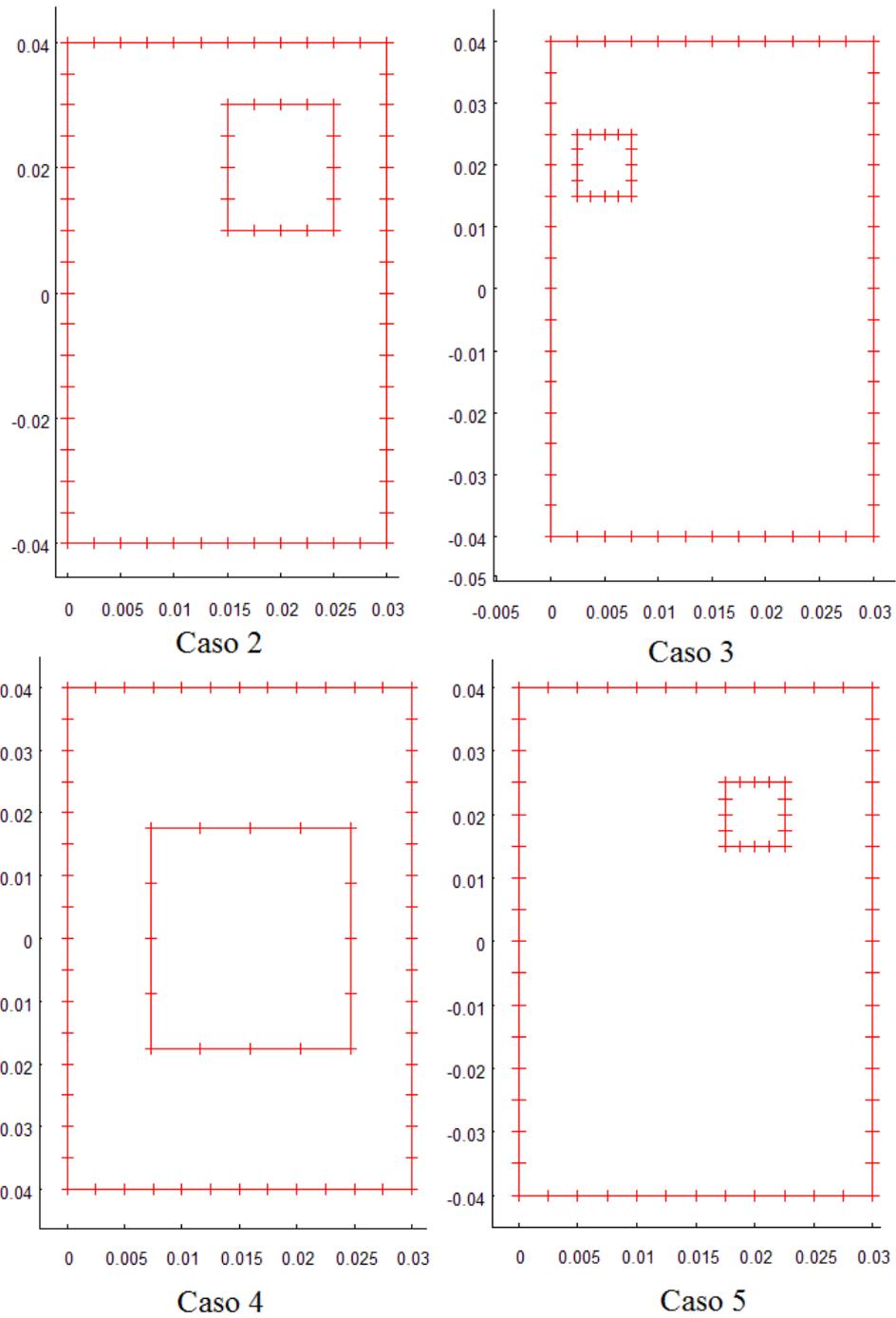


Figura 4.6: Casos 2 a 5. Ilustração da localização dos tumores nos casos retangulares (sem escala).

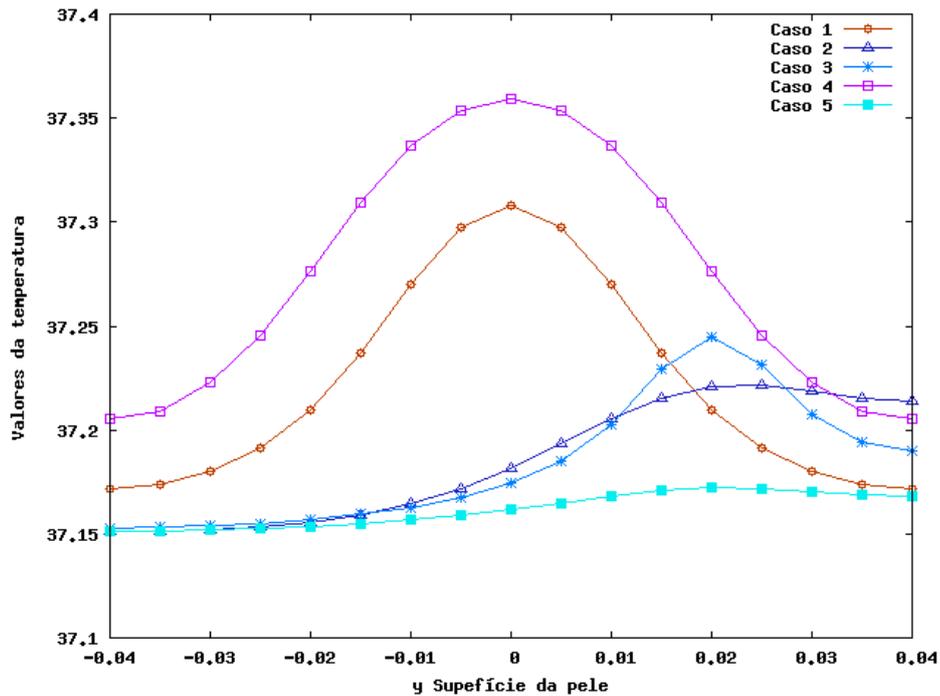


Figura 4.7: Distribuição de temperatura para os casos retangulares.

### 4.2.3 Casos com tumores circulares

O tumor padrão adotado para a geometria circular é o tumor da Figura 4.3, com dimensão 0,005m de raio (tumor padrão tamanho 1 circular). Assim por exemplo, um tumor com raio 0,01m é considerado de tamanho 2 por possuir o dobro da dimensão do tumor padrão, semelhante ao definido para os casos retangulares.

#### 4.2.3.1 Casos circulares analisados.

O programa de Método dos Elementos de Contorno com Reciprocidade Dual, para casos circulares foi validado através dos seguintes casos:

Caso 1: Tamanho 1, posição de centro (0,01; 0,00). Figura 4.3 e 4.9.

Caso 2: Tamanho 1, posição de centro (0,02; 0,02). Figura 4.8 e 4.9.

Caso 3: Tamanho 0,5, posição de centro (0,005; 0,02). Figura 4.8 e 4.9.

Caso 4: Tamanho 1,75, posição de centro (0,016; 0,000). Figura 4.8 e 4.9.

Caso 5: Tamanho 0.5, posição de centro ( 0,02; 0,02). Figura 4.8 e 4.9.

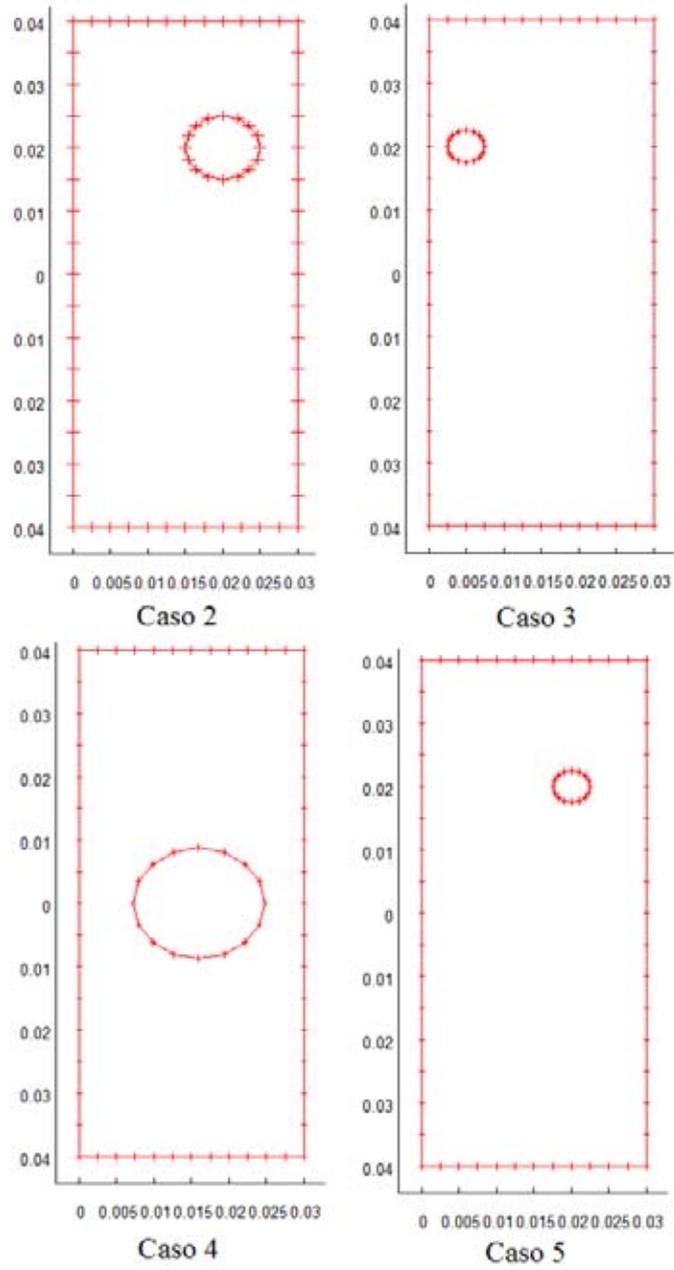


Figura 4.8: Casos 2 a 5. Ilustração da localização dos tumores nos casos circulares (sem escala)

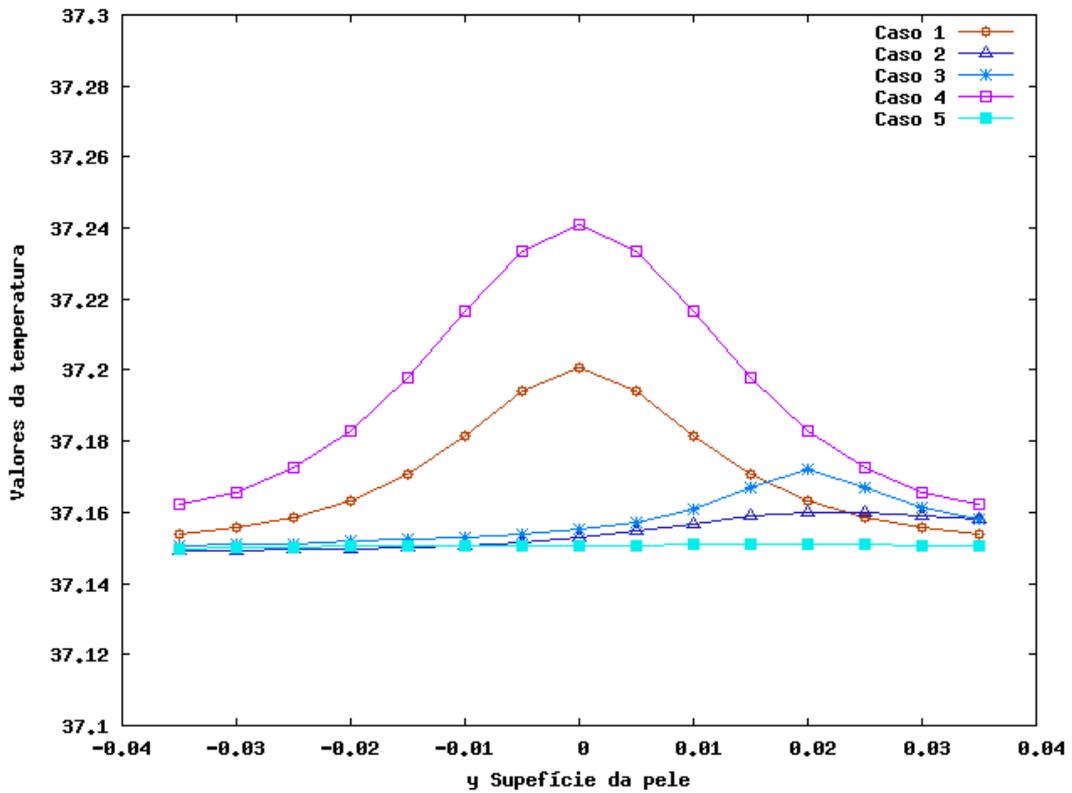


Figura 4.9: Distribuição de temperatura para os casos circulares.

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

## 5 ALGORITMO GENÉTICO

### 5.1 INTRODUÇÃO

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. Esses modelos incorporam soluções potenciais numa estrutura que simula um cromossomo e aplicam operadores de seleção e "cross-over" a essas estruturas de forma a buscar informações relativas à solução do problema. Normalmente os AG's são vistos como otimizadores de funções, embora a quantidade de problemas para os quais os AG's se aplicam seja bastante abrangente.

Os algoritmos genéticos tem sido empregados em problemas complicados de otimização, em que muitas vezes os demais métodos falham. Algumas vantagens dos algoritmos genéticos podem ser observadas a seguir:

Realizam buscas simultâneas em várias regiões do espaço de busca, pois trabalham com populações e não com um único ponto;

Utilizam informações de potencial, custo ou recompensa e não derivadas como muitos outros métodos de minimização de funções;

Capacidade de trabalhar com um número grande de variáveis;

Fornecem uma lista de possíveis soluções ótimas, destacando-se aquelas com a maior aptidão para a solução;

São de fácil implementação, permitindo a modulação. Assim eles podem ser transferidos de um problema para outro.

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 naturalmente expostos explicando o funcionamento básico destes algoritmos.

Principais conceitos:

- Cromossomo - cadeia de bits que representa uma solução possível para o problema;
- Gene - representação de cada parâmetro de acordo com o alfabeto utilizado, podendo ser binário, inteiro ou real. Neste trabalho assim como em Castro e Partridge (2006) adota-se os genes em formato binário;
- População - conjunto de pontos (indivíduos) no espaço de busca;
- Alelo – na biologia representa uma das formas alternativas de gene; Nos AG's representa os valores que o gene pode assumir;
- Geração - iteração completa do AG que gera uma nova população.

## 5.2 TEOREMA FUNDAMENTAL DOS ALGORITMOS GENÉTICOS

O teorema fundamental dos algoritmos genéticos foi desenvolvido por Goldberg (1989), que utilizou três operadores genéticos básicos: seleção, cruzamento e mutação.

Primeiramente suponha que exista uma população com  $m$  representantes. Durante a reprodução, uma determinada cadeia de caracteres é copiada para a próxima geração de acordo com a probabilidade  $P$ , proporcional ao seu desempenho  $d_i$ , perante todos os

desempenhos encontrados na população  $\sum_{i=1}^m d_i$ , ou seja:

$$P_i = \frac{d_i}{\sum_{i=1}^m d_i} \quad (5.1)$$

Onde  $i$  indica um indivíduo entre  $m$  indivíduos da geração  $t$  de um problema particular  $H$ . A notação  $m(H, t)$  será usada para representar esta situação.

Buscando a probabilidade média de cruzamento, tem-se:

$$P_m = \frac{d_m}{\sum_{i=1}^m d_i} \quad (5.2)$$

Onde  $d_m$  é o desempenho médio dos indivíduos na geração.

A população da geração  $t + 1$  será, para  $n$  indivíduos selecionados:

$$m(H, t + 1) = m(H, t) n \frac{d_m}{\sum_{i=1}^m d_i} \quad (5.3)$$

A média de desempenho ( $m_d$ ) da população é definida como:

$$m_d = \frac{\sum_{i=1}^m d_i}{n} \quad (5.4)$$

Portanto a equação (5.3) pode ser escrita como:

$$m(H, t + 1) = m(H, t) \frac{d_m}{m_d} \quad (5.5)$$

Da equação (5.5) nota-se que o número de indivíduos aumentará dependendo da razão entre os desempenhos médios e a média dos desempenhos dos indivíduos selecionados. Esta etapa considerou então o efeito da seleção na população.

Considere agora o cromossomo C abaixo, de comprimento 7 e dois esquemas por ele representado:

Tabela 5.1: Cromossomo, Esquemas, comprimento e definição de Ordem.

C	1010101	$\delta(H)$	$o(H)$
H1	****1*1	2	2
H2	1*0***1	6	3

Observando o esquema H2, pode-se concluir que em qualquer quebra da cadeia de bits por motivo de cruzamento (crossover) este esquema será partido. Já no esquema H1 uma quebra após o terceiro bit manterá o material inalterado. Isso ocorre por causa do comprimento de definição  $\delta(H)$ . Em H1 a probabilidade de haver quebra é  $2/6$  (pode ser quebrado apenas antes do último asterisco e logo depois do mesmo). No segundo esquema (H2) a probabilidade de quebra é  $6/6=1$  (qualquer local irá romper o esquema).

O local em que o cromossomo será partido é feito aleatoriamente e com probabilidade igual para todos os intervalos de bits, ou seja, é feita uma escolha aleatória de posições entre 1 e  $l-1$ , onde  $l$  é o número de bits de um cromossomo. Portanto a probabilidade de um esquema  $H$  ser quebrado pelo cruzamento será:

$$P_d = \frac{\delta(H)}{(l-1)} \quad (5.6)$$

Considerando a probabilidade  $p_c$  de haver um cruzamento, a probabilidade real de romper o esquema  $P_D$  será  $p_c P_d$ , já que  $p_c$  e  $P_d$  são eventos independentes, portanto:

$$P_D = p_c \frac{\delta(H)}{(l-1)} \quad (5.7)$$

É interessante trabalhar com a probabilidade de sobrevivência  $P_S$ :

$$P_S = 1 - P_D$$

$$P_S = 1 - p_c \frac{\delta(H)}{(l-1)} \quad (5.8)$$

Juntando os processos de reprodução e de cruzamento, que são eventos independentes entre si, pode-se mostrar que um esquema que tenha desempenho acima do médio da população e pequeno comprimento de definição provavelmente proliferará. Este é representado pela simples multiplicação abaixo:

$$m(H, t+1) = m(H, t) \frac{d_m}{m_d} \left[ 1 - p_c \frac{\delta(H)}{(l-1)} \right] \quad (5.9)$$

Esta equação mostra o efeito da seleção (selection) e do cruzamento (crossover), sobre a montagem da próxima geração.

O último operador a ser considerado é a mutação (mutation). Cada alelo simples tem probabilidade  $P_{S_2} = 1 - P_m$  de sofrer mutação e, sendo cada mutação independente, a probabilidade de sobrevivência  $P_{S_2}$  em um esquema particular será o produto das probabilidades para cada posição fixa. A probabilidade de sobrevivência de um esquema com ordem  $o(H)$  é:

$$P_{S_2} = (1 - P_m)^{o(H)} \quad (5.10)$$

Segundo Goldberg (1989) a grande probabilidade de mutação torna o problema aleatório, pois se perde o material genético aprimorado no cruzamento. Então pode-se simplificar a equação (5.10) fazendo  $P_m \ll 1$ :

$$P_{S_2} = 1 - P_m o(H) \quad (5.11)$$

Então o efeito combinado dos três operadores e ignorando os termos de efeito cruzado do tipo  $p_m \cdot p_c$ , por se estar analisando somente os efeitos e não as suas interdependências, tem-se:

$$m(H, t + 1) = m(H, t) \frac{d_m}{m_d} \left[ 1 - p_c \frac{\delta(H)}{(l-1)} - p_m o(H) \right] \quad (5.12)$$

Esta equação é conhecida por Teorema Fundamental dos Algoritmos Genéticos e é finalmente a formulação matemática dos efeitos dos operadores genéticos sobre o número de indivíduos para a próxima geração.

### 5.3 CONVERGÊNCIA DOS ALGORITMOS GENÉTICOS

Observando a equação (5.12) é real afirmar que a parcela entre colchetes é uma constante para um determinado problema (espécie) e se a relação dos desempenhos médios das instâncias do esquema  $H$  com a média de desempenho da população constante pode-se escrever:

$$m(H, t + 1) = m(H, t)K \quad (5.13)$$

Partindo de uma geração  $t = 0$  até uma geração  $t$  qualquer, Barcellos (2000) observou que a ação dos operadores genéticos sobre os esquemas tem forma exponencial, ou seja:

$$m(H, t + 1) = m(H, t)K^t \quad (5.14)$$

Isso mostra que esquemas com valores de  $K$  superiores a 1 produzem cromossomos representantes a uma taxa de crescimento exponencial com o tempo e valores de  $K$

inferiores a 1 tem um decrescimento exponencial com o tempo e tendem a desaparecer, sendo então o AG um método de otimização de convergência exponencial.

## **5.4 FUNCIONAMENTO E FORMULAÇÃO**

O AG trabalha de forma a impor critérios de seleção a uma determinada geração de indivíduos gerando uma próxima com indivíduos mais aptos em relação a um determinado objetivo.

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

- 1° Escolher uma forma de representação genética que armazene as informações necessárias do problema.
- 2° Um procedimento para criar uma população inicial de possíveis soluções;
- 3° Uma função de avaliação que retorna a aptidão de cada indivíduo;
- 4° Operadores genéticos que manipulam a codificação dos pais durante o processo de reprodução, dando origem a novos indivíduos;
- 5° Parâmetros a serem utilizados no algoritmo após o processo de cruzamento e mutação que indicam sinais de convergência.

Esses aspectos serão descritos separadamente a seguir.

### **5.4.1 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) e Castro e Partridge (2006), trabalha com codificação binária que é a mais indicada para variáveis independentes.

#### 5.4.1.1 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, em seguida anotam-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:

$$np = 2^l \quad (5.15)$$

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:

$$x = mim + (\max - mim) \frac{b_{10}}{2^l - 1} \quad (5.16)$$

Onde  $x$  é o número no intervalo  $[a, b]$ , codificado pelo binário  $b$ .  $mim = a$  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.

#### 5.4.2 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, por tanto, 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, o computador irá efetuar muitas avaliações da função de aptidão. Portanto, as principais influências deste parâmetro estão relacionadas com o desempenho global e com a eficiência (Castro e Partridge, 2005).

Uma das sugestões de Kahn (2002) é que o tamanho da população cresça exponencialmente com o tamanho do problema, ou seja:

$$n = 1,65.2^{0,21.l} \quad (5.16)$$

A segunda sugestão é consequência de suas observações práticas e de outros pesquisadores e diz que para maioria dos problemas a população deve estar entre  $l$  e  $2l$  :

$$l \leq n \leq 2l \quad (5.17)$$

Lembrado que  $l$  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 uma região do espaço de busca pode implicar em problemas de convergência, principalmente se a resposta ótima estiver na região não representada.

### 5.4.3 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 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 de 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);

$$F(x) = f(x) + penal(x) \quad (4.18)$$

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 a 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 estarão muito próximos e o processo se torna aleatório.

#### 5.4.3.1 Ordenamento linear

Neste método a função de aptidão é dada por:

$$AF_i = mim + (\max - mim) \frac{N - i}{N - 1} \quad (4.19)$$

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.

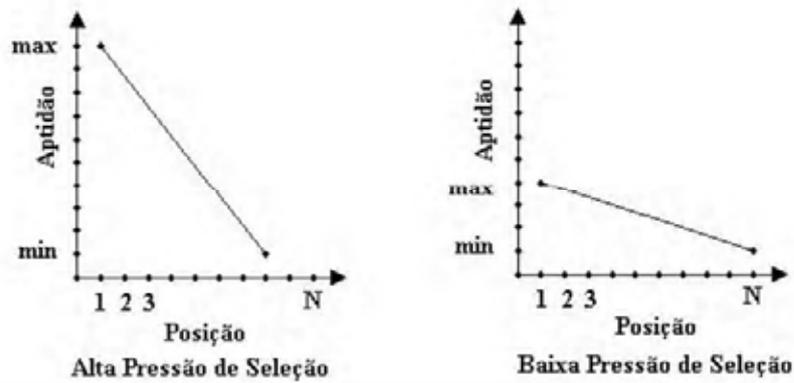


Figura 5.1: Pressão de Seleção (Lacerda e Carvalho, 1999).

A alta pressão de seleção favorece os melhores cromossomos, direcionando a busca às melhores soluções encontradas até então, isto é, aperfeiçoando certa região do espaço de busca. Já a baixa pressão de seleção favorece os piores cromossomos, direcionando a busca para regiões desconhecidas no espaço de busca (Castro e Partridge, 2006).

#### 5.4.3.2 Ordenamento exponencial

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

$$AF_i = q(1 - q)^{i-1} \quad (4.20)$$

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.

### 5.4.4 Seleção

Com a população devidamente organizada, o algoritmo agora tem que escolher aqueles que farão parte da próxima geração ou serão submetidos ao cruzamento. Cada indivíduo tem uma probabilidade de ser escolhido de acordo com sua posição na função de aptidão.

#### 5.4.4.1 Elitismo

É possível que no processo de escolha um indivíduo com alta aptidão seja eliminado. É importante garantir que o melhor indivíduo passe de uma geração para a outra sem alterações e 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 direto na próxima, privando-os de passar pelos demais processos de seleção.

#### 5.4.4.2 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 colocado 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.

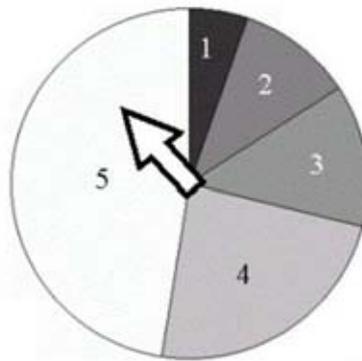


Figura 5.2: Exemplo de roleta.

#### 5.4.4.3 Torneio

Nesse caso utiliza-se o algoritmo da roleta para se encontrar dois ou mais cromossomos e 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.

#### 5.4.4.4 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.

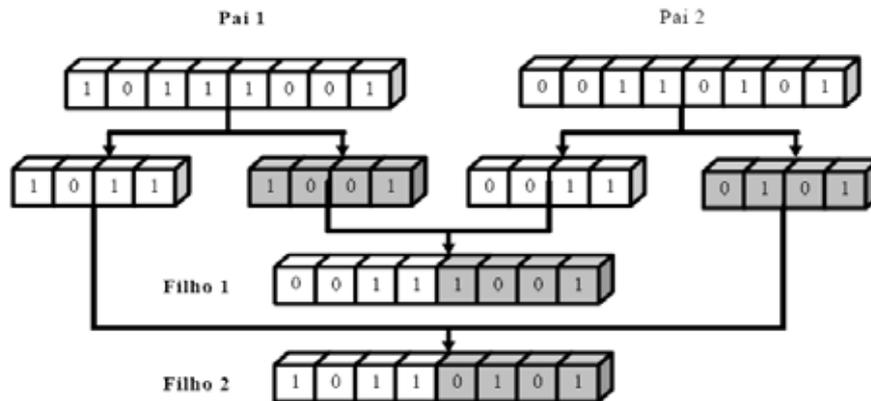


Figura 5.3: Cruzamento de um ponto (Sampaio, 2004)

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.

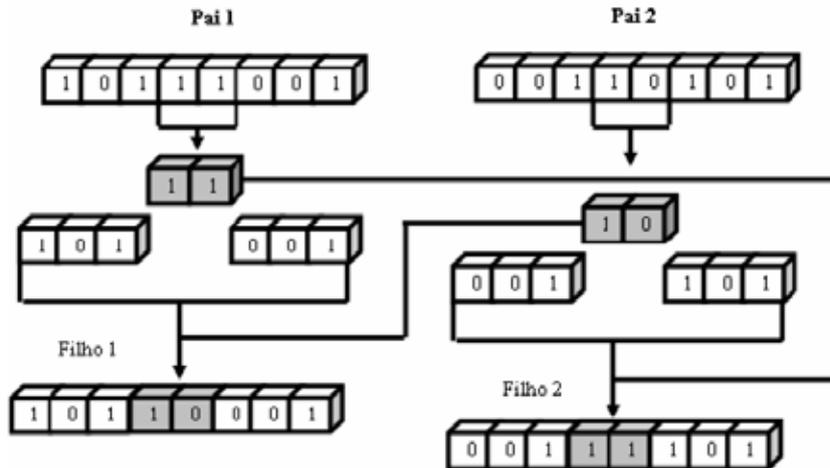


Figura 5.4: Cruzamento de dois pontos (Castro e Partridge, 2005).

Os indivíduos resultantes da operação de cruzamentos agora serão submetidos à operação de mutação. Esta consiste em efetuar a inversão de 0 para 1 ou de 1 para 0, passando em todos os bits de todos os 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.

#### **5.4.5 Critérios de atualização e parada**

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

Depois de atualizado é possível novamente ordená-los sobre os valores da FO e executar novamente todos os processos, caracterizando assim um processo cíclico infinito. Fica então necessária a determinação 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 função objetivo, se este for conhecido;
- Convergência, isto é, quando não ocorrer melhoramento significativo na qualidade dos cromossomos em um dado número de gerações.

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

## 6 PROBLEMA INVERSO DE LOCALIZAÇÃO DE TUMOR

O Algoritmo Genético deste trabalho foi desenvolvido para o problema de otimização onde pode ter muitas aplicações. Aqui o método é usado para obter a posição e o tamanho do tumor de cada geometria definida anteriormente. Como visto o método é de um tipo evolutivo, baseado no processo de seleção natural, não requerendo nenhuma suposição inicial sobre posição e/ou tamanho do tumor e nenhum cálculo de derivadas, sensibilidades ou direções onde procurar.

Neste trabalho um Algoritmo Genético simples é empregado e suas principais características são:

- Cromossomos binários com 14 dígitos, sendo 4 dígitos para representar a coordenada x, 7 dígitos para a coordenada y e 3 dígitos para representar o tamanho do tumor (estes valores podem ser editados pelo usuário no arquivo de entrada sem necessidade de recompilar o programa);
- A função objetivo deve minimizar o valor da soma dos quadrados das diferenças entre as temperaturas calculadas nos nós em AD do limite de  $\Gamma_2$  (Figura 4.2 ou 4.3) e os valores predeterminados que correspondem a uma determinada posição do centro e tamanho de um tumor;
- Os cromossomos são ordenados de acordo com o valor da soma dos quadrados;
- A função de aptidão é feita por escalonamento linear;
- 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 três até seis pontos são realizados entre os pares de cromossomos selecionados, sendo 1 ou 2 por alelo;
- Todos os bits de todos os cromossomos, como exceção do primeiro e segundo, são submetidos à mutação com uma probabilidade de 2%;

- 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;
- Um máximo de 200 gerações é permitido. Se o processo não convergir depois 160 gerações a função de aptidão passa a ser exponencial para aumentar a pressão de seleção. Se chegar até a última geração o processo de repetição é interrompido e o algoritmo retorna a melhor resposta até o momento;
- O critério de parada considera que 80% dos indivíduos têm que ter o mesmo valor.

A geometria do tumor pode ser retangular ou circular, devendo ser indicada no início do arquivo de entrada. O número e o tamanho da população inicial de cromossomos são definidos também no mesmo arquivo.

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 eliminados por possuírem uma distribuição de temperatura muito descontínua e cheia de picos completamente diferente da procurada.

## **6.1 RESULTADOS**

Os exemplos a seguir são os resultados do algoritmo genético descrito acima aplicado às distribuições de temperatura encontradas nos exemplos do capítulo 4 e em outros novos exemplos.

### **6.1.1 Retangulares**

Caso 1 retangular - Neste caso os resultados obtidos pelo programa na centésima terceira geração foram centro (0,01000; -0,00031), classificado sob tamanho 1,00. Os valores originais segundo o item 4.2.2.1 deste trabalho eram centro (0,01; 0,00) e tamanho 1,00. No trabalho de Partridge e Wrobel (2007) eram centro (0,00952; -0,00024) e tamanho 1,00 após 30 gerações.

A distribuição de temperatura encontrada nesse caso foi minimizada de forma a praticamente sobrepor a distribuição de temperatura original da Figura 4.5.

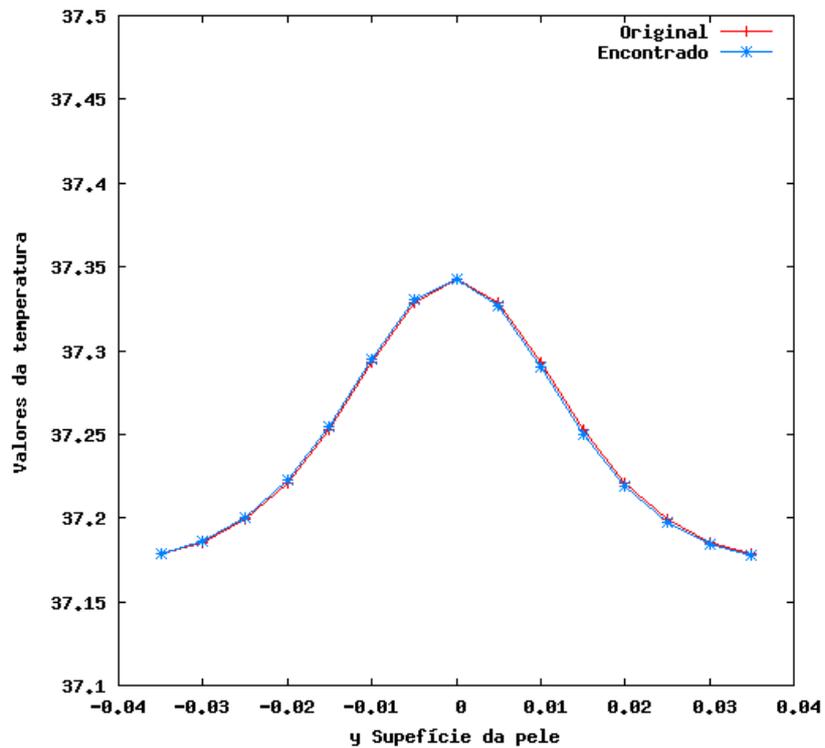


Figura 6.1: Sobreposição das curvas de distribuição de temperatura: Original e Encontrado.

Caso 1 - Retangular.

Para exemplificar a convergência do algoritmo genético neste caso, a Figura 6.2 mostra exemplos da população nas gerações indicadas.

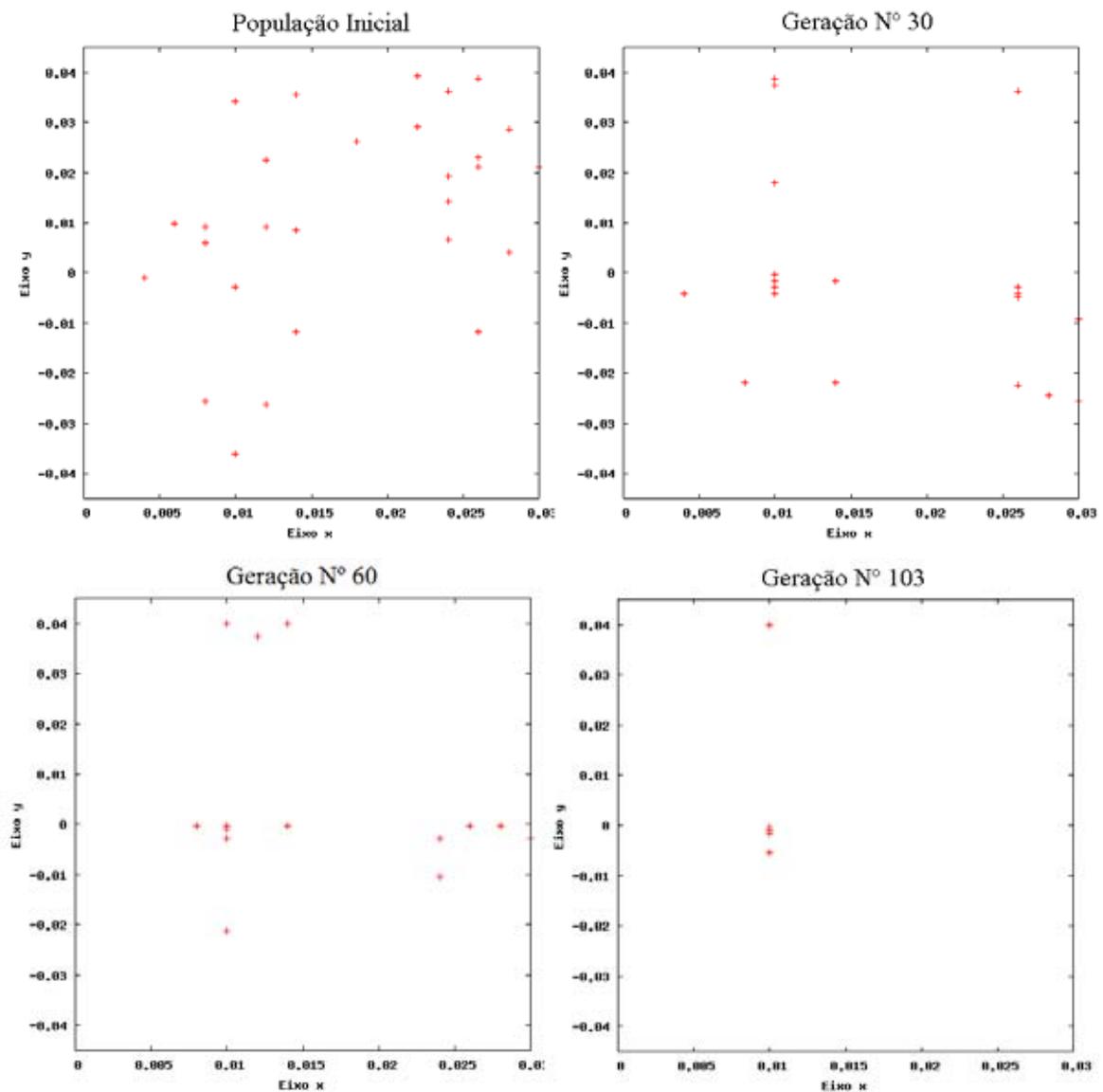


Figura 6.2: Convergência do Algoritmo Genético para o Caso 1 retangular: População Inicial, Geração 30, Geração 60 e Geração 103.

A população inicial é caracterizada por apresentar vários pontos aleatórios e uma boa dispersão na região de procura.

Na geração de número 30 pode-se observar que o algoritmo já indica algumas possíveis soluções ótimas além de investigar outras regiões do espaço de busca que não estavam contempladas na população inicial.

Já na geração de número 60 a população já começa a convergir para os possíveis pontos ótimos indicando os possíveis resultados.

Na última geração (103) praticamente toda a população indica para um único ponto que então é retornado pelo algoritmo como a solução do problema.

Caso 2 retangular - Os resultados obtidos pelo programa após 103 gerações foram centro (0,02000; 0,02047), classificado sob tamanho 1,00. Os valores originais segundo o item 4.2.2.1 deste trabalho eram centro (0,02; 0,02) e tamanho 1,00. No trabalho de Partridge e Wrobel (2007) eram centro (0,02048; 0,01915) tamanho 1,00 após 57 gerações (ver Figura 4.7).

Caso 3 retangular - Neste caso os resultados obtidos pelo após 112 gerações foram centro (0,00600; 0,02047), classificado sob tamanho 0,50. Os valores originais segundo o item 4.2.2.1 deste trabalho eram centro (0,005; 0,02) e tamanho 0,50. No trabalho de Partridge e Wrobel (2007) eram: centro (0,00653; 0,01957) tamanho 0,50 após 75 gerações (ver Figura 4.7).

Caso 4 retangular - Os resultados obtidos pelo programa na centésima décima geração foram centro (0,01600; -0,00031), classificado sob tamanho 1,75. Os valores originais segundo o item 4.2.2.1 deste trabalho eram centro (0,016; 0,000) e tamanho 1,75. No trabalho de Partridge e Wrobel (2007) eram centro (0,01681; -0,00088) tamanho 1,75 (ver Figura 4.7).

Caso 5 retangular - Neste caso os resultados obtidos pelo programa na centésima quarta geração foram: centro (0,02000; 0,01984), classificado sob tamanho 0,50. Os valores originais segundo o item 4.2.2.1 deste trabalho eram centro (0,02; 0,02) e tamanho 0,50. No trabalho de Partridge e Wrobel (2007) este caso não recebeu solução. Segundo eles “a análise inversa não convergiu no caso da figura 4b”, este mesmo porque, “O tumor que gerava estes resultados era muito pequeno e também longe da superfície de pele, representado pela curva 4b, quase horizontal” (ver Figura 4.7).

Para confirmar a eficiência do novo algoritmo na localização de pequenos tumores foram escolhidos dois novos casos. São eles:

Caso 6 retangular - Tamanho 0,25 e posição de centro (0,015; -0,02).

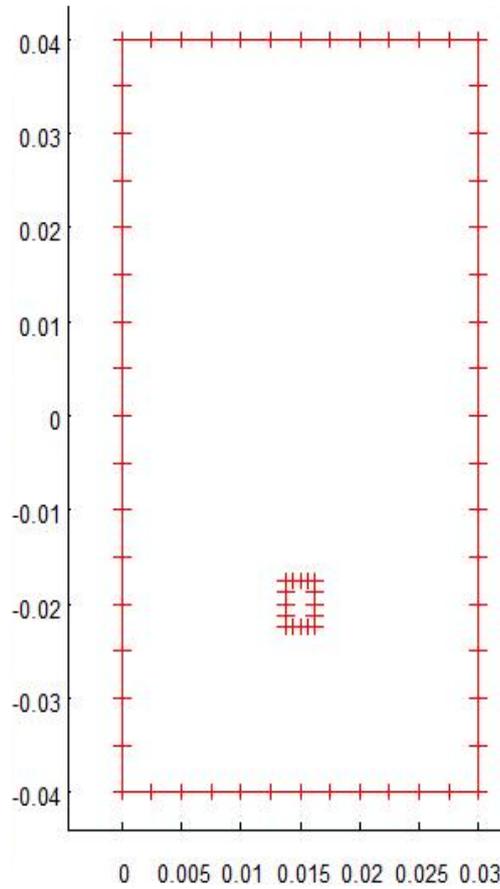


Figura 6.3: Ilustração da localização do tumor Caso 6 retangular.

Nesse caso o resultado obtido após 114 gerações foi (0,01400; -0,01795), classificado sob o tamanho de 0,25;

Caso 7 retangular - Tamanho 0,25 e posição de centro (0,005; -0,02).

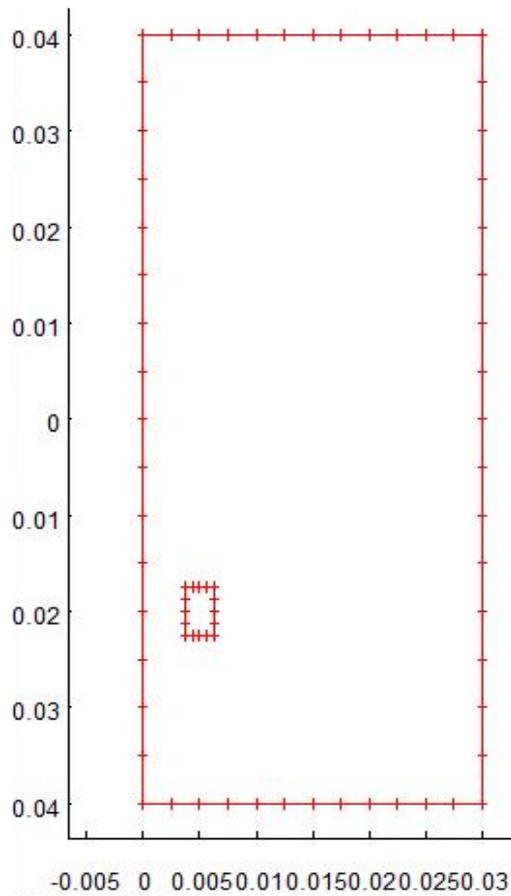


Figura 6.4: Ilustração da localização do tumor Caso 7 retangular.

Nesse último caso o resultado obtido após 157 gerações foi  $(0,00600; -0,02047)$ , classificado sob o tamanho de 0,25.

Os gráficos de distribuição de temperatura nesses dois últimos casos são muito próximos de gráficos horizontais, porém não impediram a identificação dos tumores, como pode ser observado na figura a seguir:

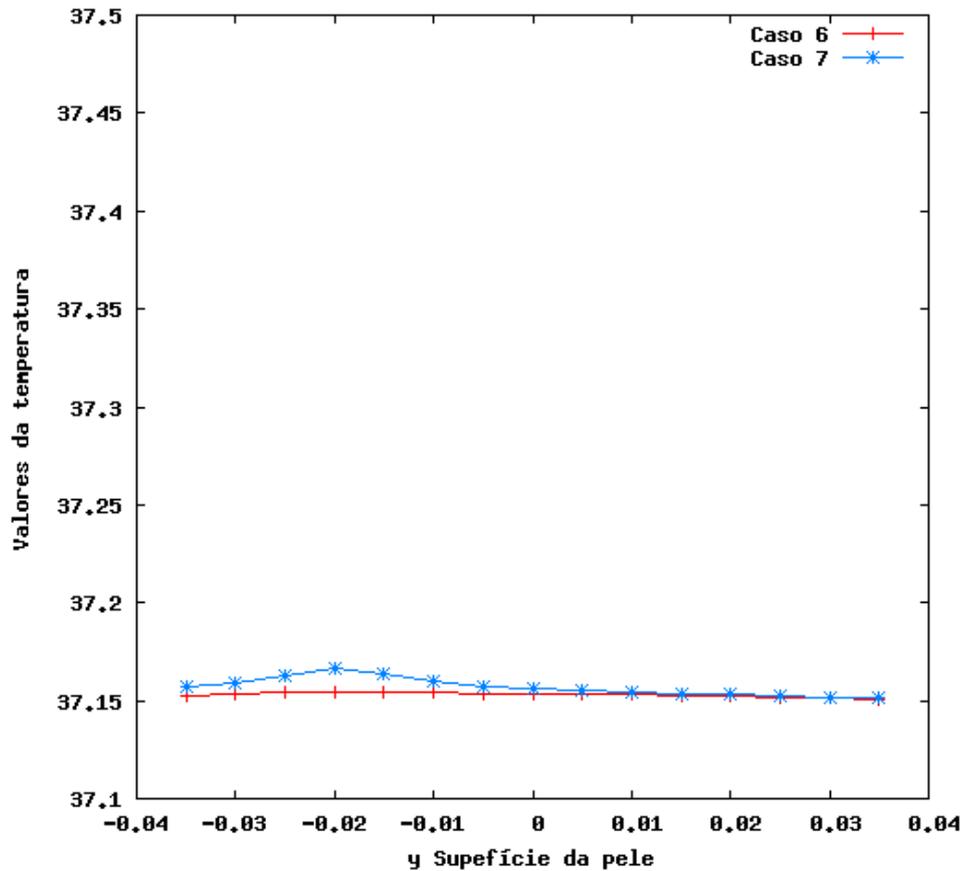


Figura 6.5: Distribuição de temperatura dos Casos 6 e 7 retangulares.

### 6.1.2 Circulares

Caso 1 circular - Neste caso os resultados obtidos pelo programa após 103 gerações foram: centro (0,01000; -0,00031), classificado sob tamanho 1,00. Os valores originais segundo o item 4.2.2.1 deste trabalho eram centro (0,01; 0,00) e tamanho 1,00.

A distribuição de temperatura encontrada nesse caso foi minimizada de forma a também praticamente sobrepor a distribuição de temperatura original da Figura 4.7.

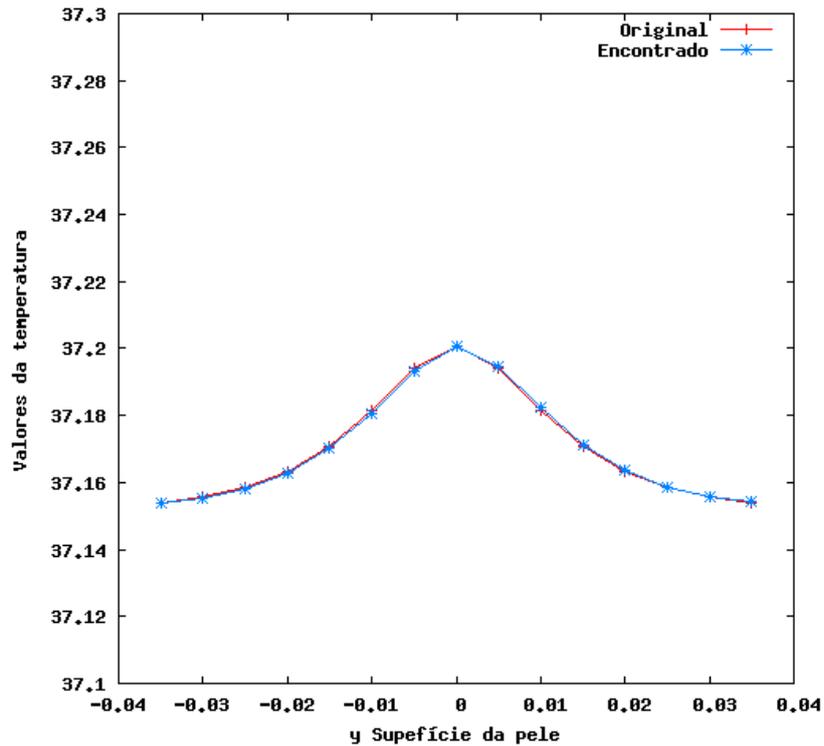


Figura 6.6: Sobreposição das curvas de distribuição de temperatura: Original e Encontrado.  
Caso 1 Circular.

Caso 2 circular - Os resultados obtidos pelo programa após 120 gerações foram centro (0,02000; 0,01984), classificado sob tamanho 1,00. Os valores originais segundo o item 4.2.2.1 deste trabalho eram centro (0,02; 0,02) e tamanho 1,00 (ver Figura 4.7).

Caso 3 circular - Neste caso os resultados obtidos pelo programa após 112 gerações foram centro (0,00600; 0,01984), classificado sob tamanho 0,50. Os valores originais segundo o item 4.2.2.1 deste trabalho eram centro (0,005; 0,02) e tamanho 0,50 (ver Figura 4.7).

Para exemplificar a convergência do algoritmo genético neste caso, a Figura 6.7 mostra exemplos da população nas gerações indicadas.

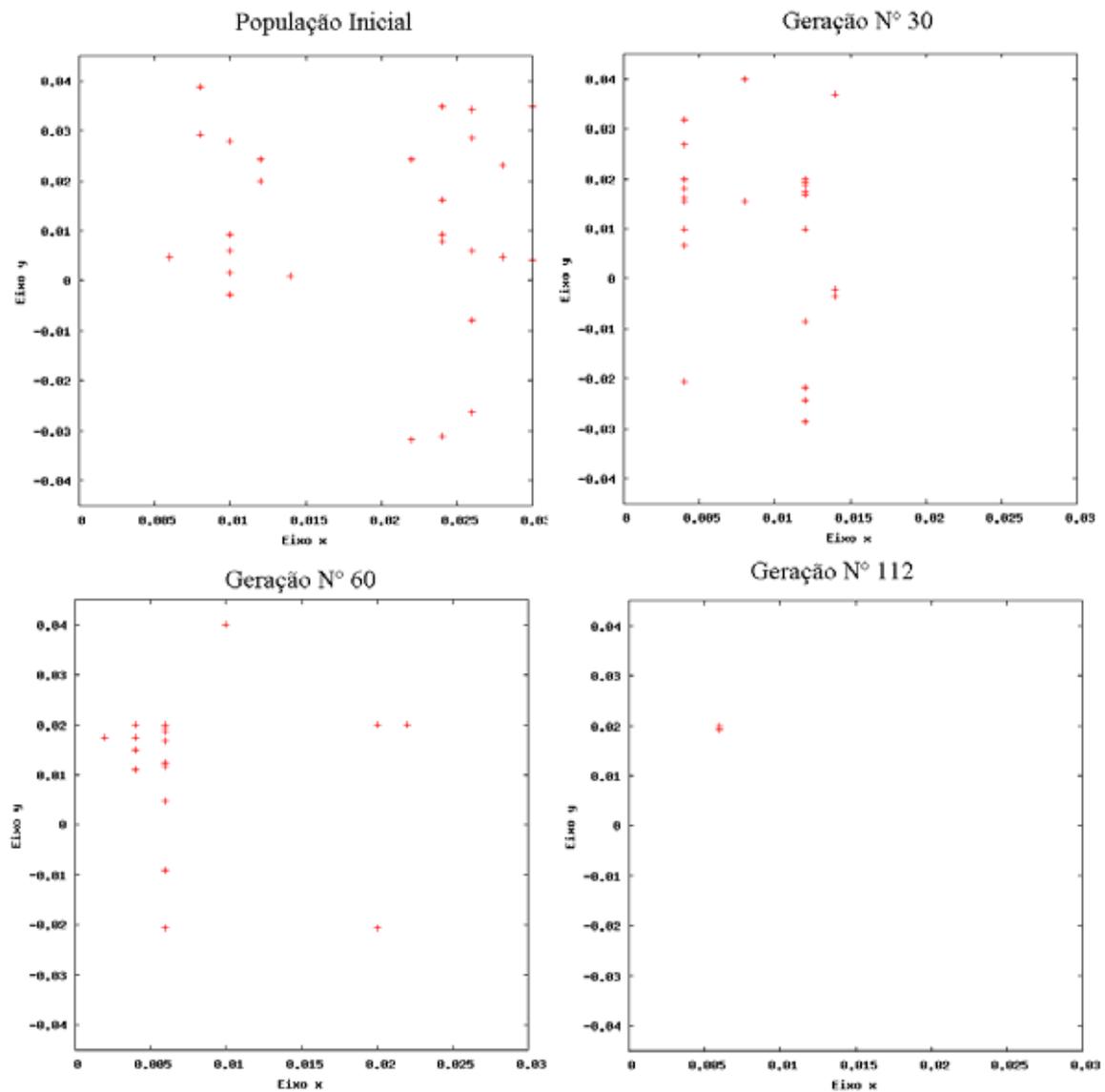


Figura 6.7: Convergência do Algoritmo Genético para o Caso 3 circular: População inicial, geração n° 30, geração n° 60 e geração n° 112.

Novamente a população inicial é caracterizada por apresentar vários pontos aleatórios e uma boa dispersão na região de procura.

Na geração de número 30 vemos que o algoritmo já indica algumas concentrações de indivíduos em possíveis soluções, além de investigar outras regiões do espaço de busca que não estavam contempladas na população inicial.

Já na geração de número 60 a população começa a convergir para o ponto que é a solução do problema.

Na última geração (112) toda a população indica para um único ponto que então é retornado pelo algoritmo como a solução do problema.

Caso 4 circular - Os resultados obtidos pelo programa após 113 gerações foram centro (0,01600; -0,00031), classificado sob tamanho 1,75. Os valores originais segundo o item 4.2.2.1 deste trabalho eram centro (0,016; 0,000) e tamanho 1,75 (ver Figura 4.7).

Caso 5 circular - Neste último caso os resultados obtidos pelo programa após 107 gerações foram centro (0,02000; 0,020470), classificado sob tamanho 0,50. Os valores originais segundo o item 4.2.2.1 deste trabalho eram centro (0,02; 0,02) e tamanho 0,50 (ver Figura 4.7).

Novamente, como nos casos retangulares, foram escolhidos outros dois casos especiais com tumores pequenos para confirmar a eficiência do novo algoritmo. São eles:

Caso 6 circular - Tamanho 0,25 e posição de centro (0,005; -0,02).

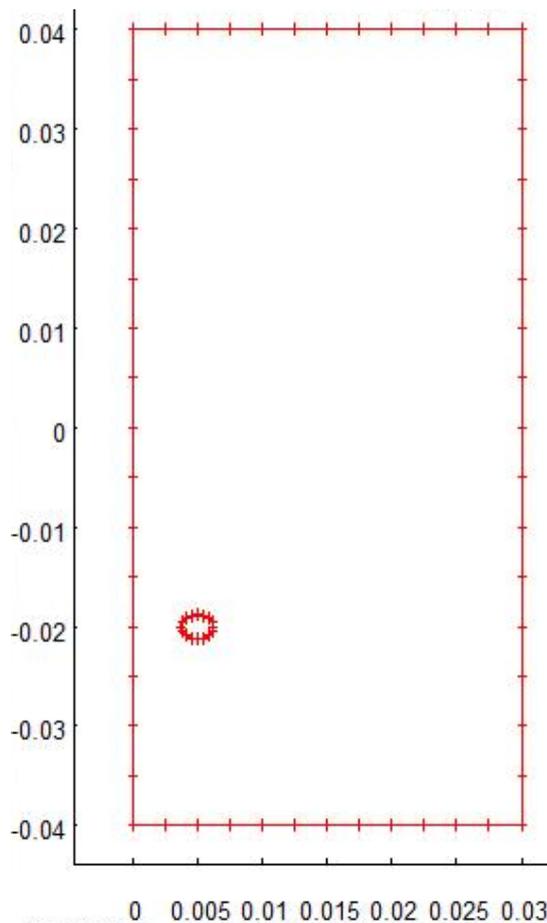


Figura 6.8: Ilustração da localização do tumor Caso 6 retangular.

Nesse caso o resultado obtido após 120 gerações foi (0,00600; -0,02110), classificado sob o tamanho de 0,25;

Caso 7 circular - Tamanho 0,25 e posição de centro (0,015; -0,02).

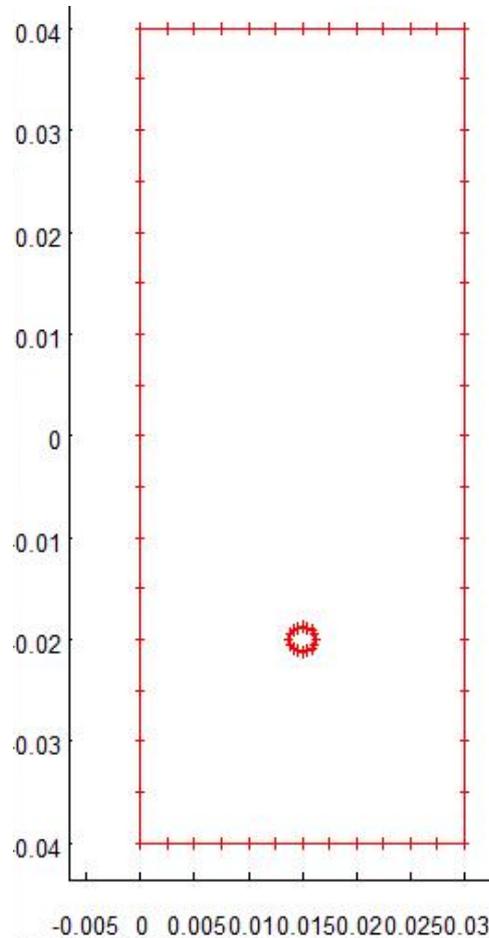


Figura 6.9: Ilustração da localização do tumor Caso 7 circular.

Nesse último caso o resultado obtido após 120 gerações foi (0,01600; -0,02110), classificado sob o tamanho de 0,25.

Os gráficos de distribuição de temperatura nesses dois últimos casos são ainda mais próximos de gráficos horizontais, como mostrado na figura a seguir:

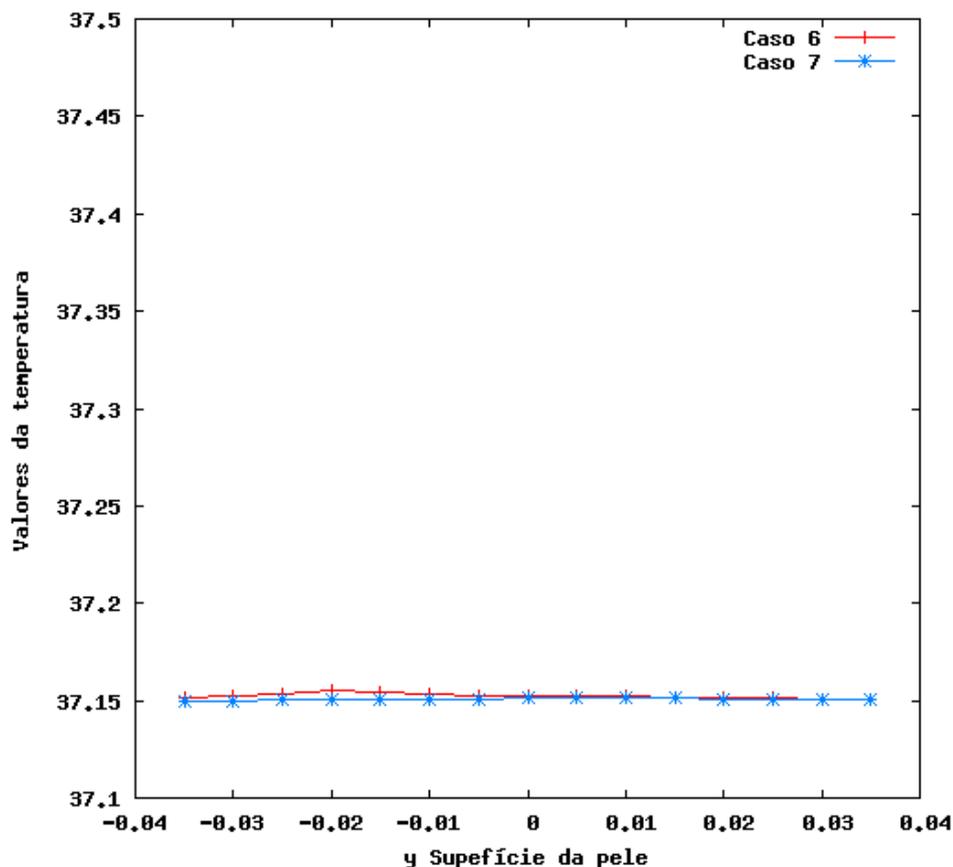


Figura 6.10: Distribuição de temperatura dos Casos 6 e 7 circulares.

### 6.1.3 Problemas com ruído.

Para simular uma medição de temperatura direta na superfície da pele foram introduzidas possíveis imprecisões dos equipamentos de medida adicionando alguns ruídos nas medições da temperatura. O erro de equipamentos eletrônicos usados para medir a temperatura corporal humana segundo o trabalho Fogelsonet et al (1996) é de  $0,05^{\circ}\text{C}$  para mais ou para menos.

Partindo do Caso 1 retangular citado anteriormente, os dados da temperatura superficial da pele foram perturbados por meio da adição de variáveis de Gauss aleatórias com média zero e desvio padrão  $\sigma = 0,01$  (Caso 8 retangular), aplicado nos valores de temperaturas medidas nesse caso. Embora estes erros não pareçam significativos, as diferenças de temperatura geradas pelo tumor são tão pequenas que o efeito deste ruído muda notavelmente a curva de distribuição de temperatura (Figura 6.11). Apesar disto, o tumor ainda pôde ser identificado após 103 gerações como centrado na posição (0,01000;

-0,00031) e tamanho 1,00. No trabalho de Partridge e Wrobel (2007) eram centro (0,0191; 0,0002) e tamanho 1,50.

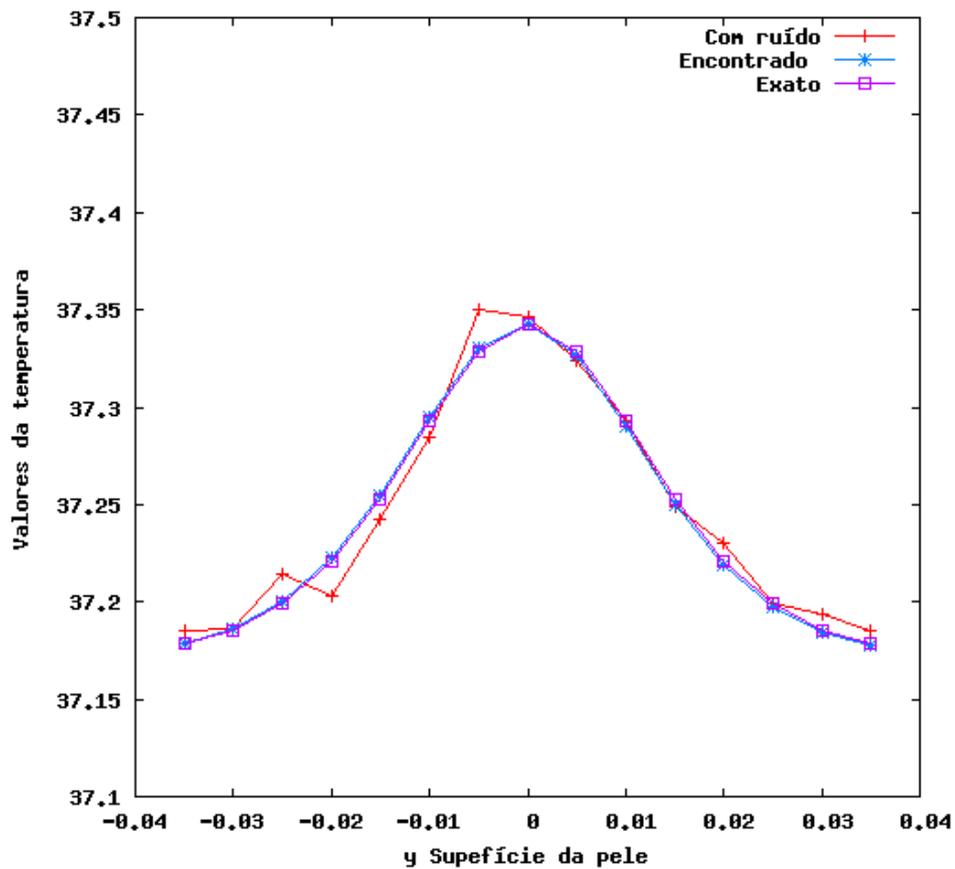


Figura 6.11: Problema com ruído, Caso 8 retangular.

O problema também foi analisado com ruídos de desvio padrão  $\sigma = 0,05$  (caso 9 retangular) e assim as perturbações adicionadas à variação da temperatura são ainda mais significativas. A posição do tumor identificado foi (0,01000; -0,00031) com tamanho 1,00, Figura 6.12, a convergência do algoritmo genético foi obtida após 103 gerações. No trabalho de Partridge e Wrobel (2007) eram: centro (0,0212; -0,0005) e tamanho 1,75 após 33 gerações.

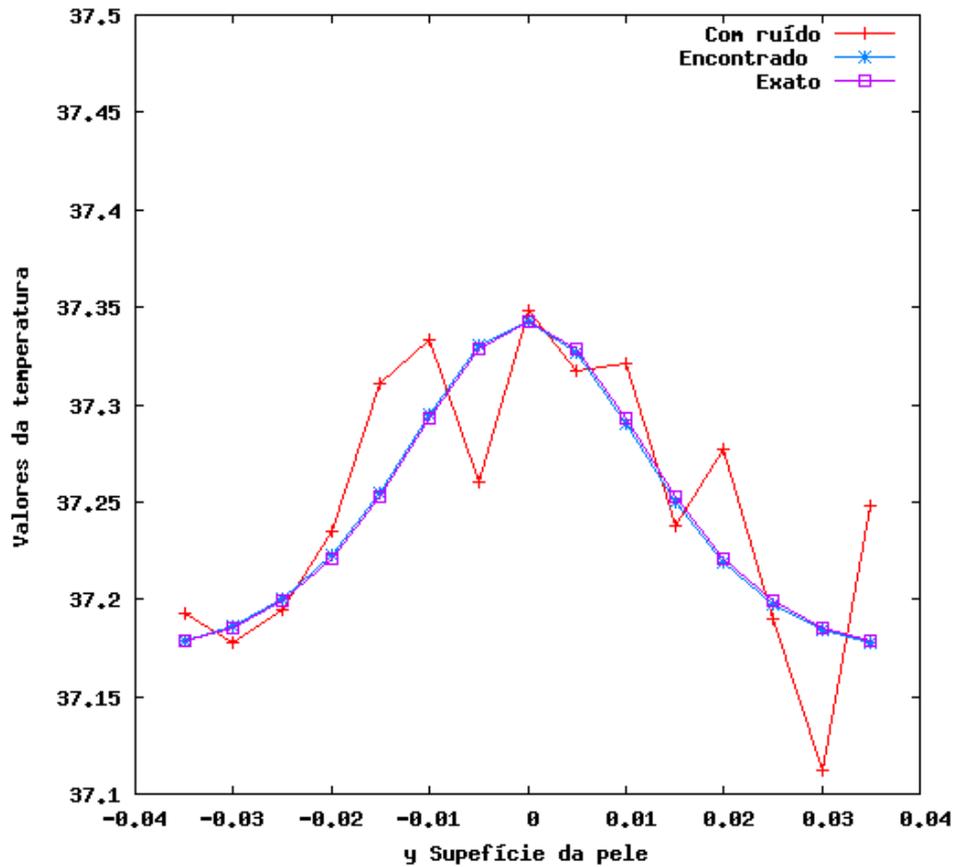


Figura 6.12: Problema com ruído,  $\sigma = 0,05$ .

#### 6.1.4 Casos considerando a convecção.

Assim como referido anteriormente, pode-se considerar uma segunda condição de contorno na superfície da pele, que se trata de considerar a convecção (troca de calor na superfície da pele com o meio externo por radiação). Assim como Partridge e Wrobel (2007) é empregada uma condição linear de radiação:

$$q = -h_0(T - T_0) \quad (6.1)$$

Onde a temperatura do ambiente externo  $T_0$  é adotada  $25^\circ\text{C}$  e o coeficiente de transferência de calor  $h_0 = 10\text{W/m}^2$ .

Este valor de temperatura externa é mais baixo que temperatura na superfície da pele o que indica que haverá uma constante troca de calor com o meio externo, resultando em valores

de temperatura observadas menor, o que é coerente com a troca de calor para um ambiente mais frio.

Os exemplos a seguir ilustram essas condições:

Caso 10 retangular convectivo - Tumor retangular tamanho 1,00 posição de centro (0,01; 0,00).

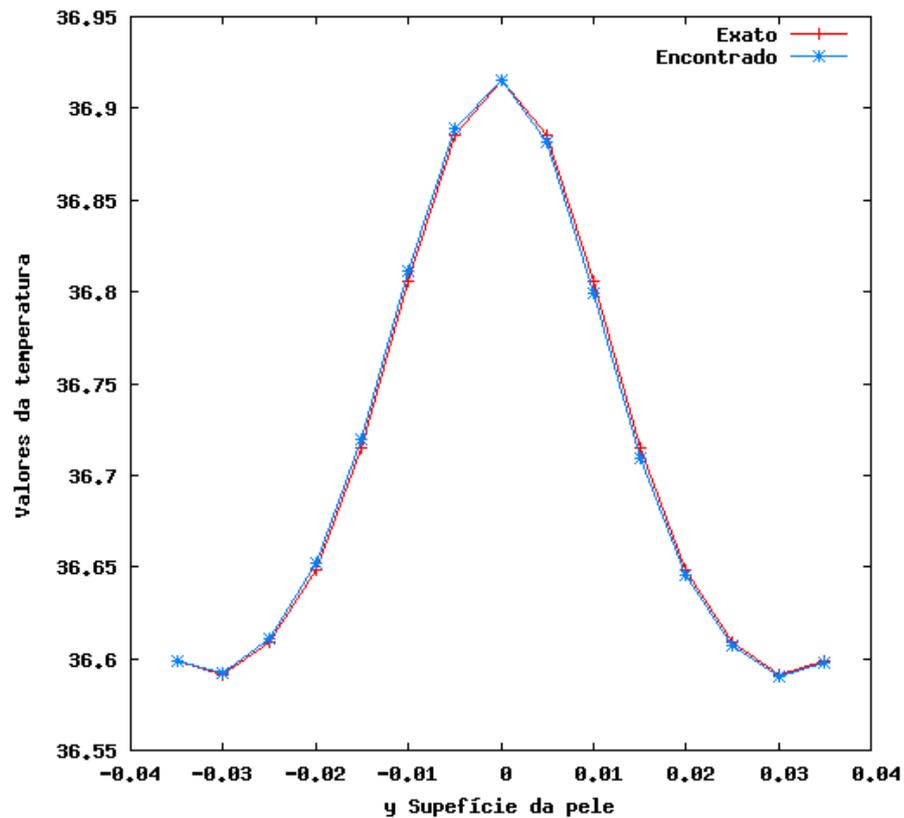


Figura 6.13: Distribuição de temperatura Exata e Encontrada para o Caso 10 retangular convectivo.

Observa-se uma redução nos valores de temperatura obtidos agora na casa dos 36°C, porém é observado um pico que permite que a distribuição de temperatura possa ser utilizada para a detecção do tumor.

O problema de localização encontrou o tumor para este caso indicando a resposta como sendo centro (0,01000; -0,00031) e tamanho 1,00 após 103 gerações. No trabalho de Partridge e Wrobel (2007) eram centro (0,01016; 0,00118) tamanho 1,00 após 27 gerações.

Caso 11 retangular convectivo - Tumor retangular tamanho 1,00 e posição de centro (0,02; 0,02).

O resultado obtido pelo programa após 116 gerações foi: centro (0,02000; 0,02047) classificado sob tamanho 1,00. No trabalho de Partridge e Wrobel (2007) era centro (0,02093; 0,01927) tamanho 1,00.

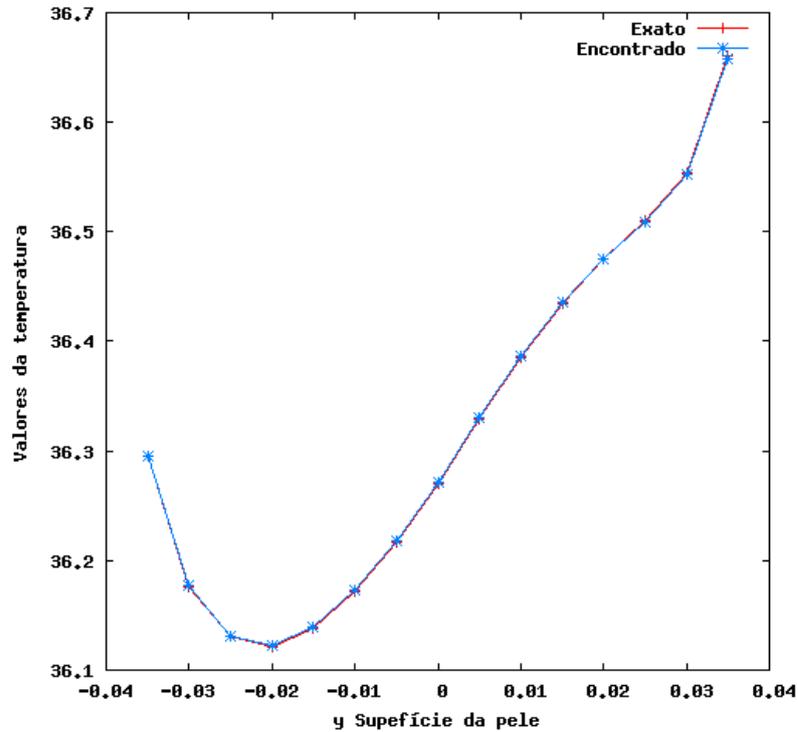


Figura 6.14: Distribuição de temperatura Exata e Encontrada no Caso 11 retangular convectivo.

Caso 12 retangular convectivo - Tumor retangular tamanho 0,50 e posição de centro (0,005; 0,02).

O resultado obtido pelo programa após 116 gerações foi centro (0,00484; 0,02086), classificado sob tamanho 0,50. No trabalho de Partridge e Wrobel (2007) era centro (0,00564; 0,01960) tamanho 0,50.

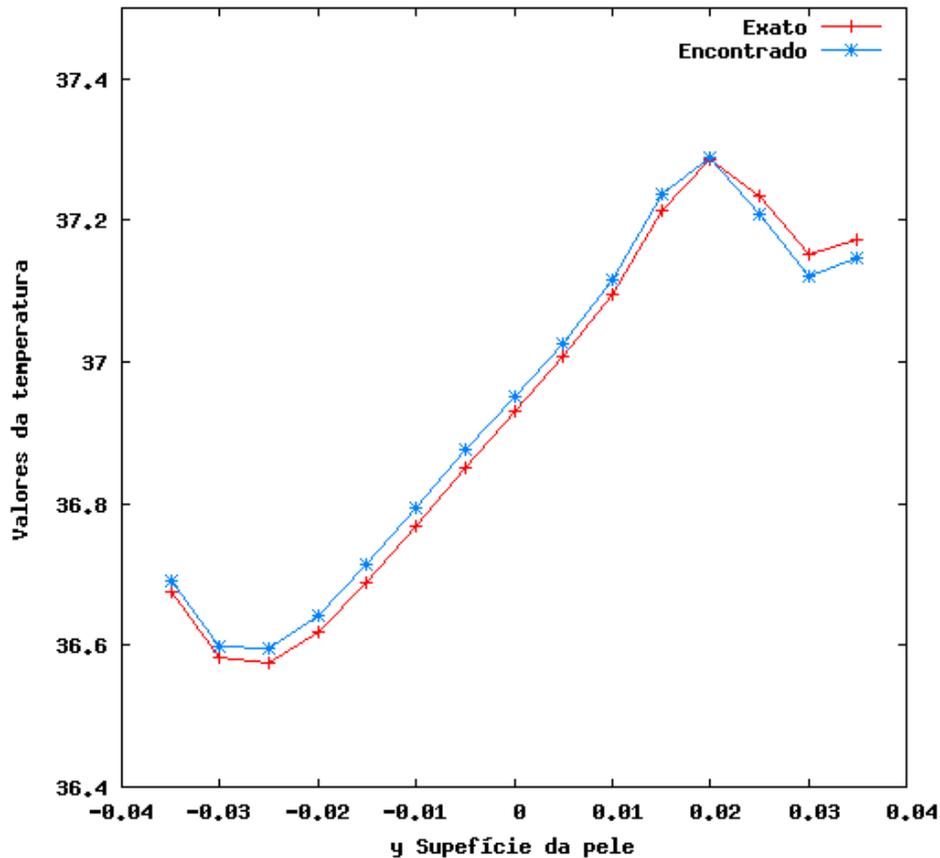


Figura 6.15: Distribuição de temperatura Exata e Encontrada no Caso 12 retangular convectivo.

Novos casos de tumores retangulares e circulares com troca de calor foram propostos com a intenção de testar separadamente o desempenho do algoritmo com tumores pequenos (0,50) e grandes (1,50):

Caso 13 retangular convectivo - Tumor retangular tamanho 0,50 e posição de centro (0,015; -0,02). O resultado obtido pelo programa após 116 gerações foi centro (0,01600; -0,01984), classificado sob tamanho 0,50.

Caso 14 retangular convectivo - Tumor retangular tamanho 1,50 posição de centro (0,016; -0,01). O resultado obtido pelo programa após 116 gerações foi centro (0,01600; -0,00976) classificado sob tamanho 1,50.

Também foram escolhidos aleatoriamente exemplos convectivos com tumores circulares. São os Casos 8 e 9 circulares.

Caso 8 circular convectivo - Tumor retangular tamanho 1,50 e posição de centro (0,016; -0,01).

O resultado obtido pelo programa após 116 gerações foi centro (0,01600; -0,01039), classificado sob tamanho 1,50.

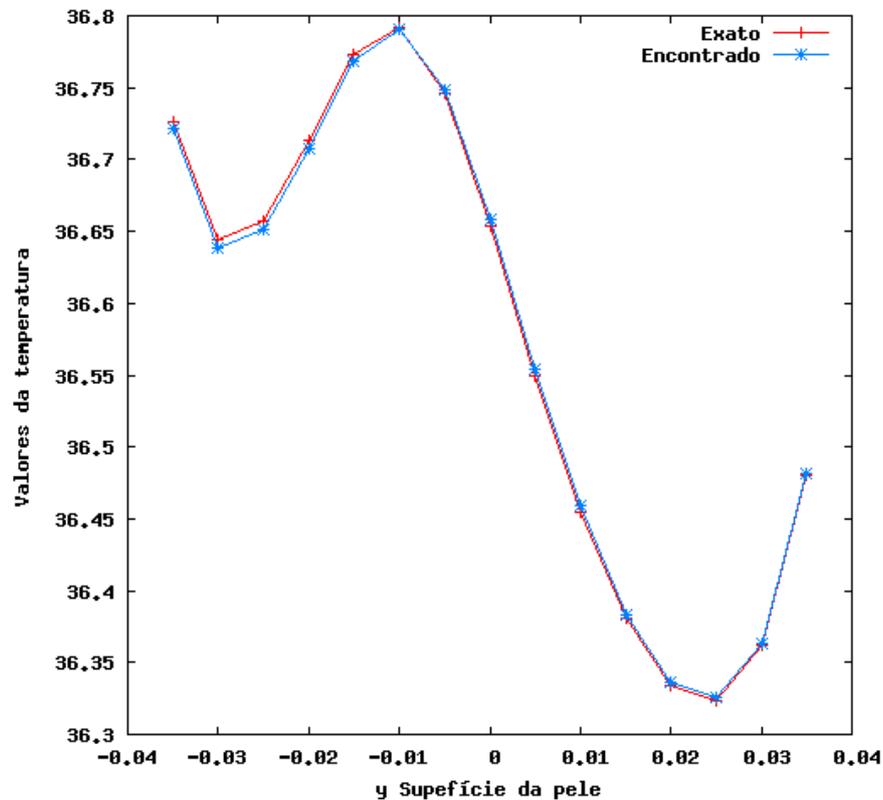


Figura 6.16: Distribuição de temperatura Exata e Encontrada no Caso 8 circular convectivo.

Caso 9 circular convectivo: Tumor retangular tamanho 0,50 e posição de centro (0,015; -0,02). O resultado obtido pelo programa após 103 gerações foi centro (0,01400; -0,01984), classificado sob tamanho 0,50.

### 6.1.5 Problemas convectivos com ruído.

Esses últimos casos simulam as duas principais condições adversas citadas anteriormente, a convecção e a presença de ruídos. Em um ambiente laboratorial todos os casos serão convectivos porque é praticamente impossível simular uma situação em que não haja troca de calor com o meio externo e nesta mesma situação é preciso considerar a possível imprecisão dos equipamentos de medida.

Com a intenção de simular um diagnóstico em laboratório foram escolhidos aleatoriamente os seguintes casos:

Caso 10 circular.

Trata-se de um caso convectivo de um tumor localizado na posição (0,01600; -0,01000) com tamanho 1,50. Sobre uma interferência de média 0,0 e desvio padrão 0,016.

Os valores obtidos pelo programa após 103 gerações foram centro (0,01600; -0,001039) classificado sobre o tamanho 1,50.

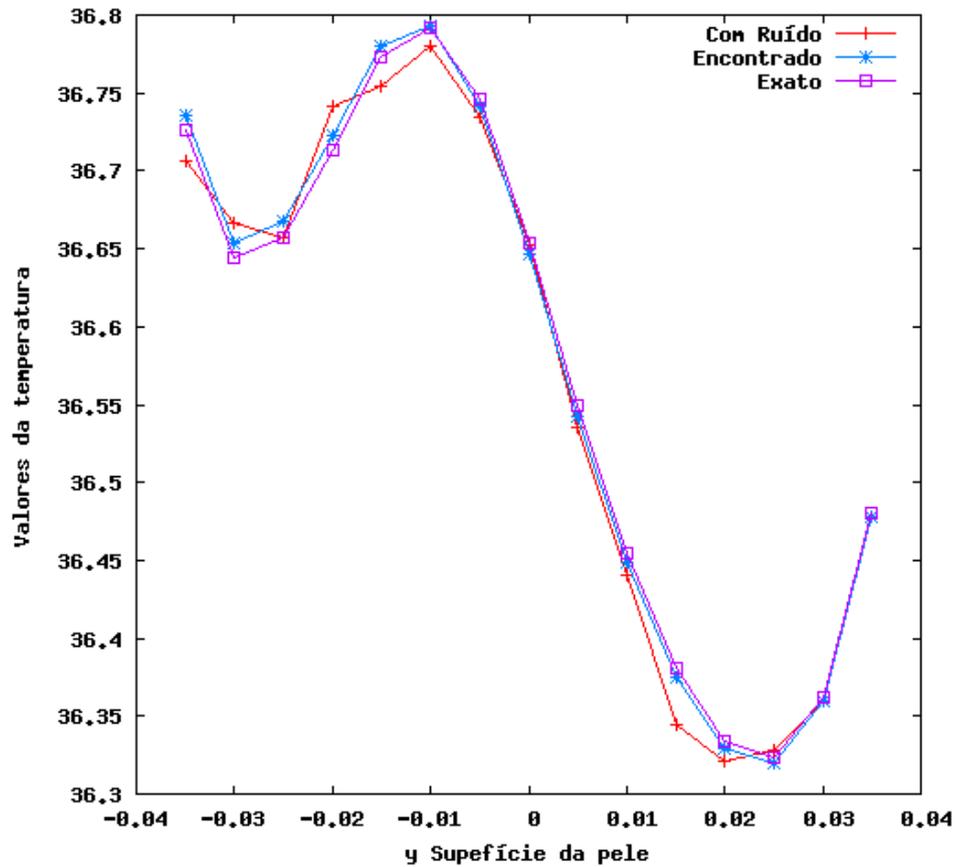


Figura 6.17: Caso 10 circular, convectivo e com ruído.

Caso 11 circular.

Também é um caso convectivo de um tumor localizado na posição (0,01000; 0,0000) com tamanho 1,00. Sobre uma interferência de média 0,0 e desvio padrão 0,02.

Os valores obtidos pelo programa após 102 gerações foram centro (0,01000; -0,00031) classificado sobre o tamanho 1,00.

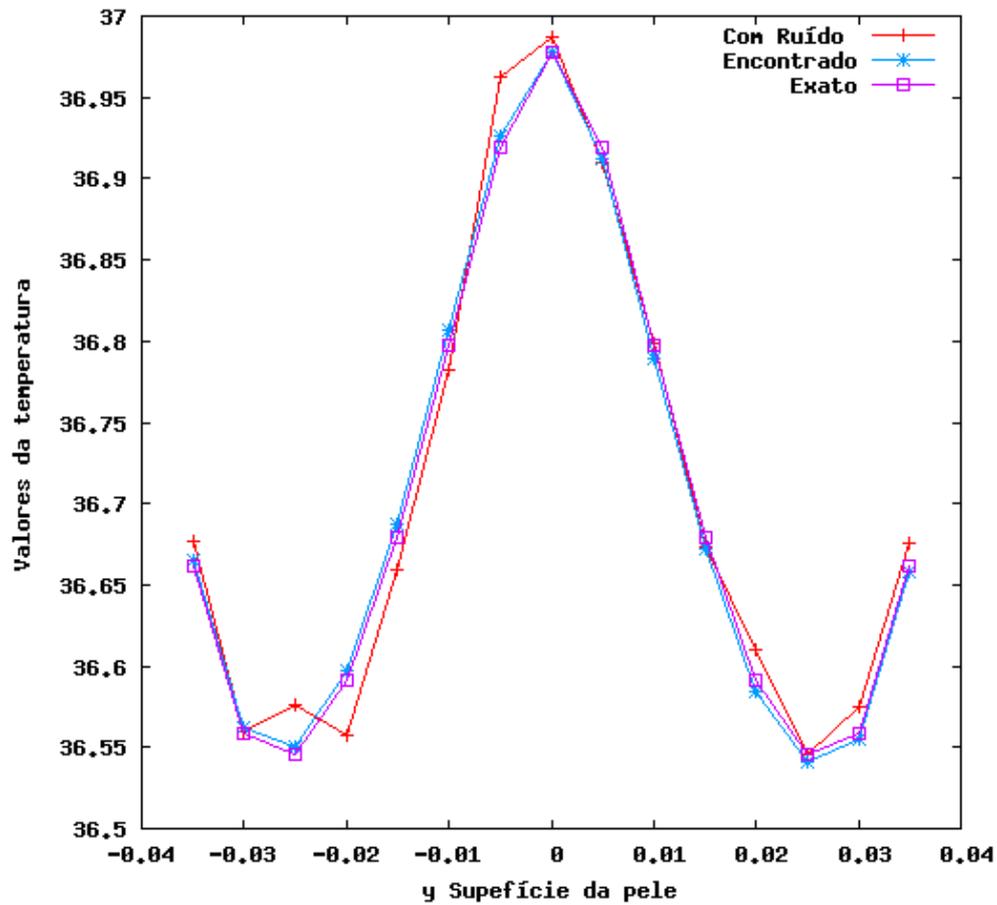


Figura 6.18: Caso 11 circular, convectivo e com ruído.

Caso 12 circular.

Caso convectivo com ruído de um tumor localizado na posição (0,02000; 0,01000) com tamanho 0,50. Sobre uma interferência de média 0,0 e desvio padrão 0,025.

Os valores obtidos pelo programa após 116 gerações foram centro (0,02000; 0,00976) classificado sobre o tamanho 0,50.

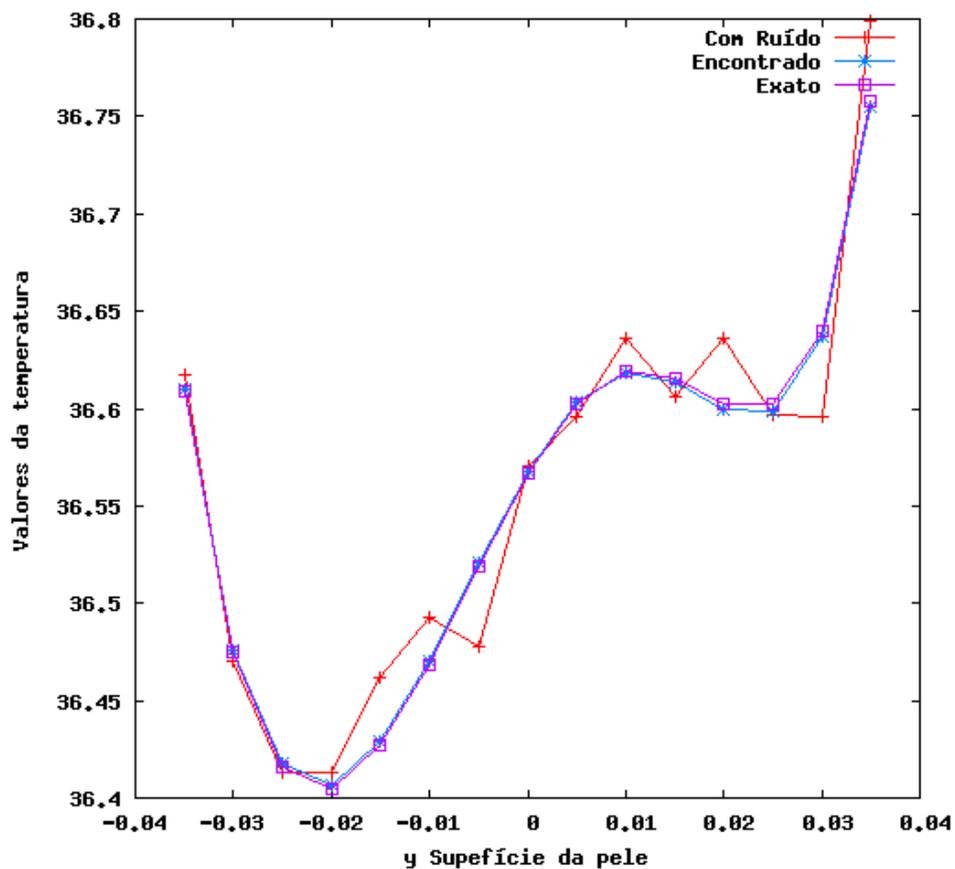


Figura 6.19: Caso 12 circular, convectivo e com ruído.

Caso 13 circular.

Caso convectivo com ruído de um tumor localizado na posição (0,01000; 0,00000) com tamanho 0,25. Sobre uma interferência de média 0,0 e desvio padrão 0,01.

Os valores obtidos pelo programa após 103 gerações foram centro (0,01000; 0,00031) classificado sobre o tamanho 0,25.

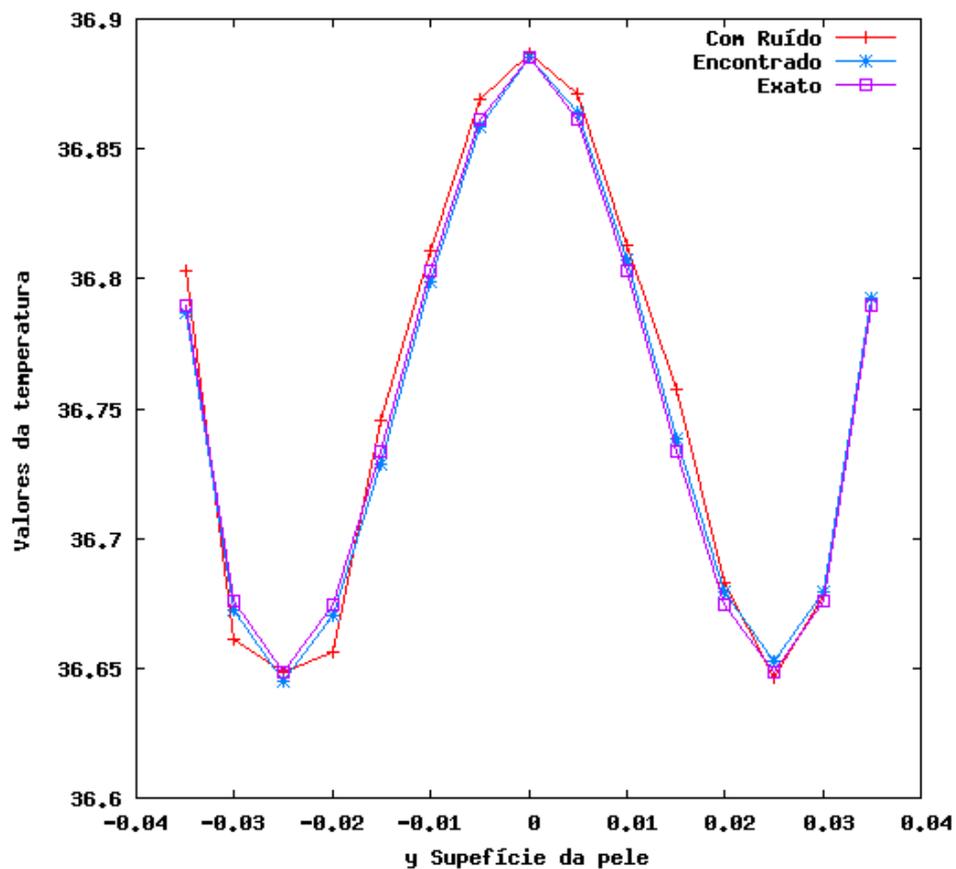


Figura 6.20: Caso 13 circular, convectivo e com ruído.

Caso 15 retangular.

Convectivo com tumor localizado na posição (0,006000; 0,0200) com tamanho 0,50. Sobre uma interferência de média 0,00 e desvio padrão 0,016.

Os valores obtidos pelo programa após 106 gerações foram centro (0,006000; 0,01984) classificado sobre o tamanho 0,50.

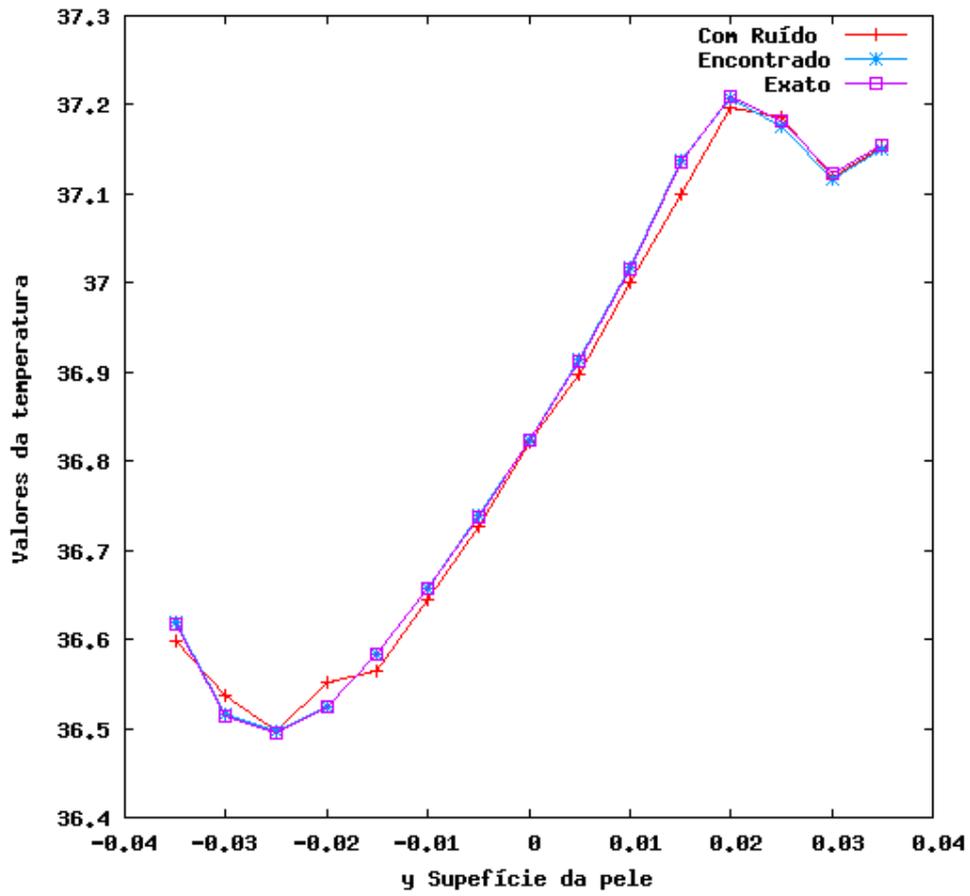


Figura 6.21: Caso 15 retangular, convectivo e com ruído.

## 7 CONSIDERAÇÕES FINAIS

### 7.1 RESUMO DAS ANÁLISES E DISCUSSÕES

Os casos apresentados anteriormente podem ser resumidos em tabelas para facilitar as comparações.

Tabela 7.1: Resumo de resultados Tumores Retangulares

Problemas Retangulares											
Caso	Originais			Calculados				Partridge e Wrobel (2007)			
	x	y	Tamanho	x	y	Tamanho	Gerações	x	y	Tamanho	Gerações
1	0,010	0,000	1,00	0,01000	-0,00031	1,00	103	0,00952	-0,00024	1,00	30
2	0,020	0,020	1,00	0,02000	0,02047	1,00	103	0,02048	0,01915	1,00	57
3	0,005	0,020	0,50	0,00600	0,02047	0,50	112	0,00653	0,01957	0,50	75
4	0,016	0,000	1,75	0,01600	-0,00031	1,75	110	0,01681	-0,00088	1,75	40
5	0,020	0,020	0,50	0,02000	0,01984	0,50	104	Não convergiu			
6	0,015	-0,020	0,25	0,01400	-0,01795	0,25	114	Exemplos novos			
7	0,005	-0,200	0,25	0,00600	-0,02047	0,25	157				
Com Ruído											
8	0,010	0,000	1,00	0,01000	-0,00031	1,00	103	0,0191	0,0002	1,50	33
9	0,010	0,000	1,00	0,01000	-0,00031	1,00	103	0,0212	-0,0005	1,75	33
Problema convectivo											
10	0,010	0,000	1,00	0,01000	-0,00031	1,00	103	0,01016	0,00118	1,00	27
11	0,020	0,020	1,00	0,02000	0,02047	1,00	116	0,02093	0,01920	1,00	24
12	0,005	0,020	0,50	0,00484	0,02086	0,50	116	0,00564	0,0196	0,50	24
13	0,015	-0,020	0,50	0,01600	-0,01984	0,50	116	Exemplos novos			
14	0,016	-0,010	1,50	0,01600	-0,00976	1,50	116				

Nos casos 1, 2, 3 e 4 o algoritmo genético deste trabalho apresentou uma melhora nos resultados, principalmente na coordenada x. Nos casos 5, 6 e 7 o novo algoritmo não teve problemas em encontrar tumores pequenos apresentando excelentes resultados para pequenas variações de temperatura.

Nos casos 8 e 9 retangulares as interferências nas leituras das temperaturas na superfície da pele continuam produzindo uma variação no tamanho do tumor, obtendo uma significativa melhora nos resultados do tamanho e na sua localização.

Em 10, 11 e 12 retangulares o algoritmo genético continuou mostrando significativas melhoras nos resultados e observando também os casos 13 e 14 conclui-se que algoritmo localiza perfeitamente os tumores com condição de contorno com convecção.

Estas melhoras aconteceram devido a várias mudanças no algoritmo genético em relação ao trabalho pioneiro, são elas:

Alteração da precisão das medidas de temperatura no arquivo de entrada de dados. São utilizados números muito precisos e dígitos após a terceira casa decimal ainda são muito importantes. Porém se não for necessária uma precisão muito alta na localização, pode-se trabalhar com leitura um pouco menos precisa. O algoritmo genético é robusto e encontra o tumor normalmente;

Mudança na rotina de seleção, a roleta agora está organizada em ângulos de 0 a 360°, distribuindo melhor a probabilidade de seleção entre os cromossomos com valores próximos;

A rotina de cruzamento passou a ser executada com crossover de 3 a 6 pontos, executados aleatoriamente, permitindo maior troca e diversificação das informações genéticas;

O mapeamento da região de procura foi definido como constante mesmo quando se varia o tamanho do tumor. Essa mudança é fundamental porque alelos idênticos têm que indicar sempre um mesmo ponto do espaço de busca. Se este variar de acordo com cada tamanho de tumor pesquisado o processo se torna muito aleatório comprometendo a troca de informações entre cromossomos de tamanhos diferentes;

A probabilidade de mutação passou de 1% para 2% o que aumenta consideravelmente a diversidade das informações genéticas dentro da população, permitindo ao algoritmo analisar novas regiões do espaço de busca e melhorar a precisão do resultado final. É preciso ter cuidado com este valor pois, também aumenta o número de gerações que o algoritmo vai executar;

Correção do processo de atualização de coordenadas do tumor, evitando erros no cálculo do comprimento dos elementos que conseqüentemente evita erros no cálculo das distribuições de temperatura para todos os indivíduos.

Todas essas alterações levaram a um melhor desempenho do processo inverso, o que permitiu o seu uso para localizar tumores circulares mostrando a sua capacidade de distinguir pequenas variações de temperatura. A tabela abaixo mostra o resumo dos resultados no caso de tumores circulares.

Tabela 7.2: Resumo de resultado de Tumores Circulares

Problemas Circulares							
Caso	Originais			Calculados			
	x	y	Tamanho	x	y	Tamanho	Gerações
1	0,01000	0,00000	1,00	0,01000	-0,00031	1,00	103
2	0,02000	0,02000	1,00	0,02000	0,01984	1,00	120
3	0,00500	0,02000	0,50	0,00600	0,01984	0,50	112
4	0,01600	0,00000	1,75	0,01600	-0,00031	1,75	113
5	0,02000	0,02000	0,50	0,02000	0,02047	0,50	107
6	0,00500	-0,02000	0,25	0,00600	-0,02110	0,25	120
7	0,01500	-0,02000	0,25	0,01600	-0,02110	0,25	120
Problema Convectivo							
8	0,01600	-0,01000	1,50	0,01600	-0,01039	1,50	116
9	0,01500	-0,02000	0,50	0,01400	-0,01984	0,50	103

Tumores circulares apresentam características geométricas mais suaves o que torna tumores de mesmos tamanhos e muito próximos, semelhantes. Porém os resultados acima mostram o bom desempenho do Método dos Elementos de Contorno com Reciprocidade Dual associado a um robusto Algoritmo Genético.

O bom comportamento do algoritmo tanto para problemas com ruído como para problemas com convenção permitiu rodar exemplos com as duas condições juntas, com a finalidade de simularmos uma localização próxima da realidade. Os resultados foram:

Tabela 7.3: Problemas convectivos com ruído.

Problemas convectivos com ruído							
Caso	Originais			Calculados			
	x	y	Tamanho	x	y	Tamanho	Gerações
<b>10 circular</b>	0,01600	-0,01000	1,50	0,01600	-0,01039	1,50	103
<b>11 circular</b>	0,01000	0,00000	1,00	0,01000	-0,00031	1,00	103
<b>12 circular</b>	0,02000	0,01000	0,50	0,02000	0,00976	0,50	116
<b>13 circular</b>	0,01000	0,00000	0,25	0,01000	0,00031	0,25	103
<b>15 retangular</b>	0,00600	0,02000	0,50	0,00600	0,01984	0,50	116

Estes últimos exemplos foram perfeitamente resolvidos pelo programa, apresentando variações muito pequenas. Estes resultados aprovam a capacidade algoritmo para a localização de tumores, indicando que o mesmo está pronto para iniciar os ensaios práticos com esta técnica, construindo o equipamento para ler os valores de temperatura nas posições corretas e gerar as informações de entrada para o algoritmo deste trabalho.

## 7.2 SUGESTÕES PARA TRABALHOS FUTUROS

Após a realização deste trabalho algumas sugestões para os pesquisadores que se interessarem são deixadas:

- Realizar uma análise tridimensional, criando um modelo em três dimensões em elementos de contorno e acrescentar somente mais uma variável no cromossomo do algoritmo genético;
- Criar um equipamento para efetuar as medidas de temperatura na superfície da pele, obedecendo o modelo deste trabalho ou criando um modelo semelhante;
- Criação de uma interface gráfica, o que tornaria o processo de otimização mais interativo, pois possibilitaria acompanhar a otimização em tempo real.

## **BIBLIOGRAFIA**

Bacarji, E. Aplicação do método dos elementos de contorno à análise de pavimentos de edifícios. Tese de Doutorado, Escola de Engenharia de São Carlos, da Universidade de São Paulo, (2001).

Barbirato J. C. C e 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, 2005.

Barcellos, J. C. H. Algoritmos Genéticos Adaptativos: Um Estudo Comparativo, Dissertação de Mestrado, Escola Politécnica de São Paulo, 2000.

Brebbia, C.A. e Domingues, J. Boundary Elements: Na Introductory Course. Computational Mechanics Publications and McGraw-Hill Book Company, Southampton and New York, 1989.

Brebbia C. A, Telles, J. C. F e Wrobel L.C. Boundary Element Techniques – Theory and Applications in Engineering, Springer – Verlag, berlin and NY, 1984.

Bridges, T.R. and Wrobel, L.C. A DRM formulation for elasticity problems with body forces using augmented thin plate splines, Commun Numer Methods Eng 12 (1996), pp. 209–220

Castro L.C.L.B. and Partridge P.W. Minimum weight design of framed structures using a genetic algorithm considering dynamic analysis, Latin Am J Solids Struct 3 (2006), pp. 107–123.

Chan, C.L. Boundary element method analysis of the bioheat transfer equation, Trans ASME, J Biomech Eng 114 (1992), pp. 358–365.

Deng Z.-S. and Liu, J. Mathematical modelling of temperature mapping over skin surface and its implementation in thermal disease diagnostics, Comput Biol Med 34 (2004), pp. 495–521

Deng, Z. S. and Liu, J. Modelling of multidimensional freezing problem during cryosurgery by the dual reciprocity boundary element method, *Eng Anal Boundary Elem* 28 (2004), pp. 97–108.

Deng, Z.-S. and Liu, J. Parametric studies on the phase shift method to measure the blood perfusion of biological bodies, *Med Eng Phys* 22 (2000), pp. 693–702.

Fogelson, I.B, Berdnikov S.I. and Zavitkov, Y.V. Electrical thermometers and sensors for measuring human body temperature, *Biomed Eng* 30 (1996), pp. 211–213

Golberg, M.A. and Chen, C.S. The theory of radial basis functions applied to the BEM for inhomogeneous partial differential equations, *Boundary Elem Commun* 5 (1994), pp. 57–61.

Goldberg, D.E. Genetic algorithms in search, optimization and machine learning, Addison Wesley, Reading, MA (1989).

Goldberg DE, Zakrewsky K, Sutton B, Gadiant R, Chong C, Galego P, et al. Genetic algorithms: a bibliography. Technical report 97011; 1999.

Kahn N. Population sizing in genetic and evolutionary algorithms. Internal report, University of Illinois at Urbana Champaign; 2002.

Lacerda, E. G. M. e Carvalho, A. C. P. L. F. (1999). “ Introdução aos algoritmos genéticos”. In: *Sistemas Inteligentes: Aplicações a Recursos Hídricos e Sistemas Ambientais*, Editora Universidade, UFRGS.

Lang, J. Erdmann, B. and Seebass, M. Impact of nonlinear heat transfer on temperature control in regional hyperthermia, *IEEE Trans Biomed Eng* 46 (1999), pp. 1129–1138

Lemonge, A. C. C. e Barbosa, H. J. C. (2004) a. “ An Adaptive penalty Scheme for Genetic Algorithms In Structural Optimization. ” , In: *International Journal for Numerical Methods In Engineering*, 59, 703-736.

Liu J. and Xu, L.S. Boundary information based diagnostics on the thermal states of biological bodies, *Int J Heat Mass Transfer* 43 (2000), pp. 2827–2839

Liu J. and Xu, L.X. Estimation of blood perfusion using phase shift in temperature response to sinusoidal heating at skin surface, *IEEE Trans Biomed Eng* 46 (1999), pp. 1037–1043.

Lu, W. Q, Liu J. and Zeng, Y. Simulation of the thermal wave propagation in biological tissues by the dual reciprocity boundary element method, *Eng Anal Boundary Elem* 22 (1998), pp. 167–174.

Majchrzak E, Paruch M. Identification of the tumour region on the basis of skin surface temperature. In: Neittaanmaki P, Rossi T, Majava K, Pironneau O, editors. *Proceedings of ECCOMAS 2004*; 2004. p. 1–14.

Michalewicz, Z. (1995) a. “ Genetic Algorithms, numerical Optimization, and Constraints ” , In: *Proceedings of the 6 th International Conference on Genetic Algorithms*, 151-158.  
Michalewicz, Z. (1996). “ Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs ” , 3 th Edition, Springer-Verlag, Berlin, Germany.

Nardini, D. and Brebbia, C.A. A new approach to free vibration analysis using boundary elements, *Appl Math Modell* 7 (1983), pp. 157–162

Ochi, L. S., Rocha M. L. (2000) a. “A New Hybrid Evolutionary Algorithm for the Vehicle Routing and Scheduling Problems ” , In: *Proceedings of the Ninth International Conference on Intelligence Systems: Artificial Intelligence Applications for the New Millennium*, 135-140.

Partridge, P.W. Towards criteria for selecting approximation functions in the dual reciprocity method, *Eng Anal Bound Elem* 24 (2000), pp. 519–529

Partridge, P. W. e Wrobel, L. An inverse geometry problem for the localisation of skin tumours by thermal analysis. School of Engineering and Design, Brunel University, Uxbridge, (2007).

Partridge, P.W. Wrobel L.C. and Brebbia, C.A. *The dual reciprocity boundary element method*, Elsevier, Amsterdam (1992).

Ren, Z.P, Liu, J. and Wang, C.C. Boundary element method for solving normal or inverse bio-heat transfer problem of biological bodies with complex shape, *J Thermal Sci* 4 (1995), pp. 117–124

Sampaio, C. C. D. (2004). Determinação de uma Rede Ótima de Transporte Utilizando o Algoritmo Genético, Dissertação de Mestrado, Universidade de Brasília, 98p.

Tompkins, D.T, Vanderby, R, Klein, S.A, Beckman, W.A, Steeves, R.A. and Frye D.M. et al., Temperature-dependent versus constant-rate blood perfusion modelling in ferromagnetic thermoseed hyperthermia: results with a model of the human prostate, *Int J Hypertherm* 10 (1994), pp. 517–536

Wrobel, L.C and Aliabadi, M. H. *The Boundary Elements Method* Wiley, London 2002.