

## 6 Conclusões e Trabalhos Futuros

Este trabalho apresenta o desenvolvimento de um novo modelo computacional, baseado em algoritmos genéticos, visando à solução do problema inverso biomagnético, a fim de determinar o conjunto de parâmetros associados a um ou a múltiplos dipolos de corrente equivalentes, responsáveis por modelar mapas de campo biomagnético adquiridos experimentalmente por sistemas SQUID multicanal. Os estudos aqui discutidos basearam-se em medições experimentais da atividade elétrica de corações isolados de coelho, por meio de um SQUID com 16 canais, em condições normais de propagação da atividade bioelétrica e durante taquicardia atrial, tendo como mecanismo da arritmia uma propagação anômala ao longo do tecido cardíaco.

O modelo proposto objetiva definir a posição de cada dipolo de corrente no plano  $xy$ , além de seu ângulo de inclinação e sua magnitude. Para tal fim, os cromossomos do AG desenvolvido representam os dipolos, e seus genes referem-se aos parâmetros dos dipolos. Dessa forma, cada cromossomo é uma possível solução do problema, sendo que sua aptidão é avaliada por meio de uma função de avaliação capaz de avaliar o erro médio entre o mapa experimental e os mapas simulados em função dos dipolos associados a cada possível solução. O AG objetiva identificar qual é a solução responsável pela minimização deste erro.

O modelo proposto pode ser extremamente útil para fins diagnósticos, podendo, por exemplo, ser empregado a fim de auxiliar na identificação de mecanismos fisiopatológicos de arritmias cardíacas, associadas a distúrbios na propagação bioelétrica, as quais são perceptíveis por meio da observação do comportamento do dipolo de corrente em sucessivos instantes de tempo [1, 19-22, 25, 89, 90, 122], identificado por meio da medição biomagnética, mas não evidenciável a partir do registro eletrocardiográfico convencional.

Neste trabalho, foram avaliados diferentes ajustes na configuração do AG desenvolvido, a fim de permitir a obtenção de erros satisfatoriamente baixos com tempos de processamento aceitáveis. Em particular, os resultados obtidos

indicaram ser importante adotar um tamanho de população variável, o qual cresce em função do aumento da quantidade de dipolos, a fim de possibilitar que a população seja suficientemente diversificada. Adicionalmente, foi proposta uma variação na evolução do AG, que propicia que o raio (parâmetro  $R$ ) da função de cruzamento adotada, *crossover* heurístico, seja alterado, visando que o AG escape de mínimos locais. Os resultados indicaram que o tempo de processamento é significativamente reduzido por meio do emprego desta técnica.

No trabalho foram consideradas três possíveis formas de distribuir os dipolos no plano  $xy$ , denominadas: dipolos *livres*, *semi-livres* e *fixos*. As características destas técnicas são detalhadas no Capítulo 5 e uma comparação de seus desempenhos é explicitada na seção 5.4. Com base nos resultados obtidos, pode-se concluir que, de forma genérica, a configuração do AG responsável pelo melhor custo-benefício, isto é, erro baixo com tempos curtos de processamento, é obtida para 9 dipolos *livres*, adotando-se um tamanho de população 6 vezes maior que a quantidade de genes e um *crossover* heurístico adaptativo, com  $R = 2-6-2$ .

Os resultados obtidos indicaram que, para o caso de um dipolo equivalente, o modelo desenvolvido atingiu seu objetivo, conseguindo determinar com um alto grau de exatidão as características do dipolo equivalente. Entretanto, também se verificou que o aumento da quantidade de dipolos resulta na perda de exatidão das soluções, visto que passam a existir múltiplas configurações de dipolos responsáveis pela geração de mapas de campo extremamente similares. Dessa forma, mesmo obtendo-se erros baixos entre os mapas de campo experimentais e aqueles associados aos dipolos calculados pelo AG, não se pode garantir que tais soluções sejam únicas.

Foram avaliadas abordagens alternativas, para as quais, ao invés do erro entre os mapas de campo (experimental e simulado) ser calculado em apenas uma altura fixa, ele passa a ser calculado em múltiplas alturas, a fim de aumentar o número de restrições do problema. Os estudos realizados indicaram que esta técnica possibilita a redução da dispersão das soluções, especialmente para problemas com muitos dipolos. Entretanto, os resultados também apontaram ser extremamente importante efetuar as medições o mais próximo possível do plano dos dipolos. Na prática, tais distâncias podem ser inviáveis nas situações em que se deseja a realização de medições *in vivo*, de forma não-invasiva, do campo

biomagnético gerado por fontes bioelétricas posicionadas mais profundamente em relação à superfície da pele.

De forma geral, os resultados obtidos foram satisfatórios e apontaram para frentes de pesquisa que podem ser investigadas em trabalhos futuros, a fim de aprimorar o desempenho da técnica aqui desenvolvida, objetivando-se: a redução do erro, a diminuição do tempo de processamento computacional e o aumento da exatidão do método para casos envolvendo muitos dipolos.

Dentre os futuros estudos, propõe-se a introdução de restrições eletrofisiológicas ao problema, a fim de limitar a dispersão das soluções. Neste intuito, uma possível abordagem pode ser baseada no desenvolvimento de uma rede neural capaz de relacionar um conjunto de soluções possíveis retornadas pelo AG, porém eletro-fisiologicamente inviáveis, a uma solução factível e correta. Ressalta-se, entretanto, que tal abordagem, de certa forma, limita a generalidade do método, visto que a rede neural pode mascarar soluções reais, associadas a casos incomuns na literatura médica.

Adicionalmente, sugere-se avaliar como a dispersão das soluções é afetada ao se buscar redução do erro em relação a mapas de campo relacionados às componentes  $x$ ,  $y$  e  $z$  do campo magnético, ao invés de analisar apenas a componente  $z$ . Entretanto, destaca-se que sistemas SQUID multicanal capazes de avaliar simultaneamente as três componentes do campo magnético ainda são raros.

A entrada do AG discutido na presente dissertação é baseada em uma matriz de  $51 \times 51$  (mapa magnético), construída por interpolação, a partir de medições experimentais efetivamente realizadas por sensores dispostos em uma matriz de  $4 \times 4$  canais. Dessa forma, para fins de comparação, sugere-se avaliar o desempenho da técnica aqui desenvolvida, para situações nas quais os mapas magnéticos originalmente medidos pelo sistema de 16 canais sejam apresentados diretamente ao AG, isto é, sem utilização de um estágio de pré-processamento para interpolação dos dados medidos em uma nova matriz de  $51 \times 51$ .

Por sua vez, sugere-se que, em trabalhos futuros, o desempenho do método baseado em algoritmos genéticos também seja comparado ao apresentado por um algoritmo de otimização baseado na minimização do erro médio quadrático, devido a tal abordagem constituir uma técnica convencionalmente empregada na resolução de problemas inversos.

Por sua vez, a fim de reduzir o tempo de processamento computacional, pode-se paralelizar o cálculo da função de avaliação do AG, por exemplo de programação paralela baseada em GPUs. Dessa forma, em um ciclo de processamento, seria possível avaliar simultaneamente a aptidão de todos os indivíduos da população. Ainda, a fim de reduzir o tempo de processamento é possível avaliar a implementação de algoritmos genéticos quânticos [125-128].

Propõe-se, ainda, que o método desenvolvido seja generalizado, a fim de poder tratar problemas onde os dipolos possam estar posicionados em um volume e não sobre uma área. Dessa forma, deve-se adicionar um novo grau de liberdade, relacionado à posição do dipolo sobre o eixo  $z$ .

O método aqui desenvolvido e suas versões aprimoradas poderão ser futuramente testados com dados advindos de medições biomagnéticas realizadas em pacientes com distúrbios de propagação da atividade bioelétrica cardíaca.