



Universidade Federal de Pernambuco
Centro de Tecnologia e Geociências
Programa de Pós-Graduação em Engenharia Biomédica

Reconstrução de Imagens de Tomografia por Impedância Elétrica Utilizando Busca por Cardumes de Peixes e Evolução Diferencial

Valter Augusto de Freitas Barbosa

Dissertação de Mestrado

Recife

2017

Universidade Federal de Pernambuco
Centro de Tecnologia e Geociências
Programa de Pós-Graduação em Engenharia Biomédica

Valter Augusto de Freitas Barbosa

**Reconstrução de Imagens de Tomografia por Impedância
Elétrica Utilizando Busca por Cardumes de Peixes e
Evolução Diferencial**

Trabalho submetido ao Programa de Pós-Graduação em Engenharia Biomédica do Centro de Tecnologia e Geociências da Universidade Federal de Pernambuco como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre em Engenharia Biomédica.

Orientador: Prof. Dr. Wellington Pinheiro dos Santos

Coorientador: Prof. Dr. Ricardo Emmanuel de Souza

Recife

2017

Catálogo na fonte
Bibliotecária Maria Luiza de Moura Ferreira, CRB-4 / 1469

B238r Barbosa, Valter Augusto de Freitas.
Reconstrução de imagens de tomografia por impedância elétrica
utilizando busca por cardumes de peixes e evolução diferencial /Valter
Augusto de Freitas. - 2017.
100 folhas, il.

Orientador: Prof. Dr. Wellington Pinheiro dos Santos.
Coorientador: Prof. Dr. Ricardo Emmanuel de Souza
Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Pernambuco. CTG.
Programa de Pós-Graduação em Engenharia Biomédica, 2016.
Inclui Referências.

1. Engenharia Biomédica. 2. Tomografia por impedância elétrica.
3. Reconstrução de imagens. 4. Computação evolucionária. 5. Busca por
cardumes de peixes. 6. Evolução diferencial. I. Santos, Wellington
Pinheiro dos (Orientador). II. Souza, Ricardo Emmanuel de (Coorientador).
III. Título.

UFPE

610.28 CDD (22. ed.)

BCTG/2017-108

VALTER AUGUSTO DE FREITAS BARBOSA

**RECONSTRUÇÃO DE IMAGENS DE TOMOGRAFIA POR
IMPEDÂNCIA ELÉTRICA UTILIZANDO BUSCA POR
CARDUMES DE PEIXES E EVOLUÇÃO DIFERENCIAL**

Esta dissertação foi julgada adequada para a
obtenção do título de Mestre em Engenharia
Biomédica e aprovada em sua forma final pelo
Orientador e pela Banca Examinadora.

Orientador: _____

Prof. Dr. Wellington Pinheiro dos Santos, Doutor pela
Universidade Federal de Campina Grande – Campina Grande,
Brasil

Banca Examinadora:

Prof. Dr. Wellington Pinheiro dos Santos, UFPE

Doutor pela Universidade Federal de Campina Grande – Campina Grande,
Brasil

Prof. Dr. Ricardo Emmanuel de Souza, UFPE

Doutor pela Universidade Federal de Pernambuco – Recife, Brasil

Prof. Dr. Filipe Rolim Cordeiro, UFPE

Doutor pela Universidade Federal de Pernambuco – Recife, Brasil

Recife, fevereiro de 2017.

A todos que de forma direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho, e também às pessoas que dedicam suas vidas à construção da ciência para transformar o mundo em um lugar melhor.

Agradecimentos

A Deus, por me guiar nos caminhos nem sempre fáceis da vida.

Meu grato agradecimento ao meu orientador, Prof. Wellington Pinheiro dos Santos, por toda paciência, atenção, disponibilidade e dedicação ao me ajudar a trilhar os percursos da vida acadêmica. E também ao meu coorientador, Prof. Ricardo Emmanuel, pelos seus sábios conselhos.

Ao Departamento de Engenharia Biomédica e ao Departamento da Pós-Graduação de Engenharia Biomédica, especialmente ao meu amigo Rangel e à Juliana por todo apoio nas necessidades burocráticas do mestrado.

Aos meus amigos da equipe de pesquisa de Tomografia por Impedância Elétrica da UFPE, especialmente à Reiga Ramalho, Victor Luiz, David Ribeiro, Allan Rivalles, Rodrigo Ogava, Rafaela Freitas e Manoela Paschoal por todo apoio e bons momentos de estudo e pesquisa.

A todos os colegas de turma da UFPE, Ana Paula, David, Dayvisson, Flávia, Gabi, Heurky, Leandro, Ossamu, Thaís e Tiago, com os quais dividi os momentos em sala de aula, que sem dúvidas, foram mais prazerosos por tê-los ao meu lado.

À minha família, em especial aos meus pais e ao meu irmão, meu amigo e parceiro de longa data.

À minha namorada Amanda, meu amor, sempre presente em todos os momentos me apoiando e incentivando.

À Fundação de Amparo à Ciência e Tecnologia de Pernambuco (FACEPE) pelo apoio financeiro para a realização desta pesquisa.

Por vezes sentimos que aquilo que fazemos não é senão uma gota de água no mar.

Mas o mar seria menor se lhe faltasse uma gota.

Santa Tereza de Calcutá

Resumo

A Tomografia por Impedância Elétrica (TIE) é uma técnica de imagem não invasiva e livre de radiações ionizantes. Sua realização dar-se através de um conjunto de eletrodos dispostos na superfície do objeto ao qual se quer imagear. Pelos eletrodos é aplicado uma corrente elétrica de baixa amplitude, e em seguida, os potenciais elétricos resultantes à excitação são medidos. Em um algoritmo de reconstrução os dados de corrente e potenciais elétricos são usados para estimar a distribuição de condutividade interna do objeto à qual pode ser representada por uma imagem. O problema de reconstrução de imagens de TIE consiste na solução dos problemas direto e inverso. No problema direto é determinado os potenciais elétricos internos e de superfície da seção do objeto a partir do padrão de excitação de corrente e da distribuição de condutividade interna do domínio. Sendo tal problema, resolvido através do método dos elementos finitos. Por outro lado, a estimação da distribuição de condutividade elétrica do interior da seção do corpo a partir das medições da resposta a excitação é, matematicamente, um problema inverso, mal posto e mal condicionado. Sendo um problema complexo, de alto custo computacional, e que ainda obtém imagens de contorno suave e de baixa resolução. Uma das formas de reconstrução de TIE é através de métodos iterativos de otimização, onde o problema direto é chamado frequentemente. Este trabalho propõe a reconstrução de imagens de TIE como um método de otimização utilizando algoritmos evolucionários e bioinspirados da Inteligência Computacional tendo o Erro Médio Quadrático como função objetivo a ser minimizada. As técnicas consideradas foram: Algoritmos genéticos, Evolução Diferencial, Busca por Cardumes de Peixes e Busca por cardumes de peixes baseada em densidade, além da implementação da Busca não-cega à Busca por Cardumes de Peixes. Os algoritmos de reconstrução foram implementados em MATLAB e fazendo uso do *software* de código aberto EIDORS. Os experimentos foram realizados utilizando imagens padrão ouro de duas malhas de elementos finitos. De forma qualitativa as imagens obtidas foram comparadas com as imagens padrão ouro consideradas, enquanto que de forma quantitativa foi avaliado os gráficos da queda do erro em função do número de avaliações da função e pelo número de iterações dos algoritmos. As melhores imagens foram obtidas pela busca por cardume de peixes com a busca não-cega, no entanto, os menores tempos de reconstrução foram obtidos pela evolução diferencial e algoritmos genéticos.

Palavras-chave: Tomografia por Impedância Elétrica. Reconstrução de Imagens. Computação Evolucionária. Busca por Cardumes de Peixes. Evolução Diferencial.

Abstract

Electrical Impedance Tomography (EIT) is a noninvasive imaging technique and free of ionizing radiation. Its implementation is given through a set of electrodes placed on object surface to be imaged. By the electrodes, a low amplitude electric current is applied, then, the resultant electric potential to the excitation is measured. In a reconstruction algorithm, the data of the current and electrical potentials are used to estimate the intern conductivity distribution of the object which it can be represented by an image. The reconstruction problem of EIT images consists in to solve the direct and inverse problems. In the direct problem is determined the intern and surface electrical potentials of the object section from the excitation pattern of electric current and the intern conductivity distribution. Such problem is resolved by the finite elements method. On the other hand, the estimation of the electrical conductivity distribution of the interior of the body section from the measures of the response to the excitation is, mathematically, an inverse problem, ill-posed and ill-conditioned. Being a complex problem, of high computational cost, and still obtains low-resolution and soft-contour images. One of the ways to reconstruct EIT images is trough iterative optimization methods, which the direct problem is used often. This work proposes the EIT image reconstruction as an optimization method using evolutionary and bioinspired algorithms from Computational Intelligence having the Root Mean Squared Error as objective function to be minimized. The techniques considered were: Genetic Algorithm, Differential Evolution, Fish School Search and Density based on Fish School Search, beyond the implementation of the Non-Blind Search to Fish School Search. The reconstruction algorithms were implemented in MATLAB using the open-source software EIDORS. Experiments were made using ground-truth images of two finite elements meshes. Qualitatively the images obtained were compared with the ground-truth images considered, whereas quantitatively were considered the graphics of the root-mean-squared error in function of the number of evaluations of objective function and in function of the number of iterations of the algorithms. The best images were obtained by the fish school search with non-blind search, however, the smallest reconstruction time were obtained by differential evolution and genetic algorithms.

Keywords: Electrical Impedance Tomography. Image Reconstruction. Evolutionary Computation. Fish School Search. Differential Evolution.

Lista de ilustrações

Figura 1 – Esquemático da tomografia por impedância elétrica.	19
Figura 2 – Imagens de diferentes tipos de tomógrafos	22
Figura 3 – Circuito geral.	25
Figura 4 – Domínio da TIE	26
Figura 5 – Representação do Problema Direto	28
Figura 6 – Representação do Problema Inverso	29
Figura 7 – Fluxograma da reconstrução de imagens de Tomografia por Impedância Elétrica como um problema de otimização	33
Figura 8 – Gráfico ilustrativo.	35
Figura 9 – Fluxograma dos algoritmos evolucionários.	36
Figura 10 – Exemplo de cruzamento n -pontos para $n = 3$	40
Figura 11 – Cruzamento uniforme utilizando o vetor [0,8 0,1 0,6 0,4 0,7 0,9 0,2 0,3 0,4 0,9] obtido aleatoriamente e parâmetro de recombinação igual à 0,5.	41
Figura 12 – Mutaç�o bit a bit.	41
Figura 13 – Fluxograma da evoluç�o diferencial.	43
Figura 14 – Malha de elementos finitos contendo 415 elementos.	68
Figura 15 – Malha de elementos finitos contendo 3190 elementos.	68
Figura 16 – Imagens padr�o ouro com 415 elementos finitos para o objeto posicionado no (a) centro, (b) entre o centro e a borda e (c) na borda do dom�nio circular.	69
Figura 17 – Imagens padr�o ouro com 3190 elementos finitos para o objeto posicionado no (a) centro, (b) entre o centro e a borda e (c) na borda do dom�nio circular.	69
Figura 18 – Resultados usando GA para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do dom�nio circular para 50, 300 e 500 iteraç�es.	74
Figura 19 – Resultados usando DE para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do dom�nio circular para 50, 300 e 500 iteraç�es.	74
Figura 20 – Resultados usando FSS para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do dom�nio circular para 50, 300 e 500 iteraç�es.	75
Figura 21 – Resultados usando FSS+NBS para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do dom�nio circular para 50, 300 e 500 iteraç�es.	75

Figura 22 – Resultados usando dFSS para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações.	76
Figura 23 – Resultados usando PSO para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações.	76
Figura 24 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de iterações para o objeto no centro do domínio.	77
Figura 25 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de iterações para o objeto entre o centro e a borda do domínio.	78
Figura 26 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de iterações para o objeto na borda do domínio.	78
Figura 27 – Erro quadrático relativo em função do número de iterações obtida pela otimização por enxame de partículas para o objeto no centro, entre o centro e a borda e na borda do domínio circular.	79
Figura 28 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de avaliações da função objetivo para o objeto no centro do domínio.	79
Figura 29 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de avaliações da função objetivo para o objeto entre o centro e a borda do domínio.	80
Figura 30 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de avaliações da função objetivo para o objeto na borda do domínio.	80
Figura 31 – Resultados usando GA para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do domínio circular de 3190 elementos para 50, 300 e 500 iterações.	82
Figura 32 – Resultados usando DE para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do domínio circular de 3190 elementos para 50, 300 e 500 iterações.	82
Figura 33 – Resultados usando FSS para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do domínio circular de 3190 elementos para 50, 300 e 500 iterações.	83
Figura 34 – Resultados usando FSS+NBS para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do domínio circular de 3190 elementos para 50, 300 e 500 iterações.	83
Figura 35 – Resultados usando dFSS para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do domínio circular de 3190 elementos para 50, 300 e 500 iterações.	84
Figura 36 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de iterações para o objeto no centro do domínio.	85

Figura 37 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de iterações para o objeto entre o centro e a borda do domínio.	85
Figura 38 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de iterações para o objeto na borda do domínio.	86
Figura 39 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de avaliações da função objetivo para o objeto no centro do domínio. . .	87
Figura 40 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de avaliações da função objetivo para o objeto entre o centro e a borda do domínio.	87
Figura 41 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de avaliações da função objetivo para o objeto na borda do domínio. . .	88

Lista de tabelas

Tabela 1 – Valores de condutividade (em S/m) e permissividade para tecidos nas frequências 2,45 MHz e 13,56 MHz à 37 °C	21
Tabela 2 – Pseudocódigo dos Algoritmos Genéticos	42
Tabela 3 – Pseudocódigo da Evolução Diferencial	44
Tabela 4 – Pseudocódigo da otimização por enxame de partículas	45
Tabela 5 – Pseudocódigo da busca por cardumes de peixes	49
Tabela 6 – Pseudocódigo do método busca por cardumes de peixes baseada em densidade	52
Tabela 7 – Tabela comparativa entre os métodos.	66
Tabela 8 – Parâmetros utilizados pelos algoritmos evolucionários e bioinspirados usados na pesquisa.	70
Tabela 9 – A melhor e a pior solução, a média da aptidão das populações e o tempo médio (em minutos) para 20 simulação para GA, DE, FSS, FSS+NBS e dFSS. Os resultados em C, CB e B são, respectivamente, para o objeto no centro, entre o centro e a borda e na borda do domínio circular com 415 elementos finitos.	81
Tabela 10 – A melhor e a pior solução, a média da aptidão das populações e o tempo médio (em minutos) para 20 simulação para GA, DE, FSS, FSS+NBS e dFSS. Os resultados em C, CB e B são, respectivamente, para o objeto no centro, entre o centro e a borda e na borda do domínio circular com 3190 elementos finitos.	89
Tabela 11 – Trabalhos publicados durante este trabalho	93

Lista de abreviaturas e siglas

ABC	<i>Artificial Bee Colony</i>
ANN	<i>Artificial Neural Network</i>
APT	<i>Applied Potential Tomography</i>
DE	<i>Differential Evolution</i>
dFSS	<i>Density based on Fish School Search</i>
EIDORS	<i>Electrical Impedance Tomography and Diffuse Optical Tomography Reconstruction Software</i>
EIT	<i>Electrical Impedance Tomography</i>
EIM	<i>Electrical Impedance Mamography</i>
FSS	<i>Fish School Search</i>
FSS+NBS	<i>Fish School Search implementada com Non-Blind Search</i>
GA	<i>Genetic Algorithm</i>
LADMM	<i>Linearized Alternating Direction Method of Multipliers</i>
MEF	Método dos Elementos Finitos
MIE	Mamografia por Impedância Elétrica
NBS	<i>Non-Blind Search</i>
PSO	<i>Particle Swarm Optimization</i>
ROI	<i>Region of Interest</i>
RMN	Ressonância Magnética Nuclear
SCG	<i>Sensitivity-Theorem-Based Conjugate Gradiente</i>
SVM	<i>Support Vector Machine</i>
TC	Tomografia Computadorizada
TEP	Tomografia por Emissão de Pósitrons
TIE	Tomografia por Impedância Elétrica
UTI	Unidade de Terapia Intensiva

Lista de símbolos

Z	Impedância Elétrica
R	Resistência
X	Reatância
V	Diferença de potencial elétrico
I	Corrente alternada
Y	Admitância
G	Condutância
B	Susceptância
Ω	Domínio fechado
$\partial\Omega$	Contorno do domínio fechado
σ	Condutividade elétrica no domínio Ω
ϕ	Potencial Elétrico no domínio Ω
ϕ_{ext}	Potencial Elétrico no contorno do domínio $\partial\Omega$
\vec{J}	Densidade de Corrente
\vec{E}	Campo Elétrico
∇	Operador gradiente
$\nabla \cdot$	Operador divergente
\hat{n}	Versor normal à fronteira do domínio Ω orientado para fora
n_e	número de eletrodos
$f_o(x)$	Função objetivo
V	Distribuição de potenciais elétricos de borda medidos
$U(x)$	Distribuição de potenciais elétricos de bordas calculados
$P(i)$	Probabilidade do indivíduo i ser escolhido para cruzar
$x_{i,G}$	<i>Target vector</i>

$v_{i,G+1}$	<i>Donor vector</i>
$u_{j,i,G+1}$	<i>Trial vector</i>
F	Taxa de mutação
CR	Taxa de recombinação
x_{ind_i}	Posição do peixe
Δx_{ind_i}	Deslocamento individual do peixe
$rand(-1, 1)$	Vetor de valores uniformemente distribuídos no intervalo $[-1, 1]$
$step_{ind}$	Passo individual
$step_{ind_i}$	Passo individual inicial
$step_{ind_f}$	Passo individual final
iterações	valor máximo possível de iterações do FSS
$W_i(t)$	Peso do peixe i
Δf_i	Variação da função de aptidão do peixe i após o movimento individual
N	Número de peixes no cardume
$I(t)$	Direção resultante
$Bari(t)$	Centro de massa do cardume
$step_{vol}$	Passo do movimento coletivo-volitivo
$rand(0, 1)$	Vetor de valores uniformemente distribuídos no intervalo $[0, 1]$
$C(i, j)$	Quantidade de comida compartilhada de um peixe i para outro peixe j
q_{ij}	Densidade de peixes ao redor do peixe i
$d_{R_{ij}}$	Distância normalizada
Q	Número de peixes que foram bem-sucedidos durante o movimento individual
$step_{inic}$	Passo individual inicial
$decay_i$	Taxa de decaimento
$decay_{min}$	Taxa de decaimento mínimo

$decay_{max}$	Taxa de decaimento máximo
$decay_{max_{inic}}$	Taxa de decaimento máximo inicial
$decay_{max_{final}}$	Taxa de decaimento máximo final
T_{max}	Número máximo de iterações do dFSS
M_i	Memória do peixe i
M_{ij}	Componente de M_i , indica a influência do peixe j sobre o peixe i
ρ	Taxa de esquecimento para o Operador de Memória
I_i	Vetor direção resultado do peixe i
$Bar_i_k(t)$	Baricentro do subcardume k

Sumário

1	INTRODUÇÃO	19
1.1	Contexto e Motivação	23
1.2	Objetivos	23
1.3	Organização do Trabalho	24
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	25
2.1	Impedância e Admitância elétrica	25
2.2	Tomografia por Impedância Elétrica	26
2.2.1	Aplicações da Tomografia por Impedância Elétrica	30
2.2.2	Método Gauss-Newton	31
2.2.3	Reconstrução de Imagens de TIE como um problema de otimização	32
2.3	Computação Evolucionária e Bioinspirada	34
2.3.1	Algoritmos Genéticos	38
2.3.2	Evolução Diferencial	42
2.3.3	Otimização por Enxame de Partículas	44
2.3.4	Busca por Cardumes de Peixes	45
2.3.5	Busca por Cardumes de Peixes baseada em Densidade	49
2.3.6	Busca Não-Cega	52
2.4	Considerações	53
3	TRABALHOS RELACIONADOS	54
3.1	Estado da Arte	54
3.1.1	Tomografia por Impedância Elétrica	54
3.1.2	Computação Evolucionária e Bioinspirada	59
3.2	Considerações	66
4	PROPOSTA: TIE E BUSCA POR CARDUMES DE PEIXES	67
4.1	Método de Reconstrução Proposto	67
4.2	Infraestrutura Experimental	67
4.3	Implementação da Reconstrução	70
4.4	Considerações	71
5	RESULTADOS E DISCUSSÃO	72
5.1	Resultados Experimentais	72
5.2	Discussão e Considerações	89
6	CONCLUSÃO	91

6.1	Dificuldades Apresentadas	92
6.2	Contribuições	92
6.3	Trabalhos Futuros	94
	REFERÊNCIAS	95
	APÊNDICES	103
	APÊNDICE A – RECONSTRUÇÃO DE IMAGENS DE TOMOGRAFIA POR IMPEDÂNCIA ELÉTRICA USANDO CARDUME DE PEIXES, BUSCA NÃO-CEGA E ALGORITMO GE- NÉTICO	104
	APÊNDICE B – RECONSTRUÇÃO DE IMAGENS DE TIE USANDO SI- MULATED ANNEALING, EVOLUÇÃO DIFERENCIAL E ALGORITMOS GENÉTICOS	111
	APÊNDICE C – RECONSTRUÇÃO DE IMAGENS DE TIE USANDO BUSCA POR CARDUME DE PEIXES E DENSITY BASED ON FISH SCHOOL SEARCH	118
	APÊNDICE D – EVOLUÇÃO DIFERENCIAL HÍBRIDA PARA RECONS- TRUÇÃO DE IMAGENS DE TOMOGRAFIA POR IM- PEDÂNCIA ELÉTRICA	123
	APÊNDICE E – APLICAÇÃO DE PROGRAMAÇÃO EVOLUCIONÁRIA E ALGORITMO GENÉTICO PARA RECONSTRUÇÃO DE IMAGENS DE EIT	128
	APÊNDICE F – PROPOSTA DE UM TOMÓGRAFO DE IMPEDÂNCIA DE BAIXO CUSTO BASEADO NO PARADIGMA OPEN- HARDWARE	133

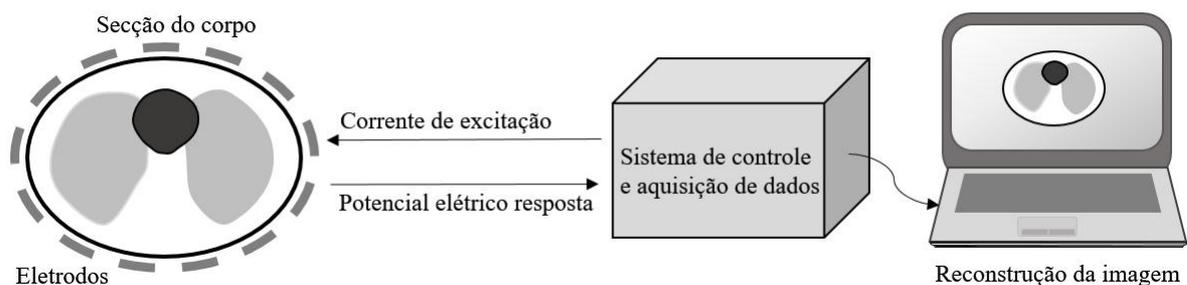
1 Introdução

Parte do desenvolvimento e evolução da medicina como ela é hoje em dia se deve à inserção da tecnologia na área médica. De fato, a tecnologia serve como uma poderosa ferramenta aos profissionais da saúde, tornando o atendimento ao paciente mais objetivo, eficiente e eficaz. É em razão do uso da tecnologia na medicina que hoje é possível obter informações valiosas do estado de saúde do paciente sem que haja nenhuma ou uma mínima invasão possível do seu corpo.

A tecnologia está presente na medicina de diversas formas, como nos aparelhos de registro de sinais bioelétricos, nos aparelhos de exames laboratoriais, na utilização de lasers desde na realizações de cirurgias como no tratamento de doenças, como também nos *softwares* de apoio ao diagnóstico. Certamente, não há limites da inserção da tecnologia na medicina. Uma área que merece destaque e que vem crescendo de forma significativa nas últimas décadas é a imagiologia médica, com a qual é possível se dispor de imagens anatômicas e/ou funcionais de diferentes regiões do corpo do paciente contribuindo ao diagnósticos de diversas doenças, má-formações, traumas e etc.

Uma promissora técnica de imagem, não invasiva e livre de radiações ionizantes, é a Tomografia por Impedância Elétrica - TIE (ou em inglês, *Electrical Impedance Tomography - EIT*). A qual se trata de uma técnica que constrói imagens do interior de um corpo (ou objeto) mediante grandezas elétricas medidas em sua superfície. A realização da técnica ocorre a partir da disposição de eletrodos ao longo de uma seção transversal do corpo os quais estão conectados a um sistema de controle e aquisição de dados responsável pela aplicação de um padrão de corrente elétrica alternada de baixa amplitude e medição dos potenciais elétricos de borda resultantes à excitação. Em seguida, os dados de corrente e potenciais elétricos são enviados a um computador responsável por fazer a reconstrução da imagem do corpo (ROLNIK; JR, 2006; RASTEIRO et al., 2011). Na Figura 1 é dado a esquematização da técnica de tomografia por impedância elétrica.

Figura 1 – Esquemático da tomografia por impedância elétrica.



Fonte: Elaborado pelo autor.

Um dos primeiros estudos na tentativa de obter informações sobre propriedades elétricas de um meio através da aplicação de uma corrente elétrica foi realizado por [Stefanescu, Schlumberger e Schlumberger \(1930\)](#), onde o objetivo foi determinar a distribuição de potencial elétrico em diferentes camadas sobrepostas de solos homogêneas e isotrópicas. Já os pioneiros na obtenção de imagens do corpo humano a partir de suas propriedades elétricas foram [Henderson e Webster](#) no ano de 1978 em que publicaram o artigo "*An Impedance Camera for Spatially Specific Measurements of the Thorax*". [Henderson e Webster](#) desenvolveram um aparelho chamado por eles de *Câmara de impedância* o qual utilizando-se de 144 eletrodos aplicava uma diferença de potencial no peito e media as correntes resultantes nas costas de uma pessoa, as imagens obtidas por eles possuíam baixa resolução ([HENDERSON; WEBSTER, 1978](#)), mas o trabalho acabou inspirando o interesse de pesquisadores na área ([MENIN, 2009](#)). Também merece destaque o trabalho do grupo *Sheffield* ([BROWN; SEAGAR, 1987](#)), no pioneirismo na obtenção de imagens clínicas utilizando um sistema de impedância elétrica chamado por eles de *Applied potential tomography* (APT) para a realização das imagens do mapeamento da distribuição de resistividade ([BAYFORD, 2006](#)). A primeira imagem de TIE tridimensional foi obtida por [Metherall et al. \(1996\)](#) também integrantes do grupo *Sheffield* ([BAYFORD, 2006](#)).

Basicamente, em razão da forma como a reconstrução ocorre, há dois tipos de imagens de TIE: a imagem diferencial e a imagem absoluta. Para as imagens diferenciais, a reconstrução é feita através da medição de dois conjuntos de dados em momentos ou frequências de excitação diferentes na superfície do domínio. E então, esses dados são subtraídos e divididos por um conjunto de dados de referência. A reconstrução resultante produz as imagens diferenciais as quais representa a mudança na proporção ou percentual de alguns parâmetros fisiológicos como o volume de sangue ou o tamanho da célula. As imagens de pulmão obtidas pelo grupo *Sheffield* foram produzidas usando este método. Por outro lado, as imagens absolutas representam a distribuição absoluta das propriedades elétricas do interior do domínio, ou seja, o objetivo é encontrar uma distribuição que seja uma aproximação dos valores reais das propriedades consideradas. O método absoluto é tecnicamente mais difícil do que o método diferencial ([BAYFORD, 2006](#)), sendo assim, os algoritmos para os métodos absolutos mais custosos computacionalmente do que o primeiro método.

Então, as imagens absolutas obtidas pela TIE são a reprodução computacional do mapeamento estimado das propriedades elétricas do interior da seção do corpo, calculadas a partir da relação entre os dados de excitação e os dados de resposta. Onde por propriedades elétricas, neste caso, entendem-se por condutividade e permissividade elétrica, sendo a condutividade elétrica a medida do quão fácil um material conduz eletricidade e a permissividade elétrica a medida do quão facilmente cargas elétricas de um material se separa sob um campo elétrico imposto. Um material bom condutor permite a passagem de correntes contínuas e alternadas, enquanto que um material de alta permissividade permite

a passagem apenas de correntes alternadas (CHENEY; ISAACSON; NEWELL, 1999). Os tecidos e órgãos do corpo humano, devido a sua constituição, possuem valores característicos de condutividade e permissividade, fatores como concentração de água, de íons, irrigação sanguínea, e entre outros, determinam que o tecido ou órgão seja mais ou menos condutivo ou permissivo. É em razão a isso que o uso da tomografia por impedância elétrica é possível na área médica, pois a diferença de condutividade e permissividade entre órgãos fornece o contraste na imagem de TIE necessário para a diferenciação desses órgãos. Na Tabela 1 são dados valores de condutividades e permissividade de diferentes órgãos e tecidos para as frequências de 2,45 MHz e 13,56 MHz submetidos a uma temperatura de 37 °C.

Tabela 1 – Valores de condutividade (em S/m) e permissividade para tecidos nas frequências 2,45 MHz e 13,56 MHz à 37 °C

Tecido	Condutividade (S/m)		Permissividade	
	2,45 MHz	13,56 MHz	2,45 MHz	13,56 MHz
Artéria	1,85	-	43	-
Sangue	2,04	1,16	60	155
Osso (com medula)	0,21	0,03	4,8	11
Cérebro				
Matéria Branca	1,04	0,27	35,5	182
Matéria Cinza	1,43	0,4	43	310
Gordura	0,82	0,21	12	38
Rim	2,63	0,72	50	402
Fígado	1,79	0,49	44	288
Pulmão				
Inflado	-	0,11	-	42
Deflacionado	-	0,29	-	94
Músculo	2,56	0,74	49,6	152
Pele	1,85	0,25	44	120
Baço	-	0,86	-	269

Fonte: Pethig (1984).

Atualmente, o campo de imagens médicas possui técnicas bem consolidadas como o raio-X, a Tomografia Computadorizada (TC), a Ressonância Magnética Nuclear (RMN), a Tomografia por Emissão de Pósitrons (TEP) e etc. Apesar disso a tomografia por impedância elétrica possui vantagens com relações as essas técnicas que fazem com a TIE seja uma técnica promissora no ramo de imagiologia médica, essas vantagens são:

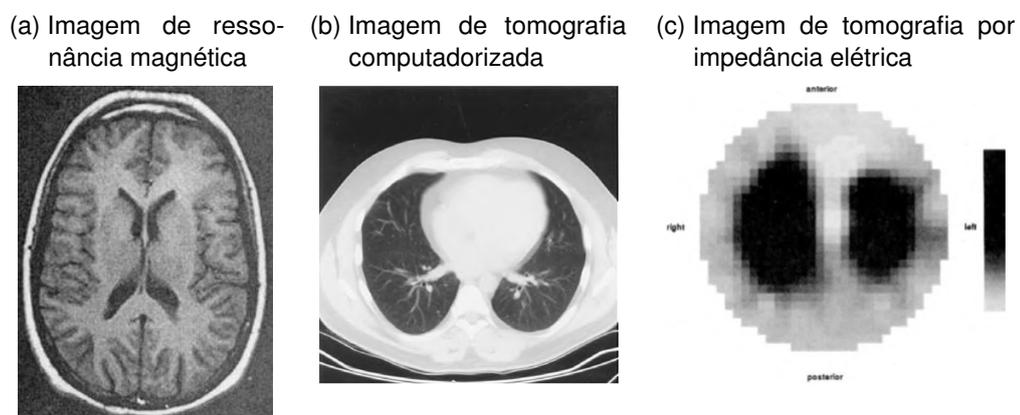
- A TIE não usa radiação ionizante, sendo inofensiva para o paciente (CHENEY; ISAACSON; NEWELL, 1999). Dessa forma, torna-se viável a realização da técnica por várias vezes ou até mesmo o seu uso contínuo em monitoramento de determinada funcionalidade do corpo.
- O tomógrafo de impedância elétrica possui pequenas dimensões (MENIN, 2009).

Permitindo que o aparelho seja deslocado até o paciente, e inclusive, que o aparelho seja utilizado no leito de pacientes em Unidades de Terapia Intensiva (UTI).

- O tomógrafo por impedância elétrica possui baixo custo com relação a outras técnicas de imagem, viabilizando sua aplicação em unidades de saúde de baixo custo. Para se ter ideia, um aparelho de tomografia computadorizada pode chegar a US\$ 1 milhão, enquanto que estimativas apontam para um valor em torno de US\$ 10 mil para um tomógrafo de impedância elétrica (MENIN, 2009 apud SILVA, 2006, p. 24).

Embora essas vantagens que fazem da técnica de TIE promissora, ela ainda é recente e não está fortemente estabelecida, apresentando imagens de baixa resolução e reconstrução lenta quando comparadas a outras técnicas de tomografia utilizadas (TEHRANI et al., 2010; KUMAR et al., 2010), tornando a técnica pouco confiável para o diagnóstico médico. Outras técnicas da imagiologia médica tais como ressonância magnética e tomografia computadorizada, possuem resolução das imagens geradas melhores que as da TIE como é possível observar na Figura 2 onde em (a) é mostrado uma imagem do cérebro obtida pela ressonância magnética, em (b) e (c) imagens do tórax obtidas pela tomografia computadorizada e pela tomografia por impedância elétrica, respectivamente.

Figura 2 – Imagens de diferentes tipos de tomógrafos



Fonte: Bronzino (1999).

O processo de reconstrução de imagens de TIE é dividido em dois problemas: o problema direto e o problema inverso (TEHRANI et al., 2010; KUMAR et al., 2010). No problema direto, é conhecido a distribuição de condutividade interna no domínio e o padrão de corrente de excitação e o objetivo é determinar a distribuição de potencial elétrico nos pontos internos e no contorno (borda) do domínio (MENIN, 2009). Essa relação é dada pela equação de Poisson e suas condições de contorno para o problema de TIE (ver seção 2.2). No problema inverso, o objetivo é estimar a distribuição de condutividade interna no domínio conhecendo-se o padrão de corrente de excitação e os potenciais de borda em resposta à excitação. Sendo o problema inverso, matematicamente, um problema não-linear, mal posto e mal condicionado (YORKEY; WEBSTER; TOMPKINS, 1987; ROLNIK; JR, 2006), pois a

resolução do problema inverso pode haver mais de uma solução para os mesmos valores de entradas, além de ser um problema instável (i.e. pequenos erros de medições nos dados pode levar indefinidamente a grandes erros na solução) (YORKEY; WEBSTER; TOMPKINS, 1987; ROLNIK; JR, 2006). O que faz com que a imagem de TIE seja bastante dependente do método de reconstrução utilizado.

1.1 Contexto e Motivação

Pelo fato da tomografia por impedância elétrica possuir vantagens bem promissoras, mas por não obter imagens com resolução adequadas para a sua aplicação na medicina e possuir um tempo de reconstrução elevado, é necessário que mais estudos sobre os métodos de reconstrução de imagens sejam realizados na tentativa de amenizar essas deficiências. Nos dias de hoje, é observado métodos de reconstrução que utilizam algoritmos iterativos, não iterativos, e métodos híbridos. Onde o uso de técnicas da Computação Evolucionária vem se tornando cada vez mais comum e recorrente entre os pesquisadores da área. Dessa forma, o trabalho aqui proposto visa contribuir na área de tomografia por impedância elétrica como mais um estudo da aplicação de algoritmos da Computação Evolucionária para a reconstrução de imagens de TIE.

1.2 Objetivos

Este trabalho tem como objetivo principal o desenvolvimento de uma ferramenta computacional para a reconstrução de imagens de tomografia por impedância elétrica utilizando algoritmos evolucionários e bioinspirados, com ênfase nas técnicas de busca baseadas em cardumes de peixes. O trabalho visa o aumento na resolução das imagens reconstruídas e a diminuição do tempo de reconstrução.

Como objetivos específicos ou metas, tem-se:

- Revisão dos métodos numéricos de resolução do problema direto da TIE, dos métodos iterativos de resolução do problema inverso da TIE, dos algoritmos evolucionários em sua abordagem clássica e as técnicas híbridas relacionadas;
- Elaboração de uma ferramenta computacional de reconstrução de imagens de TIE;
- Obtenção dos resultados da técnica proposta e comparação com os resultados de técnicas do estado da arte;
- Divulgação dos resultados através de publicações em periódicos e conferências.

1.3 Organização do Trabalho

Este trabalho está organizado da seguinte forma: no Capítulo 2 são apresentados os conceitos teóricos necessários ao entendimento do trabalho, como a fundamentação matemática da tomografia por impedância elétrica e os algoritmos evolucionários. No Capítulo 3 é feita a discussão e comparação sobre alguns trabalhos publicados nos últimos anos correlacionados a este trabalho. No Capítulo 4 é apresentado a proposta do trabalho que é a reconstrução de imagens de tomografia por impedância elétrica como um problema de otimização através de algoritmos evolucionários tendo como foco a utilização do algoritmo de busca por cardumes de peixes, também são apresentadas as imagens de provas chamadas de imagens padrão ouro utilizadas no trabalho para avaliar a capacidade de reconstrução dos métodos de reconstrução utilizados. Os resultados obtidos durante o trabalho são mostrados e discutidos no Capítulo 5. Por fim, no Capítulo 6 tem-se as conclusões gerais, as dificuldades encontradas, como também as contribuições do trabalho e as perspectivas para trabalhos futuros.

2 Fundamentação Teórica

2.1 Impedância e Admitância elétrica

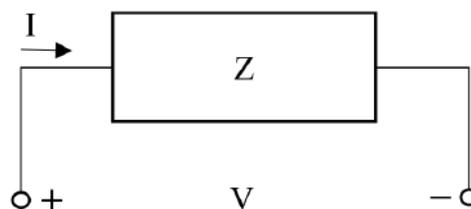
A oposição de um corpo à passagem de corrente elétrica alternada recebe o nome de impedância elétrica, usualmente, ela é representada pela letra Z e sua unidade de medição é o *ohm* (Ω) (TORRES, 2002). A impedância elétrica é um número complexo, onde sua parte real e imaginária representam, respectivamente, a resistência e a reatância do material, essa relação é representada pela Equação 2.1, onde R é a resistência e X a reatância, sendo a reatância dependente da frequência da corrente alternada (JOHNSON; HILBURN; JOHNSON, 2001).

$$Z = R + jX \quad (2.1)$$

A Figura 3 mostra um circuito geral onde um objeto qualquer é submetido à uma diferença de potencial elétrico e uma corrente elétrica alternada. Segundo a lei de Ohm, a razão entre a diferença de potencial elétrico V e a corrente alternada I é constante e igual à impedância elétrica do corpo Z como é mostrado na Equação 2.2 (JOHNSON; HILBURN; JOHNSON, 2001):

$$Z = \frac{V}{I} \quad (2.2)$$

Figura 3 – Circuito geral.



Fonte: Elaborada pelo autor.

O inverso da impedância elétrica é definido como sendo a admitância, representada pela letra Y e medida em *Siemens* (S). Como a impedância elétrica representa a oposição à passagem de corrente elétrica, a admitância representa a facilidade de um material conduzir corrente elétrica (JOHNSON; HILBURN; JOHNSON, 2001). A admitância é representada na Equação 2.3, onde G e B são, respectivamente, a condutância e susceptância. Da mesma

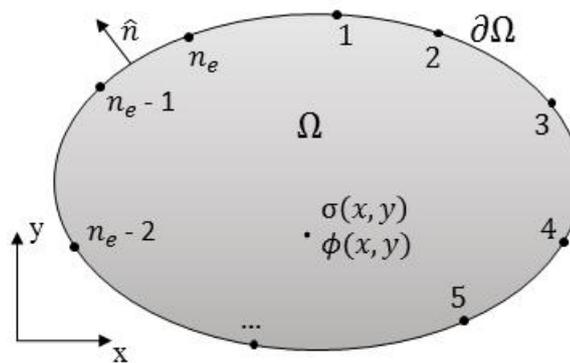
forma que a reatância X , a susceptância também depende da frequência da corrente aplicada ao corpo.

$$Y = \frac{1}{Z} = G + jB \quad (2.3)$$

2.2 Tomografia por Impedância Elétrica

Do ponto de visto matemático, o domínio de estudo da Tomografia por Impedância Elétrica (i.e., a seção ao qual queremos obter uma imagem) pode ser considerado como sendo uma região bidimensional fechada Ω onde sua superfície de contorno é dada por $\partial\Omega$ como é mostrado na Figura 4.

Figura 4 – Domínio da TIE



Fonte: Elaborado pelo autor.

Para reduzir a complexidade do problema é considerado que o domínio a ser imageado consiste de um meio isotrópico¹. Na verdade, a natureza elétrica dos órgãos e tecidos humanos é anisotrópica² (BAYFORD, 2006; WANG et al., 2015), sendo assim, esta hipótese considerada aqui errada, mas necessária devido ao limitado conhecimento sobre isso em TIE e áreas relacionadas (BAYFORD, 2006).

Levando em consideração uma corrente de excitação de baixa frequência (da ordem de 125 KHz) o efeito da permissividade pode ser desconsiderado (HERRERA, 2007). Sendo assim, a propriedade elétrica do meio a ser considerada é a condutividade $\sigma(x, y)$ pois ao considerar baixas frequências os efeitos indutivos e capacitivos podem ser ignorados (MOMENTÉ et al., 2013). Deste modo, a densidade de corrente \vec{J} gerada a partir da corrente elétrica injetada é dada pela Equação 2.4 (HERRERA, 2007).

$$\vec{J} = \sigma \vec{E} \quad (2.4)$$

¹ Um material isotrópico é um meio onde suas características elétricas não dependem da direção considerada.

² Ao contrário de um material isotrópico, um material anisotrópico possui suas características dependentes da direção.

onde \vec{E} representa o campo elétrico do meio. Considerando que o valor da frequência de excitação é inferior a 30 MHz, tem-se que (HUA et al., 1993):

$$\vec{E} = -\nabla\phi \quad (2.5)$$

$$\nabla \cdot \vec{J} = 0 \quad (2.6)$$

onde ∇ é o símbolo *nabla* que denota a operação gradiente³, $\nabla \cdot$ é o operador divergente⁴ e $\phi(x, y)$ representa o potencial elétrico interno no ponto (x, y) do domínio Ω . Dessa forma, substituindo as Equações 2.5 e 2.6 na Equação 2.4 obtém-se a Equação de Poisson, dada em 2.7, o qual relaciona os valores de condutividade e potenciais elétricos de um domínio (HUA et al., 1993; HERRERA, 2007).

$$\nabla \cdot (\sigma \nabla \phi) = 0 \quad (2.7)$$

A Equação de Poisson possui ilimitadas soluções, isso quer dizer que para uma dada distribuição de potenciais elétricos existem diversas distribuições de condutividade as quais satisfazem a Equação 2.7. O número de soluções é limitado através de condições de contorno inerentes ao problema. Como no caso da TIE as correntes são injetadas apenas pelos eletrodos em volta do paciente, ou seja, em posições específicas na superfície do domínio, podemos levar em consideração a seguinte condição de contorno:

$$\sigma \frac{\partial \phi(\sigma)}{\partial \hat{n}} = \begin{cases} J_i, & i = 1, 2, 3, \dots, n_e \\ 0, & \text{nos demais pontos de } \partial\Omega \end{cases} \quad (2.8)$$

onde n_e é o número de eletrodos utilizado e \hat{n} é um versor⁵ normal à fronteira do domínio orientado para fora. Seguindo a mesma linha de pensamento, os potenciais elétricos conhecidos são os potenciais dispostos no contorno do domínio medidos pelos eletrodos, dessa forma, é obtido a segunda condição de contorno do problema:

$$\phi_{ext}(x, y) = \phi(x, y), \forall (x, y) \in \partial\Omega \quad (2.9)$$

onde $\phi_{ext}(x, y)$ é a distribuição de potencial elétrico medidos pelos eletrodos.

A determinação da distribuição dos potenciais elétricos medidos pelos eletrodos $\phi_{ext}(u, v)$, conhecendo-se a corrente elétrica de excitação $I(u, v)$, e a distribuição de condutividade interna $\sigma(x, y)$ é chamada de Problema Direto da Tomografia por Impedância Elétrica definido pela Equação 2.7 e pelas condições de contorno 2.8 e 2.9 (HERRERA,

³ Gradiente de $F(x, y) = \nabla F(x, y) = i \frac{\partial F(x, y)}{\partial x} + j \frac{\partial F(x, y)}{\partial y} = \left(\frac{\partial F(x, y)}{\partial x}, \frac{\partial F(x, y)}{\partial y} \right)$.

⁴ Divergente de $F(F_x, F_y) = \nabla \cdot F(F_x, F_y) = \frac{\partial F_x}{\partial x} + \frac{\partial F_y}{\partial y}$.

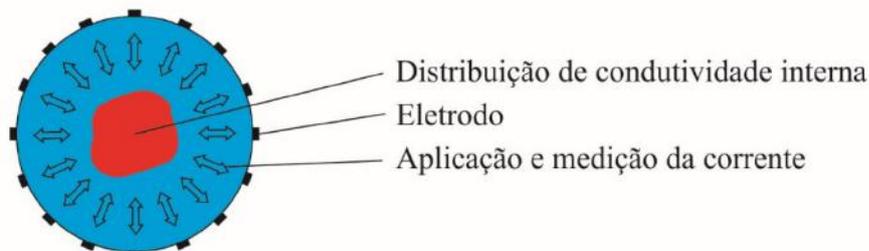
⁵ Versor é um vetor do módulo unitário usualmente utilizado para indicar direção e sentido em uma determinada operação.

2007). O problema direto pode ser modelado pela relação dada na Equação 2.10, enquanto que a representação do problema direto é dado na Figura 5.

$$\phi_{ext}(u, v) = f(I(u, v), \sigma(x, y)), \quad \forall (u, v) \in \partial\Omega \wedge (x, y) \in \Omega \quad (2.10)$$

Na maioria dos casos, não é possível resolver o problema direto analiticamente (MENIN, 2009; RIBEIRO, 2016), sendo necessário o uso de métodos de discretização do domínio a ser reconstruído, onde através de métodos numéricos é possível encontrar uma solução aproximada do problema. Um dos métodos de discretização mais utilizado para o problema direto da TIE é o Método dos Elementos Finitos - MEF (ou *Finite Element Method* em inglês) (BATHE, 2006). Neste método, o domínio a ser imageado é dividido em formas geométricas (como triângulos) chamadas de elementos finitos, onde cada elemento no MEF possui um valor específico de condutividade. Sendo assim, a distribuição de condutividade que antes era dada por um conjunto infinito de pontos no interior do domínio é transformada numa distribuição finita dada pelos elementos. No MEF, a Equação de Poisson e suas condições de contornos são então transformadas em um sistema de equações lineares o qual pode ser resolvido por métodos lineares (MOMENTÉ et al., 2013). O número de elementos finitos na malha (como é chamado a forma com a qual o domínio está dividido pelos elementos) define o refinamento da solução, ou seja, quanto maior for o número de elementos na malha, maior será o refinamento. Isso implica em uma solução mais fiel à realidade e de melhor qualidade, mas em consequência há um aumento do sistema de equações lineares e consequentemente um aumento no custo computacional para a resolução do problema. No Capítulo 4 são mostradas as malhas de elementos finitos utilizadas neste trabalho. Segundo Menin (2009), o MEF possui a vantagem de aceitar domínios com geometrias complexas além de permitir um maior refinamento da malha apenas em certas regiões críticas, contudo, o método pode gerar sistemas grandes os quais dependem do refinamento desejado.

Figura 5 – Representação do Problema Direto



Fonte: Feitosa (2015).

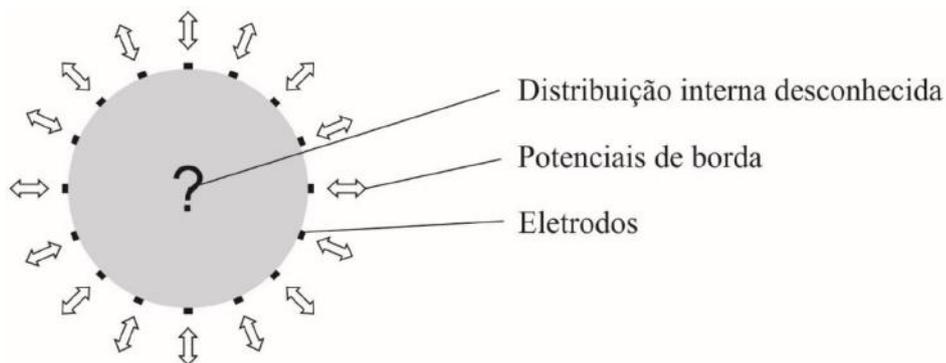
O segundo problema considerado na Tomografia por Impedância Elétrica é o Problema Inverso. Sendo o problema inverso o problema de reconstrução de imagens de TIE em si (ROLNIK; JR, 2006). O seu objetivo é determinar a distribuição de condutividade

interna $\sigma(x, y)$ no domínio conhecendo-se a corrente de excitação $I(u, v)$ e os potenciais de borda medidos nos eletrodos $\phi_{ext}(u, v)$. Neste problema é considerado o inverso da função dada na Equação 2.10, sendo o problema inverso modelado como conforme é dado na Equação 2.11. Na Figura 6 é mostrado a representação do problema inverso.

$$\sigma(x, y) = f^{-1}(I(u, v), \phi_{ext}(u, v)), \quad \forall (u, v) \in \partial\Omega \wedge (x, y) \in \Omega \quad (2.11)$$

Então, o problema direto consiste em resolver a Equação de Poisson 2.7 conhecendo-se a distribuição de condutividade no interior do domínio e a condição de contorno dado na Equação 2.8 para a corrente injetada. Enquanto que o problema inverso é dado através da resolução da Equação 2.7 conhecendo-se as duas condições de contorno dado pelas Equações 2.8 e 2.9, mas desconhecendo-se a distribuição de condutividade (ROLNIK, 2003 apud MENIN, 2009, p. 33).

Figura 6 – Representação do Problema Inverso



Fonte: Feitosa (2015).

O problema inverso da TIE é um problema intrinsecamente mal posto, pois o problema não possui solução única, ou seja, diversas distribuições de condutividades responderiam à excitação de corrente a mesma distribuição de potenciais elétricos medidos. Segundo Bayford (2006), se as medições fossem feitas com uma precisão infinita e sobre a superfície inteira do domínio, o problema teria solução única. Contudo, no processo de imageamento os dados são discretamente amostrados e ruidosos causando uma perda de informação. Além de que uma grande variação de condutividade pode produzir apenas uma pequena variação nas medidas discretas. Dessa forma, o ideal seria usar o máximo de eletrodos possível, Tang et al. (2002) constatou que aumentando o número de eletrodos é possível melhorar a condição de mal posto do problema, melhorando assim, a imagem reconstruída. No entanto, também foi constatado por Tang et al. (2002) que o aumento do número de eletrodos aumenta significativamente o tempo de reconstrução. Além de que o número de eletrodos é limitado pela área de medição e o tamanho dos eletrodos (HUANG; YU; CHUNG, 2008). O problema inverso também é mal condicionado pois pequenas oscilações nas medições (como ruídos) podem produzir grandes oscilações na solução final e não

linear pois mudanças nos valores de condutividade do domínio não produzem uma mudança linear nos valores de potenciais de superfície (BAYFORD, 2006).

2.2.1 Aplicações da Tomografia por Impedância Elétrica

A tomografia por impedância elétrica possui diversas aplicações e em diferentes áreas. Nos próximos parágrafos serão discutidas algumas dessas aplicações nas áreas da geofísica, indústria, botânica e medicina (foco principal deste trabalho).

Na literatura da geofísica a tomografia por impedância elétrica também é chamada de tomografia por resistividade elétrica (ERT) (BOUCHETTE et al., 2014). Entre as suas aplicações na geofísica, a TIE pode ser utilizada para encontrar armazenamento subterrâneo de minerais e diferentes formações geológicas (CHENEY; ISAACSON; NEWELL, 1999), na detecção de objetos e minas antitanques enterrados em diferentes tipos de solos, especialmente para as solos úmidos e submersos, onde outros detectores de minas possui baixo desempenho (CHURCH et al., 2006; BOUCHETTE et al., 2014). E também para monitorar processos de remediação *in situ* para a remoção de compostos orgânicos voláteis em águas subterrâneas ou no solo (DAILY; RAMIREZ, 1995).

Na indústria, a TIE pode ser utilizada no monitoramento de escoamentos bifásico ou multifásico em tubulações (ROLNIK; JR, 2006). Segundo Dong et al. (2006), além das imagens de condutividade, com a TIE é possível estimar a taxa de fluxo e medir alguns parâmetros do fluxo, tais como a fração de vazio (*void fraction*) da fase dispersa, investigar processos de filtração sólido-líquido, medir a distribuição da velocidade angular na mistura de líquidos miscíveis. Sendo a TIE adequada para monitorar vários tipos de escoamento bifásicos como o gás-líquido, neste caso sendo o líquido a fase contínua e o gás a fase dispersa (DONG et al., 2006), o óleo-gás da indústria petroleira, o sistema de transporte pneumático gás-sólido (HUANG; WANG; LI, 2003). Outras aplicações da TIE na indústria são: geração de imagens do processo de polimerização de náilon a temperaturas e pressões elevadas (DYAKOWSKI et al., 2000); detecção de vazamento em tubos enterrados (JORDANA; GASULLA; PALLÁS-ARENY, 1999); monitoração da liberação de drogas em solução em função do tempo (nesse exemplo é explorado a relação entre a concentração de droga e a condutividade da solução) (RIMPILÄINEN et al., 2010).

Na botânica a TIE pode ser aplicada na geração de imagens do interior do tronco de árvores. Sendo uma forma não-invasiva de conhecer a condição biológica e detectar deteriorações de árvores através do conhecimento de propriedades químicas da madeira dos seus troncos (como teor de umidade, estrutura das células e concentração iônica). Em posse dessas informações é possível avaliar o risco de queda da árvore (FILIPOWICZ; RYMARCZYK, 2012; IPT, 2012).

Na medicina a TIE possui diversas aplicações, sendo uma delas a realização de

imagens 3-D da mama e na detecção do câncer mamário, nesta aplicação é utilizado uma matriz planar de eletrodos dispostos em forma quadricular (CHERPENIN et al., 2001) ou circular (CHERPENIN et al., 2002), sendo a matriz circular mais adequada do que a quadrada pois os eletrodos na quinas do quadrado possuem baixo contato com a mama, o que resulta em borrões nas quinas das imagens reconstruídas, sendo apenas a região central apropriada para análise. A imagem tridimensional da mama é feita a partir de várias imagens feitas em diferentes fatias em diferentes distâncias da matriz de eletrodos (CHERPENIN et al., 2001; CHERPENIN et al., 2002). Quando aplicado a imagens da mama, alguns autores também chamam a técnica de *Electrical Impedance Mamography* - EIM (Mamografia por Impedância Elétrica) (TROKHANOVA; OKHAPKIN; KORJENEVSKY, 2008; HUBER et al., 2010; ZHANG et al., 2014). Outra aplicação de destaque é o uso da técnica de TIE no monitoramento de ventilação pulmonar mecânica em pacientes em tratamento intensivo (ALVES et al., 2014), nesse caso, a eficiência do tratamento normalmente é medida através de exames de sangue de amostras retiradas ao longo do dia que avaliam a quantidade de oxigênio e gás carbônico presentes no sangue, com o uso da TIE é possível monitorar em tempo real, o volume de ar injetado (BLANCATO, 2008). Além disso, a técnica de imagem também pode ser usada na detecção de embolia pulmonar, ou de coágulos de sangue nos pulmões (CHENEY; ISAACSON; NEWELL, 1999; ADLER et al., 2009). Outras aplicações da TIE na medicina são: auxílio à detecção do câncer de próstata (WAN et al., 2013), monitoramento da atividade cardíaca e fluxo sanguíneo no coração (EYUBOGLU et al., 1987); monitoramento do funcionamento gástrico (WRIGHT, 1993 apud BAYFORD, 2006, p. 79) realização de imagens funcionais da atividade cerebral (BAYFORD, 2006); detecção de hematomas subdurais (DAI et al., 2013).

2.2.2 Método Gauss-Newton

Baseado no método de Newton (dedicado a estimar raízes de uma função) o método de Gauss-Newton é um algoritmo o qual vem sendo amplamente utilizado na reconstrução de imagens de tomografia por impedância elétrica (ADLER; DAI; LIONHEART, 2007; FEITOSA, 2015). Tal método, implementado para eliminar o uso de segundas derivadas, consiste num método numérico baseado em gradiente-descendente utilizado para resolver problemas de mínimos quadrados não lineares desenvolvido para minimizar uma soma de funções quadráticas (FEITOSA, 2015). A aplicação do método Gauss-Newton na TIE é feita ao estimar uma distribuição de condutividade σ_k a qual minimize a expressão dada em 2.12, onde $\phi_{ext,k}(\vec{u}) = f(I(\vec{u}), \sigma_k(\vec{v}))$, para $\vec{u} \in \partial\Omega$ e $\vec{v} \in \Omega$ (FEITOSA, 2015).

$$s_k = \frac{1}{2} \sum_{u \in \partial\Omega} (\phi_{ext,k}(\vec{u}) - \phi_{ext}(\vec{u}))^2 \quad (2.12)$$

2.2.3 Reconstrução de Imagens de TIE como um problema de otimização

Na literatura há diversos trabalhos onde a reconstrução de imagens de tomografia por impedância elétrica é abordada como um problema de otimização (CHENG; CHEN; TONG, 1996; ROLNIK; JR, 2006; HERRERA, 2007; MOMENTÉ et al., 2013). Para isso, é necessário a utilização de uma função que represente de forma mais fiel possível o problema de reconstrução de tomografia por impedância elétrica. A reconstrução é obtida ao otimizar essa função, ou seja, ao encontrar o valor máximo ou mínimo da função. Se a otimização se dará por encontrar um valor máximo ou um valor mínimo isso dependerá da forma com a qual a função está representando o problema em questão.

Como forma de dar continuidade ao trabalho realizado pelo grupo de pesquisa de Tomografia por Impedância Elétrica da UFPE, a função considerada para a reconstrução de TIE, neste trabalho, foi o Erro Quadrático Relativo. Na função são comparados os potenciais de borda medidos no domínio o qual se quer imagear e os potenciais de bordas calculados por simulação de uma imagem gerada artificialmente (RIBEIRO et al., 2014; RIBEIRO et al., 2014a; RIBEIRO et al., 2014b; RIBEIRO et al., 2014c; FEITOSA et al., 2014). Quanto mais próximo o erro estiver de zero, mais próximo estará a imagem artificial da seção do domínio em questão, então, o objetivo é obter uma imagem artificial com o menor valor possível para o erro quadrático relativo, caracterizando assim, um problema de minimização. A função de erro, no método de otimização, é chamada de função objetivo ou função de aptidão ($f_o(x)$) sua expressão é dada na Equação 2.13:

$$f_o(x) = \left[\frac{\sum_{i=1}^{n_e} (U_i(x) - V_i)^2}{\sum_{i=1}^{n_e} (V_i)^2} \right]^{1/2} \quad (2.13)$$

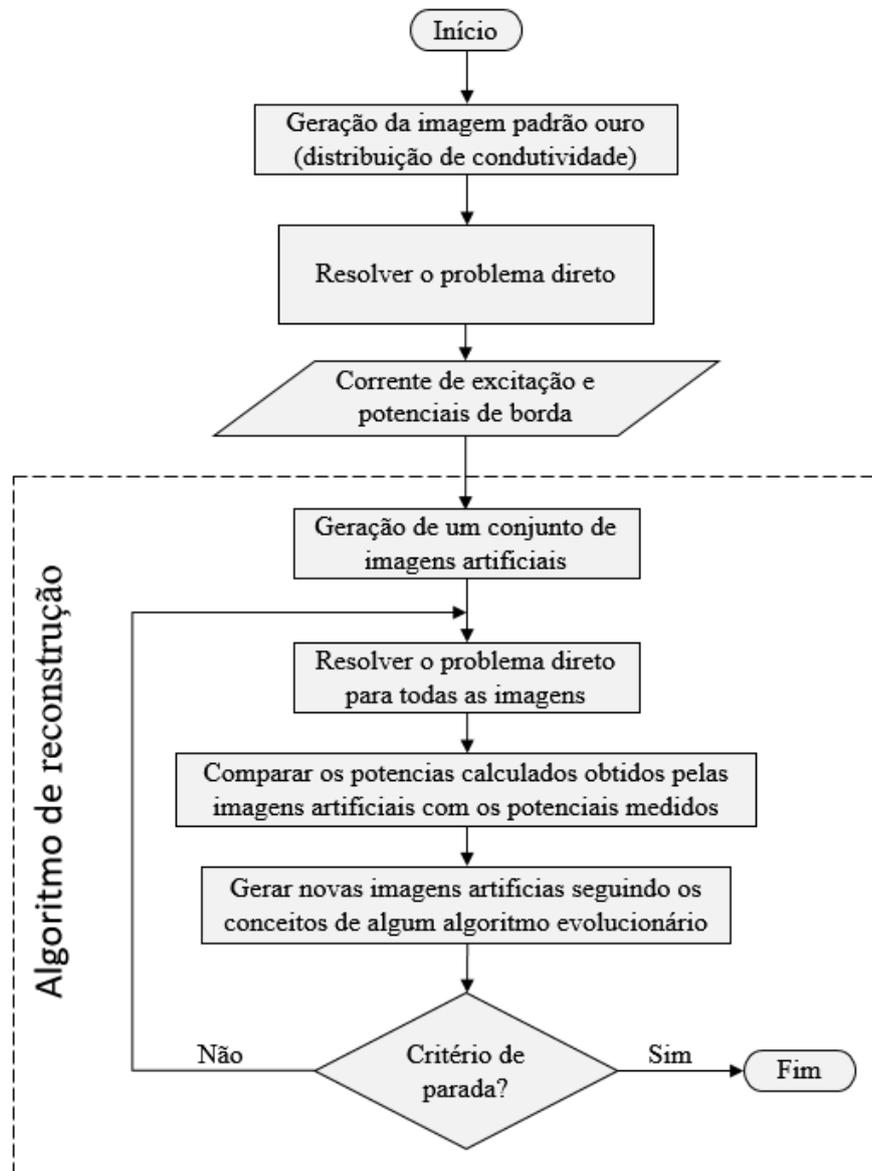
$$V = (V_1, V_2, \dots, V_{n_e})^T, \quad (2.14)$$

$$U(x) = (U_1(x), U_2(x), \dots, U_{n_e}(x))^T \quad (2.15)$$

onde x representa a imagem artificial gerada, V a distribuição de potenciais elétricos de borda medidos, $U(x)$ a distribuição de potenciais elétricos de bordas calculados para a imagem artificial, e n_e o número de eletrodos considerados.

Na Figura 7 é dado um fluxograma da reconstrução de imagens de tomografia por impedância elétrica como um problema de otimização por simulação. O primeiro passo do método é a elaboração de uma imagem de prova ao qual por simulação iremos tentar reconstruí-la usando os conceitos de TIE e um algoritmo de otimização. Essa imagem é chamada de imagem padrão ouro (na seção 4.2 são mostradas as imagens padrão

Figura 7 – Fluxograma da reconstrução de imagens de Tomografia por Impedância Elétrica como um problema de otimização



Fonte: Elaborado pelo autor.

ouro utilizadas neste trabalho) a qual é dividida pelas formas geométricas consideradas pelo Método dos Elementos Finitos. A distribuição de condutividade é o conjunto formado pelos valores de condutividade de todos os elementos finitos. Em seguida, por meios computacionais é resolvido o problema direto para essa imagem, i.e., correntes elétricas são aplicadas à imagem padrão ouro e a resposta a esta excitação (i.e. os potenciais elétricos na borda da imagem) é medida. As informações de corrente de excitação e potenciais de borda medidos são então consideradas no algoritmo de reconstrução. Os métodos de reconstrução utilizados neste trabalho foram algoritmos iterativos baseado em populações, dessa forma, a reconstrução começa a partir da geração de um conjunto de imagens artificiais e para cada imagem é resolvido o problema direto e obtido seus

potenciais de borda. Esses potenciais são comparados com os potenciais de borda da imagem padrão ouro através de alguma função objetivo (no qual neste trabalho foi o Erro Médio Quadrático - Equação 2.13). Usando os conceitos de algum algoritmo evolucionário ou bioinspirado (ver seção 2.3), e com o objetivo de obter valores na função objetivo cada vez melhores, novas imagens são geradas a cada iteração. O processo de geração de novas imagens será repetido até que algum critério de parada do algoritmo evolucionário seja satisfeito (na seção 2.3 são dados alguns exemplos de critério de parada), por fim, a imagem obtida com o melhor valor na função objetivo será considerada como imagem reconstruída. É importante notar que as duas primeiras etapas do fluxograma (geração de imagem ouro e resolução do problema direto para esta imagem) são necessárias por estarmos tratando a simulação da reconstrução por impedância elétrica, no caso da realização da tomografia real, onde se é aplicado de fato correntes elétricas e medidos os potenciais de borda de um objeto ou corpo, esses passos não são necessários.

2.3 Computação Evolucionária e Bioinspirada

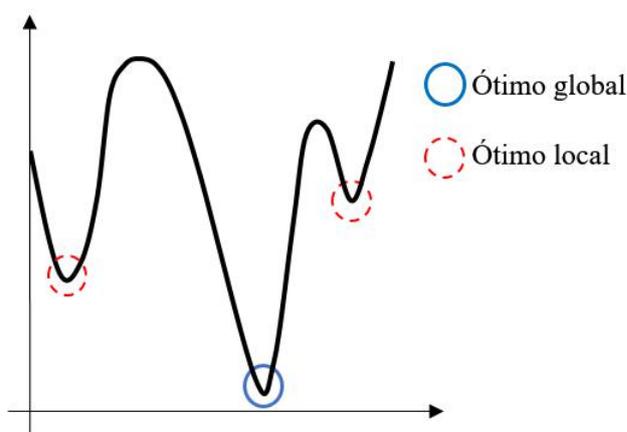
Computação Evolucionária é uma das principais metodologias componentes da Inteligência Computacional. Os algoritmos da computação evolucionária (chamados de algoritmos evolucionários) tiveram como inspiração os princípios evolutivos provenientes da genética e de elementos da Teoria da Evolução de Darwin, tais como seleção natural, reprodução e mutação (SANTOS; ASSIS, 2013).

A origem da Computação Evolucionária ocorreu na década de 60, onde em diferentes lugares, três algoritmos, utilizando os princípios de Darwin, foram desenvolvidos. Nos Estados Unidos, foram Fogel mentor da Programação Evolucionária e Holland desenvolvedor do Algoritmo Genético. Na Alemanha Rechenberg e Schwefel inventaram as Estratégias de Evolução. Enquanto que no início da década de 90, foi introduzido mais um novo algoritmo a Programação Genética. Nos dias de hoje, Programação Evolucionária, Algoritmo Genético, Estratégias de Evolução e Programação genética são consideradas como subáreas da Computação Evolucionária (EIBEN; SCHOENAUER, 2002; EIBEN; SMITH, 2015).

Segundo Santos e Assis (2013) o principal objetivo da Computação Evolucionária é prover ferramentas para a construção de sistemas inteligentes para modelar comportamento inteligente. Sendo os algoritmos evolucionários ferramentas iterativas não especialistas (i.e. não são específicos a apenas um tipo de problema, podendo ser aplicados a uma extensa gama de problemas) que podem ser utilizados em problemas de otimização, modelagem e de simulação. Neste trabalho, o uso dessas ferramentas se limitou a apenas aos problemas de otimização, o qual é dividido em problemas de maximização e de minimização. O objetivo dos problemas de otimização é encontrar o ponto no domínio de uma função onde se obtém o valor máximo (maximização) ou o valor mínimo (minimização) desta função. Esse valor

desejado no problema de otimização é chamado de ótimo global, além disso, também é considerado os valores que obtêm um valor máximo ou mínimo (a depender se o problema é de maximização ou minimização) da função em uma determinada região limitada do domínio da função, esses pontos recebem o nome de ótimos locais. Na Figura 8 é dado um gráfico ilustrativo o qual é possível observar, para um caso de um problema de minimização, o ponto de ótimo global (valor mínimo absoluto da função) e dois pontos de ótimos locais (valores mínimos de um intervalo finito do domínio da função). Em razão ao problema em questão, esses pontos também são chamados de mínimos global e locais.

Figura 8 – Gráfico ilustrativo.

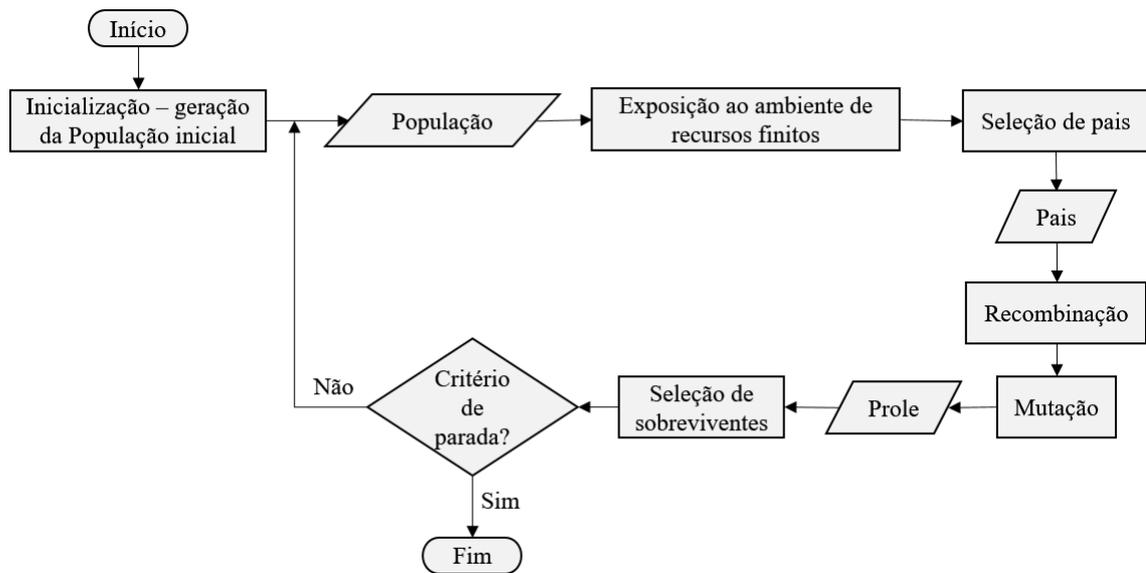


Fonte: Elaborado pelo autor.

Um algoritmo evolucionário é um algoritmo estocástico baseado em populações. Segundo Eiben e Smith (2015), a ideia por trás dos algoritmos evolucionários é a mesma: dado uma população de indivíduos inserida em algum meio ambiente de recursos limitados, a competição por tais recursos causa a seleção natural, onde os indivíduos mais bem adaptados conseguem se reproduzir e perpetuar suas características (sobrevivência dos mais aptos). Com o passar das gerações, a aptidão da população aumenta ao meio ambiente. Olhando do ponto de vista de um problema a ser resolvido por um algoritmo evolucionário, o meio ambiente representa o problema em si, um indivíduo uma possível solução (também chamada de candidato à solução), a aptidão de um indivíduo representa a qualidade da solução referente ao problema em questão, já as gerações representam as iterações do algoritmo (EIBEN; SCHOENAUER, 2002; EIBEN; SMITH, 2015). A forma como qual esses algoritmos resolvem problemas é chamada de tentativa e erro (também conhecido como *generate-and-test*, ou gerar e testar em tradução livre) (EIBEN; SMITH, 2015). Onde, seguindo os conceitos evolucionários, possíveis soluções ao problema são geradas e avaliadas quanto ao problema em questão. Parte dessas soluções são escolhidas para serem combinadas para gerar novas candidatas à solução com o intuito de obter soluções ainda melhores.

O esquemático da Figura 9 mostra o funcionamento básico e geral de um algoritmo

Figura 9 – Fluxograma dos algoritmos evolucionários.



Fonte: Elaborado pelo autor.

evolucionário que ocorre da seguinte maneira: na primeira etapa, na Inicialização, ocorre a geração de uma População de indivíduos, esses indivíduos serão submetidos ao meio ambiente de recursos finitos. A seguir será feita entre os indivíduos uma seleção para formar o conjunto dos Pais que irão reproduzir e gerar uma Prole (i.e. candidatos à solução do problema são recombinaados para gerar novas soluções), que irá passar por um processo de mutação (i.e. as novas soluções geradas pela recombinação são modificadas de forma aleatória), e também será submetida ao meio ambiente. O conjunto dado pela população inicial mais a prole gerada passará por outra seleção, a chamada seleção de sobreviventes, que escolherá entre esses indivíduos quais irão compor a população da geração seguinte, feito isso, a população da próxima geração está formada e o ciclo recomeça até que algum critério de parada seja alcançado e então o procedimento terá acabado. Os processos de seleção, tanto de pais quanto o de sobreviventes, tendem a escolher os melhores indivíduos (mas não de regra geral⁶) de forma que com o passar das gerações a população fique mais apta ao meio ambiente, isto é, o conjunto de soluções consideradas pelos algoritmos evolucionários tendem a melhorar em função das iterações. Os candidatos à solução num algoritmo evolucionário podem ser representados de diferentes formas, a escolha de uma forma específica pode depender do problema ou da forma com o qual o problema é abordado. As representações mais comuns usadas são: vetores binários, vetores de número inteiros, vetores de valores reais, permutação e árvores.

Os critérios de paradas mais comum são: número máximo de gerações (iteraões),

⁶ Há métodos de seleção que de forma estratégica permitem que indivíduos pouco aptos (soluções ruins ao problema) sejam escolhidos. Essa estratégia tem como objetivo manter uma diversidade entre o conjunto de soluções ao problema de modo a evitar que o algoritmo evolucionário rapidamente convirja para um ótimo local caracterizando uma convergência prematura (EIBEN; SMITH, 2015, p. 80–81).

número de gerações sem que haja melhoria no valor da função de aptidão ou função objetivo, quando o algoritmo obter um indivíduo que possui uma aptidão igual (ou aproximadamente) à um valor específico conhecido, quando atingido um valor mínimo de diversidade⁷ entre os indivíduos da população do algoritmo. A solução do problema será o indivíduo da população da última geração do algoritmo que possuir um melhor valor da função objetivo (EIBEN; SMITH, 2015).

Além dos algoritmos evolucionários, a inteligência computacional também conta com os algoritmos bioinspirados que diferem do primeiro tipo de algoritmo pela inspiração ou metáfora levada em consideração para o seu desenvolvimento. Enquanto que os algoritmos evolucionários levam em conta as teorias na genética e da evolução, os bioinspirados levam em conta comportamento de seres vivos na natureza, como por exemplo, o comportamento coletivo de pássaros na busca por alimento. A proposta de força bruta *generate-and-test* é a mesma para ambos os algoritmos. No entanto, algoritmos bioinspirados não possuem operadores de recombinação, mutação e seleção, o que eles possuem são operadores o quais simulam o comportamento inteligente.

Alguns exemplos de algoritmos bioinspirados são: Otimização por enxame de partículas (ou em inglês, *Particle Swarm Optimization - PSO*) baseado no comportamento de pássaros na busca por alimento (KENNEDY; EBERHART, 1995), *Bacterial Foraging Algorithm - BFA* inspirado no comportamento de forrageamento social da bactéria *Escherichia coli* presente no intestino humano (DU; SWAMY, 2016), Busca por Cardumes de Peixes (ou em inglês, *Fish School Search - FSS*) (FILHO et al., 2008) e Busca por Cardumes de Peixes baseada em Densidade (ou em inglês, *Density based on Fish School Search - dFSS*) (MADEIRO et al., 2011) baseados no comportamento coletivo de peixes na busca por alimento. E os algoritmos baseado no comportamento de insetos: Otimização por Colônia de Formigas (ou em inglês, *Ant Colony Optimization - ACO*) (CHIKHALIKAR; DARADE, 1995) e Algoritmo de Colônia de Abelhas Artificiais (ou em inglês, *Artificial Bee Colony - ABC*) (KARABOGA, 2005; CHEN; SAROSH; DONG, 2012).

Os algoritmos evolucionários e bioinspirados possuem uma vasta gama de aplicações justamente por seu caráter não especialista. Por exemplo, em problemas de agendamento, caracterizados por serem um tipo de problema complicado em função de sua complexidade combinatorial e sua necessidade de satisfazer vários tipos de restrições, algoritmos evolucionários são ferramentas adequadas quando um agendamento de alta qualidade precisa ser gerado em um tempo limitado (BRUNS, 1997). Na medicina, algoritmos evolucionários podem ser utilizados para a modelagem de terapias HIV multidroga com a

⁷ Como diversidade entende-se como o quão os indivíduos da população são diferentes entre si. No início do processo de busca, naturalmente os candidatos à solução são bastante diferentes entre si, pois há pouco conhecimento sobre o problema a ser resolvido, sendo assim, essas soluções possuindo uma alta diversidade. Contudo, a medida que o processo de busca se desenrola a tendência é que as soluções fiquem parecidas umas com as outras de modo que a diversidade diminua.

finalidade de encontrar uma terapia ótima (NERI et al., 2007), como também para encontrar a taxa de dose ideal da braquiterapia⁸ (LAHANAS et al., 2001). Na biologia, pode-se citar o trabalho de Krasnogor et al. (2002) que utilizou um algoritmo multimemético⁹ para a predição da estrutura de proteínas e Koza (1997) que usou o algoritmo de programação genética para classificar um dado segmento de proteína como sendo ou não de um domínio transmembranar. Na engenharia, esses algoritmos já foram usados no desenvolvimento de estruturas aeroespaciais tridimensionais mais resistentes a vibrações (KEANE; BROWN, 1996). Na economia, Chattoe (1997) utilizou um algoritmo genético para modelar a interação de empresas concorrentes em um mercado, Wu et al. (2007) usou um algoritmo genético combinado com uma rede neural SVM (*support vector machine*) para a previsão de falência. De fato, é comum o uso de algoritmos evolucionários combinados com redes neurais artificiais, como por exemplo, Branke (1995) avaliou a aplicação desses algoritmos no auxílio no desenvolvimento e treinamento de redes neurais, Hsu et al. (2002) usou um algoritmo genético para encontrar os melhores valores para os pesos de redes baesianas durante o seu processo de aprendizagem.

Nas próximas subseções serão abordados alguns algoritmos evolucionários e bioinspirados, são eles: Algoritmos genéticos, Evolução diferencial, Otimização por Enxame de Partículas, Busca por Cardumes de Peixes e Busca por Cardumes de Peixes baseada em Densidade. Por fim, na subseção 2.3.6 é abordado a busca não-cega, à qual não se trata de um algoritmo evolucionário ou bioinspirado, e sim de um método de inicialização.

2.3.1 Algoritmos Genéticos

Proposto por John Holland, na década de 60 para o estudo do comportamento adaptativo (HOLLAND, 1973; HOLLAND, 1975) os algoritmos genéticos é atualmente o tipo de algoritmo evolucionário mais bem conhecido (EIBEN; SMITH, 2015). A princípio, os algoritmos genéticos se limitavam aos problemas de otimização de representação binária recebendo o nome de *Simple Genetic Algorithm*, também conhecido pela sigla SGA (EIBEN; SMITH, 2015). Atualmente os algoritmos genéticos também são aplicados a problemas usando outros tipos de representação como: inteira (DAMOUSIS; BAKIRTZIS; DOKOPOULOS, 2004; GARDNER; BOILOT; HINES, 2005), real (SHENG et al., 2014; WU et al., 2007), permutação (LIU et al., 2000; HSU et al., 2002) e árvores (FU, 1999; CHA; TAPPERT, 2009).

Os algoritmos genético incorporam os conceitos da Teoria da Evolução de Darwin (como a seleção natural e sobrevivência dos mais aptos) e os princípios da genética de Mendel (como fenótipo, genótipo, cromossomo, cruzamento e mutação) (SANTOS; ASSIS, 2013). A questão fundamental da genética é que cada indivíduo é uma entidade dupla: o qual

⁸ Braquiterapia é um tipo de radioterapia onde uma fonte radioativa é inserida dentro ou na região vizinha da região de tratamento.

⁹ Algoritmo memético é um algoritmo evolucionário hibridizado com algum método de busca local.

possui propriedades fenotípicas que são representadas por um genótipo. Em outras palavras, o genótipo de um indivíduo codifica seu fenótipo (EIBEN; SMITH, 2015). De fato, os termos candidatos à solução, fenótipo e indivíduo são usados para denotar possíveis soluções ao problema, enquanto que os termos genótipo, cromossomos e indivíduo (novamente) são usados para denotar pontos no espaço onde o processo de busca evolucionária realmente ocorre (EIBEN; SMITH, 2015). Por exemplo, digamos que queremos, utilizando um algoritmo genético, encontrar o mínimo valor da função de Rosenbrock¹⁰ para o caso bidimensional dado por: $f(x, y) = 100(y - x^2)^2 + (x - 1)^2$. O ponto $(1, 2) \in \mathbb{R}^2$ é um genótipo o qual codifica o seu fenótipo $f(1, 2) = 100$ sendo 100 um possível valor para a solução do problema. Da mesma forma que ocorre na genética, os cromossomos são constituídos por genes, onde no exemplo anterior, os genes são os valores 1 e 2 do cromossomo dado.

Há duas forças fundamentais que formam a base dos algoritmos evolucionários (e inclusive dos algoritmos genéticos): variação e seleção. A ideia principal entre essas forças é que os operadores de variação são responsáveis por criar novas soluções ao problema, indo em direção à novidade e a diversidade, enquanto que a seleção caminha em direção a manter a qualidade entre as soluções consideradas (EIBEN; SMITH, 2015). Para os algoritmos genéticos a variação ocorre através dos operadores de cruzamento e mutação, enquanto que a seleção ocorre através dos operadores de seleção de pais e de sobreviventes. Esses e outros operadores fundamentais ao algoritmo são detalhados a seguir:

Inicialização: Na primeira etapa do algoritmo genético é criado um conjunto de indivíduos (cromossomos) de forma aleatória. Esse conjunto recebe o nome de população inicial. Logo em seguida a população inicial é submetida ao meio ambiente, ou seja, os indivíduos são avaliados de acordo com a função de aptidão f para descobrir entre os indivíduos quais são os mais aptos, ou seja, quais possuem melhor valor na função considerada.

Seleção de Pais: Com a finalidade de gerar pares de indivíduos para serem considerados pelos operadores de variação é feita uma seleção entre os indivíduos da população vigente chamada de seleção de pais. Há diversas formas de seleção, até mesmo quando não há seleção e todos os indivíduos da população são considerados para a geração de novos indivíduos, mas o método mais comum utilizado no algoritmo genético é a seleção proporcional à aptidão. Neste tipo de seleção, a probabilidade $P(i)$ de um determinado indivíduo i da população ser escolhido para cruzar é dado pela Equação 2.16, onde $f(x_i)$ é a aptidão do indivíduo x_i e N é o número de indivíduos da população. Sendo assim, quanto maior for a aptidão do indivíduo maior será a probabilidade do mesmo ser escolhido como

¹⁰ A função de Rosenbrock é utilizada para teste de desempenho de algoritmos de busca e otimização. Sua forma geral é: $f(X) = \sum_{i=1}^{N-1} [100(x_{i+1} - x_i^2)^2 + (x_i - 1)^2]$, para $X = (x_1, x_2, \dots, x_N)$. Seu ótimo global $f(X) = 0$ ocorre para $x_i = 1$, onde $1 \leq i \leq N$.

pai.

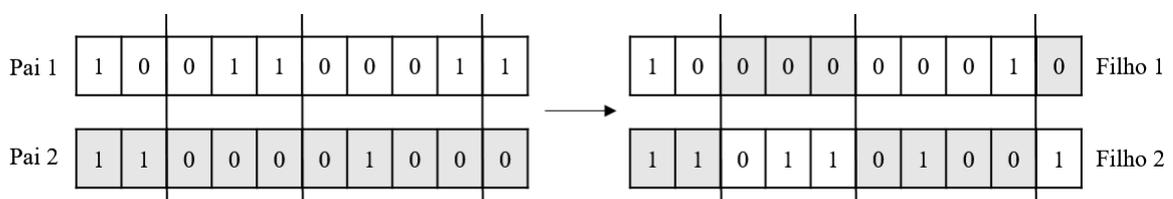
$$P(i) = \frac{f(x_i)}{\sum_{j=1}^N f(x_j)} \quad (2.16)$$

Após calcular as probabilidades para todos os indivíduos, a seleção de pais será feita através do Método da Roleta. Nesse método as probabilidades dos indivíduos serão distribuídas no intervalo [0,1]. Em seguida, um número aleatório k uniformemente distribuído nesse intervalo é gerado, caso a condição dada na Equação 2.17 seja satisfeita o i -ésimo indivíduo será considerado para compor o conjunto de pais (SANTOS; ASSIS, 2013). Esse processo será feito até que todos os pais sejam escolhidos.

$$\sum_{j=1}^{i-1} P(j) < k < \sum_{j=1}^i P(j) \quad (2.17)$$

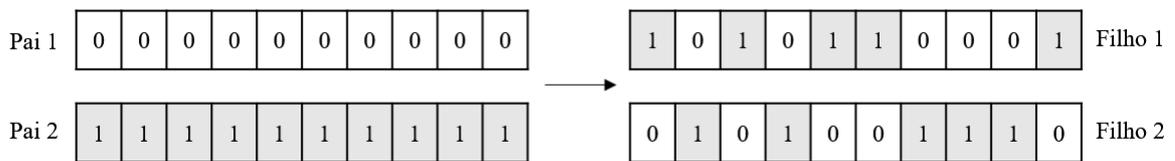
Cruzamento: Nesta etapa, os indivíduos que formam o conjunto de pais são re-combinados com o objetivo de gerar novos indivíduos. O método de cruzamento clássico utilizado no SGA para vetores binários é o Cruzamento n -pontos onde os vetores de um par de pais são "cortados" em n pontos determinados aleatoriamente e então o primeiro filho é gerado trocando de forma intercalada os intervalos do vetor de um pai compreendidos entre esses pontos de cortes pelos intervalos correspondentes do outro pai, o segundo filho é gerado alterando a ordem da troca intercalada, na Figura 10 é dado um exemplo de cruzamento 3-pontos. Um outro método de cruzamento bastante difundido é o Cruzamento Uniforme, onde cada gene dos pais são considerados de forma independente, a determinação se um filho irá herdar um gene do primeiro ou segundo pai é feito através de uma escolha aleatória. Essa escolha é feita através da geração de um vetor (com o mesmo tamanho dos vetores dos pais) com números aleatórios uniformemente distribuídos no intervalo [0,1]. Para cada componente dos vetores dos pais, a componente correspondente do vetor aleatório é comparada com o parâmetro de recombinação (usualmente igual à 0,5), se a componente possuir um valor abaixo desse parâmetro então o filho irá herdar o gene correspondente do primeiro pai, caso contrário, irá herdar do segundo pai. O segundo filho é formado através do mapeamento inverso (EIBEN; SMITH, 2015), um exemplo de tal recombinação é dada na Figura 11.

Figura 10 – Exemplo de cruzamento n -pontos para $n = 3$.



Fonte: Elaborado pelo autor.

Figura 11 – Cruzamento uniforme utilizando o vetor $[0,8 \ 0,1 \ 0,6 \ 0,4 \ 0,7 \ 0,9 \ 0,2 \ 0,3 \ 0,4 \ 0,9]$ obtido aleatoriamente e parâmetro de recombinação igual à 0,5.



Fonte: Elaborado pelo autor.

Mutação: Neste operador cada filho gerado durante o cruzamento é mutado de forma individual. O método considerado para o SGA é a mutação bit a bit onde a mutação com uma baixa probabilidade, considerando cada gene do vetor binário de forma independente, inverte o valor do gene (i.e., de 1 para 0 ou de 0 para 1) (EIBEN; SMITH, 2015), como é mostrado na Figura 12. De forma análoga para a representação de vetores reais é a mutação uniforme, onde um gene específico tem seu valor substituído por um valor determinado aleatoriamente. Uma outra opção como mutação para vetores reais é feita ao realizar uma pequena perturbação no cromossomo do indivíduos, ou seja, é gerado de forma aleatória um vetor e adicionado ao cromossomo.

Figura 12 – Mutação bit a bit.



Fonte: Elaborado pelo autor.

Seleção de Sobreviventes: Essa seleção tem como objetivo selecionar indivíduos, entre os da população vigente e filhos, para compor a população da próxima geração, em outras palavras, selecionar os candidatos à solução que serão considerados na iteração seguinte. O modelo de seleção de sobreviventes mais comum é o modelo geracional o qual não há uma seleção de fato, o que ocorre é que são gerados N filhos através dos operadores de variação, onde depois de cada geração toda a população será substituída pelos filhos gerados. Contudo, os mesmos métodos de seleção direcionados à seleção de pais podem ser utilizados para a seleção de sobreviventes, mas durante a história dos algoritmos evolucionários alguns métodos de seleção de sobreviventes foram desenvolvidos (EIBEN; SMITH, 2015). Como por exemplo, o modelo baseado na idade (onde os indivíduos de gerações passadas são substituídos), a substituição dos piores indivíduos, o elitismo (onde uma parte fixa dos melhores indivíduos são automaticamente considerados para a próxima geração) combinado com outro tipo de seleção e entre outros (EIBEN; SMITH, 2015).

A seguir é dado o pseudocódigo geral dos algoritmos genéticos.

Tabela 2 – Pseudocódigo dos Algoritmos Genéticos

Pseudocódigo: Algoritmos Genéticos	
1.	Geração da população inicial de forma aleatória
2.	Avalie a função de aptidão para todos indivíduos
3.	Repita até que algum critério de parada seja alcançado
a)	Seleção de pais: seleção de indivíduos para reprodução
b)	Recombinação: indivíduos selecionados geram novos indivíduos
c)	Mutação: indivíduos gerados na recombinação são modificados
d)	Avalie a função de aptidão para os novos indivíduos
e)	Seleção de sobreviventes: seleção de indivíduos para compor a população da próxima geração
4.	Selecione o indivíduo da população final que possuir melhor aptidão

2.3.2 Evolução Diferencial

A evolução diferencial é dedicada às funções não lineares e não diferenciáveis (PRICE; STORN; LAMPINEN, 2006). O ano de criação desse algoritmo é de 1995 quando Storn e Price publicaram um artigo (*New Heuristic Approach for Minimizing Possibly Non-linear and Non-Differentiable Continuous Space Functions*) descrevendo os principais conceitos da evolução diferencial (EIBEN; SMITH, 2015).

Para compreender o funcionamento do algoritmo, consideremos um problema de minimização geral: Seja a função objetivo $f : X \subseteq \mathbb{R}^D \rightarrow \mathbb{R}$, onde o subconjunto $X \neq \emptyset$, o objetivo da resolução do problema é encontrar $x^* \in X$ tal que $f(x^*) \leq f(x) \forall x \in X$ onde $f(x^*) \neq -\infty$. Na Figura 13 é dado o fluxograma da evolução diferencial, onde as principais etapas do algoritmo são: Inicialização, Mutação, Recombinação e Seleção descritas a seguir.

Inicialização: nessa etapa é criado um conjunto de NP vetores $x_i \in X$ como da forma a seguir:

$$x_{i,G} = [x_{1,i,G}, x_{2,i,G}, \dots, x_{D,i,G}] \quad (2.18)$$

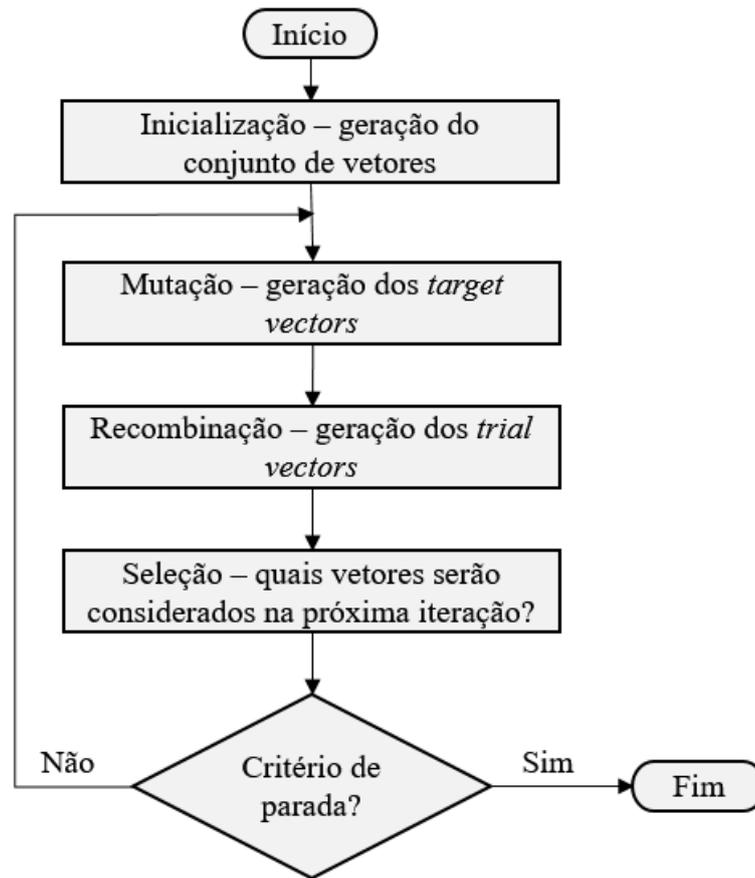
onde $i = 1, 2, \dots, NP$ e G representa o número de geração (o número da iteração do algoritmo), onde na inicialização temos $G = 1$. O número NP também é conhecido como tamanho da população. Cada componente de cada vetor x_i representa um parâmetro do problema abordado, na inicialização esses parâmetros são selecionados de forma aleatoriamente uniforme dentro de um intervalo específico como dado a seguir:

$$x_j^{Limite Inferior} \leq x_{j,i,1} \leq x_j^{Limite Superior} \quad (2.19)$$

onde $j = 1, 2, \dots, D$ e D é a dimensão do problema. Os valores dos limites inferior e superior dependem do problema abordado e delimitam o espaço onde o algoritmo irá considerar os vetores em suas iterações, esse espaço recebe o nome de espaço de busca.

Mutação: para cada vetor $x_{i,G}$ (chamado de *target vector*) é escolhido aleatoriamente três vetores $x_{r1,G}$, $x_{r2,G}$ e $x_{r3,G}$ onde $r1$, $r2$ e $r3 \in [0, NP]$ são número inteiros e

Figura 13 – Fluxograma da evolução diferencial.



Fonte: Elaborado pelo autor.

$r1 \neq r2 \neq r3 \neq i$. Em seguida é calculado o vetor mutado *donor vector* $v_{i,G+1}$ como dado na Equação 2.20 (LIU; SUN, 2011):

$$v_{i,G+1} = r_{r1,G} + F(r_{r2,G} - r_{r3,G}) \quad (2.20)$$

onde F , taxa de mutação, é um valor real e constante, definido antes da execução do algoritmo. Esse parâmetro controla a amplificação da variação diferencial $(r_{r2,G} - r_{r3,G})$. Geralmente $F \in [0, 1]$ (LIU; SUN, 2011).

Recombinação: com o objetivo de aumentar a diversidade dos vetores dentro da população é criado o *trial vector*, $u_{j,i,G+1}$. A obtenção deste vetor é feita através da recombinação uniforme, como mostrado na Figura 11, onde são combinados os vetores $x_{i,G}$ e $v_{i,G+1}$ como é mostrado na Equação 2.21.

$$u_{j,i,G+1} = \begin{cases} v_{j,i,G+1} & \text{se } rand_j \leq CR \text{ ou } j = rnbr(i) \\ x_{j,i,G} & \text{se } rand_j > CR \text{ ou } j \neq rnbr(i) \end{cases} \quad (2.21)$$

onde $j = 1, 2, \dots, D$, $CR \in [0, 1]$ é a taxa de recombinação definida pelo usuário, $rand_j$ é um número aleatório gerado no intervalo $[0, 1]$, $rnbr(i)$ é um valor aleatoriamente

escolhido entre $[1, D]$ que garante que $u_{j,i,G+1}$ receba valores dos parâmetros dos dois vetores (LIU; SUN, 2011).

Seleção: Para decidir se o vetor $u_{j,i,G+1}$ se tornará membro da população da geração seguinte ($G + 1$) ele será comparado com o vetor $x_{i,G}$. Se $u_{j,i,G+1}$ nos fornecer um valor na função objetivo menor do que $x_{i,G}$ então o vetor $x_{i,G+1}$ receberá o *trial vector* caso contrário receberá o vetor da geração G (LIU; SUN, 2011), matematicamente, temos essa comparação na Equação 2.22:

$$x_{i,G+1} = \begin{cases} u_{i,G+1} & \text{se } f(u_{i,G+1}) \leq f(x_{i,G}) \\ x_{i,G} & \text{caso contrário} \end{cases} \quad (2.22)$$

É importante lembrar que o *trial vector* é comparado com o $x_{i,G}$ como dado na Equação 2.22 por se tratar de um problema de minimização, no caso de um problema de maximização a comparação é feita como dado na Equação 2.23:

$$x_{i,G+1} = \begin{cases} u_{i,G+1} & \text{se } f(u_{i,G+1}) \geq f(x_{i,G}) \\ x_{i,G} & \text{caso contrário} \end{cases} \quad (2.23)$$

Mutação, recombinação e seleção continuarão até que algum critério de parada seja alcançado. A seguir o pseudocódigo da Evolução Diferencial.

Tabela 3 – Pseudocódigo da Evolução Diferencial

Pseudocódigo: Evolução Diferencial
1. Inicialização: gere vetores reais para a formação do conjunto inicial
2. Avalie a função objetivo para todos os vetores
3. Repita até que algum critério de parada seja alcançado
a) Para cada vetor do conjunto, faça
I) Mutação: escolha três vetores para o cálculo do <i>donor vector</i>
II) Recombinação: combinação entre o <i>target vector</i> e o <i>donor vector</i> para a geração do <i>trial vector</i>
III) Avalie a função objetivo para o <i>trial vector</i>
IV) Seleção: escolha o melhor vetor entre o <i>target vector</i> e o <i>trial vector</i>
4. Selecione o melhor vetor do conjunto final como solução

2.3.3 Otimização por Enxame de Partículas

A Otimização por Enxame de Partículas (ou *Particle Swarm Optimization* - PSO) é um algoritmo bioinspirado inicialmente desenvolvido para otimização de funções contínuas não-lineares, sendo baseado no comportamento e movimento de bando de animais, como pássaros e peixes, o qual foi primeiramente proposto por James Kennedy e Russel Eberhart em 1995 (EBERHART; KENNEDY, 1995). O algoritmo foi inspirado nos estudos do biólogo

Frank Heppner, o qual observou como um grupo de pássaros busca um lugar para a construção de ninhos e a procura de alimentos numa região (RIBEIRO, 2016).

No PSO um candidato à solução é representado por um indivíduo ou partícula associados por um vetor posição, x_i , e um vetor de velocidades, v_i , inicializados de forma aleatória (SANTOS; ASSIS, 2013). O movimento de todo o bando é baseado na inteligência global do grupo. Onde a melhor partícula do enxame (com relação a função de aptidão), guia as outras partículas a fontes de alimento, no entanto, todas partículas possuem o conhecimento dos lugares visitados por elas, sendo suas trajetórias influenciadas por essas duas fontes de informação. Dessa forma, no PSO, a cada iteração são ajustadas posições e velocidades das partículas na direção da melhor posição global e da melhor posição individual, como é dado na equação a seguir (SANTOS; ASSIS, 2013):

$$x_i(t+1) = x_i(t) + v_i(t+1) \quad (2.24)$$

$$v_i(t+1) = wv_i(t) + c_1r_1(t)(P_i(t) - x_i(t)) + c_2r_2(t)(P_g(t) - x_i(t)) \quad (2.25)$$

Sendo a velocidade $v_i(t+1)$ obtida através da Equação 2.25, onde $1 \leq i \leq m$, sendo m o número de partículas no enxame; w é o fator de inércia $0 \leq w \leq 1$; $r_1(t)$ e $r_2(t)$ são valores aleatórios uniformemente distribuídos no intervalo $[0, 1]$; c_1 e c_2 são coeficientes de aceleração, onde $c_1 + c_2 = 4$, tipicamente, $c_1 = 2 + \Delta$ e $c_2 = 2 - \Delta$, sendo $\Delta \approx 0$; P_i e P_g são as melhores posições obtidas pela partícula i e pelo enxame, respectivamente. Sendo assim, o coeficiente de aceleração c_1 representa a consciência individual da partícula, já c_2 representa a consciência global (FEITOSA, 2015; SANTOS; ASSIS, 2013). A seguir é dado o pseudocódigo da otimização por enxame de partículas.

Tabela 4 – Pseudocódigo da otimização por enxame de partículas

Pseudocódigo: Otimização por Enxame de Partículas	
1.	Geração do enxame inicial de forma aleatória
2.	Repita até que algum critério de parada seja alcançado <ol style="list-style-type: none"> Busca das melhores posições individuais (locais) Busca da melhor posição global Ajuste das velocidades Ajuste das posições
3.	Selecione a partícula do enxame final que possuir melhor aptidão

2.3.4 Busca por Cardumes de Peixes

Muitas espécies de peixes oceânicos apresentam comportamento social, o resultado desse comportamento é a capacidade de sobrevivência mútua que pode ser observada de duas formas: proteção mútua (reduzindo as chances de ataques de predadores) e

realizações de conquistas mútuas (como a busca por alimento) (FILHO et al., 2009). Levando em consideração esses princípios, Bastos Filho e Lima Neto desenvolveram o algoritmo de Busca por Cardumes de Peixes (*Fish School Search - FSS*) em 2008 (FILHO et al., 2008). O algoritmo é inspirado no comportamento social dos peixes na busca por alimento. As principais características reais dos peixes levadas em consideração no algoritmo podem ser divididas em duas categorias como é dado a seguir:

- **Alimentação:** com a finalidade de crescer e se desenvolver, os peixes possuem um instinto natural de encontrar comida. No algoritmo, a comida é uma metáfora para a avaliação dos candidatos à solução (FILHO et al., 2009).
- **Natação:** os peixes possuem a capacidade de nadar de forma independente ou coletivamente, onde a natação é realizada, entre outros motivos, por necessidades alimentares. O natação dos peixes é uma metáfora no algoritmo que representa o próprio processo de busca em si (FILHO et al., 2009).

Sendo assim, o processo da Busca por Cardumes de Peixes é realizado por uma população de indivíduos de memória limitada - o peixe (FILHO et al., 2008), onde o indicador de sucesso de um peixe é dado pelo seu peso (FILHO et al., 2009). Cada peixe no cardume representa uma possível solução ao problema de otimização (FILHO et al., 2008). O método é indicado a problemas de busca e otimização de alta dimensão (FILHO et al., 2008; MADEIRO et al., 2011). As características reais dos peixes comentadas anteriormente foram incorporadas num total de quatro operadores do algoritmo. Esses operadores, assim como as características, são classificados em operadores de alimentação e de natação. O operador de alimentação é dado pelo peso do peixe, enquanto que os operadores de natação são: o operador de movimento individual, operador de movimento coletivo-instintivo e o operador de movimento coletivo-volitivo. Os operadores da busca por cardumes de peixes são descrito à seguir.

Operador de Movimento Individual

O movimento individual é o operador responsável por fazer com que cada peixe do cardume se desloque para alguma região aleatória de sua vizinhança. Nesse movimento, um peixe se desloca de forma independente com relação aos outros peixes do cardume e é executado apenas se a nova posição for melhor do que a anterior, em termos de problemas de otimização isso quer dizer que o movimento será executado apenas se o novo ponto da vizinhança possuir um melhor valor na função de aptidão, caso contrário o movimento não será realizado para tal peixe.

O deslocamento individual de cada peixe i , Δx_{ind_i} , é dado na Equação 2.26, onde $rand(-1, 1)$ é um vetor de valores aleatórios uniformemente distribuídos no intervalo $[-1, 1]$ e $step_{ind}$ é o passo do movimento individual, parâmetro que representa a capacidade

de deslocamento dos peixes no movimento individual. Após o cálculo do deslocamento individual a posição do peixe x_{ind_i} é atualizada através da Equação 2.27.

$$\Delta x_{ind_i}(t + 1) = step_{ind} \cdot rand(-1, 1) \quad (2.26)$$

$$x_{ind_i}(t + 1) = x_{ind_i}(t) + \Delta x_{ind_i}(t + 1) \quad (2.27)$$

A partir das expressões 2.26 e 2.27 é possível concluir que o movimento individual é uma perturbação à posição do peixe para garantir uma maior exploração do espaço de busca. Dessa forma, para garantir a convergência ao final do processo de busca e ao mesmo tempo, aumentar a capacidade de exploração do algoritmo nas últimas iterações (MADEIRO et al., 2011), o valor do parâmetro $step_{ind}$ decai linearmente como é dado em 2.28, onde $step_{ind_i}$ e $step_{ind_f}$ são os valores inicial e final de $step_{ind}$ e iterações é valor máximo possível de iterações do algoritmo.

$$step_{ind}(t + 1) = step_{ind}(t) - \frac{step_{ind_i} - step_{ind_f}}{\text{iterações}} \quad (2.28)$$

Operador de Alimentação

Como comentado anteriormente, o peso do peixe é o indicador de sucesso do peixe, i.e., quanto mais pesado é um peixe, melhor é a solução a qual ele representa (MADEIRO et al., 2011; LACERDA; NETO, 2013). Sendo assim, o peso é a função a ser maximizada pelo processo de busca. A atualização do peso de um peixe é dado pela sua variação de aptidão decorrida após o movimento individual normalizada pela maior variação ocorrida no cardume na iteração vigente. A expressão da atualização do peso é dada na Equação 2.29.

$$W_i(t + 1) = W_i(t) + \frac{\Delta f_i}{\max(\Delta f)} \quad (2.29)$$

onde $W_i(t)$ e $W_i(t + 1)$ representam o peso do peixe i antes e após a atualização, Δf_i representa a variação da função de aptidão do peixe i após o movimento individual, matematicamente, temos $\Delta f_i = f[x_i(t + 1)] - f[x_i(t)]$. De acordo com Filho et al. (2008) o conceito de comida é relativo à função de aptidão, i.e., em um problema de minimização a quantidade de comida em uma determinada região deve ser inversamente proporcional ao valor da função nesta região. Nesse caso, a variação da função de aptidão deve ser calculada da seguinte forma: $\Delta f_i = f[x_i(t)] - f[x_i(t + 1)]$.

Operador de Movimento Coletivo-Instintivo

No movimento coletivo-instintivo os peixes mais bem sucedidos nos seus movimentos individuais direciona o deslocamento dos outros peixes a uma região mais promissora. Isso é feito através do cálculo de uma média ponderada dos deslocamentos individuais de cada peixe tendo como peso a sua variação de aptidão no movimento individual. Essa

média é chamada de direção resultante, $I(t)$, dado na Equação 2.30, onde N representa o número de peixes no cardume. Da mesma forma do operador de alimentação, quando se tratando de problemas de minimização, a variação de aptidão na Equação 2.30 deve ser invertida. Após o cálculo do vetor direção resultante a posição do peixe é atualizada pela Equação 2.31.

$$I(t) = \frac{\sum_{i=1}^N \Delta x_{ind_i} \Delta f_i}{\sum_{i=1}^N \Delta f_i} \quad (2.30)$$

$$x_i(t+1) = x_i(t) + I(t) \quad (2.31)$$

Operador de Movimento Coletivo-Volitivo

Este movimento é baseado no desempenho global do cardume (LINS et al., 2012). O movimento coletivo-volitivo é a ferramenta que dá a capacidade ao algoritmo de ajustar o raio de busca dos peixes, ou seja, esse movimento é responsável pelo ajuste entre a busca explorativa e a busca explotativa. Esse controle do raio de busca faz com que o algoritmo seja capaz de evitar regiões de ótimos locais (MADEIRO et al., 2011).

O movimento é realizado da seguinte maneira: se o peso global dos peixes aumenta, significa que a busca está sendo bem sucedida e raio de busca deve diminuir, caso contrário o raio de busca deve aumentar, para aumentar a exploração dos peixes na tentativa de encontrar melhores resultados. Esse movimento é realizado levando-se em consideração o centro de massa do cardume, $Bari(t)$, dado na Equação 2.32, ou seja, na diminuição do raio de busca os peixes se locomovem em direção ao centro de massa, enquanto que no aumento do raio de busca os peixes vão em oposição ao centro de massa.

$$Bari(t) = \frac{\sum_{i=1}^N x_i W_i(t)}{\sum_{i=1}^N W_i(t)} \quad (2.32)$$

O movimento de cada peixe é feito, então, seguindo a Equação 2.33 caso o cardume estiver aumentando de peso, ou é feito através da Equação 2.34 se o cardume estiver diminuindo de peso. Nas Equações 2.33 e 2.34 $rand(0, 1)$ é um vetor de valores aleatórios uniformemente distribuídos no intervalo $[0, 1]$ e $step_{vol}$ é passo do movimento coletivo-volitivo, parâmetro de ajuste para o movimento.

$$x(t+1) = x(t) - step_{vol} \cdot rand(0, 1)(x(t) - Bari(t)) \quad (2.33)$$

$$x(t+1) = x(t) + step_{vol} \cdot rand(0, 1)(x(t) - Bari(t)) \quad (2.34)$$

A seguir o pseudocódigo do algoritmo de busca por cardumes de peixes.

Tabela 5 – Pseudocódigo da busca por cardumes de peixes

Pseudocódigo: Busca por Cardumes de Peixes

1. Inicialize todos os peixes em posições aleatórias
2. Avalie a aptidão de todos os peixes
3. Repita os passos de (a) até (f) até que algum critério de parada seja alcançado
 - a) Para cada peixe, faça:
 - I) Execute o movimento individual.
 - II) Avalie a aptidão dos peixes.
 - III) Execute o operador de alimentação.
 - b) Calcule o vetor direção resultante - $I(t)$.
 - c) Para cada peixe, faça:
 - I) Execute o movimento coletivo-instintivo.
 - d) Calcule o baricentro.
 - e) Para cada peixe, faça:
 - I) Execute o movimento coletivo-volitivo.
 - f) Atualize os valores do passo individual e passo coletivo-volitivo.
4. Selecione o peixe do cardume final que possuir melhor aptidão

2.3.5 Busca por Cardumes de Peixes baseada em Densidade

Baseado no FSS, a Busca por Cardumes de Peixes baseada em Densidade (também conhecida pelo seu nome em inglês *Density based on Fish School Search - dFSS*) é um algoritmo dedicado a otimização de funções multimodais proposto por Madeiro, Bastos-Filho e Lima Neto (MADEIRO et al., 2011; LACERDA; NETO, 2013). Neste método, o cardume principal é dividido em subcardumes de tamanhos diferentes, de modo que cada subcardume explore diferentes regiões do aquário as quais possuem possíveis soluções ao problema. Diferentemente dos outros métodos aqui discutidos, os quais obtêm apenas uma solução ao final de suas execuções, no dFSS é possível obter um conjunto de soluções ótimas global e locais. De fato, a função do erro quadrático relativo para TIE é multimodal, mas como o objetivo da reconstrução é obter apenas uma imagem, a aplicação do dFSS à TIE é feita ao considerar como solução a melhor imagem obtida pelo método com relação a função objetivo.

Além dos operadores de alimentação e movimentação da busca por cardumes de peixes adaptados a abordagem multimodal o dFSS possui mais dois operadores, os operadores de memória e de particionamento, os quais serão tratados com mais detalhes ao decorrer desta seção.

No dFSS o alimento adquirido por um peixe é compartilhado com os outros peixes do cardume. A quantidade de comida compartilhada de um peixe i para outro peixe j , $C(i, j)$, é dado na Equação 2.35, onde q_{ij} é o número de peixes k que satisfazem a relação $d_{ik} < d_{ij}$ (densidade de peixes ao redor do peixe i), incluindo o peixe i , e $d_{R_{ij}} = \frac{d_{ij}}{\forall k \neq i, \min(d_{ik})}$ é a distância normalizada. E então, a atualização do peso de cada peixe levará em consideração o total de comida que foi compartilhada com ele, como é dado na Equação 2.36, onde Q

representa o número de peixes que foram bem-sucedidos durante o movimento individual. Diferente do que acontece na natureza, na proposta do dFSS é assumido que o peso dos peixes não diminuem ao longo das iterações (MADEIRO et al., 2011).

$$C(i, j) = \frac{\Delta f_i}{(d_{R_{ij}})^{q_{ij}} \sum_{k=1}^N \frac{1}{(d_{R_{ik}})^{q_{ik}}} \quad (2.35)$$

$$W_i(t+1) = W_i(t) + \sum_{j=1}^Q C(i, j) \quad (2.36)$$

O compartilhamento de alimento é responsável pelo controle e manutenção dos diferentes subcardumes, pois cada peixe coopera (compartilhando seu sucesso) com os outros peixes ao seu redor, sendo o compartilhamento mais significativo para os peixes mais próximos e em regiões menos populosas. Isso pode ser observado pelo índice $(d_{R_{ij}})^{-q_{ij}}$ quanto maior for o valor de q_{ij} (i.e. quanto mais denso for a região em torno do peixe i), menor será a quantidade compartilhada para o peixe j (MADEIRO et al., 2011). Mais detalhes sobre a formação de subcardumes é dado na explicação dos operadores de memória e de particionamento nos parágrafos a seguir.

O movimento individual no dFSS ocorre da mesma forma que no FSS, mas para que haja a segregação do cardume principal o ajuste do parâmetro do movimento foi modificado. A nova forma de atualização do passo do movimento individual é dada pelas Equações 2.37, 2.38, 2.39 e 2.40, onde $decay_i$ é a taxa de decaimento, $decay_{\min} \in [0, 1]$, $decay_{\max}$ são as taxas de decaimento mínimo e máximo respectivamente, $decay_{\max_{\text{inicial}}}$, $decay_{\max_{\text{final}}} \in [0, 1]$ são as taxas de decaimento máximo inicial e final, respectivamente, e devem obedecer a seguinte condição $decay_{\max_{\text{final}}} < decay_{\max_{\text{inicial}}} < decay_{\min}$, por fim T_{\max} é o número máximo de iterações (MADEIRO et al., 2011; LACERDA; NETO, 2013). O valor o inicial do passo individual é dado pelo parâmetro $step_{\text{inicial}}$, ou seja $step_{\text{ind}_i}(0) = step_{\text{inicial}}$ (MADEIRO et al., 2011).

$$step_{\text{ind}_i}(t+1) = decay_i \cdot step_{\text{ind}_i}(t) \quad (2.37)$$

$$decay_i = decay_{\min} - \left(\frac{R_i(t) - \min(R_j(t))}{\max(R_j(t)) - \min(R_j(t))} \right) (decay_{\min} - decay_{\max}(t)) \quad (2.38)$$

$$decay_{\max}(t) = decay_{\max_{\text{inicial}}} \left(\frac{decay_{\max_{\text{final}}}}{decay_{\max_{\text{inicial}}}} \right)^{t/T_{\max}} \quad (2.39)$$

$$R_i(t) = \sum_{j=1}^Q \frac{\Delta f_j}{(d_{R_{ij}})^{q_{ij}} \sum_{k=1}^N \frac{1}{(d_{R_{jk}})^{q_{jk}}} \quad (2.40)$$

No dFSS cada peixe possui uma memória $M_i = \{M_{i1}, M_{i2}, \dots, M_{iN}\}$, onde N é o número total de peixes. Na memória de um peixe é guardada a informação do quanto de alimento os outros peixes compartilharam com ele ao longo do processo de busca. O índice M_{ij} indica a influência do peixe j sobre o peixe i , ou seja quanto maior for M_{ij} maior será a influência do peixe j sobre o peixe i . O operador de memória é calculado através da Equação 2.41, onde $\rho \in [0, 1]$ é a taxa de esquecimento, um parâmetro que controla o quão é lembrado a influência exercida em iterações passadas.

$$M_{ij}(t + 1) = (1 - \rho)M_{ij}(t) + C(j, i) \quad (2.41)$$

O movimento coletivo-instintivo do dFSS é similar à busca por cardumes de peixes. Embora, cada peixe possui seu próprio vetor direção resultante I_i que é dado pela média ponderada do deslocamento realizado no movimento individual por um peixe j tendo como peso a sua influência M_{ij} como é mostrado na Equação 2.42. A atualização da posição do peixe é dado pela Equação 2.43. Segundo [Madeiro et al. \(2011\)](#), até mesmo os peixes que não se deslocaram durante o movimento individual irão influenciar no resultado de I_i , fazendo com que o peixe i simule esse comportamento se mantendo estacionário conforme o valor de M_{ij} .

$$I_i(t) = \frac{\sum_{j=1}^N \Delta x_j M_{ij}}{\sum_{k=1}^N M_{ik}} \quad (2.42)$$

$$x_i(t + 1) = x_i(t) + I_i(t) \quad (2.43)$$

Após a execução do movimento coletivo-instintivo é executado o operador de particionamento responsável pela divisão do cardume principal em vários subcardumes de tamanhos diferentes. Para a divisão do cardume é levado a seguinte condição de pertencimento: um peixe i pertence ao mesmo subcardume de um peixe j se somente se i é o peixe que exerce maior influência sobre o peixe j ou vice-versa ([MADEIRO et al., 2011](#)). O processo de divisão começa quando um peixe i , escolhido aleatoriamente, é retirado do cardume principal para formar um novo subcardume, em seguida é procurado um outro peixe j onde i seja o mais influente para j ou vice-versa, caso exista j que satisfaça essa condição o mesmo será retirado do cardume principal e adicionado ao subcardume em questão, em seguida esse procedimento é repetido para o peixe j em um processo em cascata. Esse processo é repetido até que não seja mais encontrado peixes que satisfaçam a condição de pertencimento para esse determinado subcardume, quando isso ocorre um novo peixe do cardume principal será retirado aleatoriamente para compor um novo subcardume e o processo recomeça. A formação dos subcardumes é realizada até que não haja mais peixes no cardume principal ([MADEIRO et al., 2011](#)).

Por fim, é realizado o movimento coletivo-volitivo de forma independente para cada subcardume como dado na Equação 2.44. Nesse movimento todos os peixes se deslocam

em direção ao baricentro do subcardume ($Bari_k(t)$) ao qual se encontra. O cálculo do baricentro de cada subcardume é feito da mesma forma como é feito para a busca por cardumes de peixes como é dado na Equação 2.32. Para evitar convergência prematura, a magnitude do passo a ser realizado pelo peixe em direção ao baricentro varia de acordo com o valor de $decay_{max}(t)$ (MADEIRO et al., 2011).

$$x(t + 1) = x(t) + (1 - decay_{max}(t))(Bari_k(t) - x(t)) \quad (2.44)$$

A seguir o pseudocódigo do método dFSS (LACERDA; NETO, 2013):

Tabela 6 – Pseudocódigo do método busca por cardumes de peixes baseada em densidade

Pseudocódigo: Busca por Cardumes de Peixes baseada em Densidade
1. Inicialize todos os peixes em posições aleatórias e seus pesos iguais à zero
2. Avalie a aptidão de todos os peixes
3. Calcule as distâncias entre os peixes
4. Repita os passos de (a) até (h) até que algum critério de parada seja alcançado
a) Para cada peixe do cardume, faça:
I) Execute o movimento individual.
II) Execute o operador de alimentação.
III) Atualize o peso dos peixes
IV) Execute o operador de memória
b) Para cada peixe do cardume, faça:
I) Execute o movimento coletivo instintivo
II) Determinar o peixe mais influente mais um dado peixe
c) Execute o operador de divisão do cardume principal
d) Para cada subcardume determinado na etapa anterior, faça:
I) Calcule o baricentro
e) Para cada peixe, faça:
I) Atualize o passo individual
II) Execute o movimento coletivo volitivo
f) Avalie a aptidão de todos os peixes
g) Calcule as distâncias entre os peixes
h) Atualize o valor de $decay_{max}(t)$
5. Selecione os melhores peixes de cada subcardume ao final do processo

2.3.6 Busca Não-Cega

Os algoritmos descritos aqui possuem a característica de iniciar com uma população de indivíduos obtida de forma totalmente aleatória. Com o objetivo de acelerar o processo de busca, e conseqüentemente, a convergência dos algoritmos, pode-se inserir à população inicial uma possível solução ao problema obtida através de um método impreciso, simples e direto. Tal abordagem é utilizada no trabalho *Application of a New Symmetry-Based Cluster Validity Index for Satellite Image Segmentation* proposto por Saha e Bandyopadhyay (2008). No artigo é proposto, entre outras coisas, o agrupamento de dados utilizando algoritmo

genético, sendo os indivíduos da população inicial obtidos através de poucas iterações do algoritmo *K-means* (algoritmo especializado no agrupamento de dados). Tal abordagem, neste trabalho, receberá o nome de Busca Não-cega (ou em inglês *Non-Blind Search - NBS*).

A busca não-cega pode ser aplicada na reconstrução de imagens de TIE, na tentativa de obter soluções razoáveis usando um pequeno número de iterações, ao acrescentar na população inicial uma solução construída usando uma versão ruidosas de uma solução obtida pelo método de Gauss-Newton.

2.4 Considerações

A Tomografia por Impedância Elétrica é, matematicamente, definida pela Equação de Poisson e suas condições de contorno relacionadas ao problema. O processo de reconstrução de TIE dividido pelos problemas direto e inverso, sendo o segundo um problema mal posto e mal condicionado. Uma das maneiras de reconstruir imagens de TIE é através de métodos de otimização, ou quais são métodos iterativos onde o problema direto é resolvido frequentemente. Os métodos de otimização que vem ganhando destaque são os métodos da Inteligência Computacional baseado em populações, os chamados algoritmos evolucionários e os algoritmos bioinspirados. Os algoritmos evolucionários são assim chamados por terem como inspiração os conceitos e princípios da evolução das espécies e da genética, levando em considerações os fenômenos como o de cruzamento, mutação e seleção natural. Enquanto que os algoritmos bioinspirados possuem como inspiração comportamento inteligente de seres vivos na natureza. No capítulo a seguir, será discutido criticamente alguns trabalhos relacionados à Tomografia por Impedância Elétrica, como também, aos algoritmos evolucionários e bioinspirados.

3 Trabalhos Relacionados

Este capítulo é dedicado a revisão de trabalhos relacionados a esta dissertação publicados nos últimos cinco anos. A revisão é dividida entre os trabalhos relacionados a tomografia por impedância elétrica e entre os trabalhos relacionados a computação evolucionário e bioinspirada.

3.1 Estado da Arte

3.1.1 Tomografia por Impedância Elétrica

Uma forma de reconstruir imagens de Tomografia por Impedância Elétrica é limitar a reconstrução do espectro de condutividade a partir de uma região de interesse (ROI). [Miao, Ma e Wang \(2014\)](#) partiram do pressuposto que em algumas aplicações, como processos de mistura, difusão e cristalização na indústria química e farmacêutica, como também no monitoramento da ventilação pulmonar a variação de condutividade ocorre em apenas uma determinada região do domínio considerado. Assim, eles propuseram um método adaptado do método linear *sensitivity-theorem-based conjugate gradiente* (SCG) chamado de RROI. O objetivo do método é utilizar todos os dados de medição de borda do domínio para reconstruir uma região de interesse específica e promover um aumento de resolução, sendo a proposta desenvolvida por eles, dedicada a reconstrução de imagens diferenciais.

A implementação da região de interesse específica é feita a partir de um conhecimento prévio ou através de um limiar de variação, sendo assim, no processo de reconstrução das imagens a variação de condutividade fora da região de interesse é considerada como sendo nula e dentro da ROI (região a ser reconstruída) é tida como diferente de zero. A aplicação da ROI diminui a ordem da equação matricial do problema direto, ou seja, a razão entre o número de medições independentes e o número de elementos finitos aumenta, o que melhora a condição mal-posto do problema. Além disso, ao diminuir o número de elementos, limitando o domínio de reconstrução, há uma diminuição do custo computacional da reconstrução da imagem, ocasionando numa diminuição no tempo de reconstrução.

A avaliação do novo método foi realizada por simulação e por imagens de fantasmas. A partir das imagens reconstruídas por simulação foi percebido que o método RROI é capaz de obter imagens com melhor resolução espacial com boa acurácia com relação às imagens obtidas pelo SCG aplicado ao domínio completo. A análise feita através das imagens é comprovada quantitativamente por duas métricas: a resolução espacial e o coeficiente de correlação. A resolução espacial é definida pela razão do diâmetro do objeto considerado na imagem padrão-ouro em relação ao domínio total, enquanto que o coeficiente de correlação

é dado pelas condutividades da imagem reconstruída e da imagem padrão ouro. A partir desses parâmetros foi confirmado que o RROI conseguiu melhoramentos significantes na qualidade da imagem e com relação ao SCG. Como fantasmas foi utilizado barra de nylon e cobre em solução salina, os resultados obtidos também mostraram que o RROI foi superior ao SCG, contudo foi percebido que o método proposto é mais sensível a ruídos, sendo ainda necessário um sistema de aquisição com alta razão sinal ruído para detectar pequenas variações de potencial elétrico que corresponde a pequenas variações de condutividade.

A conclusão feita pelo autores foi que comparado com métodos de reconstrução de imagens convencionais que usam o domínio completo, a estratégia do RROI é capaz de melhorar a resolução da imagem localmente de forma efetiva sem aumentar o número de eletrodos e a complexidade do sistema de aquisição de dados.

O próximo trabalho a ser discutido é trabalho proposto por (ZHANG et al., 2014), onde foi desenvolvido um algoritmo de reconstrução para imagens tridimensionais de tomografia por impedância elétrica dedicadas a detecção do câncer de mama. Devido a sua aplicação e pelo fato da técnica produzir um mapa da impedância do tecido mamário, os autores a denominaram de mamografia por impedância elétrica (MIE, ou do inglês *Electrical Impedance Mamography - EIM*). Segundo Zhang et al. (2014), antes dos sintomas aparecerem, mudanças citológicas e histológicas ocorrem em tecidos cancerígenos as quais provocam mudanças significativas nas propriedades elétricas dos tecidos quando comparados a tecidos normais. Sendo assim, tumores podem ser detectados através da TIE de forma precoce, onde o tratamento ao câncer é mais eficaz.

Em relação a tomógrafos de TIE usuais, o mamógrafo por impedância elétrica apresentado pelos autores difere com relação ao arranjo dos eletrodos, i.e. enquanto que tomógrafos usuais dispõem os eletrodos ao redor da circunferência do corpo de estudo (denominada de configuração anelar), no MIE 85 eletrodos são colocados numa matriz plana hexagonal a qual é pressionada em direção a mama para a aplicação das correntes e medição dos potenciais elétricos. Segundo Zhang et al. (2014), a configuração anelar possui a desvantagem dela ser insensível a lesões no centro da mama e regiões fora do plano dos eletrodos, enquanto que a configuração planar possui um desempenho ruim para detectar lesões distantes do plano dos eletrodos e em determinar a profundidade da lesão.

O algoritmo de reconstrução proposto pelos autores é um aprimoramento de um algoritmo desenvolvido por eles anteriormente o qual é baseado no algoritmo desenvolvido pelo grupo Sheffield. Nesse método a diferença da distribuição de potencial elétricos antes de depois do objeto de estudo ser posicionado em um campo uniforme. Contudo essa diferença resulta em erros, produzidos pelos eletrodos, superiores aos ruídos do sinal. Deste forma, o grupo Sheffield faz uso do logaritmo neperiano na razão de potenciais elétricos para garantir que os valores de condutividade presente na malha sejam positivos. A inovação do trabalho é dado pela implementação do termo de correção, o qual dá a habili-

dade ao algoritmo de convergir mais rapidamente e melhorar a acurácia da condutividade reconstruída.

Com relação ao método dos elementos finitos, há uma relação entre velocidade e acurácia, isso quer dizer, o quão maior for o número de elementos na malha melhor será a acurácia do algoritmo, no entanto, maior será o tempo de reconstrução devido ao aumento de complexidade do problema. Dessa forma, os autores propuseram o método intitulado de *duo-mesh*. O conceito é utilizar duas malhas de elementos finitos, uma mais fina e outra grosseira (i.e. uma malha mais e outra menos refinadas). Como o problema direto da TIE é relativamente rápido, para resolvê-lo é usado a malha mais refinada para obter melhores resultados, por outro lado o problema inverso é mais complexo e lento, então dessa forma, para resolvê-lo é utilizado a malha menos refinada. Utilizar a malha mais refinada para resolver o problema inverso causaria um aumento considerável no tempo de reconstrução, além disso, a condição de mal-posto do problema inverso é dado pelo fato do número de elementos ser maior do que o número de medições independentes, dessa forma, uma malha mais refinada usada no problema inverso só deixaria a solução mais instável do que a solução obtida por um malha menos refinada. Dessa forma o método *duo-mesh* melhorou a acurácia para a simulação do problema direto e a velocidade e estabilidade (ZHANG et al., 2014).

Para validar o método proposto foi considerado dados simulados, de fantasmas e de pacientes. Através do experimentos com dados simulados, foi possível observar que algoritmo proposto se tornou mais rápido com relação ao antigo por necessitar de um menor número de iterações para convergir. Além de obter melhor resolução, e com relação a objetos mais distantes da matriz de eletrodos houve uma melhor acurácia e sensibilidade da parte do novo algoritmo. Utilizando dados referentes ao um modelo de um seio percebeu-se que o novo método conseguiu identificar o tumor de forma mais clara que o antigo algoritmo, contudo a posição tumor estava levemente deslocada e um pouco menor com relação a posição e tamanho real do mesmo. Já com dados reais de três pacientes observou-se que em duas delas os métodos foram capaz de encontrar o tumor, mas com a versão mais recente obtendo as melhores imagens, enquanto que em uma paciente apenas o método mais recente foi capaz de identificar o tumor mamário.

Entre os algoritmos de reconstrução de TIE, há aqueles onde os valores de condutividade de todos os *pixels* (ou de elementos finitos para aqueles que utilizando o método dos elementos finitos) são todos calculados simultaneamente através de uma equação linear mal condicionada, chamados de algoritmos baseados em matrizes de sensibilidade, e há aqueles onde os valores dos *pixels* são calculados de forma direta e independente através do mapa *Dirichlet-to-Neumann* ou *Neumann-to-Dirichlet*, chamados de algoritmos diretos (CAO; XU, 2013).

Comparado com a TIE para planos 2-D, as imagens em 3-D necessitam de mais infor-

mação espacial, dessa forma, mais eletrodos são necessários. Além de que, os algoritmos de reconstrução para imagens de 3-D possuem maior custo computacional justamente pela necessidade de processar mais informações. Cao e Xu (2013) propuseram um algoritmo direto não iterativo e sem a necessidade de usar matrizes de inversão para a reconstrução de imagens 3-D de TIE utilizando o método de fatoração e eletrodos dispostos em apenas um plano.

A validação do método foi feita a partir de simulações onde o objetivo foi observar bolhas em escoamentos de água de diferentes tamanhos e posições em tubos. Nas simulações foram utilizados 16 eletrodos posicionados ao plano transversal à direção do escoamento da água. Os experimentos demonstraram que o método é capaz de identificar as bolhas em suas diferentes posições e tamanho. Além disso foi realizado um teste de robustez, onde um dos eletrodos é considerado como desconectado e apenas as medidas utilizadas pelos outros eletrodos podem ser utilizadas para a reconstrução. Neste caso, as imagens obtidas foram similares às imagens obtidas usando todas as medições provenientes dos 16 eletrodos, mostrando que apesar da falta de um eletrodo o método ainda é capaz de reconstruir imagens.

Ao final, os autores lembram que o método proposto por eles, por ser um método direto o qual os *pixels* da imagem podem ser calculados independentemente, pode ser utilizado para reconstruir apenas uma determinada região do domínio (algo semelhante a proposta do método RROI discutido anteriormente).

Jung e Yun (2015) propuseram um método linear iterativo para a reconstrução de imagens diferenciais de TIE baseado na regularização *total variation* (TV), nomeado de *linearized alternating direction method of multipliers* (LADMM). Normalmente os métodos de regularização possuem operadores diferenciais de primeira ou de segunda ordem que ao serem aplicados resultam em imagens borradas, dificultando a estimação do tamanho de objetos presente no domínio e nos valores de contraste, o que inviabiliza a utilização do método em operações clínicas, como na detecção de câncer. De contrapartida, o *total variation* possui a habilidade de preservar a descontinuidade durante a reconstrução, dessa forma, provendo melhor estimação do contorno dos objetos e melhor acurácia em estimar valores de condutividade.

Contudo a regularização *total variation* possui um termo de não diferencial e não linear, o que vem a ser um obstáculo para o uso da TIE em aplicações clínicas. Pensando nisso, o LADMM proposto por Jung e Yun (2015) evita a não diferenciabilidade do termo TV, por se tratar de um método de primeira ordem, onde inversão de matrizes e parâmetros suavizantes não são necessários, e em cada iteração apenas multiplicações de vetores matrizes são realizadas, tal simplicidade pode tornar o método apropriado a aplicações clínicas reais e havendo a possibilidade do mesmo ser paralelizado.

Para validar o método os autores utilizaram experimentos utilizando dados numé-

ricos e dados experimentais *in vivo* dispostos na plataforma EIDORS (ver seção 4.2) e compararam os resultados com o método *Primal Dual Interior Point Method* (PD-IP), método iterativo de segunda ordem que necessita de inversão de matrizes por iteração. Dessa forma, os resultados mostram as diferenças entre um método de primeira ordem e outro de segunda ordem.

Um ponto a ser observado é que o tempo de uma iteração do PD-IP é equivalente ao tempo necessário para o LADMM executar 100 iterações. Quanto as imagens obtidas pelos métodos para os dados numéricos, é visível que o LADMM é mais rápido do que o PD-IP para identificar os objetos posto na imagem padrão-ouro. Contudo, com o passar das iterações, o desempenho do LADMM perde forças e acaba por obter uma imagem um pouco embaçada, enquanto que o PD-IP obtém uma imagem mais próxima da imagem padrão-ouro mas com objetos com seus cantos arredondados, o que, segundo os autores, é característica de métodos de segunda ordem. Ainda com relação aos dados numéricos, os autores avaliaram a capacidade de reconstrução do método mediante a valores de entradas com ruídos gaussianos de 10%, o que pode-se ser observado é que houve uma queda na resolução das imagens, mas mesmo assim o comportamento visto anteriormente para os dados sem ruídos se manteve.

Como dados experimentais reais foram utilizados dados respiratórios de um homem jovem e saudável e de um fantoma do tórax composto por um coração e pulmões postos em uma solução salina. Para os primeiros dados, os dois métodos conseguiram reconstruir o pulmão insuflado, além disso, semelhantemente aos resultados obtidos por dados numéricos, o LADMM foi mais rápido ao identificar os pulmões na imagem durante o processo iterativo, havendo um rápido progresso no início, mas lento no final, enquanto que o PD-IP, mais lento no início, obteve imagens de melhor contraste do que o LADMM e com cantos arredondados. Os resultados obtidos utilizando os dados do fantoma do tórax manteve a tendência dos outros resultados, onde o PD-IP possui mais contraste contudo os pulmões aparecem conectados entre si, fato que não ocorre com na imagem obtida pelo LADMM.

No trabalho de [Martin e Choi \(2016\)](#) para a reconstrução de imagens de tomografia por impedância elétrica foi utilizado uma rede neural artificial (ou da sigla inglês *ANN* - *Artificial neural network*) treinada utilizando o algoritmo de otimização *Particle Swarm Optimization* (PSO). O objetivo do trabalho foi manter uma taxa de convergência alta dentro de um limite de iterações. No processo de treinamento da rede neural, foi assumido que cada partícula do PSO contém um conjunto de pesos e viés aos quais são submetidos à ANN usando o conjunto de treino para determinar a melhor combinação de pesos através do cálculo do erro médio quadrático entre o objetivo e a saída da rede.

A análise do desempenho do algoritmo foi feita considerando o erro posicional e a resolução. No primeiro é observado a distância entre o centro de massa do objeto na

imagem real e o centro de massa do objeto na imagem reconstruída, enquanto que a resolução estima a razão do raio do objeto reconstruído como uma fração do meio. Um ponto colocado em questão no trabalho de [Martin e Choi \(2016\)](#) foi a incerteza da borda do domínio e a posição dos eletrodos. Devido a condição de problema mal-posto da TIE, uma diferença na posição dos eletrodos dispostos no objeto e na posição considerada no domínio de reconstrução pode resultar em grandes erros. Para superar isso, os autores optaram por treinar a rede neural com potenciais elétricos obtidos de diferentes modelos, de modo a permitir à rede uma forte capacidade de interpolação para lidar com borda de domínios não visto previamente.

Segundo os autores, o método proposto se mostrou altamente sensível a presença de ruídos, sendo assim, também foi considerado meios de filtração dos dados medidos antes de serem usados no treinamento da ANN o que resultou num método mais robusto. Quanto ao desempenho do PSO no treinamento da ANN, através da validação cruzada foi constatado que, comparando-se com o método do gradiente descendente, o PSO foi capaz de convergir em 2000 iterações, enquanto que o gradiente descendente necessitou de mais de 10000 iterações.

O método proposto por [Martin e Choi \(2016\)](#) (ANN+PSO) foi avaliado através de experimentos simulados e fantomas, e comparados com método linear *one-step Gauss-Newton* e ao método não linear *primal/dual interior point method*. Os resultados obtidos indicaram que resolver o problema inverso da TIE, através de algoritmos não lineares, resultam em um distribuição de condutividade também não linear, o que reduz contornos suaves na imagem final, enquanto os outros dois métodos lineares obtiveram imagens com objetos deformados e de contorno suave. Além de que, quanto ao erro posicional e a resolução das imagens, o ANN+PSO obtiveram os menores valores para esses parâmetros quando comparados ao *one-step Gauss-Newton* e o *primal/dual interior point method*.

3.1.2 Computação Evolucionária e Bioinspirada

Entre os algoritmos evolucionários e bioinspirados, há os chamados algoritmos meméticos que nada mais são do que um algoritmo evolucionário implementado com algum método de busca local ou que faça uso de alguma informação específica do problema. [Sheng et al. \(2014\)](#) propuseram um algoritmo memético utilizando três busca locais além de uma procura baseada em ninchos dedicado ao problema de agrupamento de dados chamado de MAMN.

Agrupamento de dados (ou do inglês *clustering*) é um dos métodos de reconhecimento de padrões o qual é feito de forma não-supervisionada, ou seja, quando não se dispõe de um conhecimento prévio dos dados. Um exemplo de um problema de agrupamento seria: formar grupos dado um conjunto de objetos de modo a separar e organizar tais objetos de tal forma que objetos de um mesmo grupo sejam semelhantes e objetos

de grupos diferentes sejam distintos. Esses "objetos" como foram chamados no exemplo anterior recebem o nome de instâncias na área de reconhecimento de padrões.

A população do MAMN é formada por indivíduos de vetores de valores reais e de tamanho variável. Cada indivíduo contém um possível particionamento do conjunto de dados, i.e., cada indivíduo é formado pelos centros dos grupos que particionam o conjunto. Por não haver um conhecimento a priori de quantos grupos há no conjunto de dados a ser agrupado, é necessário que haja indivíduos com diferentes números de grupos de modo a analisar quantos são realmente necessários para o particionamento. É por isso que a população é formada por indivíduos de tamanho variável. A recombinação desses indivíduos é feita ao trocar de forma aleatória entre dois indivíduos um ou mais centros dos grupos. A prole gerada pela recombinação será mutada com baixa probabilidade utilizando a mutação Gaussiana.

Segundo [Sheng et al. \(2014\)](#) não há uma função perfeita para avaliar semelhanças entre instâncias para diferentes tipos de conjuntos de dados. Dessa forma, uma das inovações proposta em seu trabalho foi a utilizar uma função objetivo no algoritmo memético dada pela contribuição de três métricas já bem estabelecidas, a saber: as funções Davies–Bouldin (DB), Calinski Harabasz (CH) e I-index. O uso dessas três métricas recebeu o nome de critério consenso e tem por objetivo aumentar a confiança dos resultados de agrupamentos pois cada função possui diferentes propriedades e fundamento.

Basicamente há dois desafios em um problema de agrupamento, o primeiro é determinar o número de grupos para um conjuntos de dados, o segundo é particionar da melhor forma possível tal conjunto. Dessa forma, para ser capaz de superar tais desafios o MAMN foi implementado com um mecanismo de busca local específico ao problema de agrupamento. Tal mecanismo é composto por três busca locais, as duas primeiras são designadas a encontrar o número ideal de particionamento dos dados, são os operadores *Cluster merge* e *Cluster split*, no primeiro um grupo determinado aleatoriamente é combinado com o grupo mais próximo dele para forma um só grupo, enquanto que no segundo, um grupo também escolhido de forma aleatória é quebrado em dois grupos. Em cada indivíduo do algoritmo memético é aplicado apenas um dos operadores (ou operador *merge* ou o *split*), a escolha por qual operador aplicar é feita de forma aleatória e a cada execução é avaliado seu desempenho, de forma que, o operador que esteja obtendo os melhores resultados tenha uma maior probabilidade de ser escolhidos nas iterações seguintes. A terceira busca local é o operador *K-means* responsável por encontrar o melhor particionamento dos dados. O *K-means* é um algoritmo iterativo simples especializado para o agrupamento de dados. No operador *K-means* do MAMN para todos os indivíduos é executado uma iteração de tal algoritmo.

Para a evitar a convergência prematura que podem ocorrer em algoritmos evolucionários e meméticos, o autores implementaram o MAMN com um método adaptativo baseado

em ninchos. O objetivo do método é fazer a seleção de indivíduos de modo a manter grupos de indivíduos espalhados no espaço de busca permitindo a sua melhor exploração. O método é baseado no RTS (sigla em inglês para *Restricted Tournament Selection*), para cada filho x gerado é escolhido w indivíduos da população e entre eles é determinado qual indivíduo y é mais próximo de x . A seleção se dará ao competir x com y , onde aquele que possuir melhor aptidão será considerado na geração seguinte. Como pode ser observado o RTS é bastante dependente do valor do parâmetro w , pois com um valor baixo de w a probabilidade de escolher um indivíduo geralmente próximo de x é baixa, o que dificultaria a geração e manutenção de ninchos, enquanto que o um valor alto de w fortaleceria a manutenção de ninchos por haver uma alta probabilidade de fazer a competição entre vizinhos. Sendo assim, dividindo a população em subpopulação e avaliando a concentração e diversidade de cada uma o MAMN possui uma estratégia de adaptação para encontrar o valor ideal para o parâmetro w a cada iteração.

Para a validação do método, os autores optaram por utilizar conjuntos de dados sintéticos e reais e comparar o desempenho com outros métodos de agrupamento que utilizam algoritmo evolucionários ou meméticos. De um modo geral, percebeu-se que o MAMN possui boa convergência com tempos entre 5 e 5184 segundos a depender da complexidade do conjunto de dados. Além de apresentar bons resultados tanto com relação ao número de grupos que melhor particionam o conjunto quanto à posição do ponto central de cada grupo.

No trabalho feito por [Freitas et al. \(2016\)](#) é avaliado o desempenho do método de busca e otimização busca por cardumes de peixes na sintonia dos parâmetros de um controlador proporcional integral e derivativo (PID).

Como descrito na seção [2.3.4](#) a busca por cardume de peixes é um algoritmo bionspirado baseado no comportamento coletivo de peixes. O método leva em consideração a capacidade dos peixes de se organizarem em cardumes em troca de obter proteção contra predadores e facilitar a obtenção de alimentos, onde cada peixe executa movimentos individuais e coletivos na busca por alimento. A medida que um peixe encontra alimentos ele engordando e tornando-se mais influente para os outros peixes. Quando há uma concentração de alimento em uma determinada região o cardume se contrai, enquanto que quando há uma escassez de alimento o cardume se expande.

Segundo [Freitas et al. \(2016\)](#), controlador Proporcional-Integral-Derivativo (PID) é uma ferramenta da engenharia de análise e controle de processos mais usadas na indústria. o controlador PID possui a característica de ser robusto (podendo ser utilizado em uma ampla gama de condições) e de operação simples e direta. A função do controlador é verificar o erro entre o valor de saída do processo e o valor desejado com o objetivo de minimizá-lo, anulá-lo ou preveni-lo. Para o seu funcionamento o controlador possui três parâmetros K_p , K_i e K_d responsáveis pelos ganhos proporcional, integral e derivativo

respectivamente, os quais devem ser sintonizados. A sintonização desses parâmetros é feita de forma manual ou através de métodos heurísticos clássicos como o método de sintonia de Ziegler-Nichols.

A contribuição do trabalho de Freitas et al. (2016) foi a aplicação e avaliação da busca por cardume de peixes na sintonias dos parâmetros K_p , K_i e K_d com a finalidade de obter o melhor desempenho do controlador. O peixe, neste caso, é dado pelo vetor de valores reais de dimensão 3 contendo os valores de cada parâmetro. A função de aptidão contém os valores do percentual de ultrapassagem e o tempo de estabilização da resposta do controlador os quais devem ser minimizados para obter uma melhor resposta.

Os resultados obtidos para a sintonia do controlador PID foram comparados com resultados obtidos pelo método Ziegler-Nichols e PSO. No trabalho é apresentando a resposta ao degrau unitário para os controladores sintonizados pelos diferentes métodos. Através desses resultados foi possível observar que a sintonia da busca por cardume de peixes e do PSO obtiveram resultados parecidos e ao mesmo tempo melhores do que a sintonia do método Ziegler-Nichols. Também foi avaliado a replicabilidade da busca por cardume de peixes e do PSO ao realizar 30 experimentos para cada método e avaliar os melhores resultados de cada simulação. A partir desses experimentos pôde-se observar que os resultados obtidos pela busca por cardume de peixes eram mais próximos entre si e mais estável do que os resultados obtidos pelo PSO.

Uma outra aplicação para os algoritmos evolucionários e bioinspirado é o planejamento de redes locais sem fios. Em razão ao crescimento da utilização de dispositivos remotos, seja em residências, locais públicos e em áreas empresariais, as redes sem fio precisam ser mais confiáveis, sem falhas e oferecendo sinal de qualidade dentro de sua região de cobertura. O desafio no planejamento da redes sem fio ou WLAN (sigla do inglês *Wireless Local Area Network*) é distribuir os pontos de acessos (APs), ampliando a região de cobertura, de modo que não haja interferências entre APs os quais estejam usando o mesmo canal. Um outro ponto importante é o balanceamento da carga entre os APs para promover um bom desempenho da rede através da distribuição das tarefas executadas sem que haja um sobrecarregamento de um APs por ter muitas estações clientes conectados a ele (SOUZA et al., 2016). O uso de métodos da inteligência computacional para o planejamento de redes vem se tornando comum, em Souza et al. (2016) é proposto um algoritmo de evolução diferencial para o planejamento de redes WLAN com a abordagem de maximizar o balanceamento da carga e a qualidade do sinal nas estações clientes.

A objetivo do trabalho de Souza et al. (2016) é encontrar o melhor posicionamento e mapeamento de canais para os APs, levando em consideração a cobertura e demanda de usuários. Sendo assim, possuindo dois objetivos conflitantes que são a maximização do balanceamento de carga entre os APs e a maximização da relação sinal ruído média dos clientes. O que caracteriza um problema multiobjetivo, onde há duas função de aptidão, uma

para cada maximização descrita anteriormente. Em problemas multiobjetivo o resultado final não é mais dado por uma solução ótima global e sim por um conjunto de soluções não dominadas, chamadas de pareto-ótimas, para atender os diferentes requisitos. Graficamente, tais soluções formam uma curva chamada de fronteira de pareto.

A solução encontrada foi utilizar o algoritmo de evolução diferencial e a heurística gulosa¹ baseada no algoritmo de coloração de grafos DSATUR.

Considerando que N é o número de APs a serem instaladas na WLAN, o vetor considerado na evolução diferencial é de tamanho $2N$ ao conter as posições x e y onde as APs estão posicionadas. É possível que número mínimo necessário de APs seja menor do que o número de APs disponível. Para isso foi desenvolvido uma heurística de detecção de APs obsoletos, onde é um AP é desativado por vez e verificado se o fator de cobertura continua atendido, caso continue atendido o AP fica desativado, se não ele é reativado. O tipo de cruzamento utilizado pelo algoritmo é o cruzamento binário, tendo a seleção de vetores de forma aleatória. Como o processo de busca pode levar a soluções ineficazes, tais soluções são penalizadas diminuindo seu valor nas funções de aptidão e diminuindo assim a probabilidade de serem escolhidas para gerar novas soluções.

Para a validação do algoritmo proposto os autores optaram por dois cenários que visam simular a necessidade de atender uma rede WLAN plana com demanda de 400 clientes em um ambiente de 160.000 m^2 . No primeiro cenário todos os clientes são posicionados de forma aleatória, já no segundo cenário é considerado três regiões de aglomerações de usuários (como shoppings e aeroportos), incluindo alguns clientes que foram distribuídos de forma aleatória também. Além disso, os autores também avaliaram a replicabilidade do algoritmo ao fazer 33 simulações para cada cenário para estimar sua robustez e o comparando-o com o algoritmo *K-means*. Para o primeiro cenário foi visto que o algoritmo proposto demonstrou boa replicabilidade e obtendo resultados com 11 a 21 pontos de acessos, quanto ao *K-means* só conseguiu resultados com 21 APs. Ainda nesse caso o *K-means* conseguiu melhores resultados para a relação sinal ruído, no entanto a evolução diferencial conseguiu resultados superiores no balanceamento da carga. O segundo caso, por possuir áreas de concentração, se assemelha mais a um caso real, sendo também mais complexo do que o primeiro. Nesse cenário, o método proposto ainda obteve uma boa robustez para as 33 simulações obtendo resultando variando de 10 a 19 APs enquanto que o *K-means* encontrou soluções a partir de 15 APs. Sobre o balanceamento de carga e a

¹ **Busca gulosa** - tipo de busca que expande sempre o nó mais próximo do objetivo, supondo que isso o levará mais rapidamente. Exemplo: digamos que precisamos encontrar o menor caminho entre duas cidades, sabendo que a partir da cidade de origem é possível ir a duas cidades intermediárias. Pela busca gulosa a cidade intermediária escolhida para seguir viagem sempre será a que se encontra a uma menor distância da cidade de destino. Ao chegar na cidade intermediária as próximas escolhas sempre serão feitas da mesma forma, sempre considerando a situação atual. Aparentemente, as escolhas da busca gulosa nos leva a achar que ela sempre encontrará o menor caminho entre as cidades de origem e de destino, no entanto, pode haver um caminho melhor ao optar por situações piores em certos pontos do caminho.

relação sinal ruído a evolução diferencial obteve resultados superiores ao *K-means* para os dois casos.

O próximo trabalho a ser discutido também trás uma abordagem multiobjetivo, neste caso, a proposta de Xue, Zhang e Browne (2013) foi desenvolver métodos baseados no PSO para a seleção de atributos no problema de classificação. No problema de classificação o objetivo é identificar instâncias dentre um conjunto de dados a partir das informações presentes em seus atributos. Geralmente, o conjunto de dados em problemas de classificações possui um alto número de atributos que podem ser irrelevantes e redundantes que faz com que o tempo de treinamento de aprendizagem e a complexidade dos classificadores aumentem, podendo até diminuir o desempenho da classificação. Dessa forma, a seleção de atributos tem como objetivo encontrar quais atributos são realmente necessários e relevantes para uma boa classificação. Sendo esta, uma tarefa com objetivos conflitantes, pois a diminuição de atributos pode comprometer o desempenho da classificação, contudo, a finalidade do método é minimizar o número de atributos e ao mesmo tempo maximizar o desempenho da classificação, i.e. minimizar a taxa de error da classificação.

No trabalho são propostos dois algoritmos baseados no PSO multiobjetivo que são o NSPSOFS o qual usa a ideia de classificação não dominada e o CMDPSOFS que usa *crowding*², mutação e dominância. Sendo o NSPSOFS um método mais simples, mas ao mesmo, possuindo a limitação de perder rapidamente a diversidade no enxame durante o processo evolucionário. Uma das diferenças mais marcantes entre os métodos são as seguintes: no NSPSOFS as soluções não dominadas fazem partes do enxame durante todo o processo de busca, enquanto que no CMDPSOFS possui um conjunto externo de líderes usado para guardar as soluções não dominadas, sendo tal conjunto atualizado a cada iteração.

Para avaliar o desempenho dos algoritmos na seleção de atributos, os resultados dos mesmos em experimentos foram comparados com dois métodos tradicionais na seleção de atributos, dois algoritmos de objetivo único e três bem estabelecidos algoritmos evolucionários multiobjetivos. Os algoritmos convencionais usados foram *Linear Forward Selection* (LFS) e *Greedy Stepwise Backward Selection* (GSBS), os algoritmos de objetivo único foram o ErFS e *PSO With a Two-Stage Fitness Function* (2SFS), e por fim os algoritmos multiobjetivos utilizados foram *Nondominated Sorting-Based Multi-Objective GA II* (NSGAI), *Strength Pareto Evolutionary Algorithm 2* (SPEA2) e *Pareto Archived Evolutionary Strategy* (PAES). Os conjuntos de dados utilizados nos experimentos foram obtidos no repositório de aprendizado de maquina UCI, ao total foram 12 conjuntos de dados utilizados, como por exemplo o conjunto de dados *World Breast Cancer - Diagnostic* contendo 30 atributos, 569 instancias e duas classes. No experimentos, cada conjunto de dados foi dividido de forma

² *Crowding* - método de gerenciamento de populações em algoritmos evolucionários para manter a diversidade entre os indivíduos.

aleatória em dois grupos: 70 % do conjunto de dados foi utilizado como conjunto de treino e os 30 % restante foram usado como conjunto de teste. Cada partícula do PSO representa um atributo. O algoritmo de aprendizado utilizado no processo de treinamento evolucionário foi o *K-nearest neighbor* (KNN) com $K = 5$.

A partir dos resultados obtidos os autores concluíram que tanto NSPSOFS quanto CMDPSOFS conseguiram obter melhores conjuntos de atributos do que LFS, GSBS, ErFS, e 2SFS. NSPSOFS, o mais simples algoritmo proposto, obteve resultados similares a NSGAll, SPEA2 e PAES na maioria dos casos, enquanto que CMDPSOFS superou todos os métodos tanto na diminuição do número de atributos quanto no desempenho da classificação.

O último trabalho a ser discutido trás uma nova proposta para o algoritmo de Colônia de Abelhas Artificiais (*Artificial Bee Colony* - ABC). Segundo [Chen, Sarosh e Dong \(2012\)](#) o ABC pode ser competitivo comparado a outros algoritmos como algoritmos genéticos e PSO, no entanto em algumas situações o ABC possui uma pobre taxa de convergência. Sendo assim, com o objetivo de aumentar a capacidade explorativa³ do ABC, [Chen, Sarosh e Dong \(2012\)](#) propuseram um algoritmo de colônia de abelhas artificiais baseado em *Simulated Annealing* (SA).

Proposto por [KARABOGA em 2005](#), o ABC ainda é uma técnica recente, cuja inspiração vem do comportamento coletivo de abelhas. Segundo [Chen, Sarosh e Dong \(2012\)](#), comparado a algoritmos genéticos e PSO o ABC possui baixa complexidade computacional, programação fácil e bom desempenho. Enquanto que o *Simulated Annealing* (ou Reconhecimento Simulado), baseado na teoria da termodinâmica de resfriamento de corpos, é uma meta-heurística de otimização por busca local de escalada de monte, capaz de escapar mínimos locais ([RIBEIRO, 2016](#)). O SA não é um algoritmo baseado em população, na verdade, no SA é feito o refinamento de uma só solução candidata ao problema ao longo de suas iterações, como forma de evitar mínimos locais o algoritmo pode aceitar soluções de pior valor na função objetivo. Por exemplo, para um problema de minimização, um passo que aumente o valor da função objetivo pode ser aceita como parte de uma série de passos onde a tendência é a diminuição do valor da função objetivo ([CHEN; SAROSH; DONG, 2012](#)). Como o ABC é um algoritmo de inteligência de enxames, a implementação do SA ao ABC busca aumentar o processo de evolução individual das abelhas, com a finalidade de aumentar a velocidade de convergência do algoritmo ([CHEN; SAROSH; DONG, 2012](#)).

O algoritmo de colônia de abelhas artificiais básico é definido por ter três tipos de abelhas, as campeiras, as seguidoras e as escudeiras. As abelhas campeiras são responsáveis por explorar as fontes de néctar ao redor da colmeia e passar a informação para as abelhas seguidoras sobre a qualidade das fontes de néctar as quais elas estão explorando.

³ Exploração é o tipo de busca refinada executada pelos algoritmos de busca e otimização, i.e., o processo de busca se concentra na vizinhança de uma região promissora. De forma antagônica, a Exploração é o tipo de busca que responsável por percorrer o espaço de busca, ou seja, avaliando novas regiões do espaço de busca.

Onde cada fonte de néctar possui uma abelha campeira. Baseadas nas informações trazidas pelas abelhas campeiras, as abelhas seguidoras escolhem quais fontes de néctar devem explorar. Quando uma fonte de néctar é esgotada pelas abelhas campeiras e seguidoras, a abelha campeira dessa fonte torna-se uma abelha escudeira a qual irá explorar de forma aleatória, sem nenhuma direção definida, novas fontes de alimento. Segundo os autores, a implementação do SA ao ABC é feita nas abelhas campeiras, as quais fazem uma busca aleatória em sua vizinhança, a qual pode encontrar o ótimo global, mas não garante uma solução melhor por iteração, sendo assim, a velocidade de convergência é baixa. No entanto, considerar apenas soluções melhores a cada iteração aumentam as chances de ficar preso em um ótimo local. O objetivo de implementar o SA nas abelhas campeiras é aumentar as chances de encontrar soluções melhores ao mesmo tempo que garante que soluções piores também sejam consideradas para evitar uma convergência prematura. Dessa forma, o SA tem por função aumentar a velocidade de convergência e a produzir solução de melhor qualidade. Ao algoritmo do ABC implementado com o SA foi dado o nome de SAABC

Para validar o algoritmo proposto, os autores optaram por avaliar seu desempenho utilizando seis funções *Benchmark* com diferentes dimensões e comparar seus resultados com resultados do ABC básico e o *global-best-solution guided* ABC (GABC - um variante do ABC). A partir dos resultados experimentais foi possível observar que o SAABC foi superior ao ABC e o GABC na maioria dos casos.

3.2 Considerações

Neste capítulo foi apresentado diferentes propostas relacionadas à tomografia por impedância elétrica e aos algoritmos evolucionários e bioinspirados nos últimos cinco anos. A proposta deste capítulo foi de abordar diferentes visões sobre esses temas e o que se tem atualmente como estado da arte. Como uma forma de resumir os algoritmos de reconstrução de TIE descritos na seção 3.1.1 na Tabela 7 é feita uma comparação entre os métodos comentados, além disso, na tabela também está incluso as características das técnicas propostas nesses trabalhos.

Tabela 7 – Tabela comparativa entre os métodos.

Trabalhos	Método		
	Linear ou não	Iterativo ou não	Direto ou Não
RROI	Linear	Iterativo	Não direto
(ZHANG et al., 2014)	Linear	Iterativo	Não direto
(CAO; XU, 2013)	Linear	Não iterativo	Direto
LADMM	Linear	Iterativo	Não direto
ANN + PSO	Não linear	Iterativo	Não direto
Técnicas propostas	Não linear	Iterativo	Não direto

4 Proposta: TIE e Busca por Cardumes de Peixes

4.1 Método de Reconstrução Proposto

Este trabalho tem como proposta a reconstrução de imagens de tomografia por impedância elétrica através de métodos de busca e otimização. Dessa forma, a estimação da distribuição de condutividade de uma seção transversal de um objeto (problema inverso) é obtida através de um processo iterativo onde o problema direto da TIE é resolvido diversas vezes. Sendo a finalidade desse processo iterativo minimizar o Erro Quadrático Relativo (descrito na subseção 2.2.3) entre as distribuições de potenciais elétricos medidos e de potenciais elétricos calculados de imagens artificiais considerados pelo algoritmo de reconstrução.

Neste capítulo é descrito como os algoritmos de busca e otimização descrito na seção 2.3 foram implementados na reconstrução de imagens de TIE.

4.2 Infraestrutura Experimental

Os experimentos realizados neste trabalho foram feitos através do uso da ferramenta EIDORS¹ (sigla em inglês para *Electrical Impedance Tomography and Diffuse Optical Tomography Reconstruction Software*) o qual é um *software* de código aberto desenvolvido para MATLAB (versões superiores ou igual a 2008a ou 7.6) e Octave (versões superiores ou igual a 3.6) que permite sua livre modificação, dessa forma, sendo facilmente adaptado. O EIDORS dispõe de funções capazes de resolver o problema direto da Tomografia por Impedância Elétrica e também da Tomografia por Óptica Difusa além de funções para a criação de malhas de elementos finitos, para a reconstrução e exibição das imagens reconstruídas, entre outras (VAUHKONEN et al., 2001; ADLER; LIONHEART, 2006).

Neste trabalho foram utilizadas duas malhas de elementos finitos (criadas a partir do EIDORS) para a reconstrução das imagens de TIE. As malhas são dadas nas Figuras 14 e 15 onde a primeira possui 415 e a segunda 3190 elementos finitos, nas duas imagens os eletrodos utilizados na TIE são representados pelos pontos em verde enumerados de 1 à 16 que circundam o domínio circular. Note que os elementos (triângulos) da malha dada na Figura 14 são enumerados, como foi dito na seção 2.2 cada elemento representa um valor específico de condutividade, dessa forma a enumeração dos elementos finitos na malha permite a representação da distribuição de condutividade em um vetor de dimensão 415

¹ O *software* EIDORS encontra-se disponível em: <eidors3d.sourceforge.net> .

ou 3190. Na Figura 15 esses números foram omitidos em razão da grande quantidade de elementos o que dificultaria a visualização da malha de 3190 elementos.

Figura 14 – Malha de elementos finitos contendo 415 elementos.

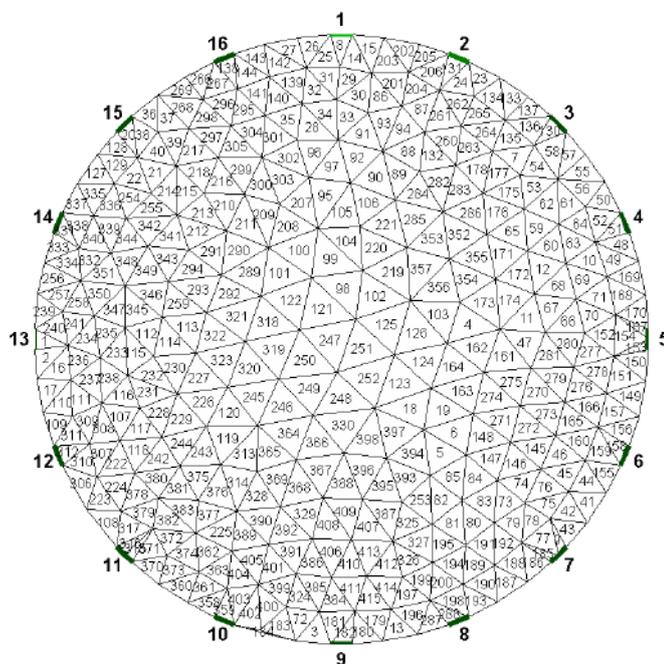
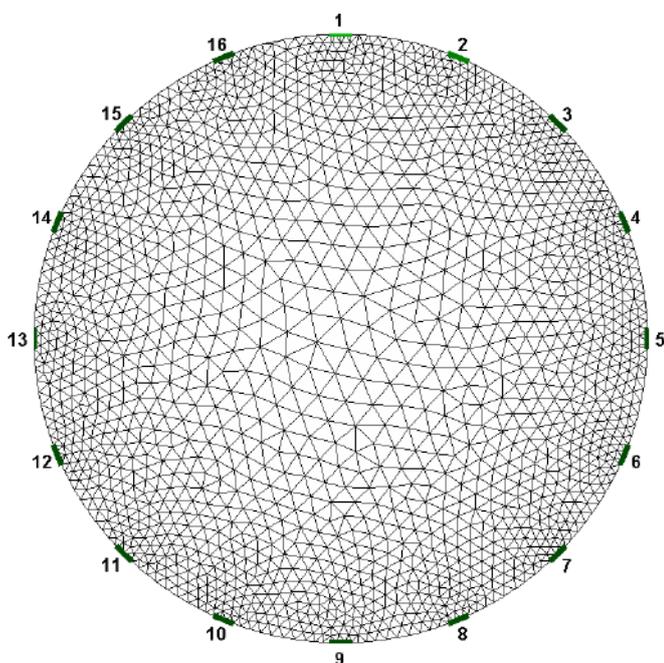


Figura 15 – Malha de elementos finitos contendo 3190 elementos.



A malha contendo 415 elementos finitos foi gerada à partir do código 'b2d2c' do EIDORS o qual resulta numa malha bidimensional circular com densidade de elementos de nível 'b' (numa escala de a = baixa até j = alta) e refinamento dos eletrodos de nível '2' (onde 0 indica sem refinamento). Enquanto que a malha de 3190 elementos finitos foi obtida através do código 'd2d2c' que difere da malha anterior por possuir um refinamento

de elementos de nível 'd' que é um refinamento maior do que o usado outra malha. Para as duas malhas o número total de eletrodos foi 16.

Por se tratar de um trabalho de simulação, foi necessário a utilização de imagens de prova, que são imagens utilizadas para validar os métodos de reconstrução de TIE aqui propostos, em outras palavras, são imagens que serão reconstruídas através das técnicas de reconstrução discutidas. Essas imagens são chamadas de imagens padrão ouro. Os experimentos realizados tiveram o objetivo de identificar, em um meio isolante, um objeto de maior condutividade. Segundo [Ribeiro \(2016\)](#), tal escolha tem a finalidade de simular computacionalmente a presença de um tumor, caracterizado pela alta condutividade elétrica, dentro de um corpo humano. Foram analisadas três posições para o objeto, sendo elas: no centro, entre o centro e a borda e na borda. Sendo a condutividade do objeto de 5,0 S/m e do meio 0,1 S/m. Nas Figuras 16 e 17 são mostradas as imagens padrão ouro para cada posição considerada utilizadas neste trabalho para uma malha de 415 e 3190 elementos finitos, respectivamente.

Figura 16 – Imagens padrão ouro com 415 elementos finitos para o objeto posicionado no (a) centro, (b) entre o centro e a borda e (c) na borda do domínio circular.

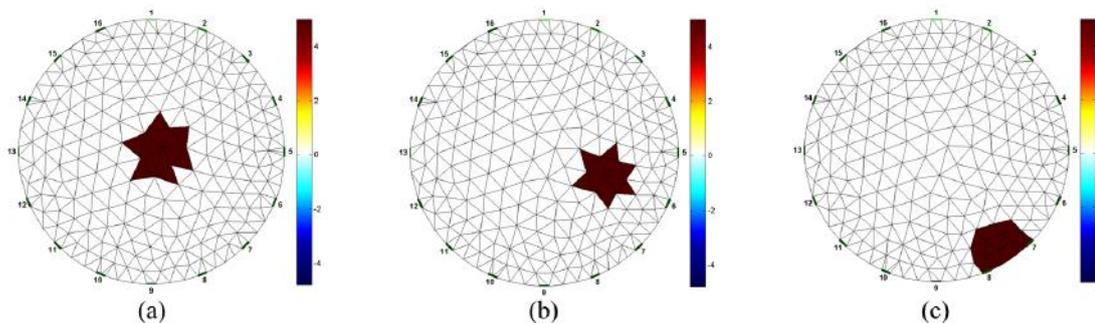
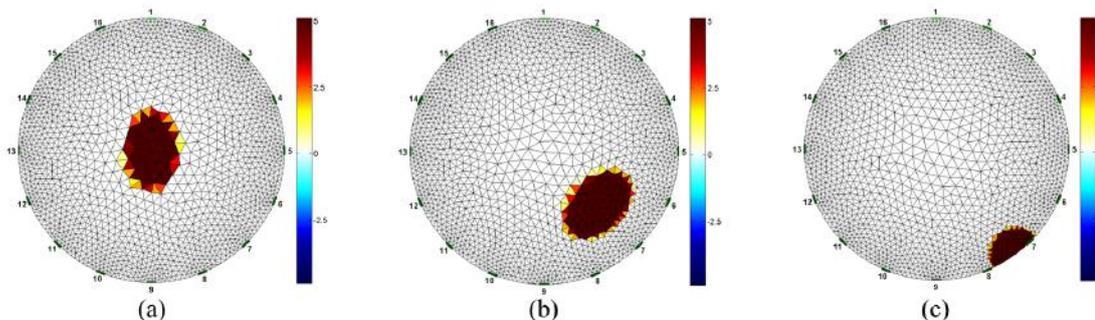


Figura 17 – Imagens padrão ouro com 3190 elementos finitos para o objeto posicionado no (a) centro, (b) entre o centro e a borda e (c) na borda do domínio circular.



Os experimentos foram realizados utilizando um computador com o sistema operacional Windows 10 Pro, processador Intel® Core™ i7-3770 CPU com 3.4 GHz e memória RAM de 12 GB usando MATLAB R2013a e EIDORS versão 3.7.1.

4.3 Implementação da Reconstrução

Como visto na seção 2.2.3, para a utilização dos algoritmos de busca e otimização é necessário o uso de uma função à qual represente o problema que se quer solucionar chamada de função objetivo ou função de aptidão. Neste trabalho, para todos os métodos considerados, a função objetivo utilizada foi o Erro Médio Quadrático (Equação 2.13) a qual recebe como entrada a distribuição de potenciais elétricos da imagem padrão ouro e a distribuição de potenciais de uma imagem artificial criada pelo algoritmo e então esses dados são comparados seguindo a métrica do erro relativo. Quanto menor for o valor do erro obtido, mais próximas são as distribuições, e conseqüentemente mais próxima é a imagem gerada artificialmente da imagem padrão ouro a qual se quer reconstruir.

Os indivíduos, cromossomos ou candidatos à solução (considerados pelos algoritmos genéticos), os vetores de valores reais (considerados na evolução diferencial) e os peixes (considerados na busca por cardumes de peixes e na busca por cardumes de peixes baseada em densidade) representam um vetor da distribuição de condutividade interna de uma imagem, sendo a ordem de alocação dos valores no vetor a mesma ordem considerada pelo métodos dos elementos finitos como é mostrado na Figura 14. Dessa maneira, a distribuição de potenciais elétricos para cada imagem artificial é obtida através da resolução do problema direto da TIE. O processo de reconstrução dar-se através do fluxograma dado na Figura 7 onde para cada imagem artificial é calculado o seu erro relativo e considerando os conceitos dos algoritmos evolucionários e bioinspirados essas imagens são selecionadas para criar novas imagens na tentativa de obter imagens cada vez mais próximas da realidade.

Tabela 8 – Parâmetros utilizados pelos algoritmos evolucionários e bioinspirados usados na pesquisa.

Algoritmo	Parâmetros					
GA	Seleção		Prob. de Cruzamento		Prob. de mutação	
	10 melhores indivíduos		100%		100% da prole	
DE	F				CR	
	0,5				0,9	
PSO	w		c_1		c_2	
	8,5		2,0992		1,9008	
FSS e FSS+NBS	$step_{ind_i}$	$step_{ind_f}$	$step_{vol}$		w_0	iterações
	0,01	0,0001	$2 \cdot step_{ind}$		100	500
dFSS	$step_{inic}$	$decay_{min}$	$decay_{max_{inic}}$	$decay_{max_{final}}$	ρ	T_{max}
	0,01	0,999	0,99	0,95	0,3	500

Na Tabela 8 é mostrado os valores dos parâmetros, obtidos de forma empírica, utilizados pelos algoritmos considerados neste trabalho. Os algoritmos estão identificados pelas suas siglas de seus nomes em inglês, a saber: Algoritmos Genéticos - GA; Evolução Diferencial - DE; Busca por Cardumes de Peixes - FSS e usando Busca Não Cega -

FSS+NBS; Busca por Cardumes de Peixes baseada em Densidade - dFSS. Os valores dos parâmetros para Algoritmos genéticos, Evolução Diferencial e Otimização por Enxame de Partículas são os mesmos aplicados nos trabalhos de [Ribeiro \(2016\)](#) e [Feitosa \(2015\)](#) (integrantes do grupo de pesquisa de tomografia por impedância elétrica). A implementação da busca não-cega à busca por cardumes de peixes se dá apenas ao acrescentar uma imagem com ruídos reconstruída pelo método de Gauss-Newton à população inicial do algoritmo, por isso, os mesmos valores de parâmetros foram utilizados em ambos os métodos.

Para todos os métodos considerados, o tamanho da população foi de 100 e o critério de parada utilizado foi o limite máximo de 500 iterações. As imagens artificiais consideradas na população inicial foram criadas à partir de uma distribuição uniformemente aleatória.

4.4 Considerações

Todos os algoritmos de reconstrução discutidos neste trabalho foram implementados em MATLAB e utilizando o *software* EIDORS que é uma ferramenta livre dedicada à Tomografia por Impedância Elétrica. Neste capítulo foi apresentada a proposta do trabalho que é a reconstrução de imagens de TIE como um método de otimização através de algoritmos de busca e otimização. Por se tratar de um trabalho de simulação, fez-se necessário o uso de imagens padrão ouro a serem reconstruídas com a finalidade de avaliar o desempenho dos métodos considerados. Para as imagens padrão ouro foi considerado malhas de dois tipos de refinamentos diferentes, uma com 415 e outra com 3190 elementos finitos que são arrumados no domínio da imagem de forma enumerada. A enumeração dos elementos finitos permitem que os dados de condutividade sejam rearranjados em um vetor e este vetor nada mais é do que os candidatos à solução considerados pelos algoritmos evolucionários e bioinspirados. As imagens reconstruídas por todos os algoritmos e o resultados quantitativos obtidos pelas técnicas até então discutidas são dados no capítulo a seguir.

5 Resultados e Discussão

Neste capítulo são apresentados os resultados obtidos na reconstrução de imagens de TIE através dos seguintes métodos de busca e otimização: algoritmos genéticos, evolução diferencial, busca por cardumes de peixes simples e usando busca não-cega e busca por cardumes de peixes baseada em densidade. Os resultados obtidos são avaliados de forma qualitativa e quantitativa. Do ponto de vista qualitativo, as imagens reconstruídas pelos métodos são comparadas visualmente com as imagens padrão ouro com o objetivo de avaliar se as imagens reconstruídas são, de fato, parecidas com as imagens de prova. Enquanto que de forma quantitativa é observado a queda da função objetivo (a mesma em todos os métodos) em função das iterações e em função do número de avaliações da função, essa avaliação tem por finalidade avaliar o desempenho e o custo computacional dos métodos utilizados.

5.1 Resultados Experimentais

Primeiramente serão analisados os resultados qualitativos e quantitativos referentes a malha de 415 elementos finitos, enquanto que a análise dos resultados para a malha de 3190 elementos será feita em seguida. Os primeiros resultados a serem apresentados são as imagens reconstruídas pelos métodos. Essas imagens estão dadas nas Figuras 18, 19, 20, 21 e 22 as quais mostram as imagens reconstruídas usando algoritmos genéticos (GA), evolução diferencial (DE), busca por cardumes de peixes sem (FSS) e com busca não cega (FSS+NBS) e busca por cardumes de peixes baseada em densidade (dFSS), respectivamente. A título de ilustração, na Figura 23 são mostradas as imagens obtidas para na reconstrução de TIE utilizando a otimização por enxame de partículas, essas imagens foram obtidas no trabalho de mestrado de Allan Feitosa (FEITOSA, 2015). Para cada imagem padrão ouro, foram obtidas imagens parciais com 50 e 300 iterações dos algoritmos e a imagem reconstruída em 500 iterações. Vale a pena notar que a imagem considerada como a imagem reconstruída é a imagem candidata à solução encontrada pelos algoritmos de busca de menor valor na função objetivo, o mesmo conceito vale para as imagens parciais. O objetivo de analisar as imagens parciais é poder avaliar o desempenho dos algoritmos até os valores de 50 e 300 iterações.

A organização das Figuras 18, 19, 20, 21 e 22 é feita da seguinte forma: as imagens obtidas pela reconstrução da imagem padrão para o objeto no centro possuem o subíndice (a), para o objeto entre o centro e a borda o subíndice (b) e na borda (c). Quanto ao número de iterações as imagens obtidas a partir de 50, 300 e 500 iterações são identificadas pelos números 1, 2 e 3, respectivamente. Por exemplo, a imagem localizada na posição (c2) é a

imagem reconstruída com 300 iterações para o objeto posicionado na borda do domínio circular.

Considerando as imagens reconstruídas, é possível notar que para a malha de 415 elementos, com a exceção do PSO, todos os métodos foram capazes de obter imagens anatomicamente consistentes em 500 iterações. No entanto, para 50 iterações, apesar de sua baixa resolução, a busca por cardumes de peixes implementada com a busca não cega é capaz de identificar os objetos presentes nas imagens padrão ouro. Para esse número de iterações a busca por cardumes de peixes e a otimização por enxame de partículas conseguiram apenas um resultado satisfatório, para a imagem com objeto na borda do domínio, nos outros casos, centro e entre centro e a borda, os métodos não conseguiram identificar os objetos. Dessa forma, podemos observar que a implementação da busca não cega conseguiu acelerar o processo de busca. Para os outros métodos, as imagens obtidas com 50 iterações foram ruidosas e anatomicamente pouco expressivas.

Enquanto que em 300 iterações GA, DE, FSS, FSS+NBS e dFSS conseguiram encontrar os objetos nas imagens. O que difere entre as imagens obtidas pelos métodos em 300 iterações são os níveis de ruídos (as manchas a redor dos objetos) presentes nas imagens reconstruída e o tamanho dos objetos. Entre os melhores resultados para esse número de iterações estão as imagens obtidas pelo FSS+NBS onde o tamanho dos objetos são próximos do tamanho real e a quantidade de ruído é pequena. Outros bons resultados foram obtidos pelo FSS e dFSS, no entanto, os objetos obtidos possuem tamanhos maiores do que o real e as imagens obtidas por esses métodos possuem mais ruídos do que as imagens obtidas pelo FSS+NBS. Já GA e DE obtiveram objetos deformados e de tamanhos variados com relação ao tamanho real e imagens, de um modo geral, mais ruidosas com relação as outras técnicas. Enquanto que PSO, manteve os resultados obtidos em 50 iterações, havendo apenas, uma leve aprimoramento da imagem com o objeto no centro.

Finalmente em 500 iterações, pode-se notar que o GA e o FSS+NBS se sobressaíram ao obterem imagens de baixo ruído e com o tamanho do objeto mais próximos do real. O FSS também conseguiu imagens de baixo ruído equiparadas às imagens do FSS+NBS, no entanto, obteve objetos maiores do que o tamanho real, o mesmo aconteceu para as imagens obtidas pelo dFSS, mas com imagens mais ruidosas. Enquanto que as imagens obtidas pelo DE foram ruidosas e com objetos deformados anatomicamente para os casos do objeto posicionado no centro e entre o centro e a borda, para o caso do objeto na borda o resultado foi satisfatório. Além disso, pode-se observar que para os métodos FSS, FSS+NBS e dFSS as imagens obtidas em 500 iterações possuem apenas suaves modificações das suas imagens obtidas em 300 iterações, em outras palavras, as imagens em 300 e 500 iterações são similares. Quanto ao PSO, pode-se observar que o método foi capaz de reconstruir apenas a configuração do objeto no centro do domínio, para os outros casos o método não foi obteve resultados satisfatórios.

Figura 18 – Resultados usando GA para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações.

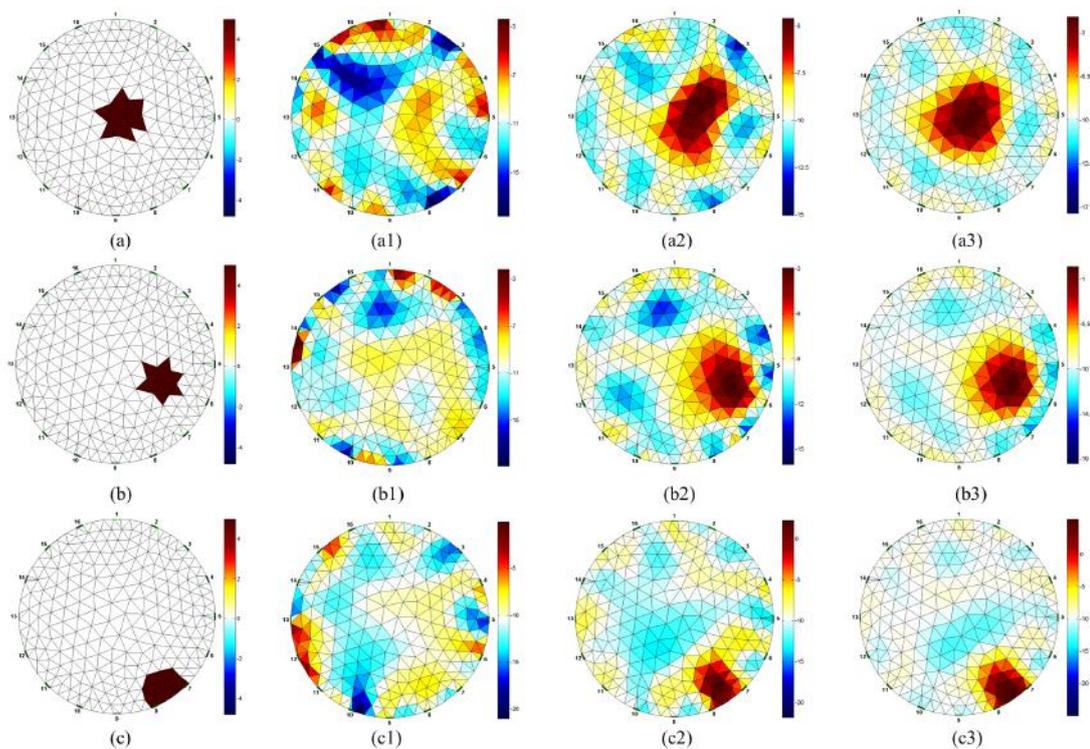


Figura 19 – Resultados usando DE para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações.

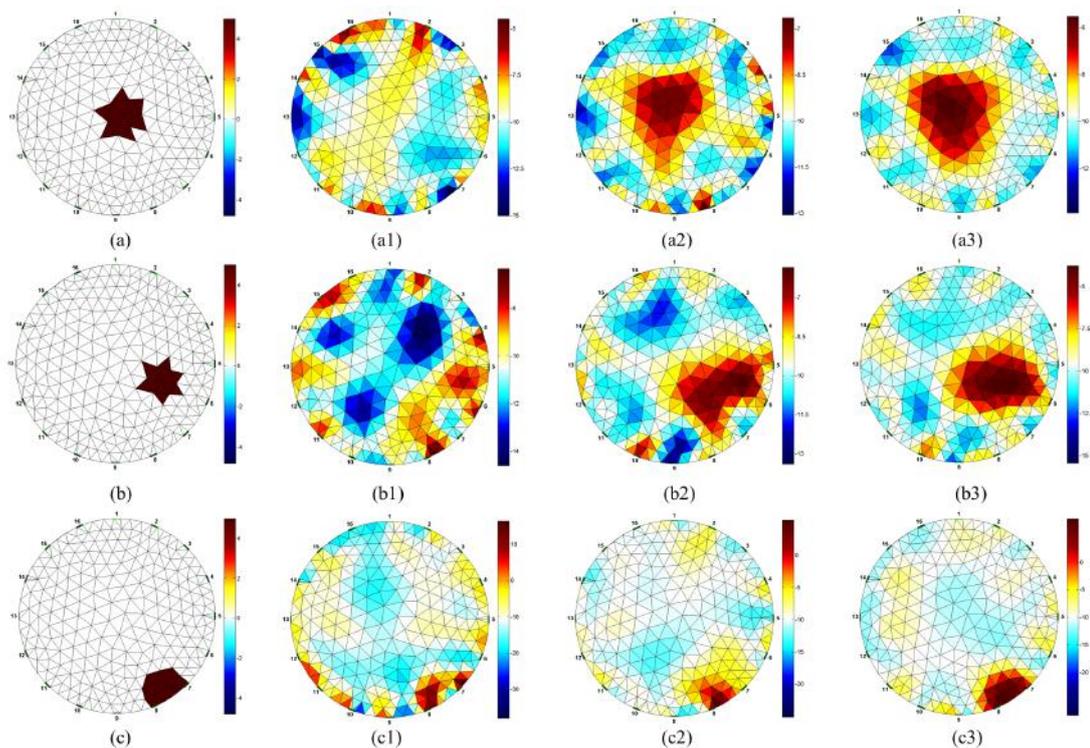


Figura 20 – Resultados usando FSS para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações.

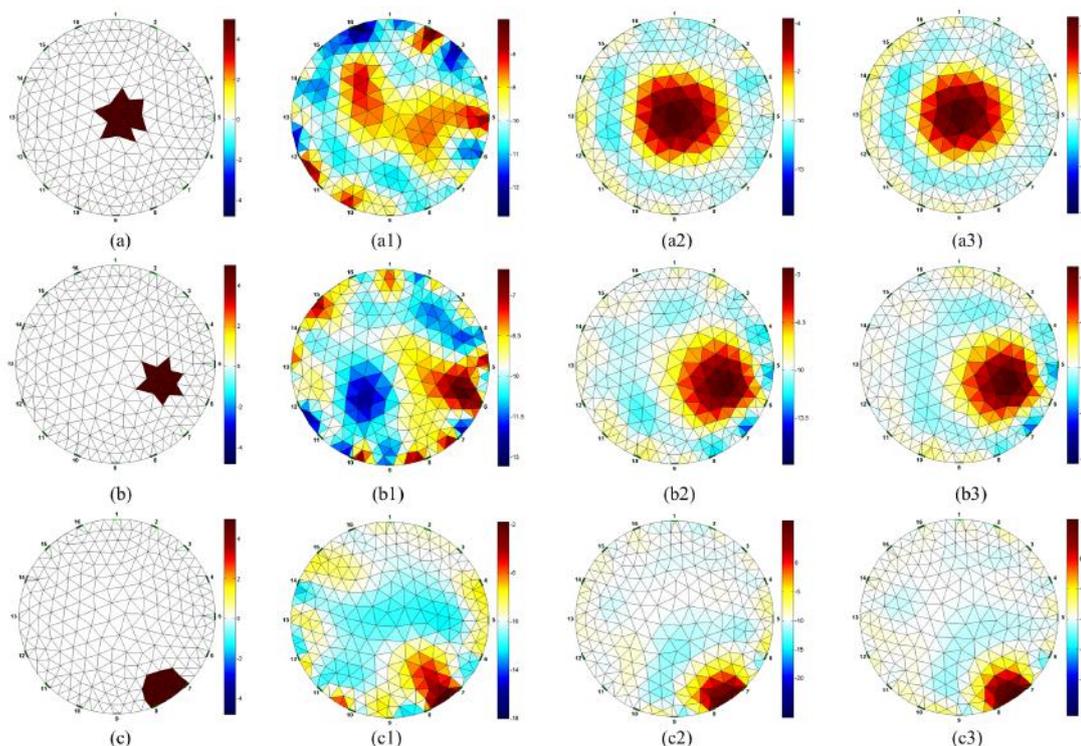


Figura 21 – Resultados usando FSS+NBS para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações.

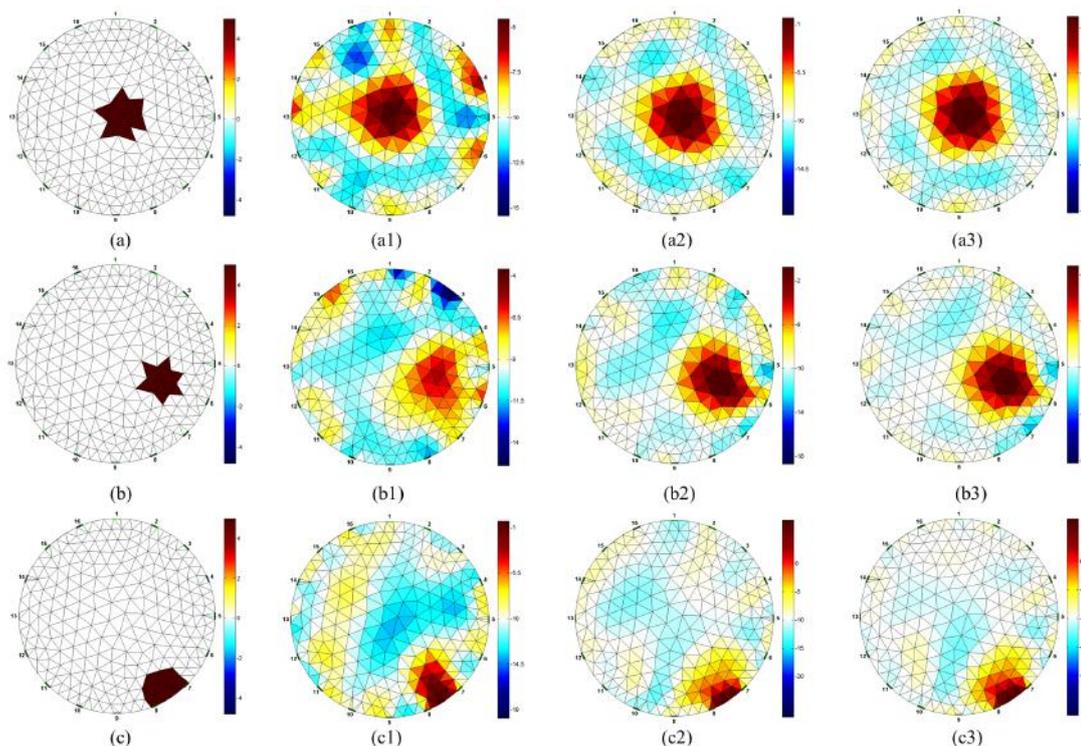


Figura 22 – Resultados usando dFSS para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações.

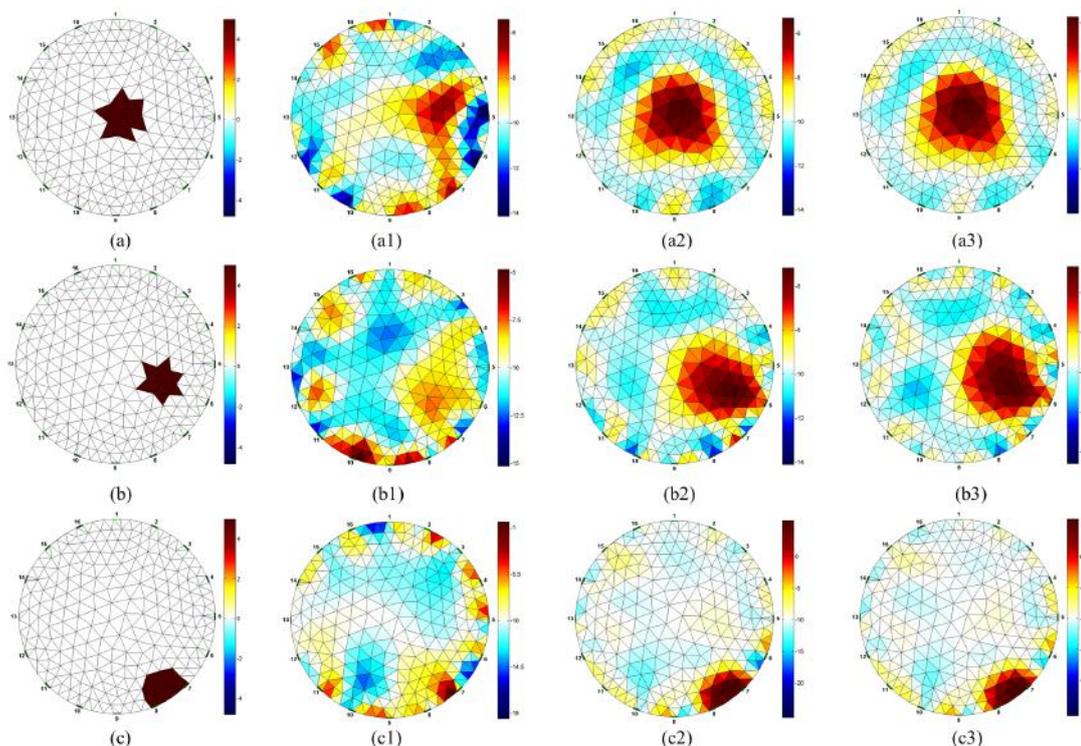
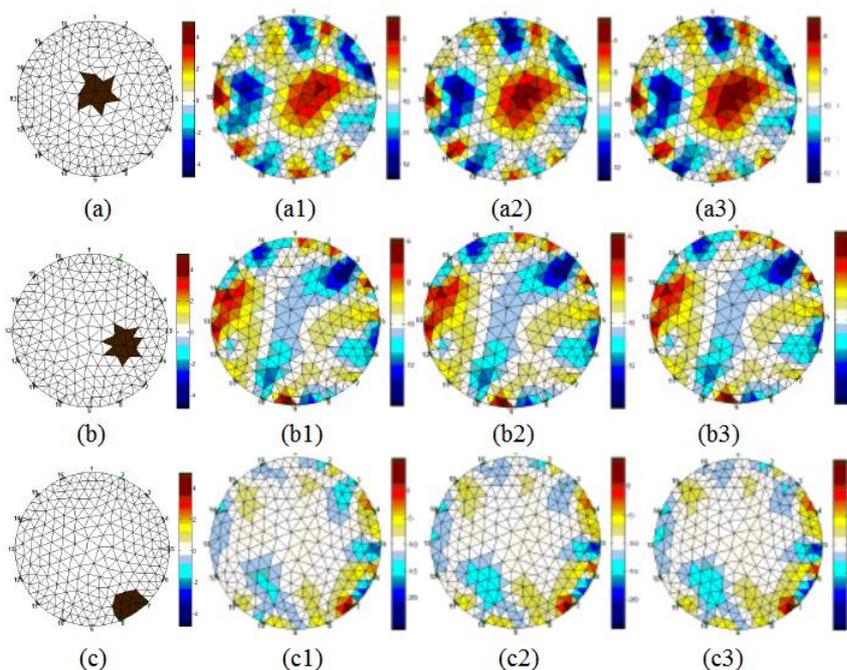


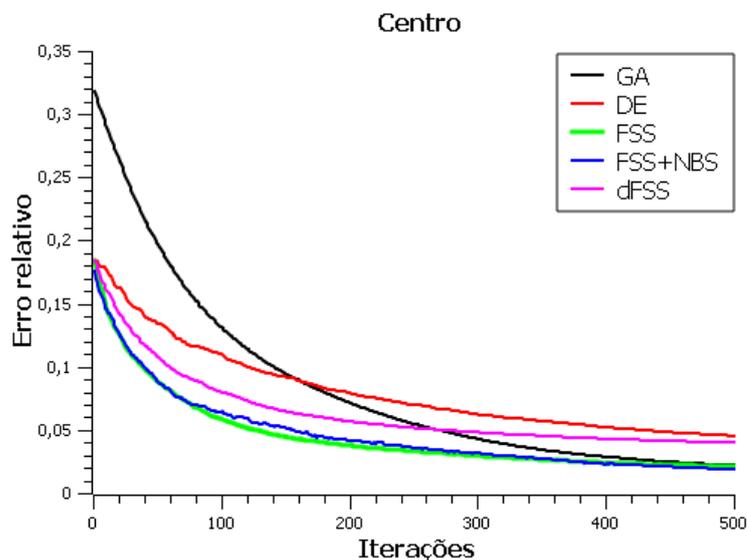
Figura 23 – Resultados usando PSO para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações.



Fonte: Feitosa (2015).

Quantitativamente, os desempenhos dos algoritmos podem ser avaliados através dos gráficos do valor da função objetivo (o erro médio quadrático) em função do número de iterações e em função do número de avaliações da função objetivo, o valor da função objetivo considerado é referente ao valor do melhor indivíduo na iteração considerada. Para a realização desses gráficos foram executadas 20 simulações para cada método e para cada imagem padrão ouro, sendo assim, os gráficos gerados mostram o comportamento médio dos algoritmos em 20 simulações. Nas Figuras 24, 25 e 26 são mostrados os gráficos da queda do erro relativo em função do número de iterações, já nas Figuras 28, 29 e 30 são dados os gráficos da queda do erro relativo em função do número de avaliações da função objetivo. Para todos os gráficos, a média da queda do erro relativo para algoritmos genéticos (GA) é dada pela curva em preto, a evolução diferencial (DE) é representada pela curva vermelha, a busca por cardumes de peixes simples (FSS) é dada pela curva verde e com busca local (FSS+NBS) pela curva azul e a busca por cardumes de peixes baseada em densidade (dFSS) é representado pela curva de cor magenta. Na Figura 27 é mostrado da queda do erro relativo em função do número de iterações através do método de otimização por enxame de partículas, resultado obtido por Feitosa (2015).

Figura 24 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de iterações para o objeto no centro do domínio.



Os gráficos dados nas Figuras 24, 25 e 26 nos permite avaliar o comportamento dos métodos no que diz respeito ao tempo de reconstrução. Pelos gráficos, é possível observar que a convergência dos métodos é similar a um decaimento exponencial. Também é possível observar que as curvas para FSS e FSS+NBS se sobrepõem em algumas iterações, no entanto, no início do processo do busca, a curva do método FSS+NBS obteve valores suavemente menores do que o FSS. De fato, o FSS e o FSS+NBS foram os métodos que conseguiram os menores valores da função objetivo com um menor número de iterações, seguido por dFSS e DE e GA. No entanto, entre os métodos avaliados, GA foi o método

Figura 25 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de iterações para o objeto entre o centro e a borda do domínio.

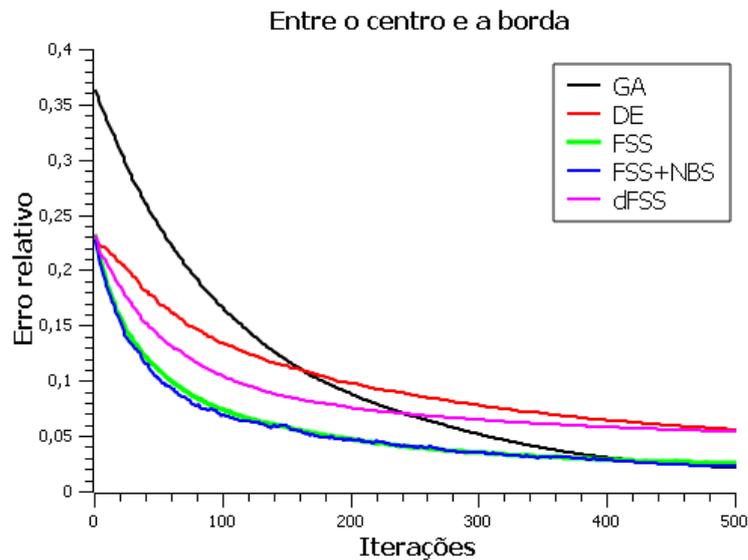
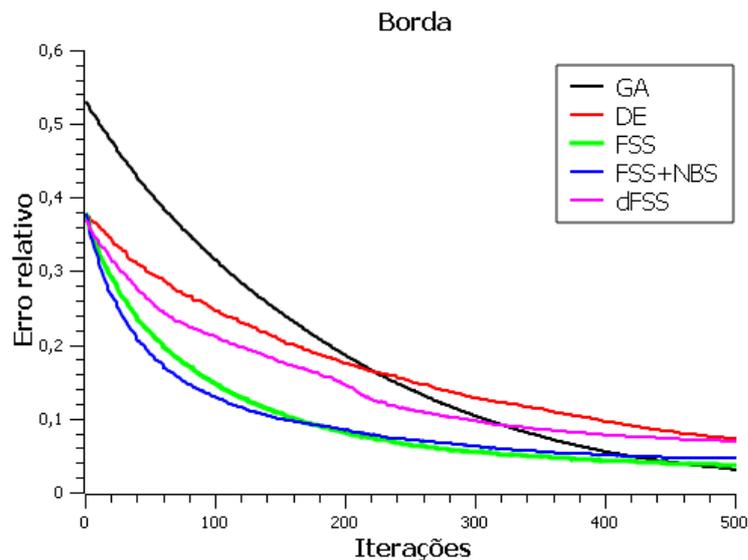
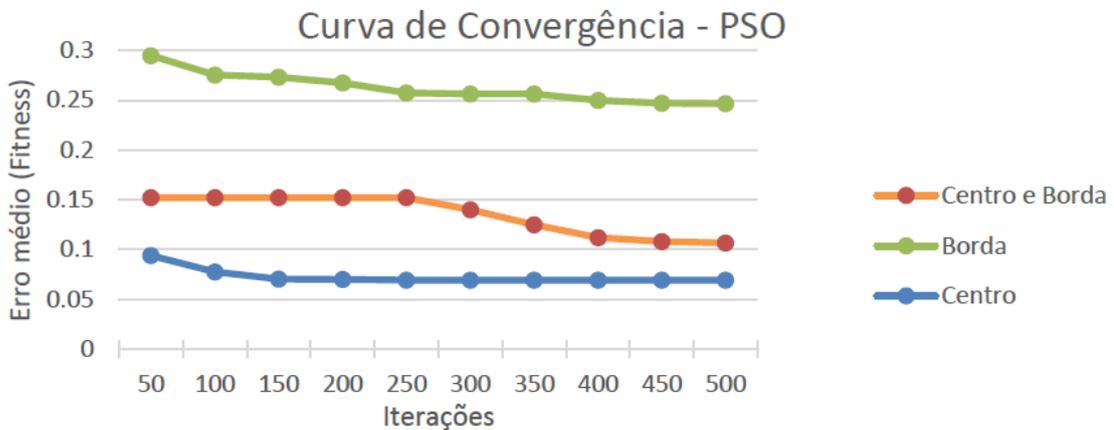


Figura 26 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de iterações para o objeto na borda do domínio.



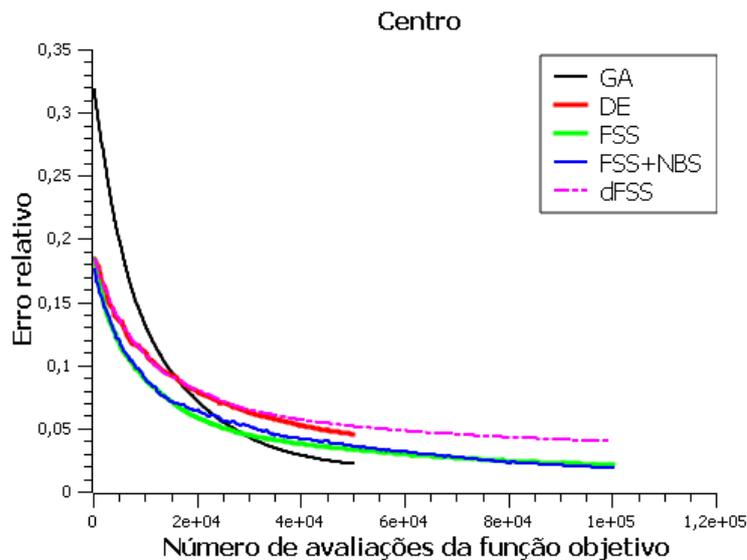
com a queda do erro relativo mais acentuada, e com o avançar do processo de busca, os resultados para GA chegou a ultrapassar os resultados de DE e dFSS e equiparando-se aos resultados de FSS e FSS+NBS. Além disso, através desses gráficos pode-se observar que entre 300 e 500 iterações para os métodos FSS, FSS+NBS e dFSS a queda do erro relativo é pouco acentuada e significativa, o que confirma o que foi observado pelas imagens reconstruídas por esses métodos, onde as imagens em 500 iterações não são muito diferentes das imagens obtidas em 300 iterações. Por fim, na Figura 27 nota-se uma baixa taxa de decaimento obtida pelo PSO na reconstrução das imagens e até mesmo uma estagnação do método, onde provavelmente, o método encontrou um ótimo local.

Figura 27 – Erro quadrático relativo em função do número de iterações obtida pela otimização por enxame de partículas para o objeto no centro, entre o centro e a borda e na borda do domínio circular.



Fonte: Feitosa (2015).

Figura 28 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de avaliações da função objetivo para o objeto no centro do domínio.



De outra forma, os gráficos dados nas Figuras 28, 29 e 30 nos permite avaliar o comportamento dos métodos no que diz respeito ao custo computacional. Através desses gráficos pode-se observar que GA e DE são métodos menos custosos computacionalmente por exigir um menor número de avaliações da função objetivo, no total, para 500 iterações foi necessário 50100 avaliações contra 100100 avaliações necessárias para os métodos FSS, FSS+NBS e dFSS. Esse comportamento é dado ao fato que para cada iteração há duas avaliações da função objetivo por indivíduo para FSS, FSS+NBS e dFSS, enquanto que GA e DE necessitam apenas uma avaliação por iteração.

Na Tabela 9 é mostrado alguns dados referentes as 20 simulações feitas pelos métodos GA, DE, FSS, FSS+NBS e dFSS usando a malha de 415 elementos finitos. Esses

Figura 29 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de avaliações da função objetivo para o objeto entre o centro e a borda do domínio.

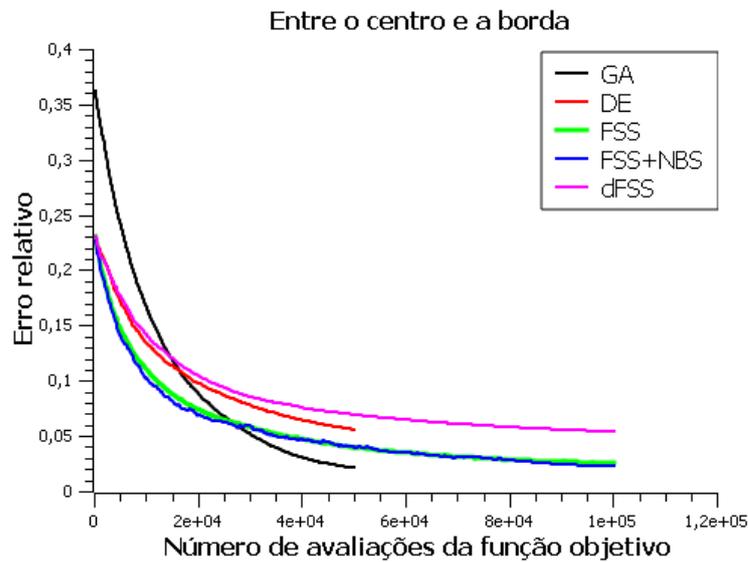
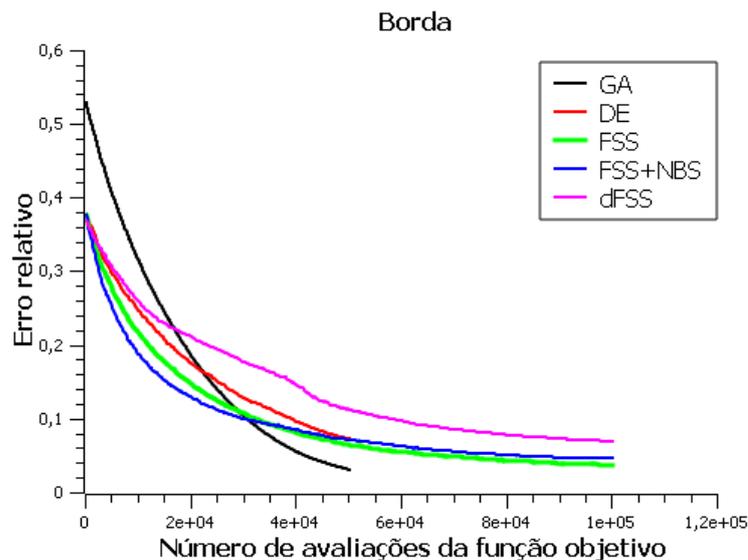


Figura 30 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de avaliações da função objetivo para o objeto na borda do domínio.



dados são, com respeito ao valor da função objetivo, o melhor e o pior candidato à solução, a média de todos os candidatos à solução para as 20 simulações e o tempo médio (em minutos) para todas as reconstruções consideradas. Pela tabela, observa-se que algoritmos genéticos e a busca por cardumes de peixes com busca não cega obtiveram os indivíduos com o menor valor na função objetivo, GA para o caso do objeto entre o centro e a borda e na borda e FSS+NBS para o objeto posicionado no centro do domínio. Ao analisar os piores indivíduos para o FSS+NBS, pode-se observar que houve discrepâncias durante o processo de busca, sendo esses valores obtidos justamente pelos candidatos à solução que foram inseridos ao conjunto resultantes do método de Gauss-Newton. A razão para isso acontecer

ainda é desconhecida pelo autor deste trabalho. Quanto ao tempo de reconstrução, pode-se observar que a evolução diferencial foi o método que obteve o menor tempo de reconstrução com valores entre 48 e 49 minutos, o segundo método a obter os menores tempos foi algoritmos genéticos com tempos entre 64 e 65 minutos. FSS, FSS+NBS e dFSS foram os métodos mais lentos com tempos de reconstrução de 83 a 87 minutos.

Tabela 9 – A melhor e a pior solução, a média da aptidão das populações e o tempo médio (em minutos) para 20 simulação para GA, DE, FSS, FSS+NBS e dFSS. Os resultados em C, CB e B são, respectivamente, para o objeto no centro, entre o centro e a borda e na borda do domínio circular com 415 elementos finitos.

		Melhor	Pior	Média	Tempo médio (min)
GA	C	0,018	0,031	$0,023 \pm 0,003$	$64,4 \pm 2,9$
	CB	0,016	0,032	$0,023 \pm 0,003$	$65,1 \pm 2,2$
	B	0,021	0,049	$0,032 \pm 0,006$	$64,3 \pm 3,1$
DE	C	0,038	0,057	$0,048 \pm 0,004$	$48,2 \pm 2,3$
	CB	0,049	0,075	$0,060 \pm 0,006$	$48,9 \pm 1,7$
	B	0,053	0,115	$0,082 \pm 0,013$	49 ± 2
FSS	C	0,020	0,027	$0,023 \pm 0,001$	$83,1 \pm 1,5$
	CB	0,025	0,030	$0,027 \pm 0,001$	$87,3 \pm 1,2$
	B	0,024	0,077	$0,045 \pm 0,011$	$83,7 \pm 1,4$
FSS+NBS	C	0,015	16,914	$0,055 \pm 0,538$	$85,8 \pm 1,7$
	CB	0,019	11,703	$0,091 \pm 0,689$	$87,1 \pm 2,2$
	B	0,036	86,684	$0,220 \pm 3,095$	$87,8 \pm 1,6$
dFSS	C	0,038	0,179	$0,046 \pm 0,006$	$83,1 \pm 1,4$
	CB	0,052	4,519	$0,065 \pm 0,104$	$83,6 \pm 1,7$
	B	0,058	0,325	$0,119 \pm 0,022$	$84,1 \pm 1,2$

Seguindo a mesma organização das imagens para a malha de 415 elementos finitos, as imagens reconstruídas obtidas usando a malha de 3190 elementos são dadas nas Figuras 31, 32, 33, 34 e 35 usando algoritmos genéticos (GA), evolução diferencial (DE), busca por cardumes de peixes sem (FSS), com busca não cega (FSS+NBS) e busca por cardumes de peixes baseada em densidade (dFSS), respectivamente.

Ao analisar as imagens reconstruídas, observa-se que para 50 iterações, igualmente para a malha de 415 elementos o método FSS+NBS se destacou por conseguir identificar os objetos, no entanto com imagens de melhor resolução, além disso, o FSS também foi capaz de identificar todos os objetos, contudo, deformados e maiores do tamanho real. Para a imagem com o objeto na borda os métodos DE e dFSS também conseguiram resultados satisfatórios, no entanto, falharam para as posição no centro e entre o centro e a borda. Enquanto isso, GA obteve imagens ruidosas e anatomicamente pouco expressivas.

Figura 31 – Resultados usando GA para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do domínio circular de 3190 elementos para 50, 300 e 500 iterações.

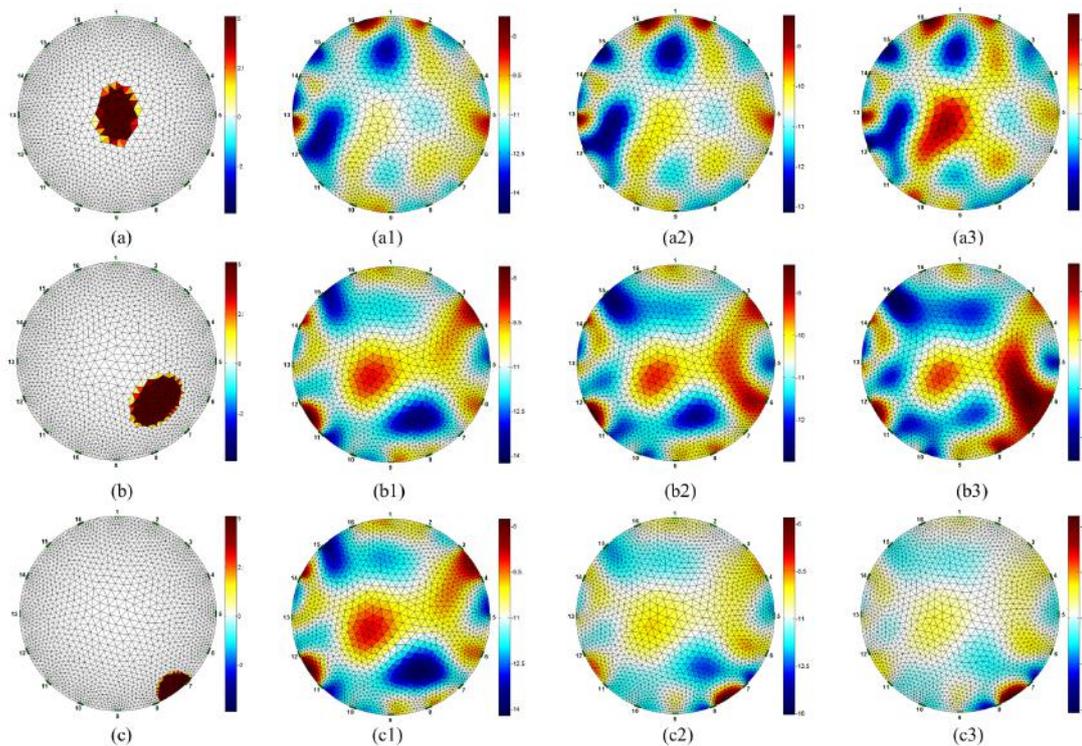


Figura 32 – Resultados usando DE para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do domínio circular de 3190 elementos para 50, 300 e 500 iterações.

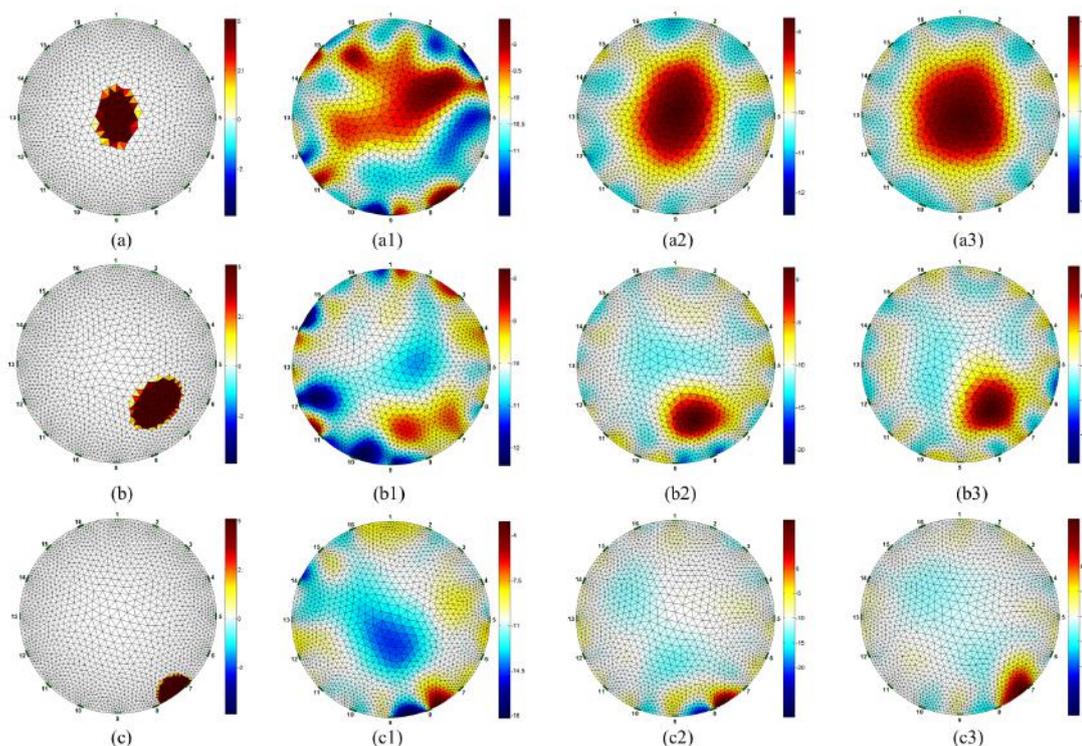


Figura 33 – Resultados usando FSS para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do domínio circular de 3190 elementos para 50, 300 e 500 iterações.

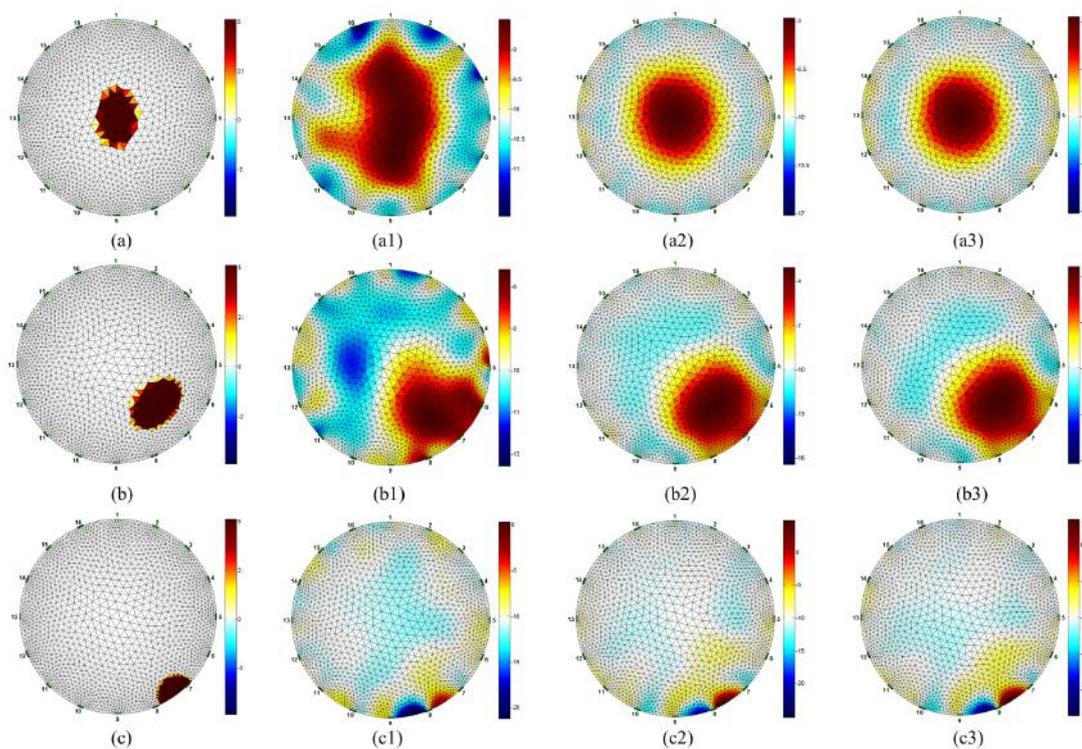


Figura 34 – Resultados usando FSS+NBS para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do domínio circular de 3190 elementos para 50, 300 e 500 iterações.

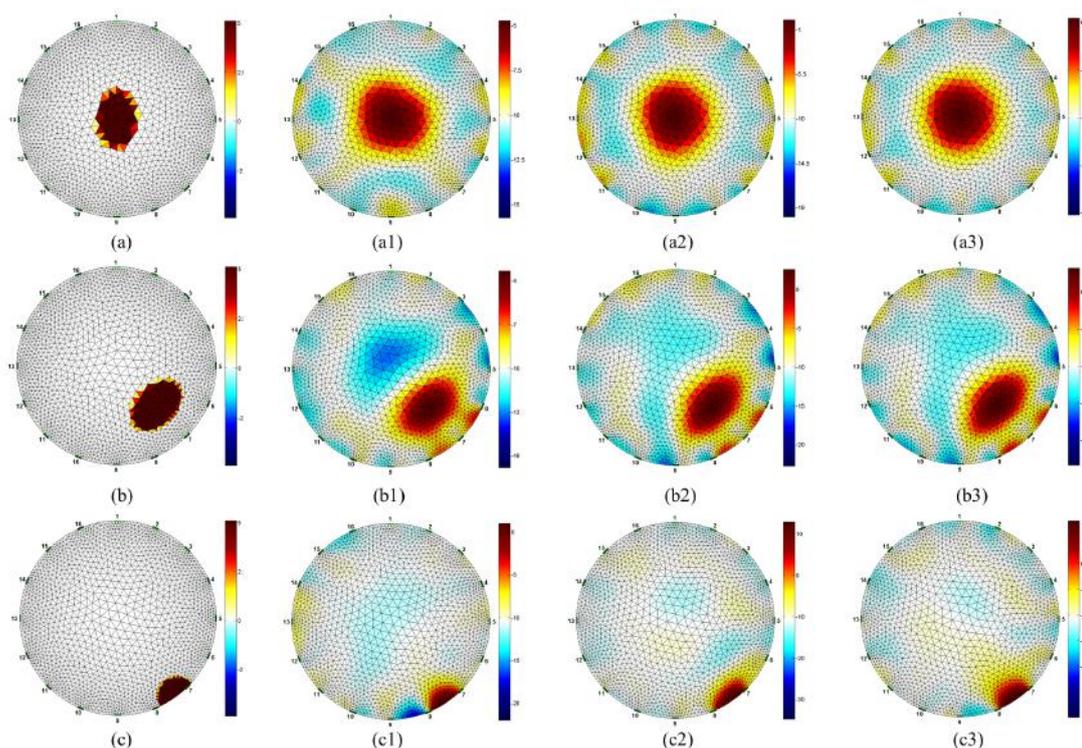
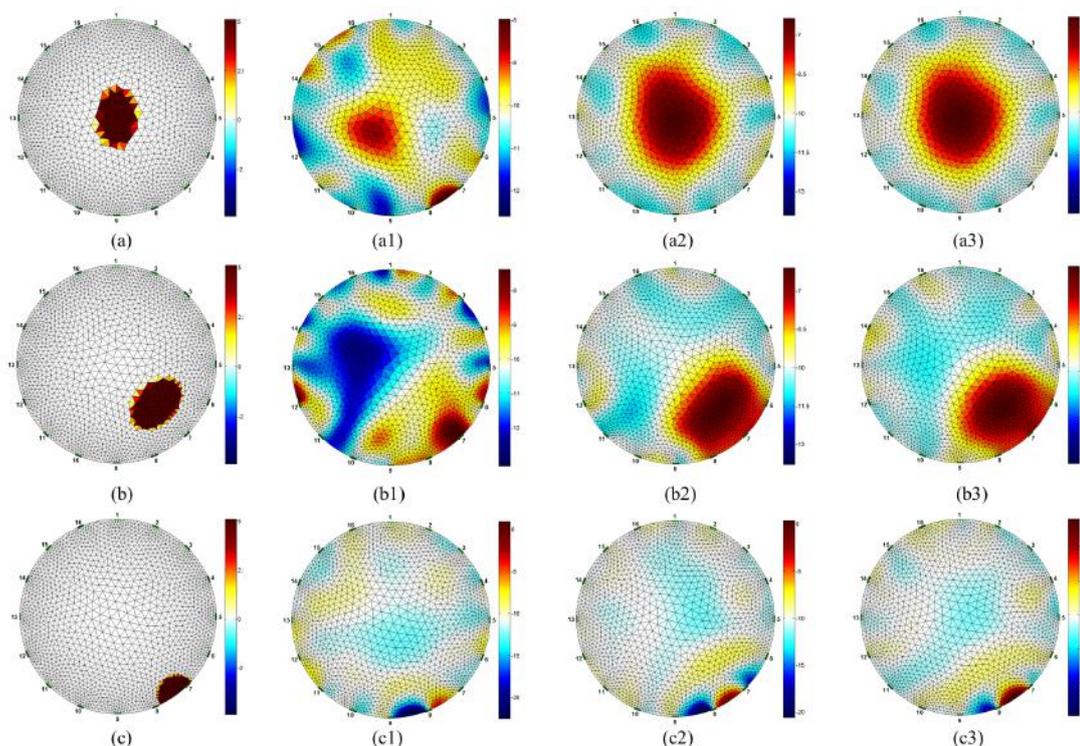


Figura 35 – Resultados usando dFSS para um objeto colocado no centro (a1, a2 e a3), entre o centro e a borda (b1, b2 e b3) e na borda (c1, c2 e c3) do domínio circular de 3190 elementos para 50, 300 e 500 iterações.



Em 300 iterações, com exceção de GA que conseguiu apenas identificar o objeto na borda, todos os métodos conseguiram identificar os objetos para as três configurações. Destaque para o método FSS+NBS por conseguir objetos com tamanho aproximado do tamanho real. Os resultados para DE, FSS e dFSS também foram satisfatórios, diferentes entre si quanto ao tamanho do objeto e ruídos na imagem. É notável também que para a imagem para o objeto entre o centro e a borda, os métodos FSS e dFSS conseguiram objeto maiores e quase atingindo a borda do domínio.

Por fim, em 500 iterações, vemos que GA foi capaz de reconstruir apenas a imagem para o objeto na borda e falhando para as outras duas imagens. Para os outros métodos, as imagens obtidas em 500 iterações são leves alterações das imagens obtidas em 300 iterações, sendo imagens satisfatórias. Novamente FSS+NBS se destacou ao obter imagens de boa resolução, anatomicamente consistentes, quanto ao formato e tamanho dos objetos. O método também se destacou ao conseguir imagens, para as configurações entre o centro e a borda e na borda, com o objeto de tamanho aproximado do real. Com relação aos FSS e dFSS, os métodos conseguiram um bom tamanho para as configurações centro e na borda, contudo, mas para o objeto entre o centro e a borda obtiveram reconstruíram objetos de maior tamanho. O que pode se concluir com o fato de GA ter conseguido bons resultados para a malha de 415 elementos finitos e ter obtidos resultados ruins para a malha de 3190 elementos é que os operadores considerados no método GA não são dedicados

a problemas dessa ordem de complexidade, ou seja, com vetores reais de alta dimensão. Pois ao aumentar o número de elementos finitos há, conseqüentemente, um aumento da complexidade do problema.

Figura 36 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de iterações para o objeto no centro do domínio.

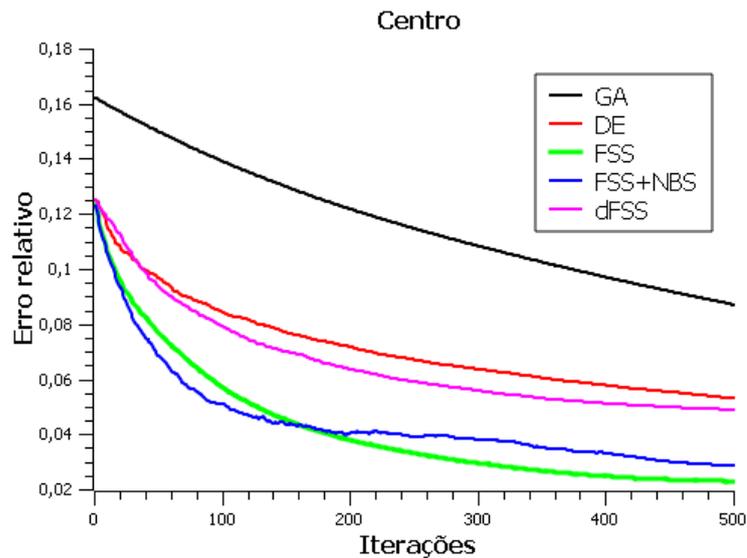
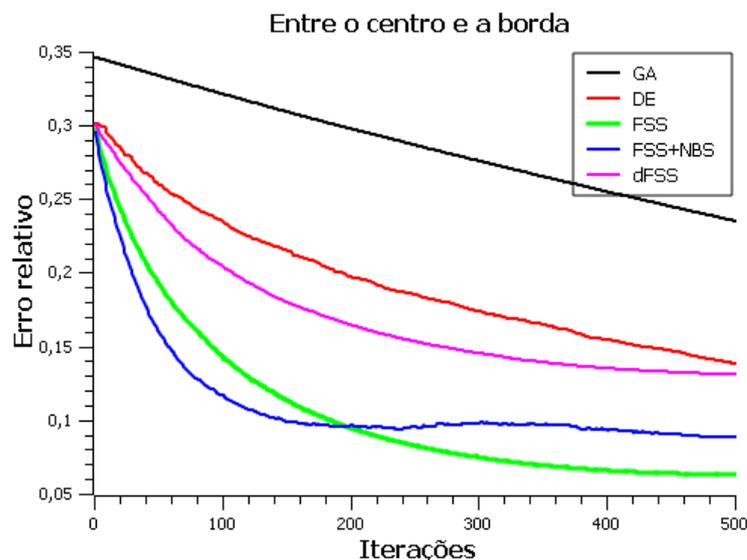


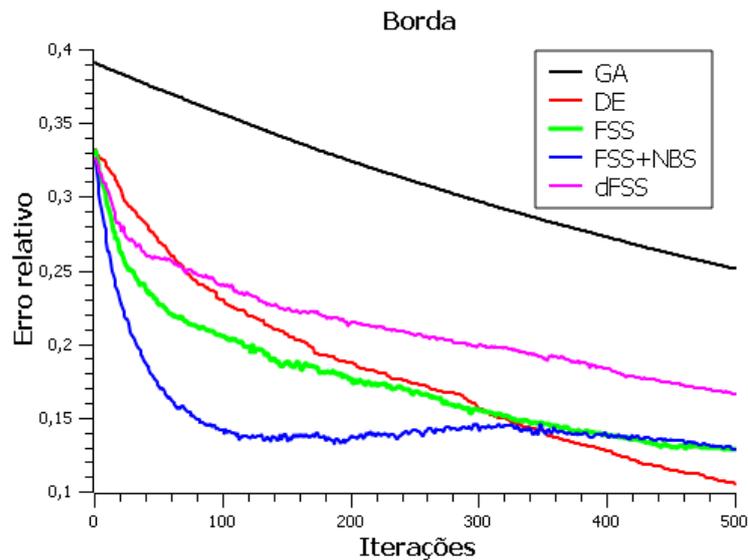
Figura 37 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de iterações para o objeto entre o centro e a borda do domínio.



De forma quantitativa, o resultados dos algoritmos podem ser analisados pelos gráficos dados nas Figuras 36, 37, 38, 39, 40 e 41. Onde foi executado 20 simulações para cada método e para cada imagem padrão ouro e as curvas mostradas nos gráficos são a média dos valores obtidos para o erro quadrático relativo. Nas Figuras 36, 37 e 38 são mostrados os gráficos da queda do erro relativo em função do número de iterações, enquanto que nas Figuras 39, 40 e 41 são dados os gráficos da queda do erro relativo

em função do número de avaliações da função objetivo. Para todos os gráficos, a média da queda do erro relativo para algoritmos genéticos (GA) é dada pela curva em preto, a evolução diferencial (DE) é representada pela curva vermelha, a busca por cardumes de peixes simples (FSS) é dada pela curva verde e com busca local (FSS+NBS) pela curva azul e a busca por cardumes de peixes baseada em densidade (dFSS) é representado pela curva de cor magenta.

Figura 38 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de iterações para o objeto na borda do domínio.



Através dos gráficos das Figuras 36, 37 e 38 é possível observar o desempenho de reconstrução dos métodos para a malha de 3190 elementos finitos. Nesses gráficos é notório os altos valores e a baixa taxa de decaimento das curvas obtidas por GA, corroborando assim, com as imagens obtidas mostrada na Figura 31 indicando que o método não foi capaz de reconstruir as imagens padrão-ouro usando a malha de 3190 elementos. Considerando que a curva é decrescente, uma hipótese a ser considerada é que 500 iterações não são suficientes para o método reconstruir imagens de TIE com a malha de elementos finitos desse tamanho. Em contraste com os resultados para 415 elementos, pode-se observar que algumas curvas obtidas pelos métodos, como GA e FSS+NBS, não são similares a uma exponencial decrescente, contudo, as curvas obtidas por DE, FSS e dFSS são similares a uma exponencial. Da mesma forma como visto para a malha de menor número de elementos, o método FSS+NBS foi capaz de obter resultados mais baixos logo nas primeiras iterações. Os menores valores, em média, foram obtidos pelo DE (objeto na borda) e FSS (objeto no centro e entre o centro e a borda), é interessante observar que para o objeto na borda a taxa de decaimento da curva para o método DE na primeira iterações da reconstrução não é muito expressiva, mas com o passar do processo a taxa aumenta e DE consegue ultrapassar os resultados obtidos por FSS, FSS+NBS e dFSS. Quanto a sobreposição das curvas FSS e FSS+NBS vista para os gráficos de 415 elementos, para

os gráficos para 3190 elementos essa sobreposição não é mais observada, havendo um distanciamento mais significativo entre as curvas.

Figura 39 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de avaliações da função objetivo para o objeto no centro do domínio.

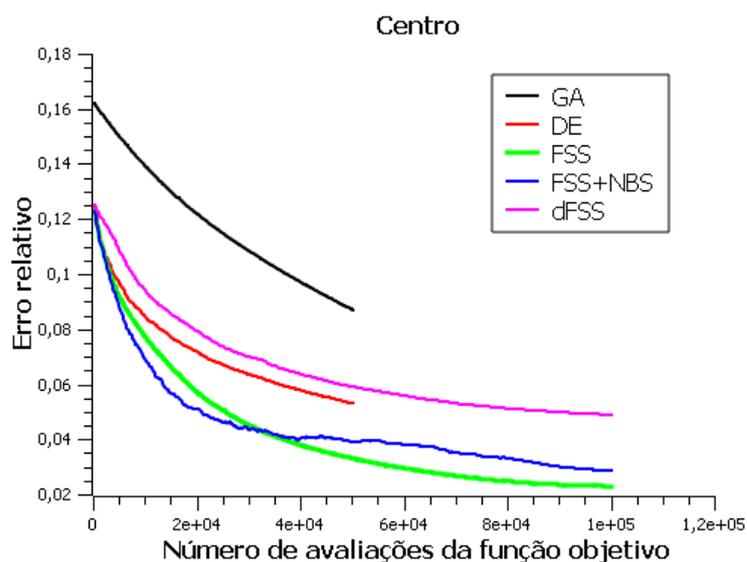
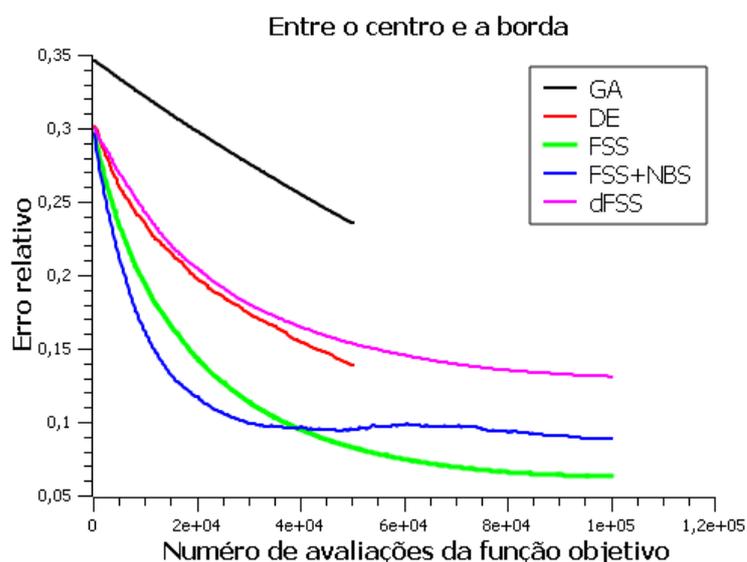


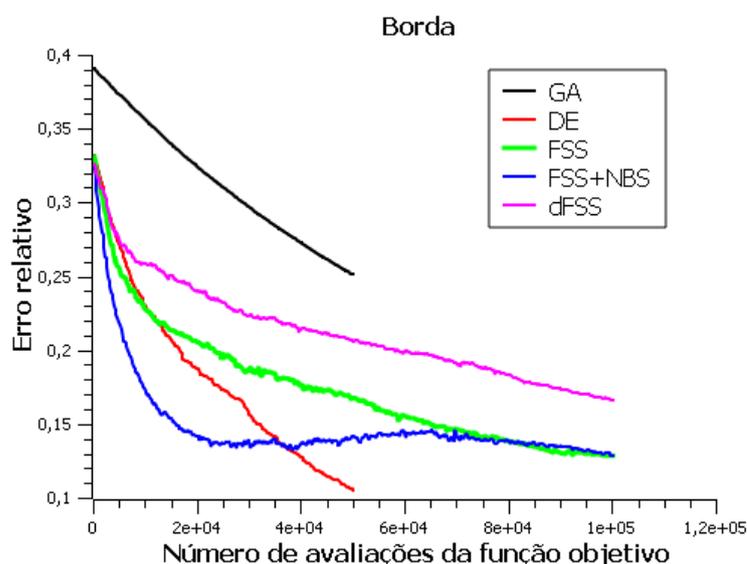
Figura 40 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de avaliações da função objetivo para o objeto entre o centro e a borda do domínio.



Da mesma forma como é mostrado nas Figuras 28, 29 e 29 para os dados usando a malha de 415 elementos, as Figuras 39, 40 e 41 nos permite avaliar o comportamento dos métodos no que diz respeito ao custo computacional para os dados obtidos para a malha de 3190 elementos. Os resultados obtidos são similares aos da malha de 415 elementos, ou seja, GA e DE são métodos menos custosos computacionalmente comparados a FSS, FSS+NBS e dFSS. No entanto, como observado pelas imagens reconstruídas, GA não foi

capaz de obter bons resultados, sendo assim, o método inviável para reconstrução de TIE para a malha de elementos finitos da ordem de 3190 elementos.

Figura 41 – Média do erro quadrático relativo de 20 simulações em função do número de avaliações da função objetivo para o objeto na borda do domínio.



Na Tabela 10 é mostrado alguns dados referentes as 20 simulações feitas pelos métodos GA, DE, FSS, FSS+NBS e dFSS usando a malha de 3190 elementos finitos. Esses dados são, com respeito ao valor da função objetivo, o melhor e o pior candidato à solução, a média de todos os candidatos à solução para as 20 simulações e o tempo médio (em minutos) para todas as reconstruções consideradas. Pela tabela, observa-se que evolução diferencial e a busca por cardumes de peixes com busca não cega obtiveram os indivíduos com o menor valor na função objetivo, DE para o objeto na borda e FSS+NBS para o objeto posicionado no centro e entre o centro e a borda do domínio. Da mesma forma como foi visto na Tabela 9, houve discrepâncias durante o processo de busca para o FSS+NBS que resultaram em soluções de altos valores na função objetivo. Dessa forma, os piores valores considerados foram obtidos pelo FSS+NBS (para o objeto entre o centro e a borda) e o dFSS (para o objeto no centro e na borda). No entanto, é importante lembrar que o dFSS é um método desenvolvido para problemas multimodais o qual possui operadores responsáveis por manter uma diversidade entre os candidatos à solução, mesmo que entre os candidatos haja algum que não seja tão bom assim. Sobre o tempo de reconstrução, com o aumento do número de elementos finitos na malha o esperado era que houvesse um aumento no tempo de reconstrução, comparando-se os tempos de reconstrução para os métodos considerados nas Tabelas 9 e 10 observar-se que isso não foi o que aconteceu. Na verdade, os tempos de reconstrução dos métodos para 3190 elementos se mantiveram-se muito próximo dos tempos obtidos para 415 elementos. Sendo GA e DE os métodos de menor tempo de reconstrução e FSS, FSS+NBS e dFSS os métodos de maior tempo.

Tabela 10 – A melhor e a pior solução, a média da aptidão das populações e o tempo médio (em minutos) para 20 simulação para GA, DE, FSS, FSS+NBS e dFSS. Os resultados em C, CB e B são, respectivamente, para o objeto no centro, entre o centro e a borda e na borda do domínio circular com 3190 elementos finitos.

		Melhor	Pior	Média	Tempo médio (min)
GA	C	0,0771	0,0976	$0,0873 \pm 0,0061$	$56,8 \pm 0,8$
	CB	0,2165	0,2652	$0,2356 \pm 0,0122$	$55,3 \pm 0,9$
	B	0,2224	0,2872	$0,2514 \pm 0,0199$	54 ± 2
DE	C	0,0503	0,0591	$0,0546 \pm 0,0018$	$47,3 \pm 1,1$
	CB	0,1056	0,1619	$0,1447 \pm 0,0101$	$46,9 \pm 0,9$
	B	0,0626	0,1867	$0,1237 \pm 0,0247$	$47,3 \pm 1,1$
FSS	C	0,0223	0,0246	$0,0236 \pm 0,0004$	$84,1 \pm 1,6$
	CB	0,0626	0,0663	$0,0641 \pm 0,0006$	$85,5 \pm 1,8$
	B	0,0866	0,2198	$0,1380 \pm 0,0285$	$85,7 \pm 1,7$
FSS+NBS	C	0,0165	44,693	$0,1727 \pm 1,799$	88 ± 3
	CB	0,0439	537,691	$0,6552 \pm 13,849$	$88,5 \pm 2,7$
	B	0,0991	57,067	$0,2404 \pm 1,378$	$89,2 \pm 2,6$
dFSS	C	0,0470	76,922	$0,0928 \pm 1,719$	$88,3 \pm 2,1$
	CB	0,1274	45,723	$0,1696 \pm 1,029$	$89,4 \pm 2,4$
	B	0,1125	8863,973	$4,671 \pm 198,199$	89 ± 2

5.2 Discussão e Considerações

Este capítulo apresentou os resultados obtidos pelos algoritmos evolucionários e bioinspirados discutidos na seção 2.3 usados na reconstrução de imagens de Tomografia por Impedância Elétrica. A análise dos resultados foram separada de acordo com o número de elemento na malha de elementos finitos usada na reconstrução.

Os primeiros resultados a serem apresentados foi para a malha de 415 elementos finitos. Para essa malha, embora a baixa resolução, todos os métodos foram capazes de reconstruir as imagens padrão ouro. Destaque para o método de busca por cardumes de peixes com busca não cega o qual conseguiu identificar os objetos nas imagens padrão ouro com apenas 50 iterações. As melhores imagens reconstruídas foram obtidas pelos métodos busca por cardumes de peixes com busca não cega e algoritmos genéticos. Quanto ao tempo de reconstrução, embora o busca por cardumes de peixes com busca não cega tenha obtido boas imagens, o melhor tempo de reconstrução foi obtido pela evolução diferencial e em seguida por algoritmos genéticos.

Em seguida foi feita a análise dos resultados obtidos para a malha de 3190 elementos finitos. Com um aumento do número de elementos há, conseqüentemente, um aumento na

complexidade do problema. Por tal razão, os algoritmos genéticos não obteve resultados satisfatórios em 500 iterações. As imagens obtidas pelos método são bastante ruidosas e pouco expressivas. Contudo, os outros métodos foram capazes de obter bons resultados. Da mesma forma para a malha de 415 elementos a busca por cardumes de peixes com busca não cega se destacou ao obter bons resultados com apenas 50 iterações. Destaque também para a evolução diferencial, a qual obteve imagens com boa resolução em 500 iterações. Com relação ao tempo de reconstrução, com o aumento do número de elementos, era esperado que houvesse um aumento significativo no tempo de reconstrução, fato que não ocorreu, e da mesma forma que para 415 elementos, a evolução diferencial foi o método de menor tempo de reconstrução.

6 Conclusão

A Tomografia por Impedância Elétrica (TIE) é uma técnica de imagem emergente e promissora a qual faz uso das propriedades elétricas do meio para a realização de imagens. A TIE é livre de radiações ionizantes e não invasiva, além de contar com um aparelho de pequenas dimensões e de baixo custo quando comparados a outras técnicas de imageamento. Contudo, essa técnica possui imagens de baixa resolução e tempo de reconstrução alto, fatores que ainda dificultam a difusão da mesma entre as técnicas de imagem. Apesar disso, a TIE vem sendo aplicada em diversas áreas, como na geologia, indústria, biologia e medicina.

O processo de reconstrução de imagens de TIE é, matematicamente, um problema não linear, mal-posto e mal condicionado, razão o qual a obtenção de imagens de TIE seja um problema complicado a resolver e bastante dependente do algoritmo de reconstrução. Um método de reconstrução que vem ganhando destaque é a reconstrução como um método de otimização, onde a solução é obtida através de algoritmos de busca e otimização, como os algoritmos evolucionários e bioinspirados.

Algoritmos evolucionários e bioinspirados são algoritmos baseados em populações, iterativos e estocásticos, sendo o primeiro inspirado e baseado na teoria da evolução e nos conceitos da genética, e o segundo é baseado no comportamento inteligente de seres vivos, como por exemplo peixes.

Este trabalho teve como proposta o desenvolvimento de uma ferramenta de reconstrução de imagens de TIE como um método de otimização usando o Erro Quadrático Relativo como função objetivo (função a ser otimizada). Para resolver o problema de TIE de otimização foram aplicados os seguintes algoritmos evolucionários e bioinspirados: Algoritmos Genéticos, Evolução Diferencial, Busca por Cardumes de Peixes e Busca por Cardumes de Peixes baseada em Densidade. Além da implementação da busca não cega (método onde uma imagem proveniente do método de Gauss-Newton é inserida à população inicial do algoritmo de busca) a Busca por Cardumes de Peixes.

Os experimentos realizados neste trabalho mostraram que a Busca por Cardumes de Peixes implementada com a Busca Não Cega possui a capacidade de convergir mais rapidamente do que as outras técnicas consideradas, sendo 50 iterações suficientes para a identificação dos objetos presentes nas imagens padrão ouro tanto para uma malha de 415 elementos quanto para uma de 3190 elementos finitos. No entanto, no total de 500 iterações, o método possui tempo de reconstrução alto com relação aos algoritmos genéticos (método que obteve bons resultados para 415 elementos finitos) e evolução diferencial (método que obteve bons resultados para 3190 elementos finitos).

6.1 Dificuldades Apresentadas

As dificuldades encontradas na realização deste trabalho foi o tempo de reconstrução alto, a determinação dos parâmetros dos algoritmos considerados e a padronização do número de elementos finitos na malha gerada pelo EIDORS.

Como é mostrado nas Tabelas 9 e 10 o tempo de reconstrução para todos os algoritmos considerados é elevado, onde o método que obteve o menor tempo levou, em média, 48 minutos para reconstruir uma imagem. Dessa forma a realização dos 20 experimentos para cada imagem padrão ouro e para cada método necessitou um tempo demasiado grande.

O tempo de reconstrução elevado, por sua vez, dificultou a determinação dos parâmetros dos algoritmos evolucionários e bioinspirados. Pois, esses parâmetros controlam o desempenho desses algoritmos. Em função dos valores dos parâmetros considerados, um mesmo algoritmo pode obter bons resultados, resultados ruins ou até mesmo não chegar a convergir a resultado nenhum.

Por fim, as malhas de elementos finitos geradas pelo EIDORS não possuem um valor de elementos fixo para um determinado código. Ou seja, nem sempre ao utilizar o código 'b2d2c' se obtém uma malha com 415 elementos finitos. Dessa forma, em alguns momentos foi necessário fazer alguns ajustes para padronizar as malhas com 415 elementos finitos (para o código 'b2d2c') e 3190 elementos finitos (para o código 'd2d2c').

6.2 Contribuições

Dentre as principais contribuições deste trabalho, pode-se citar:

- O desenvolvimento de uma ferramenta para a reconstrução de imagens de tomografia por impedância elétrica em MATLAB e fazendo-se uso do *software* EIDORS.
- A realização da reconstrução de imagens de tomografia por impedância elétrica como um problema de otimização através do Erro Quadrático Relativo. A solução do problema deu-se através de algoritmos evolucionários e bioinspirados, a saber, os Algoritmos Genéticos, a Evolução Diferencial, a Busca Por Cardumes de Peixes e a Busca por Cardumes de Peixes baseada em Densidade.
- A investigação do desempenho dos algoritmos evolucionários e bioinspirados utilizados na reconstrução de imagens de tomografia por impedância elétrica usando duas malhas de elementos finitos diferentes para a discretização do domínio, uma malha com 415 e outra com com 3190 elementos finitos.

Na Tabela 11 são citados os trabalhos publicados durante a execução desta pesquisa em eventos nacionais, em um periódico e um livro, ambos internacionais. Ao total foram sete artigos e um capítulo de livro. Os eventos nacionais foram: Congresso Brasileiro de Inteligência Computacional (CBIC), Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica (CBEB) e o Encontro Brasileiro para Inovação Terapêutica (EBIT); o periódico internacional: o *International Journal of Swarm Intelligence Research (IJSIR)*; e o livro: *Bio-Inspired Computing for Image and Video Processing*. A publicação do artigo do periódico internacional e do capítulo do livro estão previstos para o ano de 2017. Enquanto que os artigos que foram publicados em congressos nacionais estão disponíveis ao final desta dissertação.

Tabela 11 – Trabalhos publicados durante este trabalho

Evento / Periódico / Livro	Título do artigo / capítulo	Ano
Congresso Brasileiro de Inteligência Computacional (CBIC) - Curitiba	Reconstrução de Imagens de Impedância Elétrica usando Cardume de Peixes, Busca Não Cega e Algoritmo Genético.	2015
-	Reconstrução de Imagens de TIE usando Simulated Annealing, Evolução Diferencial e Algoritmos Genéticos.	2015
Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica (CBEB) - Foz do Iguaçu	Reconstrução de Imagens de TIE usando Busca Por Cardume de Peixes e Density Based On Fish School Search.	2016
-	Uma Nova Técnica de Evolução Diferencial Híbrida para Reconstrução de Imagens de TIE.	2016
-	Aplicação de Programação Evolucionária e Algoritmo Genético para Reconstrução de Imagens de TIE.	2016
Encontro Brasileiro para Inovação Terapêutica (EBIT) - Recife	Proposta de um Tomógrafo de Impedância de Baixo Custo Baseado no Paradigma Open-Hardware	2016
International Journal of Swarm Intelligence Research - IJSIR	Reconstruction of Electrical Impedance Tomography Using Fish School Search, Non-Blind Search and Genetic Algorithm	2017
Bio-Inspired Computing for Image and Video Processing	Electrical Impedance Tomography using Evolutionary Computing: A review	2017

6.3 Trabalhos Futuros

Como a determinação dos parâmetros utilizados nos algoritmos foi feita de forma empírica, com o objetivo de obter melhores resultados com os algoritmos de busca e otimização utilizados neste trabalho, recomenda-se mais estudos na seleção desses parâmetros.

Como observado nos resultados, os métodos de busca por cardume de peixes implementada com a busca não cega conseguiu identificar o objeto nas imagens padrão ouro com apenas 50 iterações para as duas malhas de elementos finitos consideradas. Também foi visto, que para esse método, 300 iterações pode ser considerado suficiente para reconstruir imagens de TIE já que os resultados foi bastante satisfatórios. Sendo assim, recomenda-se mais estudos para avaliar a possibilidade de diminuir o número de iterações consideradas e conseqüentemente diminuir o tempo total de reconstrução.

O alto tempo de reconstrução obtidos pelos métodos considerados neste trabalho pode ser, em parte, em função do uso de uma linguagem interpretada o MATLAB. Com a finalidade de diminuir o tempo de reconstrução, como pesquisas futuras, recomenda-se a migração do código para um ambiente compilado ou pré-compilado que suporte experimentação com técnicas de paralelismo e o uso de arquiteturas paralelas. Nessa etapa, a migração das funções utilizadas pelo EIDORS (a qual são desenvolvidas para MATLAB e Octave) para o ambiente escolhido será um ponto chave.

Do ponto de vista do hardware, serão investigadas arquiteturas paralelas, tais como GPUs (*Graphic Processing Units*) e *clusters*, e técnicas de paralelismo para redução do tempo de execução dos algoritmos, tendo em vista que algoritmos evolucionários e bioinspirados tendem a carregar em suas definições um alto grau de paralelismo.

Concomitante com este trabalho, o grupo de pesquisa de TIE da UFPE vem desenvolvendo um aparelho de tomografia por impedância elétrica. Quando o aparelho estiver pronto, será possível investigar o desempenho desses algoritmos em um ambiente real utilizando fantasmas biológicos ou metálicos, dispensando assim, o uso de imagens padrão ouro necessárias a experimentos de simulação.

Referências

- ADLER, A.; ARNOLD, J. H.; BAYFORD, R.; BORSIC, A.; BROWN, B.; DIXON, P.; FAES, T. J.; FRERICHS, I.; GAGNON, H.; GÄRBER, Y. et al. GREIT: A unified approach to 2D linear EIT reconstruction of lung images. *Physiological measurement*, IOP Publishing, v. 30, n. 6, p. S35, 2009.
- ADLER, A.; DAI, T.; LIONHEART, W. R. B. Temporal image reconstruction in electrical impedance tomography. *Physiological Measurement*, v. 28, n. 7, 2007.
- ADLER, A.; LIONHEART, W. R. Uses and abuses of EIDORS: An extensible software base for EIT. *Physiological measurement*, IOP Publishing, v. 27, n. 5, p. S25, 2006.
- ALVES, S. H.; AMATO, M. B.; TERRA, R. M.; VARGAS, F. S.; CARUSO, P. Lung re-aeration and reventilation after aspiration of pleural effusions. a study using electrical impedance tomography. *Annals of the American Thoracic Society*, Am Thoracic Soc, v. 11, n. 2, p. 186–191, 2014.
- BATHE, K.-J. *Finite element procedures*. [S.l.]: Klaus-Jurgen Bathe, 2006.
- BAYFORD, R. Bioimpedance tomography (electrical impedance tomography). *Annu. Rev. Biomed. Eng.*, Annual Reviews, v. 8, p. 63–91, 2006.
- BLANCATO, R. *Tomógrafo de impedância elétrica desenvolvido pela USP monitora o pulmão de pacientes em tratamento intensivo*. [S.l.], 2008. Acesso em: 09 ago. 2016. Disponível em: <www.medicinaintensiva.com.br/tomografia-impedancia-eletrica-pulmonar.htm>.
- BOUCHETTE, G.; CHURCH, P.; MCFEE, J. E.; ADLER, A. Imaging of compact objects buried in underwater sediments using electrical impedance tomography. *IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing*, IEEE, v. 52, n. 2, p. 1407–1417, 2014.
- BRANKE, J. Evolutionary algorithms for neural network design and training. In: CITESEER. *In Proceedings of the First Nordic Workshop on Genetic Algorithms and its Applications*. [S.l.], 1995. p. 145–163.
- BRONZINO, J. D. *Biomedical engineering handbook*. [S.l.]: CRC press, 1999. v. 2.
- BROWN, B.; SEAGAR, A. The sheffield data collection system. *Clinical Physics and Physiological Measurement*, IOP Publishing, v. 8, n. 4A, p. 91, 1987.
- BRUNS, R. Scheduling. *Handbook of evolutionary computation*, Oxford Univ. Press, Oxford, UK, 1997.
- CAO, Z.; XU, L. Direct image reconstruction for 3-D electrical resistance tomography by using the factorization method and electrodes on a single plane. *IEEE Transactions on Instrumentation and Measurement*, IEEE, v. 62, n. 5, p. 999–1007, 2013.
- CHA, S.-H.; TAPPERT, C. A genetic algorithm for constructing compact binary decision trees. *Journal of pattern recognition research*, v. 4, n. 1, p. 1–13, 2009.

- CHATTOE, E. Modelling economic interaction using a genetic algorithm. *Handbook of evolutionary computation*, Oxford Univ. Press, Oxford, UK, 1997.
- CHEN, S.-M.; SAROSH, A.; DONG, Y.-F. Simulated annealing based artificial bee colony algorithm for global numerical optimization. *Applied mathematics and computation*, Elsevier, v. 219, n. 8, p. 3575–3589, 2012.
- CHENEY, M.; ISAACSON, D.; NEWELL, J. C. Electrical impedance tomography. *SIAM review*, SIAM, v. 41, n. 1, p. 85–101, 1999.
- CHENG, K.-S.; CHEN, B.-H.; TONG, H.-S. Electrical impedance image reconstruction using the genetic algorithm. In: IEEE. *Engineering in Medicine and Biology Society, 1996. Bridging Disciplines for Biomedicine. Proceedings of the 18th Annual International Conference of the IEEE*. [S.l.], 1996. v. 2, p. 768–769.
- CHEREPENIN, V.; KARPOV, A.; KORJENEVSKY, A.; KORNIENKO, V.; MAZALETSKAYA, A.; MAZOUROV, D.; MEISTER, D. A 3D electrical impedance tomography (EIT) system for breast cancer detection. *Physiological measurement*, IOP Publishing, v. 22, n. 1, p. 9, 2001.
- CHEREPENIN, V. A.; KARPOV, A. Y.; KORJENEVSKY, A. V.; KORNIENKO, V. N.; KULTIASOV, Y. S.; OCHAPKIN, M. B.; TROCHANOVA, O. V.; MEISTER, J. D. Three-dimensional EIT imaging of breast tissues: system design and clinical testing. *IEEE transactions on medical imaging*, IEEE, v. 21, n. 6, p. 662–667, 2002.
- CHIKHALIKAR, A.; DARADE, A. Swarm intelligence techniques: Comparative study of aco and bco. v. 4, p. 9, 1995.
- CHURCH, P.; MCFEE, J. E.; GAGNON, S.; WORT, P. Electrical impedance tomographic imaging of buried landmines. *IEEE transactions on geoscience and remote sensing*, IEEE, v. 44, n. 9, p. 2407–2420, 2006.
- DAI, M.; LI, B.; HU, S.; XU, C.; YANG, B.; LI, J.; FU, F.; FEI, Z.; DONG, X. In vivo imaging of twist drill drainage for subdural hematoma: a clinical feasibility study on electrical impedance tomography for measuring intracranial bleeding in humans. *PloS one*, Public Library of Science, v. 8, n. 1, p. e55020, 2013.
- DAILY, W.; RAMIREZ, A. Electrical resistance tomography during in-situ trichloroethylene remediation at the Savannah River Site. *Journal of Applied Geophysics*, Elsevier, v. 33, n. 4, p. 239–249, 1995.
- DAMOUSIS, I. G.; BAKIRTZIS, A. G.; DOKOPOULOS, P. S. A solution to the unit-commitment problem using integer-coded genetic algorithm. *IEEE Transactions on Power Systems*, IEEE, v. 19, n. 2, p. 1165–1172, 2004.
- DONG, F.; XU, Y.; HUA, L.; WANG, H. Two methods for measurement of gas-liquid flows in vertical upward pipe using dual-plane ERT system. *IEEE Transactions on Instrumentation and Measurement*, IEEE, v. 55, n. 5, p. 1576–1586, 2006.
- DU, K.-L.; SWAMY, M. N. S. Bacterial foraging algorithm. In: _____. *Search and Optimization by Metaheuristics: Techniques and Algorithms Inspired by Nature*. Cham: Springer International Publishing, 2016. p. 217–225. ISBN 978-3-319-41192-7.

DYAKOWSKI, T.; YORK, T.; MIKOS, M.; VLAEV, D.; MANN, R.; FOLLOWS, G.; BOXMAN, A.; WILSON, M. Imaging nylon polymerisation processes by applying electrical tomography. *Chemical Engineering Journal*, Elsevier, v. 77, n. 1, p. 105–109, 2000.

EBERHART, R.; KENNEDY, J. A new optimizer using particle swarm theory. In: IEEE. *Micro Machine and Human Science, 1995. MHS'95., Proceedings of the Sixth International Symposium on*. [S.l.], 1995. p. 39–43.

EIBEN, A. E.; SCHOENAUER, M. Evolutionary computing. *Information Processing Letters*, Elsevier, v. 82, n. 1, p. 1–6, 2002.

EIBEN, A. E.; SMITH, J. E. *Introduction to evolutionary computing*. [S.l.]: Springer, 2015. v. 2.

EYUBOGLU, B.; BROWN, B.; BARBER, D.; SEAGER, A. Localisation of cardiac related impedance changes in the thorax. *Clinical Physics and Physiological Measurement*, IOP Publishing, v. 8, n. 4A, p. 167, 1987.

FEITOSA, A. R.; RIBEIRO, R. R.; BARBOSA, V. A.; SOUZA, R. E. de; SANTOS, W. P. dos. Reconstruction of electrical impedance tomography images using particle swarm optimization, genetic algorithms and non-blind search. In: IEEE. *5th ISSNIP-IEEE Biosignals and Biorobotics Conference (2014): Biosignals and Robotics for Better and Safer Living (BRC)*. [S.l.], 2014. p. 1–6.

FEITOSA, A. R. S. *Reconstrução de imagens de tomografia por impedância elétrica utilizando o método dialético de otimização*. Dissertação (Mestrado) — Universidade Federal de Pernambuco, 2015.

FILHO, C. J. B.; NETO, F. B. de L.; LINS, A. J.; NASCIMENTO, A. I.; LIMA, M. P. A novel search algorithm based on fish school behavior. In: IEEE. *Systems, Man and Cybernetics, 2008. SMC 2008. IEEE International Conference on*. [S.l.], 2008. p. 2646–2651.

FILHO, C. J. B.; NETO, F. B. de L.; LINS, A. J.; NASCIMENTO, A. I.; LIMA, M. P. Fish school search. In: *Nature-inspired algorithms for optimisation*. [S.l.]: Springer, 2009. p. 261–277.

FILIPOWICZ, S. F.; RYMARCZYK, T. Measurement methods and image reconstruction in electrical impedance tomography. *Przegląd Elektrotechniczny*, v. 88, n. 6, p. 247–250, 2012.

FREITAS, J.; FILHO, C. B.; FILHO, R. D.; VERÇOSA, L. F.; ERIL, V. Sintonia de controlador PID baseado em busca por cardumes. *Revista de Engenharia e Pesquisa Aplicada*, v. 2, n. 1, 2016.

FU, Z. An innovative GA-based decision tree classifier in large scale data mining. In: SPRINGER. *European Conference on Principles of Data Mining and Knowledge Discovery*. [S.l.], 1999. p. 348–353.

GARDNER, J.; BOILOT, P.; HINES, E. Enhancing electronic nose performance by sensor selection using a new integer-based genetic algorithm approach. *Sensors and Actuators B: Chemical*, Elsevier, v. 106, n. 1, p. 114–121, 2005.

HENDERSON, R. P.; WEBSTER, J. G. An impedance camera for spatially specific measurements of the thorax. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, IEEE, BME-25, n. 3, p. 250–254, 1978.

- HERRERA, C. N. L. *Algoritmo de tomografia por impedância elétrica baseado em Simulated Annealing*. Dissertação (Mestrado) — Universidade de São Paulo, 2007.
- HOLLAND, J. H. Genetic algorithms and the optimal allocation of trials. *SIAM Journal on Computing*, SIAM, v. 2, n. 2, p. 88–105, 1973.
- HOLLAND, J. H. *Adaptation in natural and artificial systems: an introductory analysis with applications to biology, control, and artificial intelligence*. [S.l.]: U Michigan Press, 1975.
- HSU, W. H.; GUO, H.; PERRY, B. B.; STILSON, J. A. A permutation genetic algorithm for variable ordering in learning bayesian networks from data. In: *GECCO*. [S.l.: s.n.], 2002. v. 2, p. 383–390.
- HUA, P.; WOO, E. J.; WEBSTER, J. G.; TOMPKINS, W. J. Finite element modeling of electrode-skin contact impedance in electrical impedance tomography. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, v. 40, n. 4, p. 335–343, April 1993.
- HUANG, C.-N.; YU, F.-M.; CHUNG, H.-Y. The scanning data collection strategy for enhancing the quality of electrical impedance tomography. *IEEE Transactions on Instrumentation and Measurement*, IEEE, v. 57, n. 6, p. 1193–1198, 2008.
- HUANG, Z.; WANG, B.; LI, H. Application of electrical capacitance tomography to the void fraction measurement of two-phase flow. *IEEE Transactions on Instrumentation and Measurement*, IEEE, v. 52, n. 1, p. 7–12, 2003.
- HUBER, N.; BÉGO, N.; ADAMS, C.; SZE, G.; TUNSTALL, B.; QIAO, G.; WANG, W. Further investigation of a contactless patient-electrode interface of an electrical impedance mammography system. In: IOP PUBLISHING. *Journal of Physics: Conference Series*. [S.l.], 2010. v. 224, p. 012166.
- Instituto de Pesquisas Tecnológicas. *Tomografia verde em SP*. [S.l.], 2012. Acesso em: 24 ago. 2016. Disponível em: <www.ipt.br/noticias_interna.php?id_noticia=512>.
- JOHNSON, D. E.; HILBURN, J. L.; JOHNSON, J. R. *Fundamentos de análise de circuitos elétricos*. 4. ed. [S.l.]: Livros Técnicos e Científicos, 2001.
- JORDANA, J.; GASULLA, M.; PALLÁS-ARENY, R. Leakage detection in buried pipes by electrical resistance imaging. In: *Proc. 1st World Congress on Industrial Process Tomography (Buxton)*. [S.l.: s.n.], 1999. p. 28–34.
- JUNG, Y. M.; YUN, S. Impedance imaging with first-order TV regularization. *IEEE transactions on medical imaging*, IEEE, v. 34, n. 1, p. 193–202, 2015.
- KARABOGA, D. *An idea based on honey bee swarm for numerical optimization*. [S.l.], 2005.
- KEANE, A.; BROWN, S. The design of a satellite beam with enhanced vibration performance using genetic algorithm techniques. *The Journal of the Acoustical Society of America*, v. 99, n. 4, p. 2599–2603, 1996.
- KENNEDY, J.; EBERHART, R. Particle swarm optimization. In: *Neural Networks, 1995. Proceedings., IEEE International Conference on*. [S.l.: s.n.], 1995. v. 4, p. 1942–1948 vol.4.
- KOZA, J. R. Classifying protein segments as transmembrane domains using genetic programming and architecture-altering operations. *Handbook of Evolutionary Computation*, Oxford Univ. Press, Oxford, UK, 1997.

- KRASNOGOR, N.; BLACKBURNE, B.; BURKE, E. K.; HIRST, J. D. Multimeme algorithms for protein structure prediction. In: SPRINGER. *International Conference on Parallel Problem Solving from Nature*. [S.l.], 2002. p. 769–778.
- KUMAR, S. P.; SRIRAAM, N.; BENAKOP, P.; JINAGA, B. Reconstruction of brain electrical impedance tomography images using particle swarm optimization. In: IEEE. *2010 5th International Conference on Industrial and Information Systems*. [S.l.], 2010. p. 339–342.
- LACERDA, M. G. P. de; NETO, F. B. de L. A new heuristic of fish school segregation for multi-solution optimization of multimodal problems. In: *Second International Conference on Intelligent Systems and Applications (INTELLI 2013)*. [S.l.: s.n.], 2013. p. 115–121.
- LAHANAS, M.; MILICKOVIC, N.; BALTAS, D.; ZAMBOGLOU, N. Application of multiobjective evolutionary algorithms for dose optimization problems in brachytherapy. In: SPRINGER. *International Conference on Evolutionary Multi-Criterion Optimization*. [S.l.], 2001. p. 574–587.
- LINS, A.; BASTOS-FILHO, C. J.; NASCIMENTO, D. N.; JUNIOR, M. A. O.; LIMA-NETO, F. B. de. Analysis of the performance of the fish school search algorithm running in graphic processing units. *Theory and New Applications of Swarm Intelligence*, InTech, p. 17–32, 2012.
- LIU, B.; HAFTKA, R. T.; AKGÜN, M. A.; TODOROKI, A. Permutation genetic algorithm for stacking sequence design of composite laminates. *Computer methods in applied mechanics and engineering*, Elsevier, v. 186, n. 2, p. 357–372, 2000.
- LIU, Y.; SUN, F. A fast differential evolution algorithm using K-nearest neighbour predictor. *Expert Systems with Applications*, Elsevier, v. 38, n. 4, p. 4254–4258, 2011.
- MADEIRO, S. S.; LIMA-NETO, F. B. de; BASTOS-FILHO, C. J. A.; FIGUEIREDO, E. M. do N. Density as the segregation mechanism in fish school search for multimodal optimization problems. In: *Advances in Swarm Intelligence*. [S.l.]: Springer, 2011. p. 563–572.
- MARTIN, S.; CHOI, C. T. Nonlinear electrical impedance tomography reconstruction using artificial neural networks and particle swarm optimization. *IEEE Transactions on Magnetics*, IEEE, v. 52, n. 3, p. 1–4, 2016.
- MENIN, O. H. *Método dos elementos de contorno para tomografia de impedância elétrica*. Dissertação (Mestrado) — Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto da Universidade de São Paulo, 2009.
- METHERALL, P.; BARBER, D.; SMALLWOOD, R.; BROWN, B. Three dimensional electrical impedance tomography. *Nature*, Sheffield, v. 380, n. 6574, p. 509–512, 1996.
- MIAO, L.; MA, Y.; WANG, J. ROI-based image reconstruction of electrical impedance tomography used to detect regional conductivity variation. *IEEE Transactions on Instrumentation and Measurement*, IEEE, v. 63, n. 12, p. 2903–2910, 2014.
- MOMENTÉ, G. V.; PEIXOTO, B. H. L. N.; TSUZUKI, M. S. G.; MARTINS, T. D. C. New objective function for electrical image tomography reconstruction. In: *ABCm Symposium Series in Mechatronics*. [S.l.: s.n.], 2013.

- NERI, F.; TOIVANEN, J.; CASCELLA, G. L.; ONG, Y.-S. An adaptive multimeme algorithm for designing HIV multidrug therapies. *IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics (TCBB)*, IEEE Computer Society Press, v. 4, n. 2, p. 264–278, 2007.
- PETHIG, R. Dielectric properties of biological materials: biophysical and medical applications. *IEEE Transactions on Electrical Insulation*, IEEE, n. 5, p. 453–474, 1984.
- PRICE, K.; STORN, R. M.; LAMPINEN, J. A. *Differential evolution: a practical approach to global optimization*. [S.l.]: Springer Science & Business Media, 2006.
- RASTEIRO, M. G.; SILVA, R. C. C.; GARCIA, F. A. P.; FAIA, P. M. Electrical tomography: a review of configurations and applications to particulate processes. *KONA Powder and Particle Journal*, Hosokawa Powder Technology Foundation, v. 29, p. 67–80, 2011.
- RIBEIRO, R.; FEITOSA, A.; SOUZA, R.; SANTOS, W. Um algoritmo de evolução diferencial modificado com busca não-cega para tomografia por impedância elétrica. In: *Proceedings of the XXIV Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica*. [S.l.: s.n.], 2014.
- RIBEIRO, R. R. *Reconstrução de imagens de tomografia por impedância elétrica usando evolução diferencial*. Dissertação (Mestrado) — Universidade Federal de Pernambuco, 2016.
- RIBEIRO, R. R.; FEITOSA, A. R.; SOUZA, R. E. de; SANTOS, W. P. dos. A modified differential evolution algorithm for the reconstruction of electrical impedance tomography images. In: IEEE. *5th ISSNIP-IEEE Biosignals and Biorobotics Conference (2014): Biosignals and Robotics for Better and Safer Living (BRC)*. [S.l.], 2014. p. 1–6.
- RIBEIRO, R. R.; FEITOSA, A. R.; SOUZA, R. E. de; SANTOS, W. P. dos. Reconstruction of electrical impedance tomography images using chaotic self-adaptive ring-topology differential evolution and genetic algorithms. In: IEEE. *2014 IEEE International Conference on Systems, Man, and Cybernetics (SMC)*. [S.l.], 2014. p. 2605–2610.
- RIBEIRO, R. R.; FEITOSA, A. R.; SOUZA, R. E. de; SANTOS, W. P. dos. Reconstruction of electrical impedance tomography images using genetic algorithms and non-blind search. In: IEEE. *2014 IEEE 11th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)*. [S.l.], 2014. p. 153–156.
- RIMPILÄINEN, V.; KUOSMANEN, M.; KETOLAINEN, J.; JÄRVINEN, K.; VAUHKONEN, M.; HEIKKINEN, L. M. Electrical impedance tomography for three-dimensional drug release monitoring. *European Journal of Pharmaceutical Sciences*, Elsevier, v. 41, n. 2, p. 407–413, 2010.
- ROLNIK, V. P. *Contribuição ao desenvolvimento de uma nova técnica de reconstrução tomográfica para sondas de visualização direta*. Tese (Doutorado) — Escola de Engenharia de São Carlos da Universidade de São Paulo, 2003.
- ROLNIK, V. P.; JR, P. S. A specialized genetic algorithm for the electrical impedance tomography of two-phase flows. *Journal of the Brazilian Society of Mechanical Sciences and Engineering*, SciELO Brasil, v. 28, n. 4, p. 378–389, 2006.
- SAHA, S.; BANDYOPADHYAY, S. Application of a new symmetry-based cluster validity index for satellite image segmentation. *IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters*, IEEE, v. 5, n. 2, p. 166–170, 2008.

- SANTOS, W. P. d.; ASSIS, F. M. d. *Algoritmos dialéticos para inteligência computacional*. [S.l.]: Editora Universitária UFPE, 2013.
- SHENG, W.; CHEN, S.; FAIRHURST, M.; XIAO, G.; MAO, J. Multilocal search and adaptive niching based memetic algorithm with a consensus criterion for data clustering. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, IEEE, v. 18, n. 5, p. 721–741, 2014.
- SILVA, J. Descrição VHDL de um controlador para aquisição de sinais em um tomógrafo de impedância elétrica. *Unibratéc, Ensino Superior e Técnico em Informática*, 2006.
- SOUZA, G. V.; LIMA, M. P.; ALEXANDRE, R. F.; CARRANO, E. G. Planejamento de redes WLAN utilizando algoritmo evolução diferencial. *Anais do XLVIII SBPO - Simpósio Brasileiro de Pesquisa Operacional*, Vitória, ES, p. 3244 a 3255, 2016.
- STEFANESCO, S.; SCHLUMBERGER, C.; SCHLUMBERGER, M. Sur la distribution électrique autour d'une prise de terre ponctuelle dans un terrain à couches horizontales homogènes et isotropes. *Le Journal de Physique et le Radium*, v. 7, 1930.
- TANG, M.; WANG, W.; WHEELER, J.; MCCORMICK, M.; DONG, X. The number of electrodes and basis functions in EIT image reconstruction. *Physiological measurement*, IOP Publishing, v. 23, n. 1, p. 129, 2002.
- TEHRANI, J. N.; JIN, C.; MCEWAN, A.; SCHAIK, A. van. A comparison between compressed sensing algorithms in electrical impedance tomography. In: IEEE. *2010 Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology*. [S.l.], 2010. p. 3109–3112.
- TORRES, G. *Fundamentos de eletrônica*. [S.l.]: Axcel Books, 2002.
- TROKHANOVA, O.; OKHAPKIN, M.; KORJENEVSKY, A. Dual-frequency electrical impedance mammography for the diagnosis of non-malignant breast disease. *Physiological measurement*, IOP Publishing, v. 29, n. 6, p. S331, 2008.
- VAUHKONEN, M.; LIONHEART, W. R.; HEIKKINEN, L. M.; VAUHKONEN, P. J.; KAIPIO, J. P. A MATLAB package for the EIDORS project to reconstruct two-dimensional EIT images. *Physiological Measurement*, IOP Publishing, v. 22, n. 1, p. 107, 2001.
- WAN, Y.; BORSIC, A.; HEANEY, J.; SEIGNE, J.; SCHNED, A.; BAKER, M.; WASON, S.; HARTOV, A.; HALTER, R. Transrectal electrical impedance tomography of the prostate: Spatially coregistered pathological findings for prostate cancer detection. *Medical physics*, American Association of Physicists in Medicine, v. 40, n. 6, p. 063102, 2013.
- WANG, H.; XU, G.; ZHANG, S.; YAN, W. An implementation of generalized back projection algorithm for the 2-D anisotropic EIT problem. *IEEE Transactions on Magnetics*, IEEE, v. 51, n. 3, p. 1–4, 2015.
- WRIGHT, J. The effect of nutrient and nonnutrient testmeals on gastric-emptying (GE) measured by electrical-impedance tomography. In: *Clinical and Physiological Applications of Electrical Impedance Tomography*. [S.l.]: London: Univ. College London Press, 1993.
- WU, C.-H.; TZENG, G.-H.; GOO, Y.-J.; FANG, W.-C. A real-valued genetic algorithm to optimize the parameters of support vector machine for predicting bankruptcy. *Expert systems with applications*, Elsevier, v. 32, n. 2, p. 397–408, 2007.

XUE, B.; ZHANG, M.; BROWNE, W. N. Particle swarm optimization for feature selection in classification: A multi-objective approach. *IEEE transactions on cybernetics*, IEEE, v. 43, n. 6, p. 1656–1671, 2013.

YORKEY, T. J.; WEBSTER, J. G.; TOMPKINS, W. J. Comparing reconstruction algorithms for electrical impedance tomography. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, IEEE, n. 11, p. 843–852, 1987.

ZHANG, X.; WANG, W.; SZE, G.; BARBER, D.; CHATWIN, C. An image reconstruction algorithm for 3-D electrical impedance mammography. *IEEE transactions on medical imaging*, IEEE, v. 33, n. 12, p. 2223–2241, 2014.

Apêndices

APÊNDICE A – Reconstrução de
Imagens de Tomografia por Impedância
Elétrica Usando Cardume de peixes,
Busca Não-Cega e Algoritmo Genético

Reconstrução de Imagens de Tomografia por Impedância Elétrica Usando Cardume de peixes, Busca Não-Cega e Algoritmo Genético

Valter A. F. Barbosa¹, Reiga R. Ribeiro¹, Allan R. S. Feitosa¹, Victor L. B. A. da Silva², Arthur D. D. Rocha¹, Rafaela C. Freitas¹, Ricardo E. de Souza¹, Wellington P. dos Santos^{1,2}

¹Departamento de Engenharia Biomédica, Universidade Federal de Pernambuco, UFPE, Recife, Brasil

²Departamento de Engenharia da Computação, Universidade de Pernambuco, UPE, Recife, Brasil

Emails: valter.augusto12@gmail.com, wellington.santos@ieee.org

Resumo — Tomografia por Impedância Elétrica (TIE) é uma técnica relativamente nova de reconstrução de imagens usualmente aplicada a imagens médicas funcionais, caracterizada por não usar radiação ionizante. Embora não seja adequada o suficiente para adquirir imagens anatômicas precisas, TIE é uma técnica de imagem promissora, devido a sua segurança de manipulação e baixo preço de implementação de *hardware*. Matematicamente, TIE corresponde a um problema mal posto e mal condicionado, isto é, não há uma única solução para uma dada distribuição de potenciais elétricos de borda. Diversos artigos têm discutido e experimentado métodos numéricos iterativos combinados com redes de malha de elementos finitos, a fim de reconstruir imagens de TIE. Computação Evolucionária vem emergindo como uma interessante fonte de solução para problemas mal postos, com algumas aplicações para reconstrução de TIE. Neste artigo, é proposto um algoritmo de reconstrução baseado na Busca por Cardumes de Peixes e a Busca Não-Cega para obter imagens de TIE. Os resultados foram gerados usando um pequeno conjunto bem definido de fantasmas numéricos, utilizados como imagens verdadeiras. Esses resultados foram comparados ao algoritmo de estado da arte Algoritmo Genético empregado para resolver problemas de TIE. Os resultados foram encorajadores.

Palavras-Chaves — Tomografia por Impedância Elétrica, reconstrução de imagens, algoritmos de reconstrução, busca por cardumes de peixes, busca não-cega, algoritmo genético.

I. INTRODUÇÃO

Radiações ionizantes são comumente utilizadas em equipamentos de imagens médicas, como raios x, tomografia por emissão de pósitrons, mamografia, dentre outros. Apesar dos benefícios provenientes do uso dessas ondas, existem alguns riscos associados à exposição às mesmas, tanto para quem opera estes equipamentos quanto para quem se submete a tais exames. A longa exposição a estes tipos de radiações ionizantes pode causar diversos problemas de saúde [1], entre eles câncer [1], possivelmente, um dos assuntos mais discutidos em Saúde Pública, tanto em países desenvolvidos como em países em desenvolvimento, tornando, desta forma, mais intensa a busca por tecnologias em imagiologia que sejam: eficientes, de baixo custo, de simples manuseio e principalmente, seguras para a saúde de seus usuários.

Uma promissora técnica de imagem que não utiliza radiações ionizantes é a Tomografia por Impedância Elétrica (TIE) [1]. A TIE trata-se de uma técnica não invasiva que constrói imagens do interior de um corpo (ou objeto) mediante grandezas elétricas medidas em sua superfície. A construção ocorre a partir da disposição de eletrodos ao longo de uma

seção transversal do objeto em questão e a aplicação de uma corrente elétrica de baixa amplitude e alta frequência, de forma que os potenciais elétricos de borda resultantes nos eletrodos são medidos. Por fim, em um computador, utilizando estes potenciais, um algoritmo de reconstrução gera a imagem do interior do corpo analisado [2] [3].

Quando comparada a outras técnicas de imagem como Ressonância Magnética e Tomografia por raios x, a Tomografia por Impedância Elétrica possui um custo relativamente baixo, pois necessita, a grosso modo, de um aparelho capaz de gerar e medir o sinal elétrico e um computador capaz de reconstruir a imagem [3]. E por se tratar de uma técnica que utiliza unicamente as propriedades elétricas (como permissividade) do corpo, não há nenhum risco associado ao seu uso, ao contrário de métodos de aquisição de imagens que se utilizam de radiações ionizantes.

No entanto, como desvantagem as imagens geradas pela técnica de TIE ainda são de baixa resolução, com bordas indefinidas, fator que impede que a técnica seja difundida entre as áreas da imagiologia. Isto motiva pesquisadores da área a buscar novos métodos de reconstrução de imagens de TIE com boas resoluções para a evolução da técnica como uma ferramenta confiável e prática no auxílio ao diagnóstico.

Do ponto de vista matemático, o problema de reconstrução da TIE é dito mal posto e mal condicionado, ou seja, não existe apenas uma solução (imagem) para uma determinada distribuição de potenciais de borda. Diversos algoritmos são aplicados para resolver o problema da TIE. Porém ainda são geradas imagens de bordas indefinidas [1].

Deste modo, uma forma alternativa utilizada na tentativa de solucionar o problema da TIE é tratando-o como um problema de otimização, onde o objetivo é minimizar o erro relativo entre o potencial de borda de um objeto com potenciais de borda conhecidos e o potencial de borda calculado a partir do candidato a solução.

Uma heurística que pode ser usada nesse problema de otimização é a busca por cardume de peixes (CP) [4]. Essa técnica é baseada no comportamento de peixes na busca por alimentos. O processo de busca no CP é realizado por uma população de indivíduos de memória limitada – o peixe. Cada peixe no cardume representa uma possível solução para o sistema. Os peixes interagem entre si e com o ambiente, e através de operadores de movimentação individual e coletivos o cardume tende a convergir para as proximidades da fonte de alimento, ou seja, a melhor posição (melhor solução) para aquele dado problema [4].

Neste trabalho propomos uma abordagem relativamente simples para a reconstrução de imagens de TIE usando Cardume de Peixes (CP), mas com duas formas de inicialização dos candidatos a solução (peixes): uma totalmente aleatória e outra incluindo, entre os candidatos, uma solução com base no método de reconstrução de Gauss-Newton. De acordo com o critério de Saha e Bandyopadhyay, este método de inicialização recebe o nome de busca não-cega.

Este trabalho está organizado da seguinte forma: na seção “Materiais e Métodos” apresentamos brevemente revisões bibliográficas e também a metodologia dos experimentos propostos; na seção “Resultados” são apresentados os resultados dos experimentos; e na seção “Discussão e Conclusão” são feitos comentários sobre os resultados com uma breve conclusão do trabalho.

II. MATERIAIS E MÉTODOS

A. Tomografia por impedância elétrica

A Tomografia por impedância Elétrica (TIE) é governada pelas equações de Poisson e pelas seguintes expressões [2]:

$$\nabla \cdot [\sigma(\vec{u}) \nabla \phi(\vec{u})] = 0, \quad \forall \vec{u} \in \Omega, \quad (1)$$

$$\phi_{\text{ext}}(\vec{u}) = \phi(\vec{u}), \quad \forall \vec{u} \in \partial\Omega, \quad (2)$$

$$I(\vec{u}) = -\sigma(\vec{u}) \nabla \phi(\vec{u}) \cdot \hat{n}(\vec{u}), \quad \forall \vec{u} \in \partial\Omega, \quad (3)$$

Onde $\vec{u} = (x, y, z)$ é a posição do voxel, $\phi(\vec{u})$ é a distribuição de potenciais elétricos, $\phi_{\text{ext}}(\vec{u})$ é a distribuição de potenciais elétricos nos eletrodos de superfície, $I(\vec{u})$ é a corrente elétrica, periódica com frequência ω_0 para evitar efeitos elétricos de superfície, $\sigma(\vec{u})$ é a distribuição de condutividades elétricas (imagem de interesse), Ω é o volume de interesse, também conhecido como domínio, e $\partial\Omega$ é a borda do domínio, $\hat{n}(\vec{u})$ é o vetor normal de superfície na posição $\vec{u} \in \partial\Omega$.

O problema de determinação dos potenciais elétricos dos eletrodos de superfície $\phi_{\text{ext}}(\vec{u})$ dadas correntes $I(\vec{u})$ e distribuição de condutividade $\sigma(\vec{u})$ é chamado problema direto da TIE e modelado pela seguinte relação:

$$\phi_{\text{ext}}(\vec{v}) = f(I(\vec{v}), \sigma(\vec{u})), \quad \forall \vec{v} \in \partial\Omega \wedge \vec{u} \in \Omega \quad (4)$$

Enquanto o problema de determinação da distribuição de condutividade $\sigma(\vec{u})$ (imagem tomográfica) dado $I(\vec{u})$ e $\phi_{\text{ext}}(\vec{u})$ é conhecido como problema inverso da TIE, modelado como a seguir:

$$\sigma(\vec{u}) = f^{-1}(I(\vec{v}), \phi_{\text{ext}}(\vec{v})), \quad \forall \vec{v} \in \partial\Omega \wedge \vec{u} \in \Omega \quad (5)$$

B. Função objetivo na reconstrução de imagens de TIE

Para tratar a reconstrução de imagens de TIE, ou o problema inverso da TIE, como um problema de otimização é necessário considerar o erro quadrático relativo entre os potenciais elétricos medidos na borda do objeto que se quer obter a imagem e os potenciais elétricos calculados das imagens geradas pelo algoritmo de busca (candidato à solução) como função objetivo (ou função fitness) [9], [10], [11], [12], [13]. Na equação (6) é dado a expressão da função objetivo $f(x)$:

$$f(x) = \left[\frac{\sum_{i=1}^{n_e} (U_i(x) - V_i)^2}{\sum_{i=1}^{n_e} (V_i)^2} \right]^{1/2}, \quad (6)$$

$$V = (V_1, V_2, \dots, V_{n_e})^T,$$

$$U(x) = (U_1(x), U_2(x), \dots, U_{n_e}(x))^T,$$

Onde x representa um indivíduo no algoritmo de busca em questão, V e $U(x)$ a distribuição de potenciais elétricos medidos e calculados na borda respectivamente, e n_e o número de eletrodos na borda.

C. Busca por cardume de peixes

O algoritmo de busca por cardume de peixes (CP) é uma meta-heurística baseada no comportamento de peixes na busca por alimentos, desenvolvido por Bastos Filho e Lima Neto em 2007 [4]. O processo de busca no CP é realizado por uma população de indivíduos de memória limitada: o peixe. Cada peixe no cardume representa um ponto no domínio da função fitness. A versão canônica do algoritmo de busca por cardumes possui quatro operadores que podem ser classificados em duas classes: alimentação e natação.

– Operador de alimentação:

Com a finalidade de encontrar mais comida, os peixes no cardume podem deslocar-se. Assim, em função de sua posição, cada peixe pode aumentar ou diminuir de peso, dependendo da sua proximidade do alimento [4]. O operador de alimentação, então quantifica o quão bem sucedido é um peixe em função da variação de seu fitness. O peso do peixe é dado pela equação (7).

$$W_i(t+1) = W_i(t) + \frac{f[\vec{x}_i(t+1)] - f[\vec{x}_i(t)]}{v_i \cdot \max\{|f[\vec{x}_i(t+1)] - f[\vec{x}_i(t)]|\}} \quad (7)$$

Onde $W_i(t)$, $f[\vec{x}_i(t)]$ representam o peso do peixe i , e o valor da função fitness no posição $\vec{x}_i(t)$ do peixe i , respectivamente.

– Operadores de natação:

Os operadores de natação são responsáveis pelo deslocamento dos peixes na busca por alimentos. Os operadores de natação executam os movimentos: individual, coletivo instintivo e coletivo volitivo que serão descritos a seguir.

Movimento individual:

O movimento individual é realizado no início de cada iteração do algoritmo, onde cada peixe é deslocado para algum ponto de sua vizinhança. Uma característica importante deste movimento é que o peixe apenas executa o movimento individual se isso lhe fizer aumentar de peso, ou seja, se o ponto futuro após o movimento lhe der um melhor fitness.

O deslocamento individual de cada peixe é dado em (8), onde $\text{rand}[-1,1]$ é um vetor composto por números gerados aleatoriamente no intervalo de $[-1,1]$ e step_{ind} é um parâmetro que representa a capacidade de exploração dos peixes no movimento individual. Após o cálculo do deslocamento individual a posição do peixe é atualizada por (9).

$$\vec{x}_{\text{ind}_i}(t+1) = \text{step}_{\text{ind}} \cdot \text{rand}[-1, 1] \quad (8)$$

$$\vec{x}_{ind_i}(t+1) = \vec{x}_{ind_i}(t) + \vec{\Delta x}_{ind_i}(t+1) \quad (9)$$

Na prática, podemos dizer que o movimento individual é uma perturbação à posição do peixe para garantir uma maior exploração do espaço de busca. Então, para garantir uma maior convergência ao final da realização do algoritmo, o valor do parâmetro $step_{ind}$ decai linearmente de acordo com a equação (10), onde $step_{ind_i}$ e $step_{ind_f}$ são os valores inicial e final de $step_{ind}$ e iterações é valor máximo possível de iterações do algoritmo.

$$step_{ind}(t+1) = step_{ind}(t) - \frac{(step_{ind_i} - step_{ind_f})}{\text{iterações}} \quad (10)$$

Movimento coletivo-instintivo:

O movimento coletivo-instintivo é o movimento onde os peixes mais bem sucedidos nos seus movimentos individuais (isto é, os peixes que mais ganharam peso com o movimento) atraem para perto dele os outros peixes. Para a execução desse movimento é definido o vetor direção resultante, $\vec{I}(t)$, que é dado pela média ponderada dos deslocamento individuais de cada peixe tendo como peso a sua variação de fitness, como pode ser observado em (11). Após o cálculo do vetor direção resultante a posição do peixe é atualizada da maneira como é dado em (12).

$$\vec{I}(t) = \frac{\sum_{i=1}^N \vec{\Delta x}_{ind_i} \{f[\vec{x}_i(t+1)] - f[\vec{x}_i(t)]\}}{\sum_{i=1}^N \{f[\vec{x}_i(t+1)] - f[\vec{x}_i(t)]\}} \quad (11)$$

$$\vec{x}_i(t+1) = \vec{x}_i(t) + \vec{I}(t) \quad (12)$$

Movimento coletivo-volitivo:

Este movimento é baseado no desempenho global do cardume [4]. O movimento coletivo-volitivo é a ferramenta que dá a capacidade ao algoritmo de ajustar o raio de busca dos peixes. Dessa forma, se o peso global dos peixes aumenta, significa que a busca está sendo bem sucedida e raio de busca deve diminuir, caso contrário o raio de busca deve aumentar, para aumentar a exploração dos peixes na tentativa de encontrar melhores resultados. Então, nesse movimento a posição do peixe é atualizada com relação ao centro de massa do cardume, $\vec{Bari}(t)$, dado em (13).

$$\vec{Bari}(t) = \frac{\sum_{i=1}^N \vec{x}_i(t) W_i(t)}{\sum_{i=1}^N W_i(t)} \quad (13)$$

O movimento de cada peixe é feito, então, seguindo a equação (14) caso o cardume estiver aumentando de peso, ou é feito através a equação (15) se o cardume estiver diminuindo de peso. Nas equações (14) e (15), $rand[0,1]$ é um vetor de números gerados aleatoriamente no intervalo de [0,1] e $step_{vol}$ é um parâmetro que representa a intensidade do ajuste da busca dos peixes.

$$\vec{x}_i(t+1) = \vec{x}_i(t) - step_{vol} \cdot rand[0, 1] \cdot [\vec{x}_i(t) - \vec{Bari}(t)] \quad (14)$$

$$\vec{x}_i(t+1) = \vec{x}_i(t) + step_{vol} \cdot rand[0, 1] \cdot [\vec{x}_i(t) - \vec{Bari}(t)] \quad (15)$$

A seguir o pseudocódigo do algoritmo de busca por cardumes de peixes.

- 1) Inicialize aleatoriamente todos os peixes
- 2) Repita até que o máximo de iteração seja atingido:
 - a) Para cada peixe, faça:
 - i) Execute o movimento individual;
 - ii) Avalie a função fitness;
 - iii) Execute o operador de alimentação
 - b) Calcule o vetor direção resultante
 - c) Para cada peixe, faça:
 - i) Execute o movimento instintivo;
 - d) Calcule o baricentro
 - e) Para cada peixe, faça:
 - i) Execute o movimento volitivo;
 - f) Atualize os valores do passo individual e do passo coletivo-volitivo

D. Algoritmo genético

Algoritmo genético (AG) consiste basicamente em um processo heurístico iterativo para busca e otimização compostos por metáforas inspiradas na Teoria da Evolução e os princípios de genética. O pseudocódigo de GA pode ser definido como[5]:

- 1) Inicialização da população inicial;
- 2) Repita até que o máximo de iteração seja atingido:
 - a) Avalie a função objetivo (função fitness) para cada indivíduo;
 - b) Seleção Natural: Indivíduos com o melhor fitness são selecionados para a etapa do crossover;
 - c) Crossover: Dado uma máscara definida (coordenadas de interesse em vetores), os indivíduos descendentes são gerados através da combinação de dois genes ancestrais;
 - d) Mutação: Gene dos descendentes são aleatoriamente selecionados e modificados. A estratégia de seleção A estratégia de seleção para uma determinada quantidade dos melhores ancestrais passar para a próxima geração é chamada elitismo [5].

E. Busca não-cega

Saha e Bandyopadhyay afirmam que, a fim de evitar busca totalmente aleatória e acelerar a convergência dos algoritmos de otimização, devemos definir a população inicial de soluções candidatas utilizando soluções obtidas de métodos imprecisos simples e diretos [6]. Nossa hipótese é que o uso de CP para resolver o problema inverso mal-posto da TIE pode obter soluções razoáveis usando um pequeno número de iterações quando o primeiro conjunto da população envolve uma solução candidata construída usando versões ruidosas da solução obtida pelo método de Gauss-Newton.

F. Reconstrução de imagem usando EIDORS

As reconstruções de imagens obtidas neste trabalho foram feitas usando o simulador EIDORS, este simulador trata-se de um *software* de código livre desenvolvido para MATLAB/Octave que tem por objetivo resolver o problema direto e inverso de Tomografia por Impedância Elétrica (TIE) e Tomografia Óptica baseada em Difusão [7], [8]. O EIDORS permite sua livre modificação, de modo que se torna facilmente adaptável ao problema em questão. Com esta ferramenta é possível simular uma malha de elementos finitos que representa computacionalmente uma secção transversal de um corpo bem como sua distribuição de condutividade interna na forma de cores [7], [8].

G. Métodos e experimentos propostos

Os experimentos foram feitos utilizando como parâmetros do EIDORS: 16 eletrodos, 415 elementos na malha da grade circular 2D com nível de densidade 'b' e nível de refinamento '2'. O objetivo foi detectar objetos irregulares isolados em três configurações: no centro do domínio, perto da borda do domínio e entre o centro e a borda do domínio. Foram executadas 20 simulações para cada configuração usando o cardume de peixes sem e com a busca não-cega. Utilizou-se o erro relativo entre as distribuições de potenciais elétricos medidos e calculados na borda como a função objetivo para o método evolucionário de otimização que usamos neste trabalho. Candidatos a solução (peixes) são vetores reais usados como abstrações teóricas para distribuições de condutividade possíveis, onde cada dimensão corresponde a um determinado elemento finito da grade.

Para as simulações usando a busca por cardumes de Peixes trabalhamos com 100 peixes, ou seja, candidatos a solução, e usamos peso inicial dos peixes $W_0 = 100$, $step_{ind_f} = 0,01$, $step_{ind_r} = 0,0001$ e o $step_{vol} = 2step_{ind_f}$. Enquanto que para o algoritmo genético foi utilizado uma população inicial de 100 indivíduos, a seleção para os 10 indivíduos melhores avaliados, probabilidade de cruzamento e de mutação de 100% e elitismo de 10 indivíduos. Fizemos experimentos para 50, 300 e 500 iterações

III. RESULTADOS

A Figura 1 mostra as distribuições de condutividade simuladas para objetos isolados eletricamente colocados no (a) no centro do domínio, (b) perto da borda do domínio e (c) entre o centro e a borda do domínio. As Figuras 2 e 3 mostram os resultados da reconstrução obtidos a partir dos algoritmos de busca por cardumes de peixes sem e com a busca não-cega que propomos neste trabalho, respectivamente, para objetos colocados no centro (a1, a2 e a3), perto da borda (b1, b2 e b3) e entre o centro e a borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações, respectivamente.

As Figuras 5, 6 e 7 apresentam o decaimento do erro relativo médio de 20 simulações com o número de cálculo da função objetivo para as situações do objeto localizado no centro, perto da borda e entre o centro e a borda respectivamente.

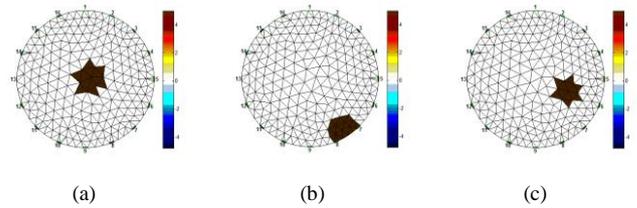


Fig. 1. Distribuições de condutividade elétrica originais simuladas para objetos isolados colocados no centro (a), perto da borda (b) e entre o centro e a borda (c) do domínio circular.

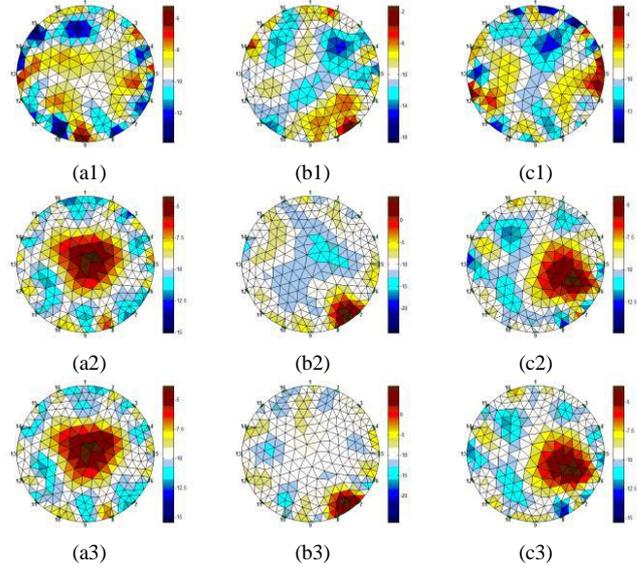


Fig. 2. Resultados de reconstrução para objetos colocados no centro (a1, a2 e a3), perto da borda (b1, b2 e b3) e entre o centro e a borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações, usando cardumes de peixes.

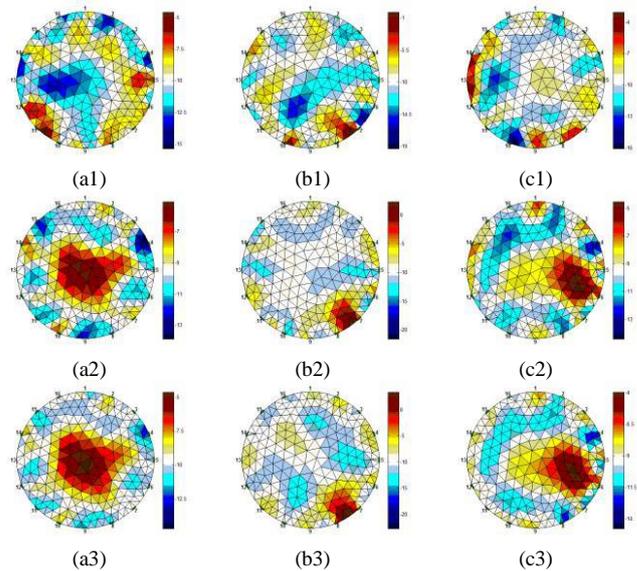


Fig. 3. Resultados de reconstrução para objetos colocados no centro (a1, a2 e a3), perto da borda (b1, b2 e b3) e entre o centro e a borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações, usando cardumes de peixes com a busca não-cega.

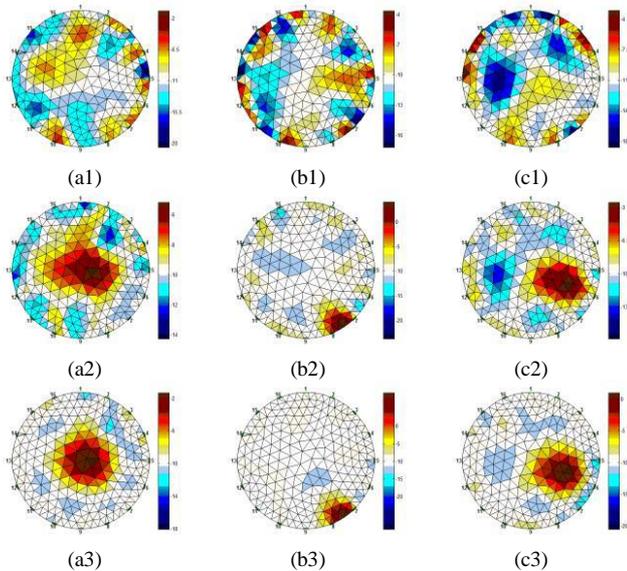


Fig. 4. Resultados de reconstrução para objetos colocados no centro (a1, a2 e a3), perto da borda (b1, b2 e b3) e entre o centro e a borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações, usando algoritmo genético.

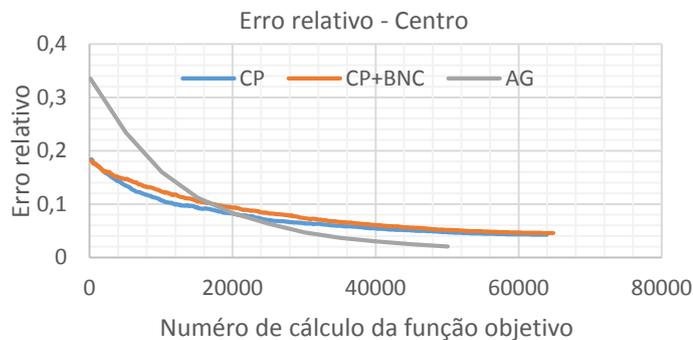


Fig. 5. Erro relativo médio decrescente de 20 simulações de acordo com o número de cálculo da função objetivo para o objeto isolante no centro do domínio para o cardume de peixes (CP), cardumes com a busca não cega (CP+BNC) e algoritmo genético (AG).

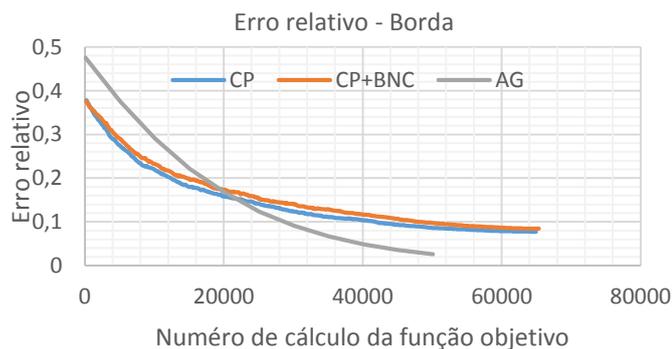


Fig. 6. Erro relativo médio decrescente de 20 simulações de acordo com o número de cálculo da função objetivo para o objeto isolante na borda do domínio para o cardume de peixes (CP), cardumes com a busca não cega (CP+BNC) e algoritmo genético (AG).

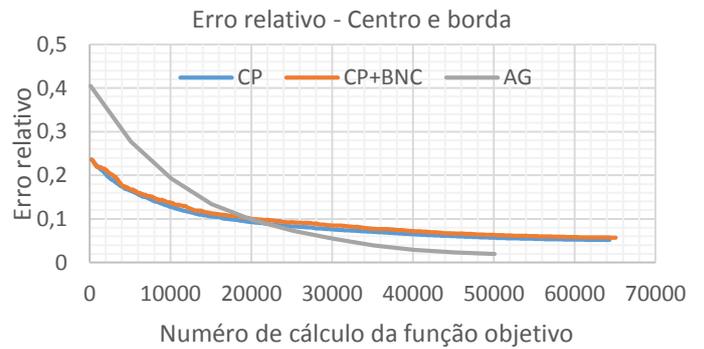


Fig. 7. Erro relativo médio decrescente de 20 simulações de acordo com o número de cálculo da função objetivo para o objeto isolante entre o centro e a borda do domínio para o cardume de peixes (CP), cardumes com a busca não cega (CP+BNC) e algoritmo genético (AG).

IV. DISCUSSÃO E CONCLUSÃO

Os resultados obtidos pelo algoritmo de busca por cardumes de peixes com e sem a busca não-cega serão comparados com os resultados obtidos anteriormente pela equipe de pesquisa de TIE da UFPE usando algoritmo genético. O motivo dessa escolha é devido ao fato que algoritmo genético possui resultados bastantes satisfatórios e condizentes, o que os tornam um bom parâmetro de comparação para as novas implementações como as deste trabalho.

Do ponto de vista da análise qualitativa, o comportamento dos algoritmos de reconstrução pode ser investigado pela análise dos resultados visuais mostrados pelas Figuras 2, 3 e 4. Podemos observar que com 50 iterações nenhum método obteve imagens conclusivas e nem anatomicamente consistentes, mas que a partir de 300 iterações já se obteve imagens anatomicamente corretas, considerando-se a baixa resolução das imagens da TIE. Com 500 iterações podemos observar que o método que obteve as melhores imagens foi o de algoritmo genético já estabelecido pela equipe de TIE da UFPE, embora os métodos de cardume de peixes sem e com busca não cega obteve imagens anatomicamente consistentes e conclusivas e com pouco ruídos nas imagens. E por último podemos analisar que, a implementação da busca não-cega para o algoritmo de cardumes de peixes resultou em melhoras visualmente pouco significativas. Ao contrário do que aconteceu nos resultados do trabalho de Feitosa et al. (2014), onde a implementação da busca não cega no algoritmo de otimização proposto no trabalho resultou em imagens melhores [12].

A partir dos gráficos presentes nas Figuras 5, 6 e 7 é possível avaliar quantitativamente os resultados de acordo com a convergência dos algoritmos. Podemos observar que o comportamento do decréscimo do erro relativo para o cardume de peixes tanto sem e com a busca não cega é similar ao decréscimo para o algoritmo genético, onde esses decréscimos lembram um comportamento exponencial. Observando os três gráficos, podemos concluir que o algoritmo genético resultou em imagens de menores erros relativos e também que a implementação da busca não-cega não resultou

em uma diferença significativa no decaimento do erro relativo. De um modo geral, os resultados obtidos para a resolução do problema de TIE usando o algoritmo de busca por cardumes foram anatomicamente consistentes e de baixo erro, apesar de serem inferiores aos do algoritmo genético. Mas a busca por cardumes de peixes pode ser uma técnica promissora para a reconstrução de imagens de TIE ao ser hibridizadas com outras técnicas de otimização.

Como trabalhos futuros, do ponto de vista do *software*, propõe-se investigar o efeito da hibridização do algoritmo de busca por cardume de peixes na reconstrução de imagens de tomografia por impedância elétrica e a sua comparação com outros algoritmos baseados em Computação Evolucionária do estado da arte, buscando-se avaliar também o efeito da adição da técnica de busca não cega. Serão investigadas também infraestruturas de *software* e linguagens de programação para migrar o código da linguagem interpretada MATLAB/Octave para um ambiente compilado ou pelo menos pré-compilado que suporte experimentação com técnicas de paralelismo e o uso de arquiteturas paralelas.

Do ponto de vista do *hardware*, serão investigadas arquiteturas paralelas, tais como GPUs e *clusters*, e técnicas de paralelismo para redução do tempo de execução dos algoritmos, tendo em vista que algoritmos evolutivos tendem a carregar em suas definições um alto grau de paralelismo, e com o algoritmo CP isso não se mostra diferente.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem às agências de fomento à pesquisa CAPES e FACEPE pelo financiamento parcial desta pesquisa.

REFERÊNCIAS

- [1] Rolnik, V. P. and Selegim Jr, P. (2006) "A specialized genetic algorithm for the electrical impedance tomography of two-phase flows," *Journal of the Brazilian Society of Mechanical Sciences and Engineering*, vol. 28, no. 4, pp. 378–389.
- [2] Rasteiro, M. G., Silva, R., Garcia, F. A. P., and Faia, P. (2011) "Electrical Tomography: a review of Configurations and Applications to Particulate Processes," *KONA Powder and Particle Journal*, no. 29, pp. 67–80.
- [3] Tehrani, J. N., Jin, C., Mcewan, A. and Schaik A. (2010) "A comparison between compressed sensing algorithms in Electrical Impedance Tomography," 32nd Annual Conference of IEEE EMBS.
- [4] Lins, A. J. C. C., Bastos-Filho, C. J. A., Nascimento, D. N. O., Oliveira Jr, M. A. C., Lima Neto and F. B. (2012) "Analysis of the Performance of the Fish School Search Algorithm Running in Graphic Processing Units," In *Theory and New Applications of Swarm Intelligence*, Dr. Rafael Parpinelli (Ed.), InTech, 2012 {ISBN: 978-953-51-0364-6}
- [5] R. Eberhart and Y. Shi, *Computational Intelligence: concepts to implementations*, Morgan Kaufmann, 2007.
- [6] Saha S, Bandyopadhyay S. Application of a New Symmetry-Based Cluster Validity Index for Satellite Image Segmentation. *IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters*. 2008; 5(2):166-170.
- [7] Adler, A. and Lionheart, W. R. B. (2006) "Uses and abuses of EIDORS: An extensible software base for EIT," *Physiological measurement*, vol. 27, no. 5, pp. S25.
- [8] M. Vauhkonen, W. R. B. Lionheart, L. M. Heikkinen, P. J. Vauhkonen and J. P. Kaipio. "A MATLAB package for the EIDORS project to reconstruct two-dimensional EIT images," *Physiological measurement*, vol. 22, no. 1, pp. 107–111, 2001.
- [9] Ribeiro, R. R., Feitosa, A. R. S., Souza, R. E. and Santos, W. P. (2014) "A modified differential evolution algorithm for the reconstruction of electrical impedance tomography images," In: *Proceedings of the 5th IEEE Biosignal and Robotics Conference*; Salvador, Brasil.
- [10] R. R. Ribeiro, A. R. S. Feitosa, R. E. Souza and W. P. Santos. "Reconstruction of electrical impedance tomography images using chaotic self-adaptive ring-topology differential evolution and genetic algorithms," In: *Proceedings of the IEEE International Conference on Systems, Man, and Cybernetics*; 2014b.
- [11] R. R. Ribeiro, A. R. S. Feitosa, R. E. Souza and W. P. Santos. "Reconstruction of Electrical Impedance Tomography images using genetic algorithms and non-blind search," In: *Proceedings of the IEEE International Symposium on Biomedical Imaging*; 2014c.
- [12] Feitosa, A.R.S.; Ribeiro, R.R.; Barbosa, V.A.F.; de Souza, R.E.; dos Santos, W.P., "Reconstruction of electrical impedance tomography images using particle swarm optimization, genetic algorithms and non-blind search," *Biosignals and Biorobotics Conference (2014): Biosignals and Robotics for Better and Safer Living (BRC)*, 5th ISSNIP-IEEE , vol., no., pp.1.6, 26-28 May 2014.
- [13] R. R. Ribeiro, A. R. S. Feitosa, R. E. Souza and W. P. Santos. "Um algoritmo de evolução diferencial modificado com busca não-cega para tomografia por impedância elétrica," In: *Proceedings of the XXIV Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica*; 2014d.

APÊNDICE B – Reconstrução de Imagens de TIE usando Simulated Annealing, Evolução Diferencial e Algoritmos Genéticos

Reconstrução de Imagens de TIE usando Simulated Annealing, Evolução Diferencial e Algoritmos Genéticos

Reiga R. Ribeiro¹, Allan R. S. Feitosa¹, Valter A. F. Barbosa¹, Victor L. B. A. da Silva², Arthur D. D. Rocha^{1,2}, Rafaela C. Freitas¹, Ricardo E. de Souza¹, Wellington P. dos Santos^{1,2}

¹Departamento de Engenharia Biomédica, Universidade Federal de Pernambuco, UFPE, Recife, Brasil

²Departamento de Engenharia da Computação, Universidade de Pernambuco, UPE, Recife, Brasil

Emails: reigaramalho@gmail.com, wellington.santos@ieee.org

Resumo — A reconstrução de imagem de Tomografia por Impedância Elétrica (TIE) consiste na resolução de um problema inverso e mal-posto governado pela Equação de Poisson, de modo que não existem soluções matemáticas únicas para sua resolução. Neste trabalho foram comparadas três técnicas de busca e otimização para a reconstrução das imagens de TIE, visando minimizar a função objetivo: *Simulated Annealing* (SA), Evolução Diferencial (ED) e Algoritmos Genéticos (AG). Os resultados de reconstrução foram gerados a partir de fantasmas numéricos e avaliados tanto de forma quantitativa quanto qualitativa, levando em conta o erro de reconstrução e o custo computacional aproximado de cada algoritmo. Do ponto de vista da análise quantitativa, a reconstrução de TIE por ED obteve maior eficiência computacional quando comparada às demais técnicas, a saber, AG e SA. Quanto à avaliação qualitativa, foi evidenciado que os resultados foram anatomicamente consistentes e conclusivos para todas as técnicas estudadas, destacando-se a ED, cuja aplicação gerou imagens consideradas consistentes de acordo com os parâmetros estabelecidos, em apenas 50 iterações.

Palavras-chave — Tomografia por impedância elétrica, reconstrução de imagem, algoritmos genéticos, evolução diferencial, *simulated annealing*.

I. INTRODUÇÃO

A Tomografia por Impedância Elétrica (TIE) é uma técnica de aquisição de imagens do interior de um corpo, sendo não-invasiva e não-destrutiva, que busca reconstruir a distribuição de condutividade ou resistividade elétrica no interior de um volume, utilizando informações de injeção e medição de correntes e voltagens em eletrodos posicionados na fronteira do volume sob estudo [1], [2], [3]. A TIE é uma técnica relativamente recente, com grande potencial para a obtenção de imagens para monitoração biomédica, principalmente por ser não invasiva e não utilizar radiação ionizante. No entanto, enfrenta grandes obstáculos no âmbito da reconstrução da imagem, de forma que fazem-se necessários mais estudos sobre esta técnica, principalmente voltados para o desenvolvimento e melhoria de algoritmos que sejam capazes de reconstruir imagens de TIE com melhor qualidade e alta velocidade de obtenção [4]. Atualmente cresce o número de

métodos bioinspirados para reconstrução de TIE, que utilizam a natureza e seus mecanismos como suporte para resolução do problema inverso. O estado da arte dessa resolução caminha em direção ao uso de técnicas baseadas na Computação Evolucionária, tais como Evolução Diferencial [5],[6],[7] e Algoritmos Genéticos [8],[9].

Neste trabalho são apresentados três métodos de reconstrução de TIE baseados em três técnicas de busca e otimização: *Simulated Annealing* (SA), Evolução Diferencial (ED) e Algoritmos Genéticos (AG). O *Simulated Annealing* é uma meta-heurística de otimização por busca local de escalada do monte, ou seja, ele pode pular mínimos locais, permitindo a exploração do espaço em direções que levam a um aumento local sobre a função objetivo [10]. A Evolução Diferencial e os Algoritmos Genéticos são algoritmos evolucionários de otimização baseados na teoria da evolução e seleção natural, possuindo os operadores básicos de cruzamento e mutação. No caso da Evolução Diferencial, a seleção natural é modelada pela substituição de agentes menos aptos por seu descendente, caso seja mais apto, enquanto que para os Algoritmos Genéticos o processo de seleção natural é não determinístico, sendo selecionados os agentes aleatoriamente, proporcionando maiores chances de reprodução aos agentes mais aptos da população [11],[12]. O uso de algoritmos evolucionários, tais como Evolução Diferencial e Algoritmos Genéticos, pode fornecer métodos iterativos de reconstrução de imagens de TIE nos quais não há necessidade de se calcular derivadas [8],[9],[11], como necessário nos métodos baseados em Gauss-Newton comumente utilizados em TIE [9],[13].

Neste trabalho foram realizadas simulações computacionais e comparações a fim de se obter a melhor técnica para reconstrução de imagens de TIE, dentre as técnicas aqui propostas: SA, ED e AG. A partir de avaliações quantitativas com relação ao custo computacional para reconstrução de TIE e qualitativas com relação à qualidade das imagens de TIE reconstruídas por cada técnica aqui estudada.

Este trabalho está organizado da seguinte forma: na seção “Materiais e Métodos” são apresentadas, brevemente, revisões bibliográficas e também a metodologia dos experimentos propostos; na seção “Resultados” são apresentados os resultados dos experimentos; na seção “Discussão” são feitos

comentários sobre os resultados; e na seção “Conclusão” é feita uma breve conclusão do trabalho.

II. MATERIAIS E MÉTODOS

A. Tomografia por Impedância Elétrica

As equações governantes de um problema de Tomografia por Impedância Elétrica (TIE) são a Equação de Poisson e as expressões seguintes [1], [8],[14]:

$$\nabla \cdot [\sigma(\vec{u})\nabla\phi(\vec{u})] = 0, \quad \forall \vec{u} \in \Omega, \quad (1)$$

$$\phi_{ext}(\vec{u}) = \phi(\vec{u}), \quad \forall \vec{u} \in \partial\Omega, \quad (2)$$

$$I(\vec{u}) = -\sigma(\vec{u})\nabla\phi(\vec{u}) \cdot \hat{n}(\vec{u}), \quad \forall \vec{u} \in \partial\Omega, \quad (3)$$

onde $\vec{u} = (x, y, z)$ é a posição do voxel, $\phi(\vec{u})$ é a distribuição de potenciais elétricos, $\phi_{ext}(\vec{u})$ é a distribuição de potenciais elétricos nos eletrodos de superfície, $I(\vec{u})$ é a corrente elétrica, periódica com frequência ω_0 para evitar efeitos elétricos de superfície, $\sigma(\vec{u})$ é a distribuição de condutividades elétricas (imagem de interesse), Ω é o volume de interesse, também conhecido como domínio, e $\partial\Omega$ é a borda do domínio (superfície). $\hat{n}(\vec{u})$ é o vetor normal de superfície na posição $\vec{u} \in \partial\Omega$.

O problema de determinação dos potenciais elétricos dos eletrodos de superfície $\phi_{ext}(\vec{u})$ quando dados: corrente $I(\vec{u})$ e distribuição de condutividade $\sigma(\vec{u})$ é chamado Problema Direto da TIE e modelado pela seguinte relação [15],[16]:

$$\phi_{ext}(\vec{v}) = f(I(\vec{v}), \sigma(\vec{u})), \quad \forall \vec{v} \in \partial\Omega \wedge \vec{u} \in \Omega \quad (4)$$

enquanto o problema de determinação da distribuição de condutividade $\sigma(\vec{u})$ dentro do domínio Ω (imagem tomográfica) dado $I(\vec{u})$ e $\phi_{ext}(\vec{u})$ é conhecido como Problema Inverso da TIE, modelado como a seguir [15],[16]:

$$\sigma(\vec{u}) = f^{-1}(I(\vec{v}), \phi_{ext}(\vec{v})), \quad \forall \vec{v} \in \partial\Omega \wedge \vec{u} \in \Omega \quad (5)$$

Neste trabalho foram utilizadas três técnicas de Otimização para resolver iterativamente o Problema Inverso da TIE, sendo tais técnicas descritas a seguir: *Simulated Annealing*, Evolução Diferencial e Algoritmos Genéticos.

B. Simulated Annealing

Simulated Annealing (SA) é uma meta-heurística de otimização por busca local de escalada do monte, ou seja, pode pular mínimos locais permitindo maior exploração do espaço de busca, sendo baseada na teoria da Termodinâmica de resfriamento de corpos [17],[18]. Ela aplica sequencialmente modificações aleatórias no ponto de avaliação da função objetivo. Se uma modificação leva um ponto de custo menor, é automaticamente mantida. Caso contrário, a modificação também pode ser mantida com uma probabilidade obtida a partir da distribuição de Boltzman

$$P(\Delta E) = e^{-\frac{\Delta E}{kT}} \quad (6)$$

onde $P(\Delta E)$ é a probabilidade do processo de otimização para manter uma modificação que produz um aumento de ΔE (análogo a um aumento de energia térmica) na função objetivo, k é um parâmetro de processo (análogo à Constante de Stefan-Boltzman) normalmente assume valor 1 e T é a "temperatura" instantânea do processo. Esta temperatura é definida por um esquema de resfriamento, que é o principal parâmetro de controle do processo. A probabilidade de um determinado estado diminuir com a sua energia, mas à medida que a temperatura sobe, esta diminuição (a inclinação da curva $P(\Delta E)$) diminui [17],[19]. Além disso, pode-se afirmar que o SA converge para o mínimo global, mas requer uma redução de temperatura muito lenta e um número de iterações muito grande [17].

O que ocorre em cada iteração do SA adaptado para reconstrução de TIE está esquematizado a seguir [17],[20]:

Algoritmo SA

procedimento SimulatedAnnealing

- 1) $S^* \leftarrow S$ // Solução inicial; $T \leftarrow T_0$ // Temperatura inicial; k // parâmetro de processo; γ // constante aleatória $\in [0,1]$; SA_{max} // número máximo de iterações antes da queda da temperatura T ; $IterT \leftarrow 0$ // Iterações da temperatura T ;
 - 2) enquanto o Critério de Parada não for satisfeito faça
 - 3) enquanto ($IterT < SA_{max}$) faça
 - 4) $IterT \leftarrow IterT + 1$;
 - 5) $S' \leftarrow GerarVizinhoQualquer(S)$;
 - 6) $\Delta E \leftarrow f(S') - f(S)$; // mudança da função objetivo f
 - 7) se ($\Delta E < 0$) então
 - 8) $S \leftarrow S'$;
 - 9) senão se ($f(S') < f(S^*)$) então
 - 10) $S^* \leftarrow S'$;
 - 11) senão tome aleatoriamente $P \in [0,1]$;
 - 12) se ($P < e^{-\frac{\Delta E}{kT}}$) então $S \leftarrow S'$;
 - 13) fim-enquanto;
 - 14) $T \leftarrow \frac{T}{1+\gamma\sqrt{T}}$; // onde γ é um número aleatório entre (0,1)
 - 15) $IterT \leftarrow 0$;
 - 16) fim-enquanto;
 - 17) $S \leftarrow S^*$;
 - 18) Retorne S^* ;
- fim SimulatedAnnealing.

É importante mencionar que, a solução inicial citada no algoritmo do SA trata-se de um vetor de distribuição de

condutividade elétrica interna ao domínio de interesse com valores aleatórios, ou seja, a solução inicial é uma imagem tomográfica do domínio com distribuição de condutividade elétrica aleatória.

A função *GerarVizinhoQualquer(S)* trata-se em obter uma solução vizinha no espaço de busca da solução corrente “S” (imagem tomográfica) através da adição de um ruído aleatório máximo de 5% sobre um elemento de condutividade interno escolhido aleatoriamente. É importante mencionar que, no momento em que a mudança de um elemento de condutividade resultar na geração de uma solução vizinha pior, isto é, $\Delta E > 0$, o algoritmo evita a modificação deste elemento durante todas as demais iterações até a convergência.

C. Evolução Diferencial

Evolução Diferencial (ED) consiste em um algoritmo evolucionário de otimização e busca, composto pelos operadores básicos de cruzamento e mutação, num processo em que a seleção natural é modelada pela substituição de agentes por seu descendente mais adaptado [1],[11]. Basicamente, um conjunto de candidatos à solução, nomeados agentes, é inicializado com posições aleatórias dentro do espaço de busca [1],[21]. Em seguida, esses agentes são mutados e, por fim, cruzados, e no caso da versão mutada e cruzada obtém uma aptidão melhor que os agentes originais, estes são substituídos pelas suas novas versões [1],[22]. Este processo encontra-se detalhado no algoritmo seguinte, concebido para a minimização de uma função objetivo $f: \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$, onde P_{CR} é a probabilidade de cruzamento [1],[11],[22]:

Algoritmo ED

- 1) Gerar a população inicial de $n = 100$ agentes (S) com dimensão d , cada um representado por um vetor $x_{ji,G}$, onde $j = 1, 2, \dots, d$, $i = 1, 2, \dots, n$ e G corresponde a geração corrente;
- 2) Repetir até que seja atingido o critério de parada:
 - a) Para $i = 1, 2, \dots, n$ faça
 - i) Gerar agente mutado $v_{ji,G+1}$;
 - ii) Gerar agente cruzado $\check{x}_{ji,G+1}$;
 - iii) Se $f(\check{x}_{ji,G+1}) < f(x_{ji,G})$ então $x_{ji,G} \leftarrow \check{x}_{ji,G+1}$ (minimização);

A versão da evolução diferencial (ED) usada neste trabalho contém, o i -ésimo agente mutado, comumente conhecido como *trial vector*, definido como se segue [11],[21]:

$$v_{ji,G+1} = x_{ji_{best},G} + \eta (x_{ji_1,G} - x_{ji_2,G}) \quad (7)$$

onde $\eta \sim U(0,2)$, $i_1 \neq i_2 \neq i$, $x_{ji_1,G}$ e $x_{ji_2,G}$ são agentes da população corrente selecionados aleatoriamente, e $x_{ji_{best},G}$ corresponde ao agente mais apto na geração corrente. Enquanto que, o i -ésimo agente cruzado, é definido como se segue [11],[21]:

$$\check{x}_{ji,G+1} = \begin{cases} v_{ji,G+1}, & \text{se } (rand_{(j)} \leq P_{CR}) \text{ ou } j = rnbr(i) \\ x_{ji,G}, & \text{se } (rand_{(j)} > P_{CR}) \text{ ou } j \neq rnbr(i) \end{cases} \quad (8)$$

onde, $rand_{(j)}$ é a j -ésima avaliação de um gerador de número aleatório uniforme com resultado $[0,1]$, $rnbr(i) \in 1, 2, \dots, d$ é um índice escolhido aleatoriamente, o que assegura que $\check{x}_{ji,G+1}$ recebe pelo menos um parâmetro de $v_{i,G+1}$.

D. Algoritmos Genéticos

São algoritmos heurísticos inspirados na Teoria da Evolução e nos princípios da Genética [8], [9], [23]. O que ocorre em cada iteração do AG típico está esquematizado a seguir [8], [9], [23]:

Algoritmo AG

- 1) Gerar a população inicial;
- 2) Repetir até que o critério de parada seja alcançado:
 - a) Avaliar a função objetivo (também conhecida como função de aptidão) para cada indivíduo;
 - b) A seleção natural: indivíduos são selecionados para a etapa de cruzamento através do Método de Roleta;
 - c) Cruzamento: Dado uma máscara definida (coordenadas de interesse em vetores), os indivíduos descendentes são gerados através da combinação de dois genes ancestrais;
 - d) Mutação: genes dos descendentes são selecionados aleatoriamente e modificados. A estratégia de seleção para uma determinada quantidade dos melhores ancestrais passar para a próxima geração sem ser submetida aos processos de cruzamento e mutação é chamada elitismo [8].

E. Função Objetivo para Reconstrução-TIE

A partir da seguinte função foi possível tratar o Problema Inverso da TIE como um problema de otimização e, desta forma, utilizar as técnicas propostas neste trabalho [23], [24],[25],[26]:

$$f(S) = \left[\frac{\sum_{i=1}^{n_p} (U_i(S) - V_i)^2}{\sum_{i=1}^{n_p} (V_i)^2} \right]^{1/2}, \quad (9)$$

$$V = (V_1, V_2, \dots, V_{n_p})^T, \\ U(S) = (U_1(S), U_2(S), \dots, U_{n_p}(S))^T,$$

onde V é a distribuição de potenciais elétricos medidos na borda, e $U(S)$ é a distribuição de potenciais elétricos calculados na borda. Sendo n_p o número de eletrodos na borda e $f(S)$ o erro médio quadrático relativo.

F. Reconstrução de Imagem usando EIDORS

EIDORS é uma ferramenta de software desenvolvida em código livre para *MATLAB/Octave* utilizada para resolver os problemas direto e inverso de Tomografia por Impedância Elétrica (TIE) e Tomografia Óptica baseada em Difusão, sendo também utilizada como uma plataforma de compartilhamento de dados e promoção da colaboração entre grupos de trabalho nestes campos [13],[27],[28]. Esta ferramenta simula uma malha de elementos finitos que representa computacionalmente uma secção transversal de um corpo bem

como sua distribuição de condutividade interna na forma de cores [13],[27],[28].

G. Métodos e Experimentos Propostos

A fim de avaliar a nossa proposta, projetamos experimentos para 16 eletrodos, 415 elementos da malha da grade circular 2D com nível de densidade 'b' e nível de refinamento '2' (parâmetros do *EIDORS*). Os problemas estudados consistem em detectar objetos irregulares isolados em três configurações: (a) no centro, (b) entre o centro e a borda e (c) perto da borda do domínio. Utilizou-se o erro relativo entre as distribuições de potenciais elétricos medidos e calculados na borda como a função objetivo para todos os métodos de otimização que usamos neste trabalho. Candidatos a solução são vetores reais usados como abstrações teóricas para distribuições de condutividade possíveis, onde cada dimensão corresponde a um determinado elemento finito da grade.

Para o método SA, utilizou-se $T_0 = 200.000$ (temperatura inicial), $k = 1$ (parâmetro de processo), $SA_{max} = 10.000$ (número máximo de iterações antes da queda da temperatura T), como solução inicial (S) um agente foi definido com distribuição de condutividade interna aleatória entre 0 e 1. Para o método ED foi utilizado $P_{CR} = 0,9$. Para o método AG, aplicou-se elitismo de 10 indivíduos e a mutação ocorreu em todos os indivíduos através da adição de um ruído aleatório máximo de 5%. Tanto para o método ED quanto para AG foi utilizado $n = 100$ (número de agentes da população), ou seja, candidatos a solução. E para todos os métodos aqui estudados fizemos experimentos para 50, 300 e 500 iterações como critério de parada.

É importante enfatizar que, todas as técnicas aqui mencionadas foram implementadas no software *MATLAB* versão R2008a. Sendo usado o software *EIDORS* versão 3.7.1 para resolução do problema direto da TIE.

Os dados qualitativos foram analisados através de quão próximas as imagens de condutividade reconstruídas (Figuras 2-4) estão das imagens ouro (Figura 1). Já os dados quantitativos correspondem a quantidade de cálculos da função objetivo, isto é, a quantidade de resolução do problema direto da TIE, sendo mencionada, neste trabalho, como custo computacional de reconstrução. É importante mencionar que, todos os resultados qualitativos e quantitativos obtidos pelas técnicas propostas foram coletados após uma única execução de cada algoritmo, consequência do alto tempo de reconstrução de imagens de TIE exigido pelas técnicas propostas neste trabalho.

III. RESULTADOS

A Figura 1 mostra as distribuições de condutividade simuladas, em três configurações, para objetos isolados eletricamente colocados no centro (a), entre centro e borda (b), e perto da borda (c) do domínio circular. As Figuras 2 a 4 mostram os resultados da reconstrução obtidos a partir das técnicas estudadas neste trabalho (SA, ED e AG, respectivamente) para objetos isolantes colocados no centro (a1, a2 e a3), entre centro e borda (b1, b2 e b3) e perto da borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500

iterações, respectivamente. As Figuras 5 a 7 apresentam o comportamento do erro quadrático relativo com o número de cálculos da função objetivo para as três configurações do domínio circular.

IV. DISCUSSÃO

Qualitativamente, o comportamento dos algoritmos de reconstrução pode ser investigado pela análise comparativa dos resultados visuais mostrados pelas imagens das Figuras 2-4 com as imagens dos domínios de estudo (ver Figura 1). Para estes experimentos, todos os algoritmos de reconstrução mostraram bom desempenho para reconstruir os domínios de estudo, em todas as configurações, obtendo imagens anatomicamente consistentes e conclusivas. Contudo, podemos observar que a técnica ED mostrou ser o melhor método para reconstrução de imagens de TIE, pois necessitou de apenas 50 iterações para obter imagens de TIE consistentes e com poucos artefatos de imagem.

A partir das Figuras 5-7, podemos realizar a avaliação quantitativa das técnicas propostas neste trabalho. É possível observar através das Figuras 5-7 que a alta diversidade da população de soluções candidatas obtida pela técnica ED gerou baixos valores do erro relativo (função objetivo) nas primeiras iterações e manteve, ao longo das iterações, seus valores sempre abaixo dos valores obtidos pelas técnicas SA e AG.

Também é possível observar através das Figuras 5-7 que a capacidade de evitar mínimos locais no espaço de busca da solução através da busca local da técnica SA gerou uma queda rápida do erro relativo. Sendo possível observar ainda, através da Figura 6, que a técnica SA foi mais eficiente que o AG para a reconstrução de imagem com isolante entre o centro e a borda do domínio circular, pois consegue obter um mesmo valor para o erro relativo com um menor número de cálculos da função objetivo.

Enfim, podemos observar a partir dos resultados quantitativos (Figuras 5-7), que a técnica ED mostrou ser o método mais eficiente para reconstrução de imagens de TIE em todas as configurações estudadas, pois além de obter baixos valores da função objetivo nas primeiras iterações conseguiu, em geral, obter valores da função objetivo menores que os valores obtidos pelas técnicas SA e AG.

V. CONCLUSÃO

Tanto a análise qualitativa quanto a quantitativa dos resultados experimentais mostraram que a abordagem de reconstrução de TIE baseada na Evolução Diferencial obteve os resultados mais adequados quando comparada com os métodos baseados no Simulated Annealing e nos Algoritmos Genéticos, como atestam as curvas de erro de reconstrução: a evolução do erro para a evolução diferencial se posiciona quase sempre abaixo dos outros dois métodos, com queda mais rápida e acentuada, evidenciando que o método baseado em Evolução Diferencial consegue erros de reconstrução menores a um custo computacional menor. Do ponto de vista qualitativo, pode-se observar também que resultados

anatomicamente consistentes foram obtidos logo nas primeiras 50 gerações.

Como trabalhos futuros, será investigado o uso de arquiteturas paralelas baseadas em GPUs (*Graphic Processing Units*) para reduzir o custo computacional da tarefa de reconstrução de TIE usando abordagens evolutivas, uma vez que algoritmos evolutivos e bioinspirados em geral são fortes candidatos à paralelização, dado o fato de usarem como base múltiplos estados simultâneos.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem às agências de fomento à pesquisa CAPES e FACEPE pelo financiamento parcial desta pesquisa.

REFERÊNCIAS

- [1] C. R. Lima, L. A. M. Mello, R. G. Lima, and E. C. N. Silva, "Electrical impedance tomography through constrained sequential linear programming: a topology optimization approach," *Measurement Science and Technology*, vol. 18, no. 9, pp. 2847, 2007.
- [2] A. Adler, T. Dai and W. R. B. Lionheart. "Temporal image reconstruction in electrical impedance tomography," *Physiological Measurement*, v. 28, n. 2007, p. S1-S11, 2007.

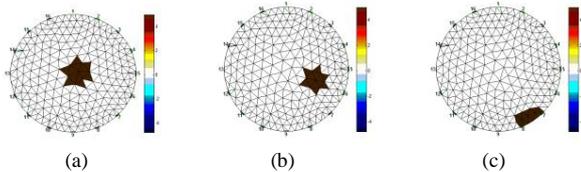


Figura 1. Objetos de estudo criados no EIDORS para isolante no centro (a), entre centro e borda (b), e perto da borda (c) com barras de cores associadas aos valores de condutividade do domínio.

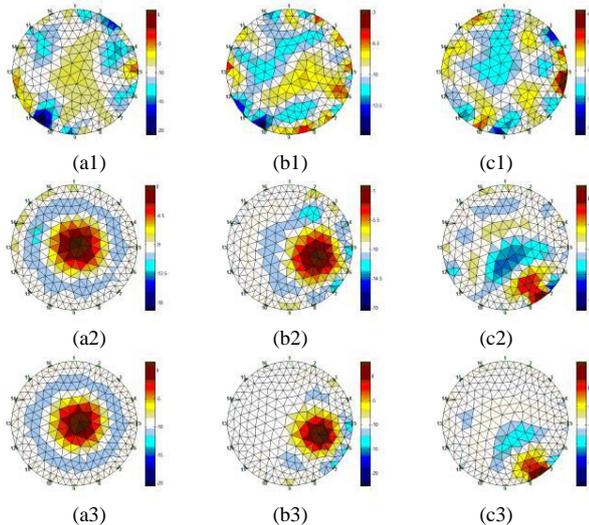


Figura 2. Resultados de reconstrução para objetos colocados no centro (a1, a2 e a3), entre centro e borda (b1, b2 e b3), e perto da borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações, respectivamente, usando SA com barras de cores associadas aos valores de condutividade do domínio.

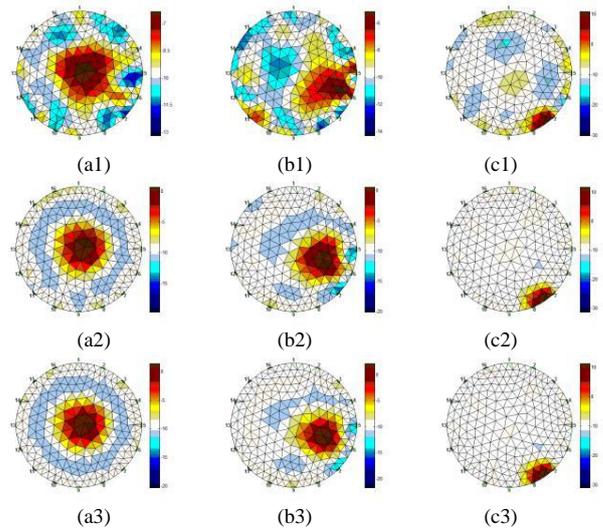


Figura 3. Resultados de reconstrução para objetos colocados no centro (a1, a2 e a3), entre centro e borda (b1, b2 e b3), e perto da borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações, respectivamente, usando ED com barras de cores associadas aos valores de condutividade do domínio.

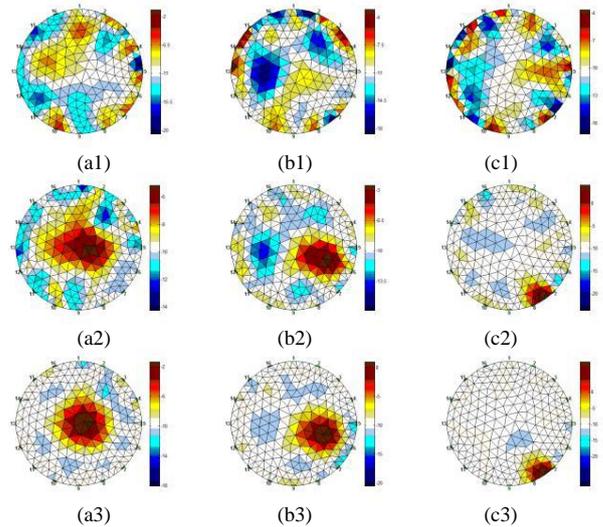


Figura 4. Resultados de reconstrução para objetos colocados no centro (a1, a2 e a3), entre centro e borda (b1, b2 e b3), e perto da borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações, respectivamente, usando AG com barras de cores associadas aos valores de condutividade do domínio.

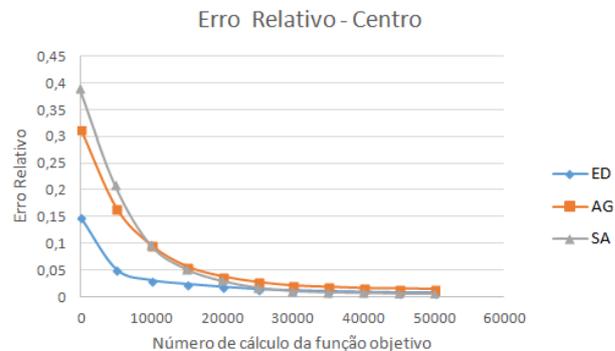


Figura 5. Erro decrescente de acordo com o número de cálculos da função objetivo para objeto isolante no centro do domínio.

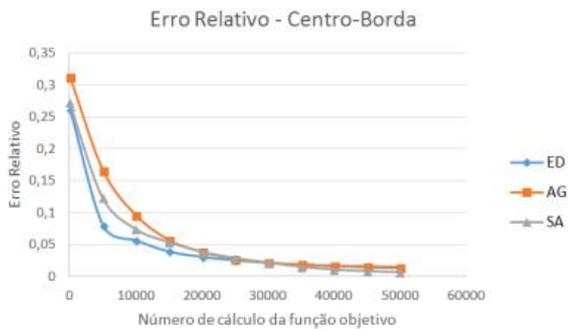


Figura 6. Erro decrescente de acordo com o número de cálculos da função objetivo para objeto isolante entre centro e borda do domínio.

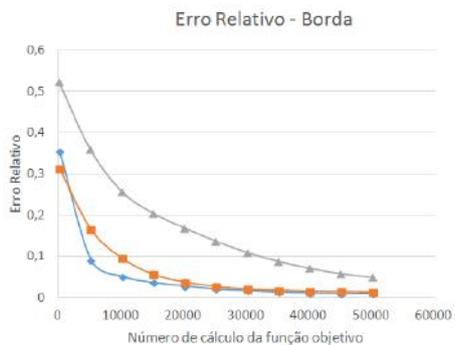


Figura 7. Erro decrescente de acordo com o número de cálculos da função objetivo para objeto isolante próximo da borda do domínio.

[3] I. A. L. Schettino, S. Gomes, M. S. Volpe, E. V. C. Leite, M. A. Beraldo, J. B. Borges, H. Tanaka, M. B. P. Amato. Prone Position Ventilation Redistribution Detected by Electrical Impedance Tomography. In: ATS - 2006 International Conference, 2006, San Diego. ATS - 2006 International Conference. San Diego, 2006.

[4] J. N. Tehrani, C. Jin, A. Mcewan and A. Schaik. "A comparison between compressed sensing algorithms in Electrical Impedance Tomography," 32nd Annual Conference of IEEE EMBS, 2010.

[5] A. Adler and W. R. B. Lionheart. "Uses and abuses of EIDORS: na extensive software base for EIT," *Physiological Measurement*, vol. 27, pp. S25-S42, 2006.

[6] Y. Liu and F. SUN. "A fast differential evolution algorithm using k-Nearest Neighbour predictor," *Expert Systems with Applications*, vol. 38, no. 4, pp. 4254-4258, 2011.

[7] K. Price, R. M. Storn, J. A. Lampinen. *Differential Evolution: a practical approach to global optimization*, New York: Springer, 2005.

[8] V. P. Rolnik and P. Selegim Jr, "A specialized genetic algorithm for the electrical impedance tomography of two-phase flows," *Journal of the Brazilian Society of Mechanical Sciences and Engineering*, vol. 28, no. 4, pp. 378-389, 2006.

[9] G. L. C. Carosio, V. Rolnik, and P. Selegim Jr. "Improving efficiency in electrical impedance tomography problem by hybrid parallel genetic algorithm and a priori information," in *Proceedings of the XXX Congresso Nacional de Matemática Aplicada e Computacional*, Brazil, 2007.

[10] S. Kirkpatrick, D. C. Gellat and M. P. Vecchi. "Optimization by Simulated Annealing," *Science*, vol. 220, no. 4598, pp. 671-680, 1983.

[11] C. J. F. T. Braak, "A Markov Chain Monte Carlo version of the genetic algorithm Differential Evolution: easy Bayesian computing for real parameter spaces," *Statistics and Computing*, vol. 16, no. 3, pp. 239-249, 2006.

[12] S. Das and A. Konar. "Automatic image pixel clustering with an improved differential evolution," *Applied Soft Computing*, v. 9, n. 1, p. 226-236, 2009.

[13] M. Vauhkonen, W. R. B. Lionheart, L. M. Heikkinen, P. J. Vauhkonen, and J. P. Kaipio, "A MATLAB package for the EIDORS project to reconstruct two-dimensional EIT images," *Physiological Measurement*, vol. 22, no. 1, pp. 107, 2001.

[14] L. E. Baker. "Principles of the Impedance Technique," *IEEE Engineering in Medicine and Biology Magazine*, 1989, p.11-15.

[15] L. Borcea. "Electrical impedance tomography," *Inverse Problems*, v.18, p.R99-R136, 2002.

[16] M. Cheney, D. Isaacson and J. C. Newell. Sun. "Electrical Impedance Tomography," *SIAM REVIEW*, v. 41, n. 1, p. 85-101, 1999.

[17] J. Olenšek, T. Tuma, J. Puhon and A. Bürmen. "A new asynchronous parallel global optimization method based on simulated annealing and differential evolution," *Appl. Soft Comput.* 11(1), 1481-1489 (2011).

[18] C. A. Silva and S. R. Souza. "Uma Aplicação da Meta-heurística Híbrida Simulated Annealing-Iterated Local Search ao Problema de Fluxo Multiproduto sob o Espaço Capacitado," *TEMA Tend. Mat. Apl. Comput.*, vol. 9, no. 1, pp. 165-174, 2008.

[19] C. N. L. Herrera, M. F. M. Vallejo, F. S. Moura, J. C. C. Aya, and R. G. Lima, "Electrical impedance tomography algorithm using simulated annealing search method," in *Proc. Int. Cong. Mech. Eng.*, 2007, pp. 7033-7036.

[20] T. C. Martins and M. S. G. Tsuzuki. "Electrical Impedance Tomography Reconstruction Through Simulated Annealing with Total Least Square Error as Objective Function," in *Proceedings of the 34th Annual International Conference of the IEEE EMBS*, 2012.

[21] T. Back, D. B. Fogel and Z. Michalewicz. editors. "Handbook of Evolutionary Computation," Chapter C2.3. Institute of Physics Publishing and Oxford University Press, 1991.

[22] S. Das and P. N. Suganthan. "Differential Evolution: A Survey of the State-of-the-Art," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, v. 15, n. 1, p. 4-31, 2011.

[23] R. R. Ribeiro, A. R. S. Feitosa, R. E. Souza and W. P. Santos. "Reconstruction of Electrical Impedance Tomography images using genetic algorithms and non-blind search," In: *Proceedings of the IEEE International Symposium on Biomedical Imaging*; 2014a.

[24] R. R. Ribeiro, A. R. S. Feitosa, R. E. Souza and W. P. Santos. "A modified differential evolution algorithm for the reconstruction of electrical impedance tomography images," In: *Proceedings of the 5th IEEE Biosignal and Robotics Conference*; 2014 May 26-28; Salvador, Brasil. 2014b.

[25] R. R. Ribeiro, A. R. S. Feitosa, R. E. Souza and W. P. Santos. "Reconstruction of electrical impedance tomography images using chaotic self-adaptive ring-topology differential evolution and genetic algorithms," In: *Proceedings of the IEEE International Conference on Systems, Man, and Cybernetics*; 2014c.

[26] R. R. Ribeiro, A. R. S. Feitosa, R. E. Souza and W. P. Santos. "Um algoritmo de evolução diferencial modificado com busca não-cega para tomografia por impedância elétrica," In: *Proceedings of the XXIV Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica*; 2014d.

[27] M. Vauhkonen, W. R. B. Lionheart, L. M. Heikkinen, P. J. Vauhkonen and J. P. Kaipio. "A MATLAB package for the EIDORS project to reconstruct two-dimensional EIT images," *Physiological measurement*, vol. 22, no. 1, pp. 107-11, 2001.

[28] A. Adler and W. R. B. Lionheart. "EIDORS: Towards a community-based extensible software base for EIT," in 6th Conference on Biomedical Applications of Electrical Impedance Tomography, London, UK, 2005, pp. 1-4.

APÊNDICE C – Reconstrução De
Imagens de TIE Usando Busca Por
Cardume de Peixes e Density Based on
Fish School Search

RECONSTRUÇÃO DE IMAGENS DE TIE USANDO BUSCA POR CARDUME DE PEIXES E *DENSITY BASED ON FISH SCHOOL SEARCH*

V. A. F. Barbosa*, R. R. Ribeiro**, A. R. S. Feitosa***, R. C. Freitas*, M.F.B. Melo*,
V.L.B.A. da Silva****, R. E. de Souza*, W. P. dos Santos*

* Departamento de Engenharia Biomédica, Universidade Federal de Pernambuco, UFPE, Recife, Brasil

** Pós-Graduação em Ciência de Materiais, Universidade Federal de Pernambuco, UFPE, Recife, Brasil

*** Centro de Informática, Universidade Federal de Pernambuco, UFPE, Recife, Brasil

**** Escola Politécnica da Universidade de Pernambuco, POLI-UPE, Recife, Brasil

e-mail: valter.augusto@ufpe.br

Resumo: Tomografia por impedância elétrica (TIE) é um método de imageamento que utiliza as propriedades elétricas do meio para a geração de imagens. Apesar de ser uma técnica promissora as imagens geradas pela TIE ainda possuem baixa resolução, portanto sendo necessário mais pesquisas nessa área. Neste artigo, é proposto um algoritmo de reconstrução de imagens de TIE usando *density based on fish school search* (dFSS). O desempenho do algoritmo é comparado com o algoritmo busca por cardume de peixe aplicado ao problema de TIE.

Palavras-chave: Tomografia por impedância elétrica, algoritmo de reconstrução de imagens, busca por cardume de peixes, *density based on fish school search*.

Abstract: *Electrical impedance tomography (EIT) is an image method that uses electrical properties of the medium to generate images. Although to be a promising technique, the images generated by EIT still have low resolution, therefore, more research is necessary in this area. In this paper, we propose an EIT images reconstruction algorithm using density based on fish school search. The algorithm performance is compared with fish school search algorithm applied to EIT problem.*

Keywords: *Electrical impedance tomography, images reconstruction algorithm, fish school search, density based on fish school search.*

Introdução

A Tomografia por impedância elétrica (TIE) é um exame de imagem não invasivo e livre de radiações ionizantes. O exame é constituído da disposição de eletrodos ao redor da região ao qual se quer imagear, onde são aplicadas correntes elétricas de baixa amplitude e altas frequências, em seguida, a leitura dos potenciais elétricos resultantes da excitação é realizada. As imagens obtidas são, portanto, a reprodução computacional do mapeamento estimado da distribuição de condutividade interna do meio [1].

Em comparação com outras técnicas de imagens como tomografia computadorizada, a TIE é uma técnica mais barata [2]. Possui também, como grande vantagem, um aparelho de dimensões reduzidas, o que possibilita o deslocamento do equipamento até onde se encontra o

paciente, sendo estes alguns dos motivos que fazem a TIE uma técnica promissora. No entanto, quando comparada com outras técnicas já bem estabelecidas, as imagens obtidas pela TIE ainda são de baixa resolução e exigem alto tempo de reconstrução, dificultando sua aplicação para o imageamento de regiões complexas e exames de imagem.

Deste modo, diversos métodos têm sido aplicados na tentativa de solucionar este problema. Dentre eles, destacam-se os algoritmos de busca e otimização (como algoritmo genético, evolução diferencial e otimização por exame de partículas) que vêm sendo implementados para a reconstrução de imagens de TIE, na tentativa de obter melhores resultados [1] [2].

Este trabalho visa apresentar um método de reconstrução por busca e otimização de imagens de TIE baseado em *density based on Fish School Search* e compará-lo com o algoritmo que o serviu de inspiração na sua criação, a busca por cardume de peixes aplicado à TIE [3].

Este artigo é dividido da seguinte forma: na seção “Materiais e métodos” apresentamos as informações necessárias para o entendimento deste trabalho; em “Resultados” apresentamos os resultados obtidos nos experimentos; e na seção “Discussão e Conclusão” é comentado os resultados seguida de uma breve conclusão.

Materiais e métodos

Tomografia por impedância elétrica – O problema de TIE é, matematicamente, descrito pela equação de Poisson (Equação 1) e pelas condições de contorno dados nas Equações 2 e 3 [2]:

$$\nabla \cdot (-\sigma \nabla \phi) = 0 \quad \text{em } \Omega \quad (1)$$

$$\phi_{ext} = \phi, \quad \text{em } \partial\Omega \quad (2)$$

$$I = -\sigma \nabla \phi \cdot \hat{n}, \quad \text{em } \partial\Omega \quad (3)$$

Onde Ω é o domínio de estudo o qual se quer obter a imagem e $\partial\Omega$ a borda desse domínio. A distribuição de condutividades elétrica e a distribuição de potenciais elétricos são dados por σ e ϕ respectivamente, ϕ_{ext} é a distribuição de potenciais elétricos nos eletrodos de superfície, I é a corrente elétrica periódica de excitação e \hat{n} é o versor na borda $\partial\Omega$.

Busca por cardume de peixes – Meta-heurística baseada no comportamento de peixes na busca por alimentos desenvolvido por Bastos Filho e Lima Neto em 2008 [4] a busca por cardume de peixe (*Fish School Search*, FSS) é indicada a problemas de busca e otimização de alta dimensão.

O processo de busca no FSS é realizado por uma população de indivíduos de memória limitada: o peixe. Cada peixe no cardume representa uma possível solução ao problema de otimização [4]. No FSS, o espaço de busca do problema é conhecido como aquário. O método possui quatro operadores que podem ser classificados em: operadores de natação e o operador de alimentação.

O operador de movimento individual, o primeiro operador de natação, é o movimento onde cada peixe é movido de forma aleatória e independentemente, contudo esse movimento é apenas realizado na direção de um gradiente positivo do problema de otimização. O movimento é executado de acordo com a Equação 4 (todas as equações do FSS estão dadas na Tabela 1). Onde $\text{rand}[-1,1]$ são valores gerados aleatoriamente dentro do intervalo $[-1,1]$ e step_{ind} um parâmetro desse operador o qual decai linearmente durante a execução do algoritmo através da Equação 5, onde $\text{step}_{\text{ind}_i}$ e $\text{step}_{\text{ind}_f}$ são os valores inicial e final de step_{ind} e iterações é o número máximo de iterações do algoritmo.

O operador de alimentação é representado pelo peso do peixe, o qual indica o sucesso do mesmo no processo de busca [4] [5]. Sendo assim, quanto mais pesado for um peixe, melhor é a solução ao qual ele representa. O peso do peixe é dado na Equação 6 onde $W_i(t)$ e $W_i(t+1)$ representam o peso do peixe i antes e depois da atualização, Δf_i é a variação de aptidão do peixe i ocorrida durante o movimento individual.

O próximo operador de natação é operador de movimento coletivo-instintivo onde os peixes se movem na direção dos peixes que foram mais bem-sucedidos em seus respectivos movimentos individual. O movimento é realizado através da Equação 7, onde $\overrightarrow{\Delta x_{\text{ind}_i}}$ é o deslocamento do peixe i no movimento individual.

Tabela 1: Equação do FSS.

Equações	nº
$\overrightarrow{x_{\text{ind}_i}}(t+1) = \overrightarrow{x_{\text{ind}_i}}(t) + \text{step}_{\text{ind}} \cdot \text{rand}[-1, 1]$	(4)
$\text{step}_{\text{ind}}(t+1) = \text{step}_{\text{ind}}(t) - \frac{(\text{step}_{\text{ind}_i} - \text{step}_{\text{ind}_f})}{\text{iterações}}$	(5)
$W_i(t+1) = W_i(t) + \frac{\Delta f_i}{\forall i, \max\{ \Delta f_i \}}$	(6)
$\overrightarrow{x}_i(t+1) = \overrightarrow{x}_i(t) + \frac{\sum_{i=1}^N \overrightarrow{\Delta x_{\text{ind}_i}} \Delta f_i}{\sum_{i=1}^N \Delta f_i}$	(7)
$\overrightarrow{\text{Bari}}(t) = \frac{\sum_{i=1}^N \overrightarrow{x}_i(t) W_i(t)}{\sum_{i=1}^N W_i(t)}$	(8)
$\overrightarrow{x}_i(t+1) = \overrightarrow{x}_i(t) - \text{step}_{\text{vol}} \cdot \text{rand}[0, 1] \cdot [\overrightarrow{x}_i(t) - \overrightarrow{\text{Bari}}(t)]$	(9)
$\overrightarrow{x}_i(t+1) = \overrightarrow{x}_i(t) + \text{step}_{\text{vol}} \cdot \text{rand}[0, 1] \cdot [\overrightarrow{x}_i(t) - \overrightarrow{\text{Bari}}(t)]$	(10)

Baseado no desempenho global do cardume, o movimento coletivo-volitivo é o operador que dá a capacidade dos peixes se locomoverem em direção ou em oposição ao centro de massa do cardume $\overrightarrow{\text{Bari}}(t)$ (dado na Equação 8). Os peixes irão se locomover em direção

ao centro de massa, de acordo a Equação 9 se o peso global dos peixes aumentou, caso contrário, os peixes irão se locomover de acordo a Equação 10, onde step_{vol} é um parâmetro de ajuste do movimento coletivo-instintivo e $\text{rand}[0, 1]$ são valores gerados aleatoriamente no intervalo $[0, 1]$.

Density based on Fish School Search (dFSS) –

Baseado no cardume de peixes, o dFSS é um algoritmo dedicado a otimização de funções multimodais [5]. Nesse algoritmo, o cardume principal é dividido em subcardumes de tamanhos diferentes, de modo que cada subcardume explore um determinado espaço do aquário. No dFSS os operadores do FSS foram modificados e foram incluídos os operadores de memória e de particionamento.

O operador de alimentação foi modificado de tal forma que o peso adquirido por um peixe seja compartilhado pelos outros. Esse compartilhamento é dado na Equação 11, onde q_{ij} é o número de peixes k que satisfazem a relação $d_{ik} < d_{ij}$, incluindo o peixe i , e $d_{Rij} = \frac{d_{ij}}{\forall k \neq i, \min(d_{ik})}$ é a distância normalizada. Ao final de cada iteração, o peso do peixe é calculado através da Equação 12 (as equações do dFSS encontram-se na Tabela 2).

O movimento individual no dFSS ocorre da mesma forma que no FSS, exceto pelo ajuste de seu parâmetro que é dado pelas Equações 13, 14, 15 e 16, onde os parâmetros do algoritmo $\text{decay}_{\text{min}}$, $\text{decay}_{\text{max}_{\text{inic}}}$, $\text{decay}_{\text{max}_{\text{final}}} \in [0,1]$ devem respeitar a seguinte condição: $\text{decay}_{\text{max}_{\text{final}}} < \text{decay}_{\text{max}_{\text{inic}}} < \text{decay}_{\text{min}}$, $\text{step}_{\text{ind}_i}(0) = \text{step}_{\text{inic}}$ e T_{max} é o número máximo de iterações. O número de peixes que foram bem-sucedidos no movimento individual é dado por Q .

Cada peixe do cardume guarda na memória quais foram os outros peixes que mais compartilharam comida com ele. Essa memória é dada pelo operador memória M_{ij} que indica a influência do peixe j sobre o peixe i , calculado através da Equação 17, onde $\rho \in [0,1]$.

O movimento coletivo-instintivo (Equação 18) é similar ao FSS, contudo cada peixe possui sua própria direção de acordo com os peixes que o mais lhe influência.

A divisão do cardume principal em vários subcardumes é feita durante a execução do operador de particionamento. A condição de pertencimento é a seguinte: um peixe i pertence ao mesmo subcardume do que um peixe j se somente se i é o peixe mais influente de j ou vice-versa. O processo começa quando um peixe i , escolhido aleatoriamente, é retirado do cardume principal para iniciar a construção de um subcardume, em seguida é procurado um outro peixe j onde i seja o mais influente para j ou vice-versa, caso exista j que satisfaça essa condição o mesmo será retirado do cardume principal e adicionado ao subcardume, em seguida esse procedimento é repetido para o peixe j , em um processo em cascata. Caso não seja mais encontrado peixes que satisfaçam a condição para esse subcardume em questão, um novo peixe será escolhido aleatoriamente para

compor um novo subcardume. Esse processo é realizado até que não haja mais peixes no cardume principal.

Por fim, para cada subcardume é calculado o seu baricentro como dado na Equação (8), para assim então, executar o movimento coletivo-volitivo para cada subcardume como dado na Equação (19).

Tabela 2: Equações do dFSS.

Equação	nº
$C(i, j) = \frac{\Delta f_i}{(d_{R_{ij}})^{q_{ij}} \sum_{k=1}^N \frac{1}{(d_{R_{ik}})^{q_{ik}}}}$	(11)
$W_i(t+1) = W_i(t) + \sum_{j=1}^Q C(j, i)$	(12)
$step_{ind_i}(t+1) = decay_i \cdot step_{ind_i}(t)$	(13)
$decay_i = decay_{min} - \left(\frac{R_i(t) - \min(R_j(t))}{\max(R_j(t)) - \min(R_j(t))} \right) (decay_{min} - decay_{max}(t))$	(14)
$decay_{max}(t) = decay_{max_{int}} \left(\frac{decay_{max_{final}}}{decay_{max_{inic}}} \right)^{t/T_{max}}$	(15)
$R_i(t) = \sum_{j=1}^Q \left(\Delta f_j / (d_{R_{ij}})^{q_{ij}} \sum_{k=1}^N \frac{1}{(d_{R_{jk}})^{q_{jk}}} \right)$	(16)
$M_{ij}(t+1) = (1 - \rho) M_{ij}(t) + C(j, i)$	(17)
$\vec{x}_i(t+1) = \vec{x}_i(t) + \frac{\sum_{j=1}^N \Delta x_j M_{ij}}{\sum_{k=1}^N M_{ik}}$	(18)
$x(t+1) = x(t) + (1 - decay_{max}(t))(B(t) - x(t))$	(19)

Função objetivo na reconstrução de imagens de TIE – A função objetivo utilizada neste trabalho foi o erro médio quadrático relativo dado na Equação 20 [3], onde n_e é o número de eletrodos, V_i é a distribuição de potencial elétrico medida nos eletrodos e U_i é a distribuição de potencial elétrico de uma imagem qualquer candidata a solução considerada no algoritmo.

$$f(x) = \sqrt{\sum_{i=1}^{n_e} (U_i(x) - V_i)^2 / \sum_{i=1}^{n_e} (V_i)^2} \quad (20)$$

EIDORS – *Electrical impedance and diffuse optical reconstruction software*, EIDORS é um *software* aberto desenvolvido para MATLAB/Octave com ferramentas para a resolução do problema direto, reconstrução e exibição das imagens reconstruídas de TIE [6].

Métodos e experimentos propostos – Os experimentos realizados tiveram o objetivo de identificar, em um meio isolante, um objeto de maior condutividade. Foram analisadas três posições para o objeto, sendo elas: no centro, entre o centro e a borda e na borda. Na Figura 1 encontram-se as imagens para essas três posições chamadas de padrão ouro. Para cada posição foram executadas 20 simulações usando os métodos discutidos neste trabalho, onde a função objetivo utilizada para os métodos foi o erro relativo entre as distribuições de potenciais elétricos medidos e calculados na borda.

Os parâmetros referentes ao EIDORS utilizados foram: 16 eletrodos, 415 elementos na malha construída a partir do código ‘b2d2c’ que resulta em uma malha bidimensional circular com nível de densidade ‘b’ e nível de refinamento ‘2’. Os parâmetros referentes ao FSS

foram: $W_0 = 100$, $step_{ind_i} = 0,01$; $step_{ind_f} = 0,0001$ e $step_{vol}(t) = 2step_{ind}(t)$. Enquanto que os parâmetros utilizados no dFSS foram: $\rho = 0,3$; $step_{inic} = 0,01$; $decay_{min} = 0,999$; $decay_{max_{inic}} = 0,99$ e $decay_{max_{final}} = 0,95$. Outros experimentos com outros valores de parâmetros foram realizados, porém os resultados obtidos foram inferiores aos resultados mostrados neste artigo. O critério de parada para os dois métodos foram o número máximo de iterações de 500. Os experimentos foram realizados utilizando um computador com o sistema operacional Windows 10 Pro, processador Intel^R CoreTM i7-3770 CPU com 3.4 GHz e memória RAM de 12 GB.

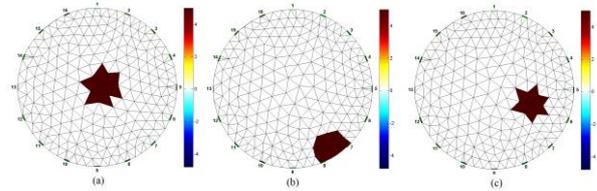


Figura 1: Padrão ouro utilizados nos experimentos para o objeto posicionado em: (a) no centro, (b) na borda e (c) entre o centro e a borda do domínio circular.

Resultados

Os resultados obtidos pelo o FSS e o dFSS são dados nas Figuras 2 e 3, respectivamente, para as três configurações discutidas na seção anterior. A organização é feita da seguinte forma: as imagens da coluna (a) são para o objeto no centro, (b) na borda e (c) entre o centro e a borda do domínio circular, enquanto que de acordo ao número de iterações as imagens (a1, b1 e c1) são imagens obtidas após 50 iterações, (a2, b2 e c2) após 300 iterações e (a3, b3 e c3) após 500 iterações, ou seja, a resposta final do método de reconstrução.

Além das imagens, também foi analisado o decaimento médio do erro quadrático relativo em função do número de cálculos da função objetivo. Na Figura 4 é mostrado (para as três configurações) os decaimentos médios das 20 simulações realizadas para o FSS (linha contínua) e dFSS (linha pontilhada) para cada imagem padrão ouro.

Discussão e Conclusão

De forma qualitativa, o desempenho dos métodos pode ser avaliado através das imagens obtidas. Ao início do processo iterativo, em 50 iterações as imagens obtidas tanto para o FSS quanto o dFSS não se aproximaram das imagens padrão ouro consideradas. Enquanto que, em 300 iterações é possível analisar que ambos os métodos foram capazes de identificar o objeto de estudo com resolução razoavelmente boa e anatomicamente consistentes, já em 500 iterações as imagens obtidas foram suaves modificações das imagens obtidas com 300 iterações. A análise quantitativa dos resultados e da convergência dos algoritmos pode ser feita através do gráfico dado na Figura 4 onde é possível observar que a

queda do erro relativo possui um comportamento similar a uma exponencial decrescente.

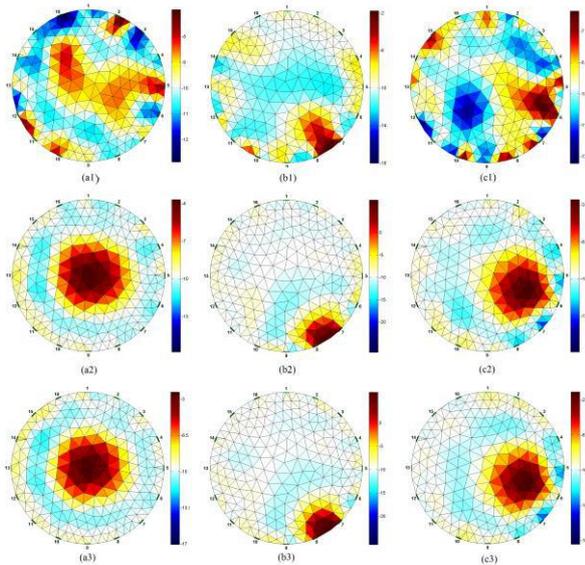


Figura 2: Resultados para o objeto no centro (a1, a2 e a3), na borda (b1, b2 e b3), entre o centro e a borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações, usando FSS.

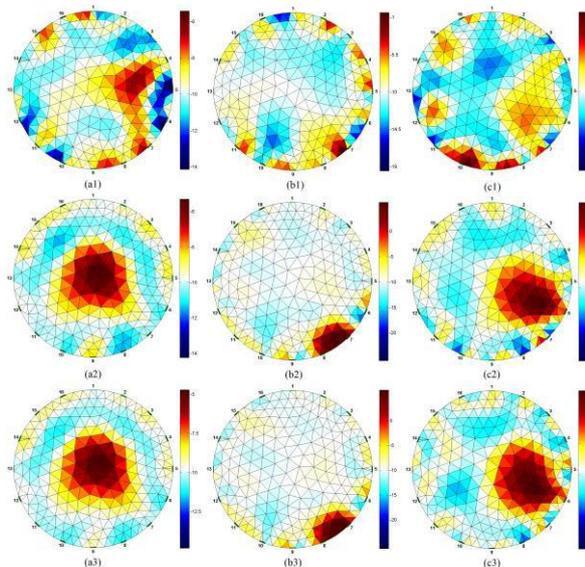


Figura 3: Resultados para o objeto no centro (a1, a2 e a3), na borda (b1, b2 e b3), entre o centro e a borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações, usando dFSS.

Os resultados obtidos nos mostram que os dois métodos conseguem imagens consistentes e de boa resolução. Os desempenhos dos dois métodos são similares, mas o FSS obteve imagens um pouco mais limpas e mais próximas dos padrões ouro do que o dFSS, o mesmo pode ser constatado no gráfico da queda do erro relativo, onde o FSS obteve os valores menores para as três configurações.

Como trabalhos futuros, propõe-se a implementação de métodos de busca local aos algoritmos aqui discutido

visando melhorar o desempenho dos algoritmos a fim de obter melhores resultados.

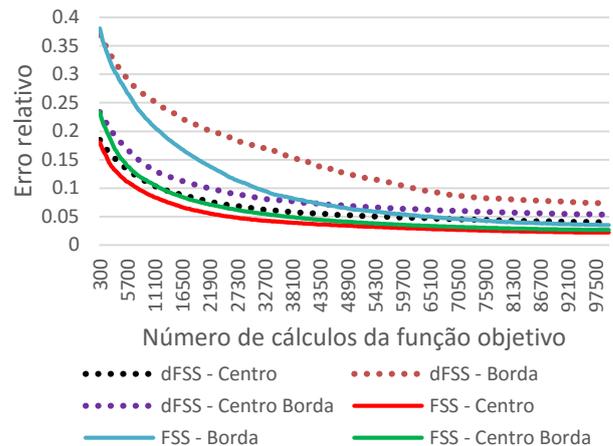


Figura 4: Gráfico da média, de 20 simulações para o objeto nas três configurações, do decaimento do erro em função do número de cálculos da função objetivo para o FSS (linha contínua) e dFSS (linha pontilhada).

Agradecimentos

Os autores agradecem às agências de fomento à pesquisa CAPES e FACEPE pelo financiamento parcial desta pesquisa.

Referências

- [1] Kumar SP; Sriraam N; Benakop PG; Jinaga BC. Reconstruction of brain electrical impedance tomography images using Particle Swarm Optimization. 5th International Conference of Industrial and Information Systems, 2010.
- [2] Menin OH. Método dos elementos de contorno para tomografia por impedância elétrica [dissertação]. Ribeirão Preto: Universidade de São Paulo, 2009.
- [3] Barbosa, VAF; Ribeiro, RR; Feitosa, ARS; Silva, VLBA; Rocha, ADD; Freitas, RC; Souza, RE; Santos, WP. Reconstrução de Imagens de Tomografia por Impedância Elétrica Usando Cardum de peixes, Busca Não-Cega e Algoritmo Genético. In: Congresso Brasileiro de Inteligência Computacional – CBIC 2015, Curitiba. Anais do CBIC 2015.
- [4] Filho CJAB, Neto FBL, Lins AJCC, Nascimento AIS, Lima MP. A novel search algorithm based on fish school behavior. Systems, Man and Cybernetics, SMC, 2008.
- [5] Madeiro SS, Neto FBL, Filho CJAB, Figueiredo EMN. Density as the segregation mechanism in fish school search for multimodal optimization problems. In Advances in Swarm Intelligence, 2011.
- [6] Vauhkonen M, Lionheart WRB, Heikkinen LM, Vauhkonen PJ, Kaipio JP. A MATLAB package for the EIDORS project to reconstruct two-dimensional EIT images. Physiological Measurement. 2001; 22(1): 107.

APÊNDICE D – Evolução Diferencial Híbrida para Reconstrução de Imagens de Tomografia por Impedância Elétrica

EVOLUÇÃO DIFERENCIAL HÍBRIDA PARA RECONSTRUÇÃO DE IMAGENS DE TOMOGRAFIA POR IMPEDÂNCIA ELÉTRICA

R. R. Ribeiro*, V. A. F. Barbosa*, P. D. Mendonça*, V. L. B. A. da Silva**, R. E. de Souza* e W. P. dos Santos*

* Departamento de Engenharia Biomédica - UFPE, Recife, Brasil

** Escola Politécnica de Pernambuco, Universidade de Pernambuco, UPE, Recife, Brasil
e-mail: reigaramalho@gmail.com

Resumo: A reconstrução de imagem de Tomografia por Impedância Elétrica (TIE) consiste na resolução de um problema inverso mal-posto governado pela equação de Poisson, isto é, não existem soluções matemáticas únicas para resolver esta equação. Neste trabalho foi proposto uma nova técnica baseada na hibridização de duas técnicas de otimização para reconstrução de imagens de TIE: *Simulated Annealing* (SA) e Evolução Diferencial (ED). Nossa abordagem, trata-se em comparar os resultados obtidos pela técnica aqui proposta e a ED, como forma de encontrar a melhor técnica para reconstrução de imagens de TIE. Os resultados foram quantitativamente avaliados, com relação ao custo computacional dos algoritmos, mostrando que a técnica híbrida proposta obteve maior eficiência computacional na reconstrução de imagens de TIE comparada à técnica ED. Quanto à avaliação qualitativa, indicou que os resultados foram anatomicamente consistentes e conclusivos para todas as técnicas estudadas.

Palavras-chave: Tomografia por impedância elétrica, reconstrução de imagem, hibridização, evolução diferencial, *simulated annealing*.

Abstract: *The image reconstruction of the Electrical Impedance Tomography (EIT) consists in the resolution of an ill-posed inverse problem ruled by the Poisson's equation, i.e. there is no unique mathematical solutions to solve this equation. In this work, it has proposed a new technique based in the hybridization of two optimization techniques apply to images reconstruction of EIT: Simulated Annealing (SA) and Differential Evolution (DE). Our approach treats in compare the results obtained by the technique here proposed and the DE, as a form of to find the best technique for image reconstruction of EIT. The results were quantitatively evaluated with respect to the computational cost of the algorithms showing that the hybrid technique proposed obtained more computational efficiency in the image reconstruction of EIT compared to the DE technique. The qualitative evaluation indicated that the results were anatomically consistent and conclusive for all techniques studied.*

Keywords: *Electrical impedance tomography, image reconstruction, hybridization, differential evolution, simulated annealing.*

Introdução

A Tomografia por Impedância Elétrica (TIE) é uma técnica de imagem não-invasiva que busca reconstruir o mapa de condutividade ou resistividade elétrica no interior de um volume, utilizando informações de injeção e medição de correntes e voltagens em eletrodos posicionados na fronteira do volume sob estudo [1], [2]. Atualmente a TIE possui aplicações em diversas áreas, podendo ser destacadas as aplicações médicas, em geofísica e na área industrial. Dentre as aplicações médicas têm-se: detecção de câncer de mama, acidente vascular cerebral e para monitorar a ventilação pulmonar imposta por ventilação mecânica [1],[2].

Como a TIE é uma técnica recente com grande potencial na obtenção de imagens para monitoramento biológico, principalmente por ser não invasiva e não utilizar de radiação ionizante, mostra-se grande necessidade de mais estudos sobre este assunto. Principalmente pesquisas voltadas para o desenvolvimento e melhoria de algoritmos que sejam capazes de reconstruir imagens de TIE com melhor qualidade e baixo tempo de processamento [1].

Neste trabalho foram apresentados dois métodos de reconstrução de TIE baseados em duas técnicas de busca e otimização: *Simulated Annealing* (SA) e Evolução Diferencial (ED). O *Simulated Annealing* é uma meta-heurística de otimização por busca local de escalada do monte, ou seja, ele pode pular mínimos locais permitindo a exploração do espaço em direções que levam a um aumento local sobre a função objetivo [3]. A Evolução Diferencial é um algoritmo evolucionário de otimização baseado na teoria da evolução e seleção natural, possuindo os operadores básicos de cruzamento e mutação, neste processo a seleção natural é modelada pela substituição de agentes menos aptos por seu descendente, caso seja mais apto [4].

Como a ED possui mais forte o caráter de busca global, isto mostra que poucas iterações são suficientes para encontrar uma solução próxima da ideal [4]. Já a técnica SA, é caracterizada por ser um algoritmo de busca local com alta velocidade de convergência e baixo custo computacional [3]. Sendo assim, esperamos que uma hibridização bem sucedida entre estas duas técnicas, consistindo numa busca global através da ED seguida por uma busca local através do SA, resultará no aumento da velocidade de convergência com redução do

custo computacional da ED. Desta forma, neste trabalho foram realizadas simulações computacionais a fim de se obter a melhor técnica para reconstrução de imagens de TIE e avaliar a eficiência computacional da nova técnica proposta para reconstrução de imagens de TIE.

Materiais e métodos

Tomografia por Impedância Elétrica – As equações governantes de um problema de Tomografia por Impedância Elétrica (TIE) são a equação de Poisson e as expressões seguintes [1], [2]:

$$\nabla \cdot [\sigma(\vec{u})\nabla\phi(\vec{u})] = 0, \quad \forall \vec{u} \in \Omega, \quad (1)$$

$$\phi_{\text{ext}}(\vec{u}) = \phi(\vec{u}), \quad \forall \vec{u} \in \partial\Omega, \quad (2)$$

$$I(\vec{u}) = -\sigma(\vec{u})\nabla\phi(\vec{u}) \cdot \hat{n}(\vec{u}), \quad \forall \vec{u} \in \partial\Omega, \quad (3)$$

onde $\vec{u} = (x, y, z)$ é a posição do voxel, $\phi(\vec{u})$ é a distribuição de potenciais elétricos, $\phi_{\text{ext}}(\vec{u})$ é a distribuição de potenciais elétricos nos eletrodos de superfície, $I(\vec{u})$ é a corrente elétrica, periódica com frequência ω_0 para evitar efeitos elétricos de superfície, $\sigma(\vec{u})$ é a distribuição de condutividades elétricas (imagem de interesse), Ω é o volume de interesse, também conhecido como domínio, e $\partial\Omega$ é a borda do domínio (superfície). $\hat{n}(\vec{u})$ é o vetor normal de superfície na posição $\vec{u} \in \partial\Omega$.

Matematicamente, o problema de TIE é não linear e mal posto [1]. Essas características fazem com que sua solução seja bastante dependente do algoritmo de reconstrução, tal solução pode ser obtida através de métodos de busca e otimização [1],[3],[5].

Evolução Diferencial – Evolução Diferencial (ED) consiste em um algoritmo evolucionário de otimização e busca, composta pelos operadores básicos de cruzamento e mutação, num processo em que a seleção natural é modelada pela substituição de agentes por seu descendente mais adaptado [2],[4]. Este processo encontra-se detalhado no algoritmo seguinte, concebida para a minimização de uma função objetivo $f: \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$, onde P_{CR} é a probabilidade de cruzamento [2],[4]:

Algoritmo ED

- 1) Gerar a população inicial de $n = 100$ agentes (S) com dimensão d , cada um representado por um vetor $x_{j,i,G}$, onde $j = 1, 2, \dots, d$, $i = 1, 2, \dots, n$ e G corresponde a geração corrente;
- 2) Repetir até que seja atingido o critério de parada:
 - a) Para $i = 1, 2, \dots, n$ faça
 - i) Gerar agente mutado $v_{j,i,G+1}$;
 - ii) Gerar agente cruzado $\tilde{x}_{j,i,G+1}$;
 - iii) Se $f(\tilde{x}_{j,i,G+1}) < f(x_{j,i,G})$ então $x_{j,i,G} \leftarrow \tilde{x}_{j,i,G+1}$ (minimização);

A versão da evolução diferencial (ED) usada neste trabalho contém, o i -ésimo agente mutado, comumente conhecido como trial vector, definido como se segue [2]: $v_{j,i,G+1} = x_{j,i,G} + \eta_i(x_{j,i_{\text{best}},G} - x_{j,i,G}) + \eta_i(x_{j,i_1,G} - x_{j,i_2,G})$ (4) onde $\eta_i \sim \text{rand}_i(0,2)$, $i_1 \neq i_2 \neq i$ e i_{best} corresponde ao agente mais apto na geração corrente. Enquanto que, o i -ésimo agente cruzado, é definido como se segue [2]:

$$\tilde{x}_{j,i,G+1} = \begin{cases} v_{j,i,G+1}, & \text{se } (\text{rand}_{(j)} \leq P_{\text{CR}}) \text{ ou } j = \text{rnbr}(i) \\ x_{j,i,G}, & \text{se } (\text{rand}_{(j)} > P_{\text{CR}}) \text{ ou } j \neq \text{rnbr}(i) \end{cases} \quad (5)$$

onde, $P_{\text{CR}} = 0,9$ é a taxa de cruzamento, $\text{rand}_{(j)}$ é o j -ésimo avaliação de um gerador de número aleatório uniforme com resultado $[0,1]$, $\text{rnbr}(i) \in 1,2, \dots, d$ é um índice escolhido aleatoriamente, o que assegura que $\tilde{x}_{j,i,G+1}$ recebe pelo menos um parâmetro de $v_{j,i,G+1}$.

Técnica Híbrida Proposta – Esta nova técnica (EDSA) proposta neste trabalho, consistiu na implementação da ED, como detalhado em “Algoritmo ED”, no entanto adicionando o Simulated Annealing dentro do operador de seleção para melhorar a capacidade de busca global da ED. Esta nova técnica encontra-se detalhada no algoritmo seguinte, concebida para a minimização da função objetivo ($f: \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$) [2],[3]:

Algoritmo EDSA

- 1) Inicialização: Gerar a população inicial de $n = 10 D$ (D é o número de dimensões) agentes aleatórios, cada um representado por um vetor $x_{j,i,G} = \text{rand}_{j,i}(0,0,2)$, onde $j = 1, 2, 3, \dots, D$; $i = 1, 2, \dots, n$; G é a geração corrente; $t_{G=0} = 200.000$ ($t_{G=0}$ é a temperatura ambiente inicializada).
- 2) A avaliação da aptidão dos agentes da população.
- 3) Mutação da População: A mutação da população é baseada na estratégia ED/rand-to-best/2/bin. Como mostrada pela Eq. (4).
- 4) Cruzamento da População: O cruzamento da população é baseada na operação de cruzamento da ED. Como mostrada pela Eq. (5).
- 5) Avaliar a aptidão: Calcular a aptidão dos agentes $\tilde{x}_{j,i,G}$ da população, de acordo com a função objetivo.
- 6) Seleção da população: A seleção da população é processada comparando o vetor alvo $x_{j,i,G}$ com o vetor de julgamento $\tilde{x}_{j,i,G}$ da população. Além disso, Simulated Annealing é adicionado dentro do operador de seleção, t_G representa temperatura ambiente da geração corrente.

$$t_{G+1} = t_G / (1 + G * \sqrt{t_G}) \quad (6)$$

$$x_{j,i,G+1} = \begin{cases} \tilde{x}_{j,i,G}, & \text{se } f(\tilde{x}_{j,i,G}) \leq f(x_{j,i,G}) \\ \tilde{x}_{j,i,G}, & \text{se } f(\tilde{x}_{j,i,G}) > f(x_{j,i,G}) \text{ e } \text{resto}(G/4) = 0 \\ & \text{e } f(\tilde{x}_{j,\text{best},G}) = f(x_{j,\text{best},G-1}) \\ & \text{e } f(\tilde{x}_{j,\text{best},G}) = f(x_{j,\text{best},G-2}) \\ e \exp\left(-\frac{(f(\tilde{x}_{j,i,G}) - f(x_{j,i,G}))}{t_G}\right) > \text{rand}(0,1) \\ x_{j,i,G}, & \text{Caso contrário} \end{cases} \quad (7)$$

onde $\tilde{x}_{j,\text{best},G}$ é o agente mais apto da geração corrente, $x_{j,\text{best},G-1}$ é o agente mais apto da geração $(G-1)$ e $x_{j,\text{best},G-2}$ é o agente mais apto da geração $(G-2)$.

- 7) Parar se o critério de parada for satisfeito; caso contrário, voltar a Etapa 3.

Função Objetivo para Reconstrução-TIE – A partir da seguinte função foi possível tratar o problema da TIE como um problema de otimização e, desta forma, utilizar uma técnica híbrida [2]:

$$f(S) = \left[\frac{\sum_{i=1}^{n_p} (U_i(S) - V_i)^2}{\sum_{i=1}^{n_p} (V_i)^2} \right]^{1/2}, \quad (8)$$

$$V = (V_1, V_2, \dots, V_{n_p})^T,$$

$$U(S) = (U_1(S), U_2(S), \dots, U_{n_p}(S))^T,$$

onde V é a distribuição de potenciais elétricos medidos na borda, e $U(S)$ é a distribuição de potenciais elétricos calculados na borda. Sendo n_p o número de eletrodos na borda e $f(S)$ o erro médio quadrático relativo.

Reconstrução de Imagem usando EIDORS – EIDORS é uma ferramenta desenvolvida em código livre para MATLAB/Octave utilizado para resolver os problemas direto e inverso de Tomografia por Impedância Elétrica (TIE), a fim de compartilhar dados e promover a colaboração entre grupos de trabalho nestes campos [2],[6]. Esta ferramenta simula uma malha de elementos finitos que representa computacionalmente uma secção transversal de um corpo bem como sua distribuição de condutividade interna na forma de cores [2],[6].

Métodos e Experimentos Propostos – A fim de avaliar a proposta, projetou-se experimentos para 16 eletrodos, 415 elementos da malha da grade circular 2D com nível de densidade 'b' e nível de refinamento '2' (parâmetros do EIDORS). Os problemas estudados consistem em detectar objetos irregulares isolados em três configurações: (a) no centro, (b) entre o centro e a borda e (c) perto da borda do domínio. Utilizou-se o erro relativo entre as distribuições de potenciais elétricos medidos e calculados na borda como a função objetivo para todos os métodos de otimização que usamos neste trabalho. Candidatos a solução são vetores reais usados como abstrações teóricas para distribuições de condutividade possíveis, onde cada dimensão corresponde a um determinado elemento finito da grade. Todos os parâmetros adotados para implementação das técnicas abordadas neste trabalho foram obtidos empiricamente, e os candidatos à solução são inicializados em posições aleatórias do espaço de busca.

Tanto para o método de Evolução Diferencial (ED) quanto para a técnica híbrida (EDSA) foi utilizado $P_{CR} = 0,9$ (probabilidade de cruzamento), trabalhou-se com $n = 100$ (número de agentes da população), ou seja, candidatos a solução, e foi feito experimentos para critério de parada como 500 iterações. É importante enfatizar que, todas as técnicas aqui mencionadas foram implementadas nos softwares MATLAB versão R2008a e EIDORS versão 3.7.1 para resolução do problema direto da TIE.

Os dados qualitativos foram analisados através de quão próximas as imagens de condutividade reconstruídas (Figuras 2 e 3) estão das imagens de condutividade dos objetos de estudo (Figura 1). Já os dados quantitativos correspondem a quantidade de cálculos da função objetivo, isto é, a quantidade de resolução do problema direto da TIE (associada ao custo computacional de reconstrução).

Resultados

A Figura 1 mostra as distribuições de condutividade simuladas, em três configurações, para objetos isolados eletricamente colocados no centro (a), entre centro e borda (b), e perto da borda (c) do domínio circular.

Figuras 2 e 3 mostram os resultados da reconstrução obtidos a partir das técnicas estudadas neste trabalho EDSA e ED, respectivamente, para objetos colocados no centro (a1, a2 e a3), entre centro e borda (b1, b2 e b3) e perto da borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações como critério de parada, respectivamente. As Figuras 4-6 apresentam o comportamento do erro quadrático relativo (ver Eq. 8) com relação ao número de cálculos da função objetivo para as três configurações do domínio circular.

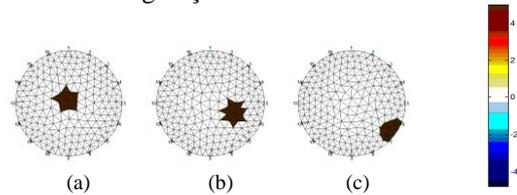


Figura 1. Objetos de estudo criados no EIDORS para isolante no centro (a), entre centro e borda (b), e perto da borda (c).

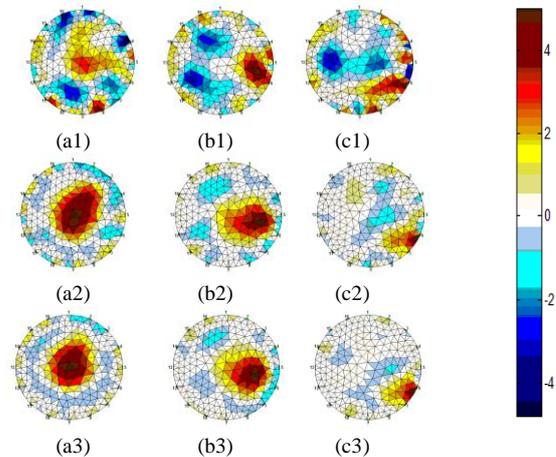


Figura 2. Resultados de reconstrução para objetos colocados no centro (a1, a2 e a3), entre centro e borda (b1, b2 e b3), e perto da borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações usando ED, respectivamente.

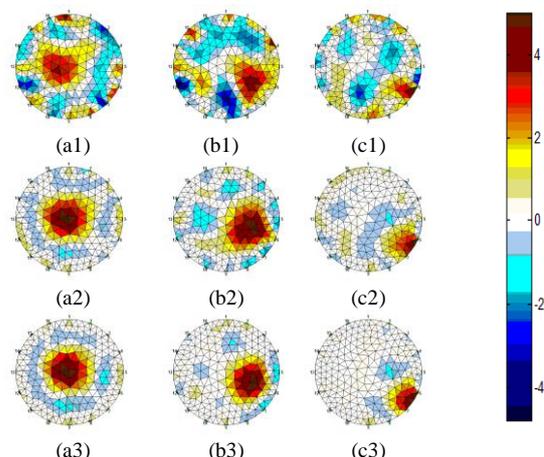


Figura 3. Resultados de reconstrução para objetos colocados no centro (a1, a2 e a3), entre centro e borda (b1, b2 e b3), e perto da borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações usando EDSA, respectivamente.

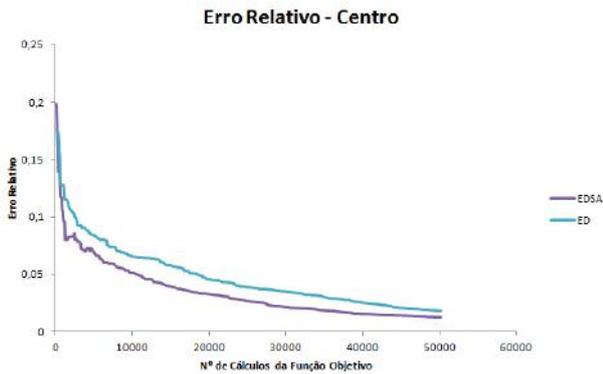


Figura 4. Erro decrescente de acordo com o número de cálculos da função objetivo para objeto isolante no centro do domínio.

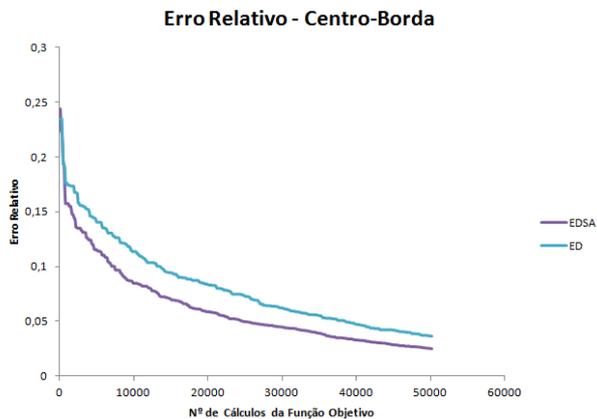


Figura 5. Erro decrescente de acordo com o número de cálculos da função objetivo para objeto isolante entre centro e borda do domínio.

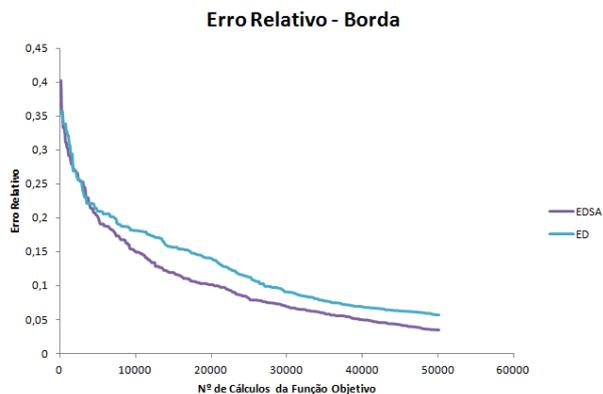


Figura 6. Erro decrescente de acordo com o número de cálculos da função objetivo para objeto isolante próximo da borda do domínio.

Discussão

Qualitativamente, o comportamento dos algoritmos de reconstrução pode ser investigado pela análise comparativa dos resultados mostrados pelas imagens das Figuras 2 e 3 com as imagens dos domínios de estudo (ver Figura 1). Para estes experimentos, todos os algoritmos de reconstrução, inclusive a técnica híbrida proposta, mostraram bom desempenho para reconstruir os objetos de estudos, em todas as configurações, obtendo imagens anatomicamente consistentes e conclusivas a partir de 300 iterações dos algoritmos. Como vimos, merece destaque a técnica híbrida EDSA por conseguir reconstruir as imagens de TIE com

melhores delimitações de borda.

A partir das Figuras 4-6, podemos ver que a técnica híbrida, como esperado, adquiriu as melhores características das técnicas de busca e otimização ED e SA, sendo elas: 1 - alta diversidade da população de soluções candidatas obtida pela técnica ED, isto consequentemente gera baixos valores do erro relativo (função objetivo) nas primeiras iterações; 2 - capacidade de evitar mínimos locais do espaço de busca da solução através da busca local da técnica SA, isto consequentemente gera uma queda rápida do erro relativo (função objetivo) ao longo do processo de convergência.

Conclusão

Enfim, estes experimentos mostraram que a técnica híbrida proposta provou ser o melhor método de Busca e Otimização para reconstrução de imagens de TIE, tanto do ponto de vista qualitativo quanto quantitativo, quando comparado com o algoritmo de Evolução Diferencial. Além disso, observa-se que a hibridização com técnica de busca local é uma ferramenta poderosa para melhorar o rendimento computacional da técnica de Evolução Diferencial.

Agradecimentos

Os autores agradecem às agências de fomento à pesquisa CAPES e FACEPE pelo financiamento parcial desta pesquisa.

Referências

- [1] Y. Li, L. Rao, R. He, G. Xu, Q. Wu, W. Yan, G. Dong and Q. Yang. "A Novel Combination Method of Electrical Impedance Tomography Inverse Problem for Brain Imaging," *IEEE Transactions on Magnetics*, vol. 41, no. 5, pp. 1848-1851, 2005.
- [2] R. R. Ribeiro, A. R. S. Feitosa, R. E. Souza and W. P. Santos. "Reconstruction of Electrical Impedance Tomography images using genetic algorithms and non-blind search," In: *Proceedings of the IEEE ISBI*; 2014.
- [3] T. C. Martins, E. D. L. B. de Camargo, R. G. Lima, M. B. P. Amato and M. S. G. Tsuzuki. "Image Reconstruction Using Interval Simulated Annealing in Electrical Impedance Tomography," *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 59, no. 7, pp. 1861-1870, 2012.
- [4] K. Price, R. M. Storn, J. A. Lampinen. "Differential Evolution: a practical approach to global optimization," New York: Springer, 2005.
- [5] R. Olmi, M. Bini and S. Priori. "A Genetic Algorithm Approach to Image Reconstruction in Electrical Impedance Tomography," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, vol. 4, no. 1, pp. 83-88, 2000
- [6] A. Adler and W. R. B. Lionheart. "Uses and abuses of EIDORS: na extensive software base for EIT," *Physiological Measurement*, vol. 27, pp. S25-S42, 2006.

APÊNDICE E – Aplicação de
Programação Evolucionária e Algoritmo
Genético para Reconstrução de Imagens
de EIT

APLICAÇÃO DE PROGRAMAÇÃO EVOLUCIONÁRIA E ALGORITMO GENÉTICO PARA RECONSTRUÇÃO DE IMAGENS DE EIT

V. L. B. A. da Silva*, V. A. F. Barbosa**, R.C.de Freitas**, R. R. Ribeiro***, M. P. M. Lima****, R. E. de Souza** e W. P. dos Santos**

* Escola Politécnica de Pernambuco, Universidade de Pernambuco, UPE, Recife, Brasil

** Departamento de Engenharia Biomédica - UFPE, Recife, Brasil

*** Departamento de Ciência de Materiais - UFPE, Recife, Brasil

**** Departamento de Engenharia Química - UFPE, Recife, Brasil

*e-mail: vlbs@ecomp.poli.br

Resumo: Nas últimas décadas, houve crescente interesse da academia e indústria no desenvolvimento e melhorias das técnicas de imagem não-invasivas e suas aplicações nas áreas médica e biológica. A Tomografia por Impedância Elétrica (EIT) é uma técnica não-invasiva de imagem que possui uma gama grande de possibilidades, por apresentar baixo custo, portabilidade e facilidade de manipulação. A reconstrução de imagem de EIT trata em resolver um problema inverso e mal-posto governado pela Equação de Poisson, ou seja, não existem soluções matemáticas únicas para resolver esta equação. Este trabalho compara técnicas para reconstrução de imagens de EIT, utilizando-se metodologias de Computação Evolucionária para minimização do erro relativo. Desta forma, foram analisados os resultados do algoritmo de Programação Evolucionária de estratégias mistas (MSEP), inspirado na Programação Evolucionária (EP), em comparação aos resultados do estado da arte: algoritmos Genéticos (GA). Visando, com esta análise comparativa dos resultados obtidos por estes métodos, encontrar o melhor método para reconstrução de imagens de EIT. Os resultados foram quantitativamente avaliados com imagens padrão ouro usando o erro quadrático médio relativo como função de aptidão, mostrando que os resultados de reconstrução, obtidos pela Programação Evolucionária alcançou uma magnitude de erro consideravelmente baixa comparado ao método dos Algoritmos Genéticos.

Palavras-chave: Tomografia por impedância elétrica, reconstrução de imagem, programação evolucionária, algoritmos genéticos.

Abstract: In the last decades, there was a crescent interest of the academy and industry in the development and improvements of non-invasive imaging techniques and its applications in the medical and biological areas. Electrical Impedance Tomography (EIT) is a non-invasive imaging technique that presents appreciable advantages, for example: low instrumentation cost, portability and easy manipulation. EIT image reconstruction is the resolution of an inverse and ill-posed problem ruled by the Poisson Equation, i.e, there are no unique mathematical solutions to solve this

equation. In this paper, we compare two EIT reconstruction methods based on Evolutionary Computation namely Genetic Algorithm (GA) and Evolutionary Programming (EP) through the Mixed Strategy Evolutionary Programming (MSEP) algorithm, in optimizing the relative reconstruction error. Our approach was compared with the obtained results for these techniques in order to find the best method for EIT image reconstruction. The results were quantitatively evaluated with ground-truth images using the mean square error as fitness function, showing that reconstruction results obtained by Evolutionary Programming reached considerably low magnitude errors when compared to Genetic Algorithms methods.

Keywords: Electrical impedance tomography, image reconstruction, evolutionary programming, genetic algorithm.

Introdução

A Tomografia por Impedância Elétrica (*Electrical Impedance Tomography* - EIT) se trata de uma técnica de imagem não-invasiva que visa reconstruir a distribuição de condutividade ou resistividade elétrica no interior de um corpo, através da injeção de correntes de alta frequência e baixa intensidade e consequente medição dos potenciais elétricos nos eletrodos da superfície do objeto de estudo. A EIT possui aplicações em diversas áreas, das quais se pode mencionar: aplicações médicas, em geofísica e na área de monitoração e automação industrial. Dentre as aplicações médicas destacam-se: a detecção de câncer de mama, a detecção de acidente vascular cerebral e a monitoração da ventilação pulmonar [1] [2].

Como é mencionada na literatura [1], a EIT é uma técnica relativamente recente, quando comparada às demais técnicas de imageamento, com enorme potencial na obtenção de imagens para monitoração biológica, principalmente por ser uma técnica não invasiva e por não utilizar radiações ionizantes. Porém, as técnicas de reconstrução de imagens de EIT ainda produzem imagens com contornos suaves, de baixa definição e com grande custo computacional, de forma que se faz necessário aprofundar os estudos sobre este assunto,

visando principalmente o desenvolvimento de técnicas que sejam capazes de reconstruir imagens de EIT com melhor qualidade e baixo custo computacional [1] [2].

Este trabalho compara duas técnicas de reconstrução de EIT baseadas nos métodos de busca e otimização: Algoritmo Genético (*Genetic Algorithm* - GA) e técnicas de Programação Evolucionária (*Evolutionary Programming* - EP) [3]. GA se trata de um algoritmo de otimização baseado nos princípios da genética de Mendel, da evolução e seleção natural de Darwin constituído de operadores básicos de cruzamento e mutação [2]. Em EP, existe apenas o operador básico de mutação, neste processo a seleção natural é modelada pela substituição de indivíduos menos aptos por seu descendente, caso seja mais apto [3]. Neste trabalho foram realizadas simulações visando se comparar os resultados obtidos da programação evolucionária e do algoritmo genético na reconstrução de imagens de EIT, e com esta análise, se concluir quais as vantagens e desvantagens de cada técnica de reconstrução de imagens de EIT.

Materiais e métodos

Tomografia por Impedância Elétrica – As equações governantes de um problema de Tomografia por Impedância Elétrica (EIT) são a Equação de Poisson e as seguintes condições de contorno abaixo [1], [2]:

$$\nabla \cdot [\sigma(\vec{u})\nabla\phi(\vec{u})] = 0, \quad \forall \vec{u} \in \Omega, \quad (1)$$

$$\phi_{\text{ext}}(\vec{u}) = \phi(\vec{u}), \quad \forall \vec{u} \in \partial\Omega, \quad (2)$$

$$I(\vec{u}) = -\sigma(\vec{u})\nabla\phi(\vec{u}) \cdot \hat{n}(\vec{u}), \quad \forall \vec{u} \in \partial\Omega, \quad (3)$$

Onde, $\vec{u} = (x, y, z)$ é a posição do voxel, $\phi(\vec{u})$ é a distribuição de potenciais elétricos, $\phi_{\text{ext}}(\vec{u})$ é a distribuição de potenciais elétricos nos eletrodos de superfície, $I(\vec{u})$ é a corrente elétrica, periódica com frequência ω_0 para evitar efeitos elétricos de superfície, $\sigma(\vec{u})$ é a distribuição de condutividades elétricas (imagem de interesse), Ω é o volume de interesse, também conhecido como domínio, e $\partial\Omega$ é a borda do domínio (superfície). $\hat{n}(\vec{u})$ é o vetor normal de superfície na posição $\vec{u} \in \partial\Omega$.

Algoritmo genético – É um algoritmo heurístico inspirado nos princípios da Evolução e nos princípios da Genética [2]. O que ocorre em cada iteração do GA típico está esquematizado a seguir [2]:

Algoritmo GA

- 1) Gerar a população inicial;
- 2) Avaliar a função objetivo para cada indivíduo;
- 3) A seleção natural: indivíduos com melhor aptidão são selecionados para a etapa de cruzamento;
- 4) Recombinação: Dado uma máscara definida (coordenadas de interesse em vetores), os indivíduos descendentes são gerados através da combinação de dois cromossomos ancestrais;
- 5) Mutação: genes dos descendentes são selecionados aleatoriamente e modificados. A estratégia de seleção para uma determinada quantidade dos melhores ancestrais passar para a próxima geração é chamada elitismo [1].

- 6) Parar se o critério de parada for satisfeito; caso contrário, voltar a Etapa 2.

Programação Evolucionária – O método de Programação Evolucionária (EP) é uma meta-heurística de busca e otimização com inspiração na evolução biológica das espécies, considerando cada indivíduo como pertencente a espécies distintas, havendo, portanto apenas a mutação como um operador para explorar o espaço de busca, não ocorrendo a recombinação entre os indivíduos. Este método foi desenvolvido para resolver problemas de otimização complexa não-linear [1]. A técnica de programação evolucionária pode ser dividida em dois passos: Cada indivíduo gera uma prole via mutação e Os melhores indivíduos da nova população (pais e prole) serão selecionados como pais para a próxima geração, de forma que a quantidade de indivíduos na população ao final de cada iteração se mantenha constante.

Programação Evolucionária de estratégias mistas – **MSEP** – Baseado na teoria evolucionária dos jogos, demonstrou ser equivalente ou melhor do que os métodos de programação evolucionários puros. As estratégias de mutação utilizadas neste método são: mutação Gaussiana, de Cauchy, de Lévy e single-point [3]. Esta técnica encontra-se detalhada no algoritmo seguinte, concebida para a minimização da função de aptidão [2]:

Algoritmo MSEP

- 1) Inicialização: Gerar a população, inicializa a estratégia mista;
- 2) Mutação da população: Cada indivíduo escolhe um operador de mutação para gerar seu descendente.
- 3) Avaliar a função objetivo para cada indivíduo;
- 4) Seleção da população: A seleção da população é processada através de torneio-q, onde para cada indivíduo da população de pais e filhos, serão escolhidos aleatoriamente q vezes outro indivíduo para que sejam comparadas suas aptidões, e desta forma, serão selecionados os com mais vitórias.
- 5) Ajuste da estratégia Mista: para cada indivíduo da população selecionada para a próxima geração:
 - a) Se o indivíduo for filho ou for um pai cujo filho está presente, logo sua estratégia deve ser valorizada.
 - b) Se o indivíduo for pai cujo filho não está presente nesta população selecionada para a próxima geração, logo a estratégia escolhida deve ser penalizada.
- 6) Parar se o critério de parada for satisfeito; caso contrário, voltar a Etapa 2.

Função de Aptidão para Reconstrução-EIT – A partir da seguinte função foi possível tratar o problema da EIT como um problema de otimização e, desta forma, utilizar uma técnica de computação evolucionária:

$$f_0(x) = \epsilon(x) = \left[\frac{\sum_{i=1}^{n_p} (U_i(x) - V_i)^2}{\sum_{i=1}^{n_p} (V_i)^2} \right]^{1/2} \quad (4)$$

Onde, V_i é a distribuição de potenciais elétricos medidos na borda, e $U_i(x)$ é a distribuição de potenciais elétricos calculados na borda. Sendo n_p o número de eletrodos na borda e $\epsilon(x)$ o erro relativo.

Reconstrução de Imagem usando EIDORS –

EIDORS é uma ferramenta desenvolvida em código livre para MATLAB/Octave utilizado para resolver os problemas direto e inverso de EIT [2], [4]. Esta ferramenta simula uma malha de elementos finitos que representa computacionalmente uma secção transversal de um corpo bem como sua distribuição de condutividade interna na forma de cores [2], [4].

Métodos e Experimentos Propostos – A fim de avaliar a proposta, projetou-se experimentos para 16 eletrodos, 3200 elementos da malha da grade circular 2D com nível de densidade 'd' e nível de refinamento '2' (parâmetros do EIDORS). São estes 3200 elementos que compõem cada um dos candidatos a solução, cada elemento possuirá valores reais que representarão a distribuição de condutividade interna do corpo. Como imagem padrão ouro utilizou-se três imagens com objetos irregulares isolados em posições diferentes, sendo elas: (a) objeto no centro, (b) entre o centro e a borda e (c) na borda do domínio (Figura 1). A função de aptidão é dada pelo erro relativo entre os potenciais de borda do agente atual e os potenciais de borda da imagem padrão ouro (criada no EIDORS) considerada durante o experimento.

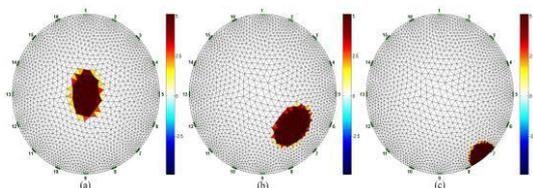


Figura 1. Objetos de estudo criados no EIDORS para isolante no centro (a), entre centro e borda (b), e perto da borda (c).

A população para cada técnica foi de 100 candidatos a solução e o critério de parada de 500 iterações.

Para algoritmo genético, aplicou-se elitismo de 10 indivíduos e a mutação ocorreu em todos os indivíduos através da adição de um ruído aleatório máximo de 5%.

Para o MSEP, aplicou-se à estratégia mista inicial, uma probabilidade de 25% para cada operador de mutação, e o parâmetro de reforço das estratégias (γ) foi definido como 1/3. O tamanho do torneio-q foi de 10 vezes por indivíduo, o desvio padrão inicial σ e o parâmetro α foram 1, e foi imposto um limite mínimo para o valor de α de 1/1000.

Os dados qualitativos foram analisados através de quão próximas as imagens de condutividade reconstruídas (Figuras 2 e 3) estão das imagens de condutividade dos objetos de estudo (Figura 1). Já os dados quantitativos correspondem a queda do erro relativo em função do número de iterações utilizadas pelos algoritmos para reconstrução das imagens de EIT.

Resultados

As figuras 2 e 3 mostram os resultados da reconstrução obtidas a partir de GA, MSEP, respectivamente. Já as figuras 4 e 5 comparam a evolução do erro relativo entre as técnicas.

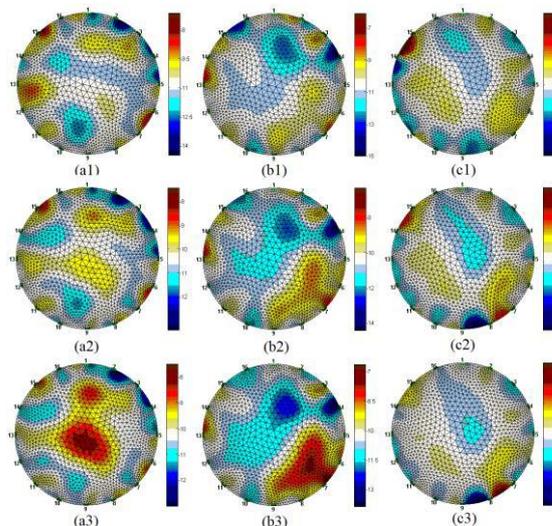


Figura 2. Resultados de reconstrução para objetos colocados no centro (a1, a2 e a3), entre centro e borda (b1, b2 e b3), e na borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações usando GA.

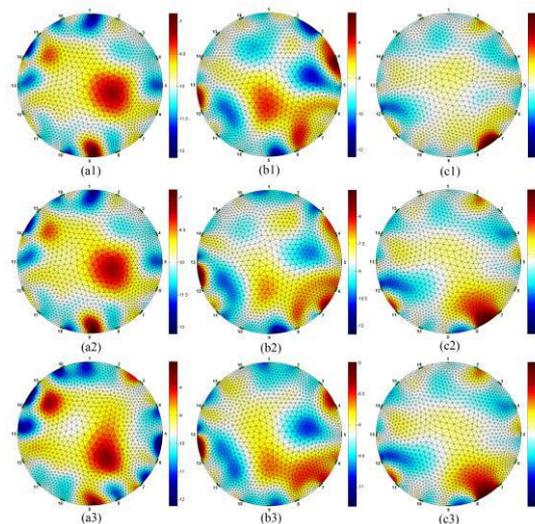


Figura 3. Resultados de reconstrução para objetos colocados no centro (a1, a2 e a3), entre centro e borda (b1, b2 e b3), e na borda (c1, c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações usando MSEP.

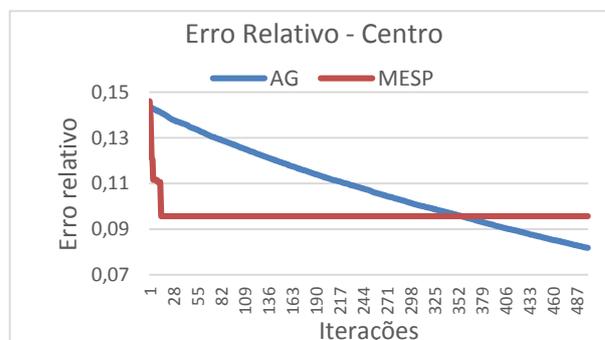


Figura 4. Erro decrescente de acordo com o número de cálculos da função objetivo para objeto isolante no centro do domínio.

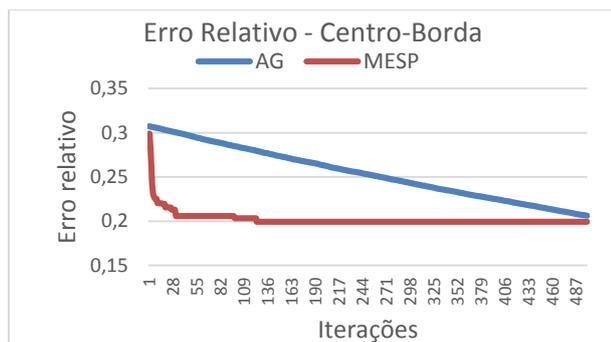


Figura 5. Erro decrescente de acordo com o número de cálculos da função objetivo para objeto isolante entre centro e borda do domínio.

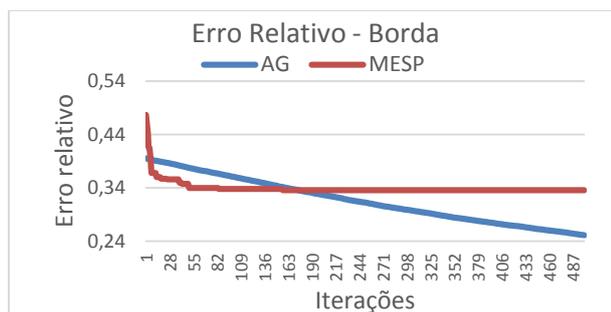


Figura 6. Erro decrescente de acordo com o número de cálculos da função objetivo para objeto isolante próximo na borda do domínio.

Discussão

Qualitativamente, o comportamento dos algoritmos de reconstrução pode ser investigado pela análise dos resultados visuais mostrados pelas imagens 2 e 3. A figura 2 representa os resultados para Algoritmos Genéticos (GA) e, a figura 3, os resultados para Programação Evolucionária de estratégias mistas (MSEP). Nesta análise, o método de MSEP demonstrou razoável convergência não sendo suficiente para tornar a imagem reconstruída anatomicamente consistentes exceto para a configuração do objeto na borda (semelhante ao objeto de comparação, Figura 1).

Para este experimento, a reconstrução baseada em MSEP demonstrou um comportamento interessante porque, quantitativamente (nas figuras 4 a 5) demonstrou uma queda mais rápida do erro em poucas iterações, conseguindo um erro menor que o GA logo nas primeiras iterações, se mantendo com o erro inferior ao longo das 500 iterações para a configuração do objeto entre o centro e a borda. As Figuras 2 e 3 também mostram que o método de MSEP, apesar da rápida convergência, obteve resultados inferiores quando comparado qualitativamente com os obtidos usando GA, pois este último já mostra imagens anatomicamente consistentes a partir de 300 iterações.

Conclusão

A complexidade matemática envolvida no problema de EIT mostraram nesse experimento que os algoritmos

baseados em Programação Evolucionária não possuem mecânicas de geração de diversidade suficiente para evitar mínimos locais e convergências prematuras. Sugere-se o método de MSEP pode se beneficiar de hibridizações com técnicas que possibilitem fugir desses ótimos locais, como por exemplo a técnica de mutação caótica. Além disso, o método de MSEP pode ser utilizado para reduzir o custo computacional e acelerar a convergência hibridizando-o as demais técnicas já utilizadas na literatura.

Neste experimento a abordagem Programação Evolucionária provou ser a melhor abordagem quantitativamente em apenas para a configuração do objeto entre o centro e a borda. Logo, pode-se inferir que para configurações diferentes do objeto de estudo, podem haver técnicas que melhor se adequem àquelas condições, e a utilização do método correto pode elevar a qualidade da imagem ao mesmo tempo que reduzir o custo computacional total. Logo, trabalhos futuros podem abordar esta etapa de triagem visando adequar a técnica a ser utilizada em diferentes configurações do objeto. E, devido ao baixo custo computacional, o MSEP pode ser utilizado para esta pré-análise.

Agradecimentos

Os autores agradecem às agências de fomento à pesquisa CAPES e FACEPE pelo financiamento parcial desta pesquisa.

Referências

- [1] L. Borcea. "Electrical impedance tomography," *Inverse Problems*, v.18, p.R99-R136, 2002.
- [2] R. R. Ribeiro, A. R. S. Feitosa, R. E. Souza and W. P. Santos. "Reconstruction of Electrical Impedance Tomography images using genetic algorithms and non-blind search," In: *Proceedings of the IEEE International Symposium on Biomedical Imaging*; 2014.
- [3] D. Hongbin, H. Jun, H. Houkuan, H. Wei. "Evolutionary programming using a mixed mutation strategy" *I Information Sciences* 177 (2007) 312-327.
- [4] A. Adler and W. R. B. Lionheart. "Uses and abuses of EIDORS: an extensive software base for EIT," *Physiological Measurement*, vol. 27, pp. S25-S42, 2006.

APÊNDICE F – Proposta de um Tomógrafo de Impedância de Baixo Custo Baseado no Paradigma Open-Hardware

4° EBIT



ENCONTRO BRASILEIRO PARA
INOVAÇÃO TERAPÊUTICA

ÁREA DE SUBMISSÃO: SISTEMA DE INOVAÇÃO EM SAÚDE

PROPOSTA DE UM TOMÓGRAFO DE IMPEDÂNCIA DE BAIXO CUSTO BASEADO NO PARADIGMA OPEN-HARDWARE

D. E. RIBEIRO¹, R. R. RIBEIRO³, V. A. F. BARBOSA¹, H. DEBUS², M.P.M LIMA², N. S. SOARES⁴,
W. P. dos SANTOS¹

¹ Universidade Federal de Pernambuco, Centro de Tecnologia e Geociências, Departamento de Engenharia Biomédica

² Universidade Federal de Pernambuco, Centro de Tecnologia e Geociências, Departamento de Engenharia Química

³ Universidade Federal de Pernambuco, Centro de Ciências Exatas e da Natureza, Pós-Graduação em Ciência de Materiais

⁴ Universidade Federal de Pernambuco, Centro de Tecnologia e Geociências, Departamento de Eletrônica e Sistemas

E-mail para contato: david.eribeiro@ufpe.br

RESUMO – A Tomografia por Impedância Elétrica (TIE) é uma tecnologia não invasiva e livre de radiações ionizantes para aquisição de imagens de uma região através de suas grandezas elétricas. O método se baseia na aplicação de um padrão de corrente elétrica alternada de baixa intensidade através de eletrodos dispostos em torno da superfície da região a qual se quer imagear, em seguida os potenciais elétricos resultantes à excitação são medidos. A proposta da pesquisa é trabalhar a melhoria dos métodos de reconstrução de imagens de TIE na tentativa de obter imagens de melhor resolução em um tempo de reconstrução menor, e também, a construção de um protótipo do sistema de aquisição de dados com o objetivo de obter um tomógrafo completo, de baixo custo e portátil.

Palavras Chave: Tomografia por impedância elétrica, reconstrução de imagens, hardware.

ABSTRACT - Electrical Impedance Tomography (EIT) is a noninvasive and an ionizing radiation free technology for images acquisition on a region through their electrical parameters. The method is based on the application of an alternating electric current pattern of low intensity through electrodes arranged around the surface region in order to obtain the image, as also to measure the excitation electrical potentials. The aim of this research is to work on the improvement of the EIT image reconstruction methods, in an attempt to acquire better resolution images in a smaller reconstruction time, furthermore the aim is also the construction of a prototype data acquisition system in order to obtain a complete and portable tomography at a low cost.

Keywords: Electrical Impedance Tomography, image reconstruction, hardware.



1. INTRODUÇÃO

A Tomografia por Impedância Elétrica (TIE) é uma tecnologia não invasiva e livre de radiações ionizantes para aquisição de imagens tomográficas. Ela se baseia na aplicação de um padrão de corrente elétrica alternada (Tehrani et al., 2010), de baixa amplitude e alta frequência, através de eletrodos dispostos em torno da superfície da seção do corpo, e na medição do potencial resultante nos eletrodos. As imagens de TIE são a reconstrução computacional do mapeamento estimado das condutividades ou permissividades elétricas do interior da seção do corpo, calculadas a partir da relação entre os dados de excitação e os dados de resposta.

A TIE destaca-se em aplicações médicas, foco principal desse projeto, e também em geofísica e na área industrial. Dentre as aplicações médicas, a TIE é aplicada principalmente na detecção de câncer de mama, acidente vascular cerebral, e para monitorar a ventilação pulmonar imposta por ventilação mecânica (Tehrani et al., 2010; Kumar et al., 2010).

Outras técnicas para imagens médicas tais como ressonância magnética, ultrassonografia e tomografia computadorizada, possuem maior velocidade de reconstrução e resolução das imagens geradas com qualidade superior. No entanto, a TIE não utiliza radiações ionizantes, sendo inofensiva ao paciente e com custo de implementação baixo associado e as pequenas dimensões do equipamento, evitando a remoção do paciente de seu leito para a realização do exame, fazendo dessa técnica bem promissora para substituir algumas tecnologias existentes.

A técnica de TIE consiste na solução dos problemas direto e inverso (Tehrani et al., 2010; Kumar et al., 2010). O problema direto consiste em se determinar os potenciais elétricos no interior da seção do corpo e os potenciais medidos em seu contorno a partir do padrão de excitação de corrente. Essa relação é dada pela Equação de Laplace. A estimativa da distribuição de condutividade e permissividade elétrica do interior da seção do corpo a partir das medições da resposta a excitação é, matematicamente, um problema inverso, não linear e mal posto (Kumar et al., 2010). Não linear visto que a função que representa o potencial obtido no contorno do corpo depende de forma não linear da corrente elétrica aplicada. Mal posto porque a solução para a distribuição de condutividades e permissividades pode não ser única e ser instável além de apresentar grande sensibilidade a erros numéricos e ruídos experimentais. Essas características fazem com que sua solução seja bastante dependente do algoritmo de reconstrução e da regularização (Tehrani et al., 2010) e pode ser obtida através de métodos não iterativos (lineares) e iterativos (não lineares) (Tehrani et al., 2010; Kumar et al., 2010). Métodos de reconstrução baseados em Inteligência Computacional também vêm sendo bastante utilizados no estado da arte da técnica (Adler & Lionheart, 2006; Liu & Sun, 2011; Price et al., 2005). A proposta é a construção de um tomógrafo de impedância elétrica de baixo custo, empregando uma estratégia de particionamento de projeto, onde será desenvolvido um sistema para aquisição e condicionamento de dados para pré-processar e transferir para um computador os potenciais elétricos da borda da área imageada, executando reconstrução da imagem com os algoritmos de reconstrução adequados.

2. MATERIAIS E MÉTODOS

A Tomografia por Impedância Elétrica (TIE) trata-se de uma técnica para mapeamento de condutividade ou permissividade elétrica de uma seção de um corpo ou objeto, buscando obter a imagem por meio da injeção de corrente elétrica alternada através de eletrodos de superfície dispostos em torno do corpo e na medição dos potenciais elétricos nestes eletrodos em resposta às excitações elétricas (Garcia et al., 2013; Tehrani et al., 2010), como esquematizado na Figura 1.

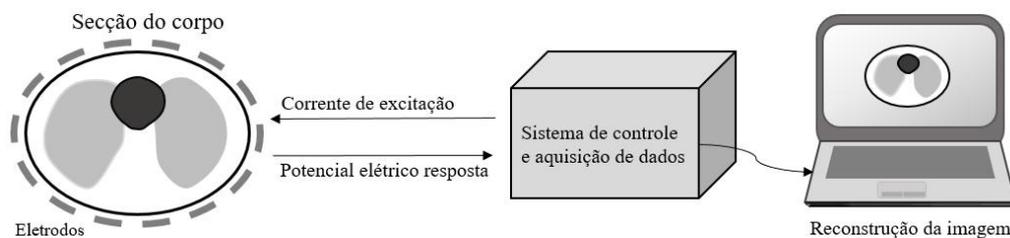


Figura 1- Esquematização da TIE.

As formas possíveis de excitação do corpo por injeção de corrente elétrica, podem ser classificadas em dois tipos: adjacente e diametral. No padrão de excitação adjacente, a corrente elétrica é injetada em um eletrodo e toma-se o eletrodo mais próximo como ponto de referência (Menin, 2009; Borcea, 2002). Com relação ao padrão diametral, a corrente elétrica é injetada em um eletrodo e toma-se o eletrodo diametralmente oposto como ponto de referência (Menin, 2009; Borcea, 2002). Por meio da alternância do par de eletrodos (injeção e referência) em torno da seção do corpo pode-se obter um conjunto de dados linearmente independentes, sendo o resultado da resolução deste conjunto de dados o mapa de condutividade ou permissividade elétrica.

A imagem de TIE é obtida através de *hardware* e *software*, sendo o *hardware* utilizado para injetar a corrente elétrica e medir as respostas a esta excitação, enquanto que o *software* pode ser utilizado para fixar o padrão de excitação e reconstruir a imagem através da obtenção direta de uma solução aproximada para o conjunto de dados mencionado anteriormente (Vallejo, 2007).

O sistema no qual os testes são feitos é composto por um fantoma, que simula um órgão biológico da imagem de TIE gerada dentro de uma cuba com uma solução salina e eletrodos. Importante ressaltar que deve-se um cuidado com a corrente alternada que será injetada nos eletrodos, pois o protótipo tem o objetivo ser um dispositivo a ser usado em humanos.

Os procedimentos da construção do protótipo do tomógrafo se dá em duas frentes: Construção do hardware de excitação e aquisição dos dados referentes ao mapeamento das impedâncias e otimização de algoritmos de reconstrução computacional, onde a solução proposta respeita o diagrama de blocos na Figura 2.

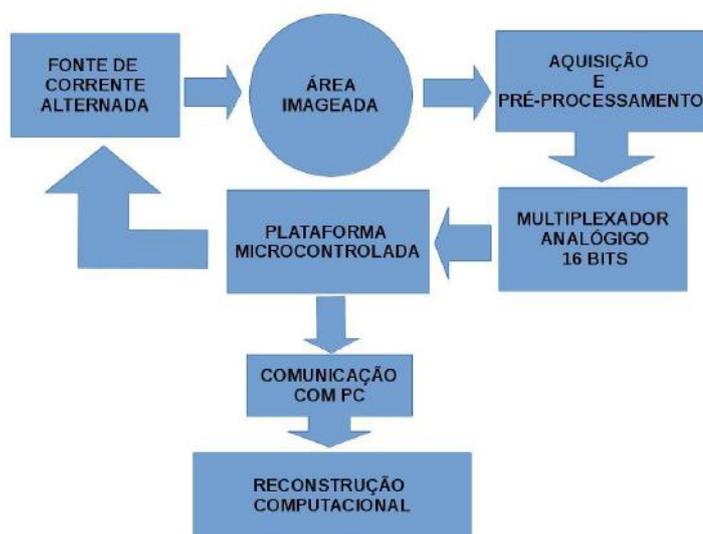


Figura 2 - Diagrama de blocos.

- **Plataforma Microcontrolada:** Baseada em *open-hardware* de baixo custo, é responsável pelo controle do módulo de excitação dos eletrodos e também a leitura das tensões oriundas dos pares a considerar, feitas através da multiplexação de entradas analógicas.
- **Fonte de Corrente Alternada:** Dimensionou-se uma fonte de corrente senoidal de 1 mA a fim de atender as necessidades de um sinal com baixa amplitude e frequências na faixa 10 KHz a 250 KHz (Gurmeet et al., 2015).
- **Aquisição e Pré-Processamento:** Os sinais que serão coletados dos eletrodos são tratados e amplificados para a leitura através dos multiplexadores.
- **Multiplexador Analógico de 16 bits:** Entrega ao microcontrolador a leitura das tensões de um par de eletrodos seguindo as técnicas vistas na introdução.
- **Comunicação com Computador:** Os dados oriundos da leitura devem ser transmitidos de forma digital, a fim de serem processados pelo software de reconstrução.
- **Reconstrução computacional:** Em um computador, os dados do mapeamento das impedâncias são processados por um algoritmo que reconstrói a imagem.

Uma das formas de obter o mapa de condutividade ou permissividade elétrica na seção do corpo está ilustrada no esquema a seguir, sendo esta uma forma de resolução indireta do problema de TIE através de algoritmos de otimização, tais como: Evolução Diferencial (Ribeiro et al., 2014a), Algoritmo Genético (Ribeiro et al., 2014b), Simulated Annealing (Ribeiro et al., 2015), Otimização por Enxame de Partículas (Feitosa et al., 2014), Busca por Cardume de Peixes (Barbosa et al., 2016), Programação Evolucionária (Silva et al., 2016), entre outros.

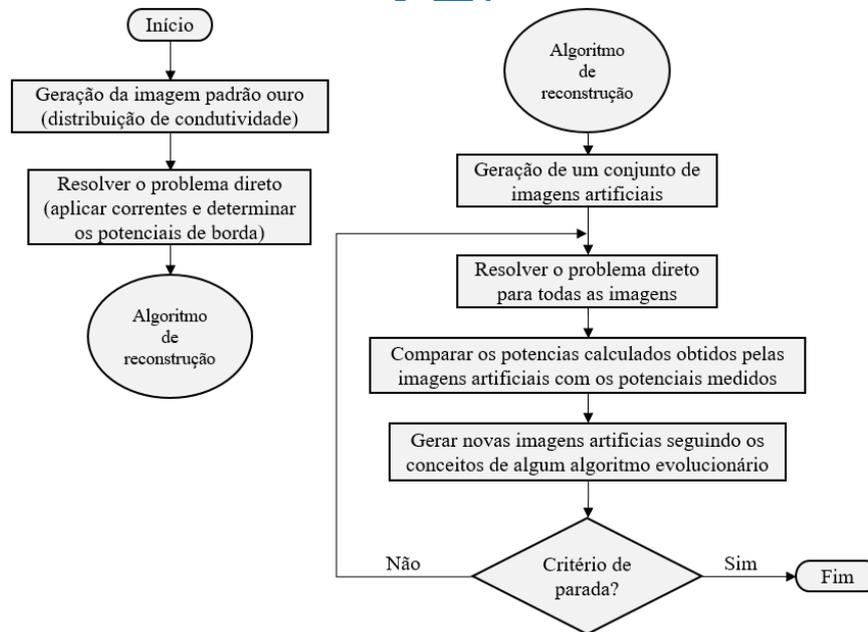


Figura 3 - Fluxograma da reconstrução de imagens de TIE como um problema de otimização.

Na Figura 3 é dado o fluxograma da simulação da reconstrução de imagens de tomografia por impedância elétrica como um problema de otimização. O primeiro passo do método é a elaboração de uma imagem de prova ao qual por simulação iremos tentar reconstruí-la usando os conceitos de TIE e algum algoritmo de otimização. Essa imagem é chamada de imagem padrão ouro a qual é dividida pelas formas geométricas consideradas pelo Método que a define. A distribuição de condutividade é o conjunto formado pelos valores de condutividade de todos os elementos que compõem a imagem. Em seguida, por meios computacionais, correntes elétricas são aplicadas à imagem padrão ouro e a resposta a esta excitação (i.e. os potenciais elétricos na borda da imagem) é medida. Os dados de corrente de excitação e potenciais de borda medidos são então consideradas no algoritmo de reconstrução. Os métodos de reconstrução utilizados neste trabalho foram algoritmos iterativos baseado em populações, dessa forma, a reconstrução começa a partir da geração de um conjunto de imagens artificiais e para cada imagem é resolvido o problema direto obtendo seus potenciais de borda. Esses potenciais são comparados com os potenciais de borda da imagem padrão ouro através do Erro Médio Quadrático. Usando os conceitos de algum algoritmo evolucionário, novas imagens são geradas a cada iteração com o objetivo de obter um erro cada vez menor. O processo de geração de novas imagens será repetido até que algum critério de parada do algoritmo evolucionário seja satisfeito: a imagem obtida com o menor erro médio quadrático será considerada como reconstruída. É importante observar que as duas primeiras etapas do fluxograma são necessárias por estarmos tratando a simulação da reconstrução por impedância elétrica, no caso da realização da tomografia real, onde se é aplicado de fato correntes elétricas e medidos os potenciais de borda de um objeto ou corpo, estes itens não são necessários.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dentro das estratégias de reconstrução da imagem da TIE, a aplicação de algoritmos inteligentes têm tido progresso significativo e direcionado novos métodos. A Figura 4 contém três imagens padrão ouro geradas em um ambiente de simulação computacional : Centralizada, entre o centro e borda e na borda.

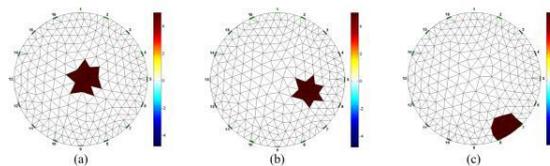


Figura 4 - Imagens geradas pelo EIDORS

Como o hardware do tomógrafo ainda está em processo de desenvolvimento, gera-se imagens para aferir a qualidade das imagens reconstruídas pelas técnicas propostas. Pode-se destacar os resultados de dois trabalhos desenvolvidos por pesquisadores do grupo de Tomografia por Impedância Elétrica do programa de Pós-Graduação em Engenharia Biomédica da Universidade Federal de Pernambuco: Um utilizando Algoritmos genéticos (AG) (Ribeiro et al., 2014b) e outro a Evolução Diferencial (ED) (Ribeiro et al, 2015) como demonstrado nas Figuras 5 e 6.

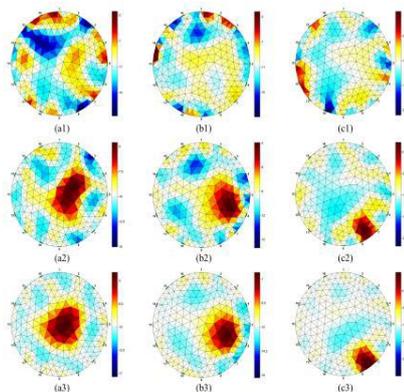


Figura 5 - Algoritmos Genéticos.

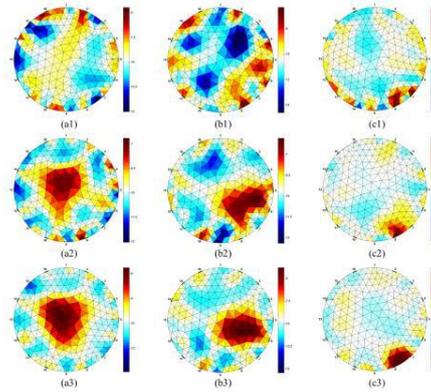


Figura 6 - Evolução diferencial.

Cada figura representa os resultados de reconstrução para objetos colocados no centro (a1, a2 e a3), entre centro e borda (b1, b2 e b3), e perto da borda (c1,c2 e c3) do domínio circular para 50, 300 e 500 iterações usando AG e ED, respectivamente. O aumento de iterações faz com que os algoritmos converjam para resultados com menor erro e conseqüente melhor qualidade das reconstruções. Apesar do resultado ser satisfatório, pesquisas em andamento buscam novos algoritmos ou técnicas híbridas para uma melhor resolução das imagens em menos tempo de processamento.



4. CONCLUSÃO

A Tomografia por Impedância Elétrica se mostra uma técnica promissora que poderá vir a ocupar mais espaços no apoio ao diagnóstico, sendo importante ferramenta a ser considerada em aplicações médicas. Espera-se que ao término do protótipo de baixo custo, a pesquisa comece a gerar as próprias imagens a serem reconstruídas e comparadas com outras ferramentas para fins de consolidação.

Implementar um dispositivo baseado em (Open-Hardware) com um bom tratamento dos sinais provenientes da leitura dos eletrodos e um aprimoramento de técnicas baseadas em algoritmos inteligentes poderá deixar o protótipo encaminhado a um dispositivo comercial e completamente integrado à realidade da tomografia.

5. REFERÊNCIAS

ADLER, A.; LIONHEART, W.R.B. Uses and abuses of EIDORS: an extensive software base for EIT. *Physiol. Meas.* 27, S25-S42. 2006

BARBOSA, V. A. F.; RIBEIRO, R. R.; FEITOSA, A. R. S.; FREITAS, R. C.; NELO, M. F. B.; SILVA, V. L. B. A.; SOUZA, R. E.; SANTOS, W. P. Reconstrução de imagens de TIE usando busca por cardume de peixes e density based on fish school search. In: XXV Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica, 2016, Foz do Iguaçu, Paraná, Brasil.

BORCEA, L. Electrical impedance tomography. *Inverse Problems*, v. 18, p. R99-R136, 2002.

FEITOSA, A. R. S.; RIBEIRO, R. R.; BARBOSA, V. A. F.; SOUZA, R. E.; SANTOS, W. P. Reconstruction of electrical impedance tomography images using particle swarm optimization, genetic algorithms and non-blind search. In: 5th IEEE Biosignals and Biorobotics Conference, 2014, Salvador. ISSNIP- BIOSIGNALS AND ROBOTICS FOR BETTER AND SAFER LIVING, 2014.

GARCIA, F.D.; SOUZA, M.N.; PINO, A.V. Algoritmo de reconstrução de imagens para um sistema de Tomografia por Impedância Elétrica (TIE) baseado em configuração multiterminais. *Revista Brasileira de Engenharia Biomédica*, v. 29, n. 2, p. 133-143. 2013.

GURMEET, S.; ANAND, B. L.; SRIVASTAVA, A. and SING, V. "Development of a microcontroller based electrical impedance tomography system," Systems, Applications and Technology Conference (LISAT), 2015 IEEE Long Island, Farmingdale, NY, p. 1-4, 2015.

LIU, Y; SUN, F. A fast differential evolution algorithm using k-Nearest Neighbour predictor. *Expert Systems with Applications*, v. 38, n. 4, p. 4254-4258, 2011.



MENIN, O. H. Método dos Elementos de Contorno para Tomografia por Impedância Elétrica. Tese (Mestrado), Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto da Universidade de São Paulo, 2009.

PRICE, K.; STORN, R.M.; J.A. LAMPINEM. Differential Evolution: a practical approach to global optimization. New York: Springer, 2005.

RIBEIRO, R. R.; FEITOSA, A. R. S.; SOUZA, R. E.; SANTOS, W. P. A modified differential evolution algorithm for the reconstruction of electrical impedance tomography images. In: 5th IEEE Biosignals and Birobotics Conference, 2014, Salvador. ISSNIP- BIOSIGNALS AND ROBOTICS FOR BETTER AND SAFER LIVING, 2014a.

RIBEIRO, R. R.; FEITOSA, A. R. S.; SOUZA, R. E.; SANTOS, W. P. Reconstruction of electrical impedance tomography images using genetic algorithms and non-blind search. In: IEEE International Symposium on Biomedical Imaging, 2014, Beijing. In: IEEE International Symposium on Biomedical Imaging, 2014b.

RIBEIRO, R. R.; FEITOSA, A. R. S.; BARBOSA, V. A. F.; SILVA, V. L. B. A.; ROCHA, A. D. D.; FREITAS, R. C.; SOUZA, R. E.; SANTOS, W. P. Reconstrução de Imagens de TIE usando Simulated Annealing, Evolução Diferencial e Algoritmos Genéticos. In: XII Congresso Brasileiro de Inteligência Computacional, 2015, Curitiba. XII Congresso Brasileiro de Inteligência Computacional, 2015.

SILVA, V. L. B. A.; BARBOSA, V. A. F.; FREITAS, R. C.; RIBEIRO, R. R.; LIMA, M. P. M.; SOUZA, R. E.; SANTOS, W. P. Aplicação de programação evolucionária e algoritmo genético para reconstrução de imagens e EIT. In: XXV Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica, 2016, Foz do Iguaçu, Paraná, Brasil. XXV Congresso Brasileiro de Engenharia Biomédica, 2016.

TEHRANI, J. N.; JIN, C.; MCEWAN, A.; SCHAİK, A. A comparison between compressed sensing algorithms in Electrical Impedance Tomography. *32nd Annual Conference of IEEE EMBS*, 2010.

VALLEJO, M. F. M. Algoritmo de Tomografia por Impedância Elétrica utilizando Programação Linear como Método de Busca da Imagem. Tese (Mestrado), Escola Politécnica da Universidade de São Paulo, 2007.

6. AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem às agências de fomento à pesquisa CAPES e FACEPE pelo financiamento parcial desta pesquisa.