

## ALGORITMO GENÉTICO-FUZZY APLICADO À DETERMINAÇÃO DO CONFINAMENTO DO CÂNCER DE PRÓSTATA

Andre Brito Fonseca (PIBIC/CNPq-UNICENTRO), Angelita Maria de Ré (Orientador), e-mail: [amdre65@yahoo.com.br](mailto:amdre65@yahoo.com.br).

Universidade Estadual do Centro-Oeste / Setor de Ciências Exatas e Tecnologia

**Palavras-chave:** Algoritmos Genéticos, Sistemas *Fuzzy*, câncer de próstata.

### Resumo:

O grau de confinamento do câncer de próstata é um fator de extrema importância para a decisão de se realizar o procedimento invasivo (cirurgia) para a remoção do tumor. Caso o tumor tenha extensão extra-prostática existem terapias não invasivas que podem ser aplicadas com maiores chances de sucesso. Diferentes técnicas de Inteligência Computacional (IC) vem sendo utilizadas em aplicações médicas. Dentre estas, é necessário ressaltar Redes Neurais, Algoritmos Genéticos e Sistemas *Fuzzy*, muitas vezes combinando duas ou mais técnicas diferentes em um mesmo sistema. No presente trabalho é apresentado um Algoritmo Genético-*Fuzzy* com a abordagem *Pittsburgh* para determinar o confinamento do câncer de próstata.

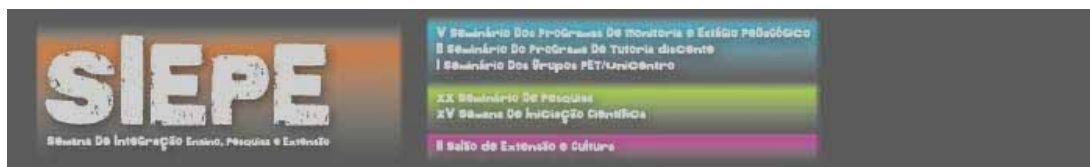
### Introdução

Segundo Ellsworth *et al* [2002], um homem tem 50% de chance de desenvolver algum tipo de câncer. Existem diversos tipos de câncer e, dentre estes, o de próstata atinge cerca de metade da população masculina acima de 50 anos.

Normalmente, uma célula funciona um determinado período de tempo e depois morre, dando lugar a novas células, que são repostas de maneira organizada (Ellsworth *et al* 2002). No entanto, pode ocorrer uma reposição descontrolada das células, dando origem ao tumor. Este pode ser de dois tipos: benigno ou maligno. O tumor maligno é o câncer, que é ocasionado devido ao crescimento anormal das células e pode se espalhar por outros tecidos, colocando em risco a vida do paciente.

Existem dois estágios do câncer de próstata: confinado e não-confinado. Se está confinado, há grande chance de cura com a cirurgia. No entanto, se o estágio é não-confinado, isto é, o tumor já atingiu estruturas adjacentes à próstata, outras terapias são indicadas.

Para tomar a decisão do procedimento invasivo, os especialistas se baseiam em diversos tipos de exame. Os parâmetros mais utilizados para prognosticar o câncer são o PSA (*Prostate-Specific Antigen*), o escore de



Gleason e o Toque retal [Castanho *et al* 2005]. Por isso, os exames citados foram utilizados no presente trabalho.

A combinação de diferentes técnicas de IC vem obtendo resultados significativos em diversas áreas (Castanho *et al* 2008). Assim, integrar Algoritmos Genéticos (Goldberg 1989) e Lógica *Fuzzy* (Dubois e Prade 1980) visa melhorar o desempenho dos mecanismos envolvidos.

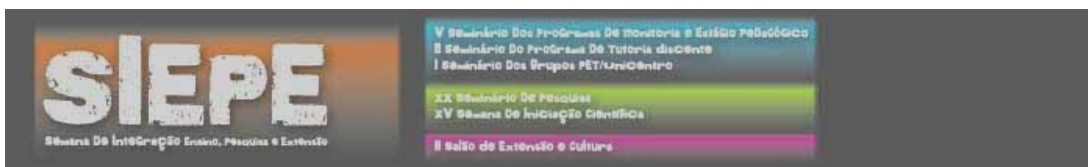
## **Materiais e Métodos**

No algoritmo Genético-*Fuzzy* implementado existem três componentes: a realização das buscas em um espaço de soluções (Algoritmo Genético), a representação da relação e graus de influência dos fatores envolvidos (Sistema *Fuzzy*) e a base de casos proveniente de um especialista. Sendo assim, o principal objetivo do Algoritmo Genético é otimizar a configuração (funções de pertinência e regras) do Sistema *Fuzzy*. Este último, a partir da base de casos, obtém uma análise computacional sobre o confinamento do câncer de acordo com os casos clínicos. Após essa análise, um componente denominado Avaliador utiliza os valores retornados pelo Sistema *Fuzzy* para calcular a frequência de acertos de uma determinada solução sobre a base de casos, determinando sua eficácia.

Um indivíduo representa uma solução do Algoritmo Genético. Sendo assim, utilizando a abordagem *Pittsburgh* [Smith 1980], um indivíduo possui um conjunto de funções de pertinência (que podem ser trapezoidais ou triangulares) e um conjunto de regras. As variáveis, ou seja, cada conjunto de funções de pertinência, mapeiam um determinado exame (PSA, Gleason e Toque). Além disso, são geradas a quantidade total de regras possíveis. Por exemplo, se existirem 4 funções de pertinência para PSA, 3 para Gleason e 3 para Toque, serão geradas 36 regras, com o resultado aleatório (sendo 1 ou 2, para não-confinado e confinado, respectivamente).

O *fitness* (ou aptidão) de um indivíduo é calculado a partir da especificidade e sensibilidade (Castanho *et al* 2004). Essas medidas fornecem a probabilidade de que o câncer de um paciente esteja confinado ou não-confinado. A sensibilidade é a razão entre os Verdadeiros Positivos (VP – pacientes que possuem câncer não-confinado e o sistema classifica estes corretamente) e a soma entre VP e pacientes classificados como falsos negativos (FN – pacientes que possuem câncer não-confinado e o sistema classifica estes com câncer confinado). A especificidade é a razão entre os casos Verdadeiros Negativos (VN – pacientes com câncer confinado e o sistema classifica estes com câncer confinado) e a soma de VN com pacientes classificados como falsos positivos (FP – pacientes que possuem câncer não-confinado, mas o sistema os classifica como pacientes com câncer confinado).

Para a variação populacional foram testados diversos tipos de operadores de mutação e cruzamento.



Na mutação, é gerado um número aleatório para decidir se as funções de pertinência ou as regras devem ser modificadas. Para modificar as funções, gera-se outro número aleatório para decidir qual característica (exame) deve ser modificada. Após isso, um novo número é gerado aleatoriamente com limites nas faixas de valores das características e os pontos das funções são movimentados. Caso a regra seja selecionada para modificações, um número é gerado aleatoriamente, decidindo a quantidade de regras que terá o seu valor alterado, ou seja, confinado é modificado para não-confinado, e vice-versa.

No cruzamento, caso as funções sejam escolhidas, estas são trocadas entre dois indivíduos selecionados aleatoriamente. Se as regras forem escolhidas para serem cruzadas, uma quantidade destas é trocada entre dois indivíduos. Vale ressaltar que, independente do que será cruzado (regras ou funções de pertinência), serão gerados dois filhos. Estes são mantidos e a seleção é a etapa responsável por ajustar o tamanho da população, sendo que indivíduos com maior *fitness* tem maiores chances de sobreviver. Dessa forma, o tamanho da população com o passar das gerações não sofre alteração.

O método de seleção atual é o torneio (Goldberg 1989). Neste método,  $n$  indivíduos competem entre si e o pior é excluído da população. O valor de  $n$  escolhido é 10. Sendo assim, se a quantidade inicial de indivíduos é  $x$  e o tamanho da população aumentou devido aos operadores, o torneio é aplicado até que o tamanho da população seja  $x$  novamente.

## Resultados e Discussão

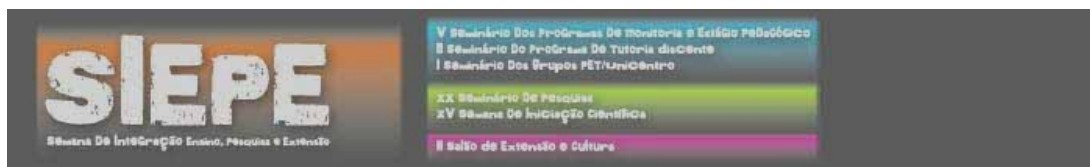
No estágio atual da pesquisa foi possível, através de testes, encontrar melhores resultados quando as funções de pertinência são trapezoidais. Na Tabela 1 é possível verificar os melhores resultados encontrados com diferentes tipos de funções de pertinência e os respectivos parâmetros.

**Tabela 1.** Melhores resultados encontrados.

Função de Pertinência	Cross-over	Mutação	Indivíduos	Gerações	Sensibilidade	Especificidade
Trapezoidal	50%	5%	1000	1000	0.8620689655	0.55974842767
Triangular	50%	50%	1000	1000	0.8620689655	0.54716981132

Foram realizadas execuções com mais indivíduos e gerações. No entanto, foi possível observar que o *fitness* não aumentou. Além disso, o algoritmo necessita de uma alta carga de processamento e tempo para ser executado conforme estes parâmetros aumentam.

## Conclusões



Foi possível concluir que Algoritmos Genéticos são uma alternativa válida para determinar as funções de pertinência e regras do Sistema *Fuzzy*. É necessário ressaltar que a abordagem *Pittsburgh* foi de grande auxílio para o entendimento do problema e para a codificação do indivíduo.

## Agradecimentos

Agradecimentos ao CNPq pela bolsa e ao doutor Athanase Billis, do Hospital das Clínicas da UNICAMP pelo fornecimento da base de casos.

## Referências

Castanho, M. J. De; Barros, L. C. De; Vendite, L. L.; Yamakami, A. Avaliação de um teste em medicina usando uma curva *ROC fuzzy*. *Biomatemática*. 2004, 14.

Castanho, M. J. De; Barros, L. C. De; Vendite, L. L.; Yamakami, A. Modelo Matemático Fuzzy para Descrever o Crescimento do Câncer de Próstata. *Biomatemática*. 2005, 15.

Castanho, M. J. De; Tosatti, M. A.; Filho, J. A. G.; Forbeck, F. R.; Fonseca, A. B.; Katayama, J. P. M. K.; Silva, E. D.; Venske, S. M. G. S.; Ré, A. M. D.; Hernandez, F. Algoritmo Híbrido Genético-Fuzzy aplicado ao Câncer de Próstata. *Hifen*. 2008, 32, 62.

Dubois, D.; Prade, H. (Fuzzy Sets and Fuzzy Systems: Theory and Applications). Ed.: Academic-Press. 1980.

Ellsworth, P.; Gill, C.; Heaney J. Tudo sobre câncer de próstata. Ed.: Andrei, 2002.

Goldberg, D. E. (Genetic Algorithm in Search, Optimization, and Machine Learning). Ed.: Addison-Wesley. 1989.

Smith, S. (A Learning System Genetic Adaptive Algorithm) Tese de Doutorado, Universidade de Pittsburgh, PA, 1980.