

Sistema Genético-*Fuzzy* em Câncer de Próstata

Andre Brito Fonseca², Angelita Maria De Ré², Emmanuel Damiani da Silva², Fábio
Hernandes², João Paulo Minoru Kobayashi Katayama², Julio César Araújo
Galvão Filho², Maria José de Paula Castanho¹, Sandra Mara Guse Scós Venske²

Universidade Estadual do Centro-Oeste – UNICENTRO

¹Departamento de Matemática

²Departamento de Ciência da Computação

85010-990, Guarapuava, PR

E-mail: zeza@unicentro.br

RESUMO

O câncer de próstata é, atualmente, o segundo tipo de câncer com maior incidência entre a população masculina, no Brasil [4]. O grau de confinamento do câncer é crucial para determinar o benefício do procedimento invasivo (cirurgia) para a remoção do tumor [3]. Os principais indicadores para determinar o estágio do câncer de próstata são o PSA (*Prostate-Specific Antigen*), o escore de Gleason [2] e o toque retal.

Estes indicadores têm como característica a imprecisão. Nesse contexto, sistemas *fuzzy* demonstram ser uma abordagem adequada. A busca pela melhor configuração desses sistemas pode ser realizada baseada no conhecimento de um especialista ou com a aplicação de técnicas de computação evolutiva [6,7]. Entre essas técnicas estão os Algoritmos Genéticos, que manipulam um conjunto de soluções do problema (indivíduos), que trocam informações e competem entre si para otimização de resultados.

No presente trabalho foi desenvolvido um algoritmo híbrido genético-*fuzzy* com o objetivo de encontrar o melhor Sistema *Fuzzy* (constituído por um conjunto de regras e funções de pertinência) para prognóstico do estágio do câncer de próstata. Em [3] e [5] podem ser encontradas outras abordagens baseadas no mesmo domínio do problema. Para testar os sistemas desenvolvidos utiliza-se uma base de dados reais, do Hospital das Clínicas da UNICAMP-SP.

Em um Algoritmo Genético uma população é composta por indivíduos, que representam a solução para o problema. Nesse caso, cada indivíduo divide-se em dois cromossomos: o primeiro é composto por três genes, representando os seguintes exames: PSA, Gleason e Toque. O segundo é composto por regras, relacionando os exames com o estágio do câncer: confinado ou não-confinado. Assim, cada indivíduo é a representação completa de um Sistema *Fuzzy*.

A execução do algoritmo ocorre em iterações. Partindo de uma população inicial aleatória, as soluções são alteradas com a aplicação de operadores e selecionadas de acordo com o seu valor de aptidão, priorizando as melhores. Ao final da execução, o Sistema *Fuzzy* de melhor desempenho é apresentado.

A aplicação de operadores é realizada sobre uma parcela das soluções propostas e tem o objetivo de diversificar a população. São utilizados dois operadores: mutação e cruzamento. O operador de mutação altera um atributo de uma solução, enquanto o cruzamento seleciona duas delas para trocar informações entre si.

Para avaliar cada indivíduo, é necessário um valor para a sua aptidão (*fitness*). Este valor é calculado pela soma da especificidade (número de casos de estágio confinado classificados

corretamente dividido pelo total de casos confinados) e sensibilidade (número de casos de estágio não-confinado classificados corretamente dividido pelo total de casos não-confinados). Até o presente momento a melhor solução obtida está próxima dos resultados encontrados na literatura [1]. Entretanto, continuam sendo realizados testes, para encontrar os parâmetros que melhor ajustem o modelo proposto.

Palavras-chave: *Algoritmo Genético, Câncer de Próstata, Sistemas Fuzzy.*

Referências

- [1] H. Augustin, T.Eggert, S.Wenske, P.I. Karakiewicz, J.Palissar, F. Daghofer, H.Huland, M. Graefen, Comparison of accuracy between the Partin Tables of 1997 and 2001 to predict final pathological stage in clinically localized prostate cancer, *J.Urol*, vol. 171, pp. 177-181, (2004).
- [2] A. C. Calvete; M. Srougi ; L. J. Nesrallah; M. F. Dall'Oglio; V. Ortiz, Avaliação da Extensão da Neoplasia em Câncer da Próstata: Valor do PSA, da Percentagem de Fragmentos Positivos e da Escala de Gleason, *Rev. Assoc. Med. Bras.*, vol. 49, pp. 250-254, (2003).
- [3] M. J. P. Castanho; L. C. Barros; Prognóstico de Câncer de Próstata: Probabilidade e Possibilidade, *TEMA Tend. Mat. Apl. Comput.*, vol. 8, no. 3, pp. 371-379, (2007).
- [4] INCA – Instituto Nacional do Câncer, Ministério da Saúde, disponível em <http://www.inca.gov.br/estimativa/2008>, acesso em 01.04.09.
- [5] G. P. Silveira; L. L. Vendite; L.C. Barros, Software desenvolvido a partir de um Modelo Matemático Fuzzy para predizer o estágio patológico do Câncer de Próstata, *Biomatemática*, vol. 18, pp. 27-36 (2008).
- [6] M. A. T. de Sousa, “Otimização de Controladores Nebulosos de Takagi-Sugeno Utilizando Algoritmos Genéticos”, Dissertação de Mestrado, FEEC-Unicamp, 2000.
- [7] M. A. Tosatti; J. C. A. G. Filho; F. R. Forbeck; A. B. Fonseca; J. P. M. K. Katayama; E. D. Silva; M. J. P. Castanho; S. M. G. S. Venske ; A. M. D. Ré; F. Hernandes, Algoritmo Híbrido Genético-*Fuzzy* aplicado em Câncer de Próstata, *Hifen*, vol. 32, n. 62, pp. 164-171, (2008).