

# Impactos das Tecnologias nas Ciências Biológicas e da Saúde

## 3

Christiane Trevisan Slivinski  
(Organizadora)

 **Atena**  
Editora

Ano 2019

Christiane Trevisan Slivinski  
(Organizadora)

# Impactos das Tecnologias nas Ciências Biológicas e da Saúde 3

Atena Editora  
2019

2019 by Atena Editora

Copyright © da Atena Editora

Editora Chefe: Profª Drª Antonella Carvalho de Oliveira

Diagramação e Edição de Arte: Geraldo Alves e Natália Sandrini

Revisão: Os autores

#### Conselho Editorial

- Prof. Dr. Alan Mario Zuffo – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul  
Prof. Dr. Álvaro Augusto de Borba Barreto – Universidade Federal de Pelotas  
Prof. Dr. Antonio Carlos Frasson – Universidade Tecnológica Federal do Paraná  
Prof. Dr. Antonio Isidro-Filho – Universidade de Brasília  
Profª Drª Cristina Gaio – Universidade de Lisboa  
Prof. Dr. Constantino Ribeiro de Oliveira Junior – Universidade Estadual de Ponta Grossa  
Profª Drª Daiane Garabeli Trojan – Universidade Norte do Paraná  
Prof. Dr. Darllan Collins da Cunha e Silva – Universidade Estadual Paulista  
Profª Drª Deusilene Souza Vieira Dall’Acqua – Universidade Federal de Rondônia  
Prof. Dr. Eloi Rufato Junior – Universidade Tecnológica Federal do Paraná  
Prof. Dr. Fábio Steiner – Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul  
Prof. Dr. Gianfábio Pimentel Franco – Universidade Federal de Santa Maria  
Prof. Dr. Gilmei Fleck – Universidade Estadual do Oeste do Paraná  
Profª Drª Girlene Santos de Souza – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Profª Drª Ivone Goulart Lopes – Istituto Internazionele delle Figlie de Maria Ausiliatrice  
Profª Drª Juliane Sant’Ana Bento – Universidade Federal do Rio Grande do Sul  
Prof. Dr. Julio Candido de Meirelles Junior – Universidade Federal Fluminense  
Prof. Dr. Jorge González Aguilera – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul  
Profª Drª Lina Maria Gonçalves – Universidade Federal do Tocantins  
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte  
Profª Drª Paola Andressa Scortegagna – Universidade Estadual de Ponta Grossa  
Profª Drª Raissa Rachel Salustriano da Silva Matos – Universidade Federal do Maranhão  
Prof. Dr. Ronilson Freitas de Souza – Universidade do Estado do Pará  
Prof. Dr. Takeshy Tachizawa – Faculdade de Campo Limpo Paulista  
Prof. Dr. Urandi João Rodrigues Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará  
Prof. Dr. Valdemar Antonio Paffaro Junior – Universidade Federal de Alfenas  
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande  
Profª Drª Vanessa Lima Gonçalves – Universidade Estadual de Ponta Grossa  
Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme – Universidade Federal do Tocantins

#### Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) (eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)

I34 Impactos das tecnologias nas ciências biológicas e da saúde 3  
[recurso eletrônico] / Organizadora Christiane Trevisan Slivinski. –  
Ponta Grossa (PR): Atena Editora, 2019. – (Impactos das  
Tecnologias nas Ciências Biológicas e da Saúde; v. 3)

Formato: PDF  
Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader  
Modo de acesso: World Wide Web  
Inclui bibliografia  
ISBN 978-85-7247-037-7  
DOI 10.22533/at.ed.377191601

1. Ciências biológicas. 2. Farmacologia. 3. Saúde. 4. Tecnologia.  
I. Slivinsk, Christiane Trevisan.

CDD 620.8

**Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422**

O conteúdo dos artigos e seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva dos autores.

2019

Permitido o download da obra e o compartilhamento desde que sejam atribuídos créditos aos autores, mas sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

[www.atenaeditora.com.br](http://www.atenaeditora.com.br)

## APRESENTAÇÃO

A tecnologia está ganhando cada dia mais espaço na vida das pessoas e em tudo que as cerca. Compreende-se por tecnologia todo o conhecimento técnico e científico e sua aplicação utilizando ferramentas, processos e materiais que foram criados e podem ser utilizados a partir deste conhecimento. Quando, para o desenvolvimento da tecnologia estão envolvidos sistemas biológicos, seres vivos ou seus metabólitos, passa-se a trabalhar em uma área fundamental da ciência, a Biotecnologia.

Toda produção de conhecimento em Biotecnologia envolve áreas como Biologia, Química, Engenharia, Bioquímica, Biologia Molecular, Engenharia Bioquímica, Química Industrial, entre outras, impactando diretamente no desenvolvimento das Ciências Biológicas e da Saúde. A aplicação dos resultados obtidos nos estudos em Biotecnologia está permitindo um aumento gradativo nos avanços relacionados a qualidade de vida da população, preservação da saúde e bem estar.

Neste ebook é possível identificar vários destes aspectos, onde a produção científica realizada por pesquisadores das grandes academias possuem a proposta de aplicações que podem contribuir para um melhor aproveitamento dos recursos que a natureza nos oferece, bem como encontrar novas soluções para problemas relacionados à manutenção da vida em equilíbrio.

No volume 2 são apresentados artigos relacionados a Bioquímica, Tecnologia em Saúde e as Engenharias. Inicialmente é discutida a produção e ação de biocompostos tais como ácido hialurônico, enzimas fúngicas, asparaginase, lipase, biossurfactantes, xilanase e eritritol. Em seguida são apresentados aspectos relacionados a análise do mobiliário hospitalar, uso de oxigenoterapia hospitalar, engenharia clínica, e novos equipamentos utilizados para diagnóstico. Também são apresentados artigos que trabalham com a tecnologia da informação no desenvolvimento de sistemas e equipamentos para o tratamento dos pacientes.

No volume 3 estão apresentados estudos relacionados a Biologia Molecular envolvendo a leptospirose e diabetes melitus. Também foram investigados alguns impactos da tecnologia no estudo da microcefalia, agregação plaquetária, bem como melhorias no atendimento nas clínicas e farmácias da atenção básica em saúde.

Em seguida discute-se a respeito da utilização de extratos vegetais e fúngicos na farmacologia e preservação do meio ambiente. Finalmente são questionados conceitos envolvendo Educação em Saúde, onde são propostos novos materiais didáticos para o ensino de Bioquímica, Biologia, polinização de plantas, prevenção em saúde e educação continuada.

Christiane Trevisan Slivinski

## SUMÁRIO

<b>CAPÍTULO 1</b> .....	<b>1</b>
A SOS BOX PATTERN FOR LEPTOSPIRA SPP.	
Livia de Moraes Bomediano	
Renata Maria Augusto da Costa	
Ana Carolina Quirino Simões	
<b>DOI 10.22533/at.ed.3771916011</b>	
<b>CAPÍTULO 2</b> .....	<b>7</b>
ANÁLISE IN SILICO DO GENE LIPID TRANSFER PROTEIN SOB CONDIÇÕES DE ESTRESSE ABIÓTICO	
Renan Gonçalves da Silva	
Jóice de Oliveira Leite Silva	
Lucas de Faria Nogueira	
Cyro Bueno Neto	
Sonia Marli Zingaretti	
<b>DOI 10.22533/at.ed.3771916012</b>	
<b>CAPÍTULO 3</b> .....	<b>16</b>
ANÁLISE DO POLIMORFISMO DE DELEÇÃO DOS GENES GSTM1 E GSTT1 E <i>DIABETES MELLITUS</i> EM IDOSOS: ESTUDO PILOTO	
Layse Rafaela Moroti – Perugini	
Luana Oliveira de Lima	
Audrey de Souza Marquez	
Regina Célia Poli-Frederico	
<b>DOI 10.22533/at.ed.3771916013</b>	
<b>CAPÍTULO 4</b> .....	<b>25</b>
CRISPR/CAS9 – UMA PROMISSORA FERRAMENTA DE EDIÇÃO GÊNICA	
Dalila Bernardes Leandro	
Jessyca Kalynne Farias Rodrigues	
Isaura Isabelle Fonseca Gomes da Silva	
<b>DOI 10.22533/at.ed.3771916014</b>	
<b>CAPÍTULO 5</b> .....	<b>41</b>
POLIMORFISMOS NO GENE DA LECTINA LIGANTE DE MANOSE (MBL2)	
Carmem Gabriela Gomes de Figueiredo	
Maria Soraya Pereira Franco Adriano	
Claudence Rodrigues do Nascimento	
Luciane Alves Coutinho	
Marizilda Barbosa da Silva	
Patrícia Muniz Mendes Freire de Moura	
<b>DOI 10.22533/at.ed.3771916015</b>	
<b>CAPÍTULO 6</b> .....	<b>52</b>
SELEÇÃO DE CARACTERÍSTICAS POR ALGORITMO GENÉTICO NA CLASSIFICAÇÃO DA CARDIOPATIA CHAGÁSICA	
Lucas de Souza Rodrigues	
Cristina Sady Coelho da Rocha	
Murilo Eugênio Duarte Gomes	
<b>DOI 10.22533/at.ed.3771916016</b>	

<b>CAPÍTULO 7</b> .....	<b>61</b>
MICROCEPHALY BRAIN UNFINISHED	
Cicera Páz da Silva	
Italo Marcos Páz de Andrade	
<b>DOI 10.22533/at.ed.3771916017</b>	
<b>CAPÍTULO 8</b> .....	<b>67</b>
O SUJEITO DA CLÍNICA E A CLÍNICA RELACIONAL: CONTRIBUIÇÕES PARA A CLÍNICA DE ATENÇÃO BÁSICA DO SUS	
Rita de Cássia Gabrielli Souza Lima	
<b>DOI 10.22533/at.ed.3771916018</b>	
<b>CAPÍTULO 9</b> .....	<b>79</b>
AVALIAÇÃO DE TECNOLOGIA EM SAÚDE: PERFIL DO USUÁRIO BRASILEIRO DO PROGRAMA FARMÁCIA POPULAR COM HIPERTENSÃO ARTERIAL DIAGNOSTICADA	
Simone Bezerra Franco	
Ronni Geraldo Gomes de Amorim	
Marília Miranda Forte Gomes	
<b>DOI 10.22533/at.ed.3771916019</b>	
<b>CAPÍTULO 10</b> .....	<b>91</b>
ENSAIO DE AGREGAÇÃO PLAQUETÁRIA COM SORO DO LÁTEX DE <i>HIMANTHUS SUCUUBA</i>	
Janeth Silva Pinheiro Marciano	
Renan Gonçalves da Silva	
Juliana da Silva Coppede	
Sonia Marli Zingaretti	
<b>DOI 10.22533/at.ed.37719160110</b>	
<b>CAPÍTULO 11</b> .....	<b>98</b>
PERFIL DO CONSUMO DE ÁLCOOL POR ESTUDANTES DE FISIOTERAPIA DE UMA UNIVERSIDADE PRIVADA DE SALVADOR	
Aísa de Santana Lima	
Ana Paula Amaral de Brito	
Átina Carneiro Rocha	
Gleice de Jesus Oliveira	
<b>DOI 10.22533/at.ed.37719160111</b>	
<b>CAPÍTULO 12</b> .....	<b>111</b>
USO DE BIOMASSA FÚNGICA PARA REMOÇÃO DE FÁRMACOS	
Caroline Aparecida Vaz de Araujo	
Elidiane Andressa Rodrigues	
Giselle Maria Maciel	
Priscila Ayumi Sybuia	
Wagner Mansano Cavalini	
Cristina Giatti Marques de Souza	
<b>DOI 10.22533/at.ed.37719160112</b>	

**CAPÍTULO 13 ..... 118**

ANORMALIDADES ERITROCÍTICAS EM *Sciades herzbergii* E FATORES BIÓTICOS E ABIÓTICOS NA AVALIAÇÃO DA CONTAMINAÇÃO DE RIOS DA ILHA DO MARANHÃO

Natália Jovita Pereira  
Nayara Duarte da Silva  
Sildiane Martins Cantanhêde  
Janderson Bruzaca Gomes  
Ligia Tchaicka  
Débora Martins Silva Santos

**DOI 10.22533/at.ed.37719160113**

**CAPÍTULO 14 ..... 130**

AVALIAÇÃO DOS EFEITOS DE *Beauveria bassiana* (HYPOCREALES: CORDYCIPIACEAE) E ÓLEOS ESSENCIAIS DE *Pogostemon cablin* (LAMIALES: LAMIACEAE) SOBRE O DESENVOLVIMENTO EMBRIONÁRIO INICIAL DE *Gallus gallus* (GALLIFORMES: PHASIANIDAE)

Lucas Trentin Larentis  
Tainá dos Santos  
Alanda de Oliveira  
Patricia Franchi de Freitas

**DOI 10.22533/at.ed.37719160114**

**CAPÍTULO 15 ..... 135**

ATIVIDADE ANTIFÚNGICA DE EXTRATOS ORGÂNICOS DO ISOLADO JUANT028 NO CONTROLE DE FITOPATÓGENOS

Igor Shoiti Shiraishi  
Wellington Luiz de Oliveira  
Robert Frans Huibert Dekker  
Aneli de Melo Barbosa-Dekker  
Juliana Feijó de Souza Daniel

**DOI 10.22533/at.ed.37719160115**

**CAPÍTULO 16 ..... 144**

AVALIAÇÃO DOS EFEITOS DE EXTRATO VEGETAL DE *Cymbopogon winterianus* SOBRE O DESENVOLVIMENTO EMBRIONÁRIO INICIAL DE AVE

Gabrielly Cristina Galvão  
Juliana Marceli Hofma Lopes  
Letícia Mencatto Bueno  
Patricia Franchi de Freitas

**DOI 10.22533/at.ed.37719160116**

**CAPÍTULO 17 ..... 150**

EXTRATO DE *Fusarium graminearum* É UMA ALTERNATIVA NÃO TÓXICA PARA USO COMO CORANTE NATURAL: OBTENÇÃO, ESTABILIDADE E ATIVIDADE BIOLÓGICA

Brenda Kischkel  
Beatriz Paes Silva  
Fabiana Gomes da Silva Dantas  
Kelly Mari Pires de Oliveira  
Terezinha Inez Estivalet Svidzinski  
Melyssa Negri

**DOI 10.22533/at.ed.37719160117**

**CAPÍTULO 18 ..... 166**

O USO DE HERBICIDAS À BASE DE GLIFOSATO NO BRASIL E NO MUNDO E SEUS IMPACTOS AO MEIO AMBIENTE E SAÚDE HUMANA

Yuri Dornelles Zebral

Adalto Bianchini

**DOI 10.22533/at.ed.37719160118**

**CAPÍTULO 19 ..... 178**

AVALIAÇÃO DE LINGUIÇA TOSCANA ADICIONADA DE INULINA COMO SUBSTITUTO DA GORDURA E INGREDIENTE FUNCIONAL PREBIÓTICO

Fabiane Ferreira dos Santos

Rosires Deliza

Simone Pereira Mathias

**DOI 10.22533/at.ed.37719160119**

**CAPÍTULO 20 ..... 191**

QUALIDADE DA DIETA EM CRIANÇAS E ADOLESCENTES COM TRANSTORNO DO ESPECTRO AUTISTA

Olívia Farias dos Santos

Cecília Fischer Fernandes

Cristielle Aguzzi Cougo de Leon

Fernanda Vighi Dobke

Sandra Costa Valle

Renata Torres Abib Bertacco

**DOI 10.22533/at.ed.37719160120**

**CAPÍTULO 21 ..... 199**

CONSTRUINDO RELAÇÕES DE CUIDADO POR MEIO DE EDUCAÇÃO E SAÚDE: O PAPEL DO FISIOTERAPEUTA NA ESCOLA REGULAR

Maria Bethânia Tomaschewski Bueno

Tatiane Barcellos Corrêa

**DOI 10.22533/at.ed.37719160121**

**CAPÍTULO 22 ..... 209**

ESTUDO DOS PADRÕES DE POLINIZAÇÃO DE *Apis mellifera* L. EM PLANTAS DA CAATINGA, COMO ESTRATÉGIA PARA A CONSTRUÇÃO DE UM MATERIAL DIDÁTICO

Fernanda Kamila Oliveira de Aquino

Raíza Lorena Peixoto

Larissa Mércia Peixoto

George Machado Tabatinga Filho

Ileane Oliveira Barros

**DOI 10.22533/at.ed.37719160122**

**CAPÍTULO 23 ..... 224**

IMAGENS ANALÓGICAS EM LIVROS DIDÁTICOS DE BIOLOGIA

Francisco Alves Santos

Andréa Pereira Silveira

Isabel Cristina Higino Santana

**DOI 10.22533/at.ed.37719160123**

**CAPÍTULO 24 ..... 234**

SITUAÇÃO DA PREVENÇÃO DE DOENÇAS EM CRIANÇAS MENORES DE CINCO ANOS, MORADORAS NA ÁREA DE ABRANGÊNCIA DE UM SERVIÇO DE ATENÇÃO PRIMÁRIA À SAÚDE

Déborah Silveira König  
Juvenal Soares Dias da Costa  
Denise Silva da Silveira  
Cintia Müller Leal  
Ubirajara Amaral Vinholes Filho

**DOI 10.22533/at.ed.37719160124**

**CAPÍTULO 25 ..... 239**

UMA NOVA ABORDAGEM PARA A ORIENTAÇÃO SEXUAL NA ESCOLA ESTADUAL NESTOR LIMA, NATAL RN.

Francicleide Venâncio Bezerra Alves  
Gabriel Henrique Santana da Silva  
Kaline Karla Gomes dos Santos  
Rosangela Lopes Dias

**DOI 10.22533/at.ed.37719160125**

**CAPÍTULO 26 ..... 252**

UTILIZAÇÃO DE ESTUDO DE CASO NO TÓPICO SISTEMA REPRODUTOR HUMANO NO ENSINO MÉDIO

Messias Rodrigues Arruda  
Isabel Cristina Higino Santana  
Andréa Pereira Silveira

**DOI 10.22533/at.ed.37719160126**

**CAPÍTULO 27 ..... 263**

INTERVENÇÃO PEDAGÓGICA DO PIBID CIÊNCIAS BIOLÓGICAS COM SALA DE RECURSO MULTIFUNCIONAL

Emellyn Gabriela Ioris  
Claudinei de Freitas Vieira  
Leide Daiane Nascimento Mascarello  
Michele Potrich

**DOI 10.22533/at.ed.37719160127**

**CAPÍTULO 28 ..... 268**

UTILIZAÇÃO DO LÚDICO NO ENSINO DE BIOQUÍMICA: JOGOS DE ENCAIXE PARA DEMONSTRAÇÃO DIDÁTICA DE MUDANÇAS ESTRUTURAIS DOS COMPOSTOS INTERMEDIÁRIOS DA GLICÓLISE

Maria Julia Sousa da Fonseca  
Rebeca Eller Ferreira  
Luis Flávio Mendes Saraiva

**DOI 10.22533/at.ed.37719160128**

**SOBRE A ORGANIZADORA ..... 273**

## SELEÇÃO DE CARACTERÍSTICAS POR ALGORITMO GENÉTICO NA CLASSIFICAÇÃO DA CARDIOPATIA CHAGÁSICA

### **Lucas de Souza Rodrigues**

UFMG, Departamento de Eletrônica  
Belo Horizonte – Minas Gerais

### **Cristina Sady Coelho da Rocha**

UFMG, Hospital das Clínicas  
Belo Horizonte – Minas Gerais

### **Murilo Eugênio Duarte Gomes**

UFMG, Departamento de Eletrônica  
Belo Horizonte – Minas Gerais

**RESUMO:** Este artigo investiga o uso de algoritmo genético na seleção de características para predição de risco de morte de pacientes com doença de Chagas. Um total de 19 características, divididas entre características clínicas, tempo-frequenciais e de dinâmica simbólica foram extraídas a partir de janelas de 5 min das séries de intervalos RR do eletrocardiograma de 150 pacientes. Os dados foram utilizados para distinguir os grupos de pacientes que evoluíram ou não para o óbito, por meio de um modelo construído com máquina de vetores de suporte (SVM) com *kernel* Gaussiano (RBF - *Radial Basis Function*). A seleção de características foi feita por um algoritmo genético que avalia uma população de soluções candidatas ao longo de 100 gerações, realizando uma seleção de pais para um cruzamento das soluções, gerando descendentes e

selecionando as candidatas com melhor taxa de acerto a cada geração. Foram realizados diferentes experimentos variando a quantidade de dados utilizados para treinamento e teste do classificador. Foi possível obter taxas de acerto de 99,53%, 98,86% e 98,80% com 8, 9 e 10 características selecionadas, respectivamente. Estes resultados foram superiores aos obtidos com a seleção empírica realizada em trabalho anterior, o que sugere que a técnica de algoritmo genético pode melhorar o desempenho do classificador de risco de morte de origem cardíaca em pacientes chagásicos.

**PALAVRAS-CHAVES:** Algoritmos Genéticos, Seleção de Características, Máquina de Vetores de Suporte, Classificação, Doença de Chagas.

**ABSTRACT:** This paper investigates the use of genetic algorithm for features selection in predicting death in patients with Chagas disease. A total of 19 features, among clinical data, indices from time and frequency domain, and symbolic dynamics features were extracted from 5-min epochs from RR series of 150 patients. The data was used to distinguish the group of patients who died and the group who did not die, by using a model built with support vector machine (SVM) with radial basis function (RBF) kernel. The features selection was made by a genetic algorithm that evaluates a population of candidate solutions over 100 generations,

doing selection of parents to do crossover and breed offspring, then selecting the best solutions, with the highest accurate rate. Different experiments were performed changing the amount of data used to train and test the classifier. There were achieved accurate rates of 99.53%, 98.86% and 98.80% with 8, 9 and 10 features, respectively. These results suggest that characteristics selection by genetic algorithms may improve the performance of the classifier in predicting death of patients with Chagas disease.

**KEYWORDS:** Genetic Algorithm, Features Selection, Support Vector Machine, Classification, Chagas Disease.

## 1 | INTRODUÇÃO

O sinal da variabilidade da frequência cardíaca (VFC), derivado da série de intervalos RR do eletrocardiograma (ECG), incorpora informações relevantes sobre o sistema cardíaco e os mecanismos de controle associados. Diferentes condições fisiológicas e patológicas alteram a VFC. Essas mudanças podem ser perceptíveis através de características extraídas deste sinal, podendo se tornar uma poderosa ferramenta de diagnóstico [3]. Logo, é importante que características relevantes sejam selecionadas para a análise do sinal de VFC.

Em um trabalho anterior [6], foi possível separar as classes de pacientes chagásicos que evoluíram ou não para óbito por meio da análise de 18 características extraídas da VFC realizada por um classificador baseado na máquina de vetores de suporte (SVM, do inglês *support vector machine*).

No reconhecimento de padrões, é desejável que se obtenha o menor espaço de características possível para diminuir o custo, o tempo de processamento e as informações redundantes, melhorando o desempenho do classificador. Os algoritmos genéticos (AG) têm sido utilizados na seleção de características, como uma poderosa ferramenta de busca e otimização baseada no processo de evolução natural [2].

Assim, este trabalho tem como objetivo investigar o uso de AG no reconhecimento de padrões da VFC com o intuito de traçar quais são as características mais relevantes na classificação da cardiopatia chagásica, aprimorando o conhecimento da base de dados e da epidemiologia em geral da doença de Chagas.

## 2 | MATERIAIS E MÉTODOS

### 2.1 Banco de Dados

O banco de dados foi constituído de 150 séries de intervalos RR derivadas de registros Holter de 24h obtidos no Hospital das Clínicas da UFMG. Os pacientes estudados tinham entre 20 e 70 anos de idade e foram submetidos a exames clínicos e laboratoriais para detectar evidências de outras cardiopatias ou patologias que excluíssem o paciente do estudo. Todos os procedimentos visaram garantir os direitos

e bem-estar das pessoas estudadas. Os exames apenas foram realizados após o recebimento do consentimento por escrito dos pacientes. Todos os procedimentos foram aprovados pelo Comitê de Ética do Hospital das Clínicas da UFMG (Parecer 001/97). Os 150 pacientes foram divididos em duas classes: 15 pacientes que evoluíram para o óbito e 135 que não evoluíram [6].

## 2.2 Pré-Processamento dos Dados

As séries de intervalos RR foram obtidas automaticamente a partir de registros Holter (Burdick/DMI) que apresentaram pelo menos 18 h de traçados de boa qualidade e mais de 85% de batimentos sinusoidais. A frequência de amostragem foi de 200 Hz. Cada registro foi cuidadosamente inspecionado por um clínico e os complexos QRS foram classificados como batimentos normais, artefatos e ectópicos. Os artefatos e batimentos ectópicos foram retirados de modo a criar séries temporais de intervalos RR normais. Para a extração de características, foram selecionadas aleatoriamente 30 janelas de 5 min das séries RR de cada paciente [6].

## 2.3 Características

A Tabela 1 apresenta um resumo de todas as características utilizadas, baseadas na dinâmica simbólica, nos índices clássicos da VFC e em informações clínicas dos pacientes.

Índice	Características	Símbolo	Natureza
1	Entropia de Shannom	$H_{sd}$	Simbólicas
2	Número de Palavras Proibidas	nFW	
3	Entropia dos Padrões Ordinários 1	$H_{perm1}$	
4	Entropia dos Padrões Ordinários 2	$H_{perm2}$	
5	Índice de Complexidade	$C_{index}$	
6	Média dos Intervalos RR	mNN	Tempo-Frequenciais
7	Desvio Padrão Médio	SDNN	
8	Raiz Quadrada das Diferenças Sucessivas	RMSSD	
9	Porcentagem Intervalos Maiores que 50 ms	pNN50	
10	Média dos Intervalos Sucessivos	MSD	
11	Potência Espectral Total	TotPow	
12	Potência em Baixa Frequência	LF	
13	Potência em Alta Frequência	HF	
14	Razão Baixa e Alta Frequência	LF/HF	Clínicas
15	Idade	idade	
16	Sexo	Sexo	
17	Presença de Taquicardia Ventricular não Sustentada ao <i>Holter</i> de 24 h	NSVT	
18	Fração de Ejeção do Ventrículo Esquerdo	LVEF	
19	Tempo do Complexo QRS	QRS	

Tabela 1: Características utilizadas

As características  $H_{sd}$  e nFW são calculadas a partir da dinâmica simbólica, que mapeia a evolução das séries RR através da partição dessa série em símbolos e da combinação desses símbolos em palavras. A  $H_{sd}$  é a entropia de Shannon do sistema e nFW é a quantidade de palavras que ocorreram com baixa frequência de ocorrência durante a evolução do sistema. As características Hperm1 e Hperm2 correspondem à entropia de Shannon calculada a partir dos Padrões Estatísticos Ordinários (PEO's). Os PEO's descrevem a relação entre os intervalos RR. Desses segmentos são extraídos índices de permutações. As combinações desses índices de permutações permitem a descrição da série temporal. Diferentes configurações foram utilizadas em Hperm1 e Hperm2. Finalmente, o índice de complexidade,  $C_{index}$ , foi calculado seguindo a métrica em [4] e fornece uma medida da ordem e desordem do sistema. Maiores detalhes podem ser encontrados em [6, 7].

Os índices clássicos da VFC correspondem a: mNN, média dos intervalos RR; MSD – média das diferenças dos intervalos RR sucessivos; SDNN – desvio padrão dos intervalos RR; pNN50 – porcentagem dos intervalos RR cuja diferença com intervalo anterior exceda a 50 ms; TotPow – variância dos intervalos RR; LF – potência na faixa de baixas frequências (0,04 Hz até 0,15 Hz); HF – potência na faixa das altas frequências (0,15 Hz até 0,4 Hz), e LF/HF – razão entre LF e HF. Maiores detalhes podem ser encontrados em [6, 8].

As características clínicas correspondem a: idade do paciente, sexo do paciente, NSVT – presença de taquicardia ventricular não sustentada durante o Holter de 24 h, LVEF – fração de ejeção do ventrículo esquerdo menor que 50% e QRS – tempo de duração do complexo QRS maior que 134 ms.

As características passaram por um processo de normalização entre 0 e 1. Para uma determinada característica, subtraiu-se cada valor pelo valor mínimo encontrado, e o resultado foi dividido pela diferença entre o valor máximo e o valor mínimo encontrado.

## 2.4 Balanceamento dos Dados

Como existe uma diferença muito grande entre o número de sinais de VFC das duas classes, os dados foram balanceados utilizando a técnica SMOTE (do inglês *Synthetic Minority Over-sampling Technique*), para evitar erros de treinamento do classificador [6].

## 2.5 Classificador

O classificador utilizado foi a SVM. A SVM é uma técnica que cria um modelo, baseado em aprendizado de máquinas, gerando um hiperplano separador das duas classes. Maiores detalhes sobre a SVM podem ser encontrados em [5, 7]. Os parâmetros utilizados na SVM foram:  $C = 1$ ,  $\sigma = 1$  e o *kernel* adotado foi o RBF (do inglês *Radial Basis Function*), esses valores foram obtidos no trabalho anterior [6].

## 2.6 Algoritmo Genético

O algoritmo genético tem como finalidade selecionar as características a serem utilizadas no processo de classificação. Um indivíduo é modelado como um vetor de 0's e 1's de tamanho 19, em que, seguindo a ordem da Tabela 1, 0 corresponde a característica desligada (não utilizada) e 1 corresponde a característica ligada (utilizada). Cada elemento desse vetor é chamado de gene. Um indivíduo tem seu desempenho (ou *fitness*) definido como a taxa de acerto média (definida adiante) do classificador utilizando aquelas características. O algoritmo segue a seguinte rotina: gera uma população inicial aleatória, calcula o *fitness* dessa população, seleciona os pais, gera os descendentes (filhos), executa mutações nos genes dos descendentes, calcula o *fitness* dos descendentes e seleciona os melhores indivíduos. O procedimento a partir da seleção dos pais é repetido até que o número de gerações seja atingido. Durante a execução do AG, foram realizados diferentes experimentos com 20%, 40%, 50% e 60% dos dados utilizados para treinamento e, dessa forma, com 80%, 60%, 50% e 40% do restante dos dados utilizado para testes. Os dados de treinamento e teste foram selecionados aleatoriamente. Para o classificador final foram utilizados 20% dos dados para treinamento e 80% para testes, conforme utilizado no trabalho anterior [6]. A Tabela 2 apresenta todos os parâmetros utilizados no algoritmo genético.

Parâmetro	Valor(es)	Descrição
Tamanho da População	30	Quantidade de indivíduos na população.
Número de pais	2	Quantidade de pais por cruzamento.
Número de filhos	15	Número de filhos gerados a cada iteração.
Número de gerações	100	Número total de gerações ou iterações.
Taxa de mutação	0,2	Chance de ocorrência de mutação.
Taxa de Determinismo	0,95	Chance de que o torneio seja vencido pelo melhor competidor.
Número de Participantes	5	Número de participantes do torneio.
Dados para treinamento	20%, 40%, 50% e 60%	% dos dados separados para treinamento.
Dados para teste	80%, 60%, 50% e 40%	% dos dados separados para teste.
Número de repetições do processo de classificação	5	Quantidade de vezes que se classifica durante cálculo de <i>fitness</i> .
Número de repetições do processo de classificação final	10	Quantidade de vezes que se classifica durante a classificação final.

Tabela 2: Parâmetros Utilizados

## 2.7 Cálculo do *Fitness*

Os genes de cada indivíduo definem quais características serão utilizadas no processo de classificação. Para esse conjunto de características, é realizado um

treinamento do classificador e testes. Esse procedimento é repetido cinco vezes e uma taxa média de acerto é calculada.

## 2.8 Seleção dos Pais

A seleção dos pais foi realizada através da técnica de torneio não determinístico. Cinco candidatos a pais são selecionados aleatoriamente e competem entre si. A competição é baseada no *fitness*. O candidato com o maior *fitness* é escolhido como vencedor. Como se trata de um torneio não determinístico existe uma pequena chance (de 5%) de o melhor participante não vencer. Nesse caso, um dos cinco participantes é escolhido ao acaso como vencedor.

## 2.9 Cruzamento e Mutação

O cruzamento foi implementado como uma chance do descendente herdar gene a gene de cada um dos pais. É percorrido todos os genes de cada pai, um a um. Para cada gene, existe uma chance igual de 50% de o descendente herdar o gene do primeiro pai ou o gene do segundo pai.

A mutação foi implementada como uma chance de cada gene sofrer uma inversão do seu valor. O vetor de genes é percorrido e, para cada gene, é sorteado uma chance de acontecer ou não uma mutação. Caso aconteça, o valor daquele gene é invertido. Um gene igual a 0 se torna 1 e vice-versa.

## 2.10 Seleção dos Melhores Indivíduos

Os descendentes são adicionados à população, com seus respectivos *fitness*, totalizando uma nova população de 45 membros. Desses 45 são selecionados os 30 melhores indivíduos, que possuem os maiores *fitness*, e essa população é passada adiante.

## 2.11 Resultado Final

Para o resultado final, foram utilizadas as soluções encontradas e a metodologia do trabalho anterior [6], servindo de parâmetro para análise. Portanto, para configurar os parâmetros  $C$  e  $\sigma$  do classificador, foi realizada uma validação cruzada usando uma busca em um espaço logarítmico, com os valores  $C \in \{10^0, 10^1, 10^2, 10^3\}$  e  $\sigma \in \{10^{-2}, 10^{-1}, 10_0, 10^1\}$ . O classificador foi treinado com o melhor par  $(C, \sigma)$  encontrado. Os resultados foram analisados com base na taxa de acerto definida como  $A_{cc} = n_c/M \times 100\%$ , em que  $M$  é quantidade de janelas de uma dada série RR de um dado paciente e  $n_c$  é número de janelas classificadas corretamente. Também foram calculadas a sensibilidade (*Sen*), que é a razão entre o número de verdadeiros-positivos sobre a quantidade real de casos positivos (evoluíram para o óbito), a especificidade (*Esp*), que é a razão entre o número de verdadeiros-negativos e o número real de casos negativos (não evoluíram para o óbito) e a área da curva ROC. A curva ROC mede o

desempenho de um classificador binário, fornecendo a razão dos verdadeiros-positivos em função dos falsos-positivos para diferentes limiares. Por convenção os valores da área da curva ROC são sempre maiores que 0,5 e o valor igual a 1 representa uma classificação perfeita.

### 3 | RESULTADOS

#### 3.1 Resultados Obtidos

A Tabela 3 apresenta as soluções em que as quatro maiores taxas de acerto foram encontradas.

Solução	% Treino	% Teste	Nº Características	Características	Taxa Acerto (%)
1	20	80	8	5, 7, 14 a 19	99,59%
2	40	60	10	5, 6, 7, 12, 14 a 19	99,86%
3	50	50	8	5, 7, 14 a 19	99,90%
4	60	40	9	5, 6, 7, 14 a 19	99,94%

Tabela 3: Soluções Encontradas.

A Tabela 4 mostra a média e o desvio padrão da média dos parâmetros de desempenho do classificador utilizados neste trabalho. AUC representa a área sob a curva ROC.

Solução	1 e 3	2	4
$\overline{\text{Acc}}(\% \pm \%)$	99,53 $\pm$ 0,20	98,86 $\pm$ 1,52	98,80 $\pm$ 1,64
$\overline{\text{Sen}}(\% \pm \%)$	99,44 $\pm$ 0,24	98,77 $\pm$ 2,12	98,61 $\pm$ 2,21
$\overline{\text{Esp}}(\% \pm \%)$	99,70 $\pm$ 0,28	99,02 $\pm$ 0,63	99,16 $\pm$ 0,68
AUC	0,9998 $\pm$ 0,0002	0,9979 $\pm$ 0,0059	0,9980 $\pm$ 0,0055

Tabela 4: Resultados finais de desempenho

#### 3.2 Discussão

Classificadores baseados em aprendizado de máquina, como a SVM, são sensíveis à quantidade de dados utilizados para treinamento. Conforme apresentado na Tabela 3, o percentual de dados usado no treinamento e teste do classificador foi alterado para avaliar se alguma característica se tornaria mais ou menos importante para o classificador. Verificou-se que essa alteração não mudou de forma significativa a relação de características selecionadas pelo algoritmo genético.

Todas as características clínicas estiveram presentes em todas as soluções, assim como o índice de complexidade ( $C_{\text{index}}$ ), o desvio padrão médio dos intervalos RR (SDNN) e a razão da baixa e alta frequência (LF/HF). Tais resultados demonstram que os dados clínicos ainda são preponderantes na avaliação de risco de morte dos

pacientes. Entretanto, índices de VFC podem contribuir com o auxílio ao diagnóstico final.

Em comparação com o trabalho anterior [6], houve um aumento de cerca de 4% em relação à taxa de acerto e um ganho de cerca de 11% na especificidade. No trabalho realizado em [1], foi utilizada a técnica F – score, que atribui um valor para uma característica e estabelece um ranking dos maiores valores. Utilizando a SVM, os autores conseguiram reduzir o número de características de 9 para 5 e obtiveram uma taxa de acerto de 99,51% na classificação de malignidade ou benignidade do tumor de mama. Os autores de [9] utilizaram uma combinação das técnicas KNN e SVM para também separar tumores de mama com um conjunto de 32 características. Utilizando AG, a taxa de acerto final foi de 97,38% com apenas 6 características.

## 4 | CONCLUSÃO

Os resultados apresentados sugerem que as técnicas de algoritmos genéticos melhoram o desempenho do classificador de risco de morte em pacientes chagásicos, apresentando ainda a vantagem de otimizar o número de características utilizadas. Neste trabalho foi obtida uma taxa de 99,53% e uma redução de 19 características para 8. A monitoração das características selecionadas ainda pode auxiliar a clínica médica no tratamento e acompanhamento dos pacientes chagásicos.

## 5 | AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem ao Prof. Dr. Antônio Ribeiro por disponibilizar os dados e ao CNPq pelo apoio financeiro.

## REFERÊNCIAS

AKAY, M. F. **Support vector machines combined with feature selection for breast cancer diagnosis**. Expert systems with applications. 2009; 36(2): 3240-7.

FRÖHLICH, H. CHAPELLE, O. SCHÖLKOPF, B. **Feature selection for support vector machines by means of genetic algorithm**. Proceedings of 15<sup>th</sup> IEEE International Conference on Tools with Artificial Intelligence; 2003 Nov 3-5; Sacramento, EUA. 2003. p. 142-148.

GOMES, M. E. D. **Técnicas de sistemas dinâmicos não-lineares na análise da modulação autônoma da variabilidade da frequência cardíaca** [tese para doutorado em Engenharia Elétrica]. Belo Horizonte: Universidade Federal de Minas Gerais; 2001.

LEMPEL, A. Ziv, J. **On the complexity of finite sequences**. Information Theory, IEEE Transactions. 1976; 22 (1): 75-81.

Lorena, A. C. De Carvalho, A. C. P. L. F. **Uma introdução às support vector machines**. Revista de Informática Teórica e Aplicada. 2007; 14(2): 43-67.

SADY, C. C. R. RIBEIRO, A. L. P. **Symbolic features and classification via support vector machine for predicting death in patients with Chagas disease.** Computers in Biology and Medicine. 2016; 70 (2016): 220-227.

SADY, C. C. R. **Técnicas de Reconhecimentos de Padrões para Classificação de Sinais Fisiológicos** [tese para doutorado em Engenharia Elétrica]. Belo Horizonte: Universidade Federal de Minas Gerais. 2013.

TASK FORCE OF THE EUROPEAN SOCIETY OF CARDIOLOGY. **Heart rate variability standards of measurement, physiological interpretation, and clinical use.** Eur Heart J. 1996; 17: 354-381.

ZHENG, B. YOON, S. W. LAM, S. S. **Breast cancer diagnosis based on feature extraction using a hybrid of K-means and support vector machine algorithms.** Expert Systems with Applications. 2014; 41(4): 1476-82.

## **SOBRE A ORGANIZADORA**

**CHRISTIANE TREVISAN SLIVINSKI** Possui Graduação em Licenciatura em Ciências Biológicas pela Universidade Estadual de Ponta Grossa (2000), Mestrado em Ciência e Tecnologia de Alimentos pela Universidade Estadual de Ponta Grossa (2007) e Doutorado em Ciências - Bioquímica pela Universidade Federal do Paraná (2012). Tem experiência na área de Bioquímica, com ênfase em Biotecnologia, atuando principalmente nos seguintes temas: inibição enzimática; fermentação em estado sólido; produção, caracterização bioquímica e purificação de proteínas (enzimas); e uso de resíduo agroindustrial para produção de biomoléculas (biossurfactantes). É professora na Universidade Estadual de Ponta Grossa nas disciplinas de Bioquímica e Química Geral desde 2006, lecionando para os cursos de Bacharelado e Licenciatura em Ciências Biológicas, Farmácia, Educação Física, Enfermagem, Odontologia, Química, Zootecnia, Agronomia, Engenharia de Alimentos. Também leciona no Centro de Ensino Superior dos Campos Gerais – CESCAGE desde 2012 para os cursos de Fisioterapia, Odontologia, Farmácia, Nutrição, Enfermagem e Agronomia, nas disciplinas de Bioquímica, Fisiologia, Biomorfologia, Genética, Metodologia Científica, Microbiologia de Alimentos, Nutrição Normal, Trabalho de Conclusão de Curso e Tecnologia de Produtos Agropecuários. Leciona nas Faculdades UNOPAR desde 2015 para o curso de Enfermagem nas disciplinas de Ciências Celulares e Moleculares, Microbiologia e Imunologia.

Agência Brasileira do ISBN  
ISBN 978-85-7247-037-7



9 788572 470377