

UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
FACULDADE DE FILOSOFIA, CIÊNCIAS E LETRAS DE RIBEIRÃO PRETO
DEPARTAMENTO DE COMPUTAÇÃO E MATEMÁTICA

SERGIO BALDO JÚNIOR

**Algoritmos genéticos e aprendizado profundo
baseado em Redes Neurais Recorrentes do tipo
LSTM para auxílio ao diagnóstico médico**

Ribeirão Preto–SP

2023

SERGIO BALDO JÚNIOR

**Algoritmos genéticos e aprendizado profundo baseado em Redes
Neurais Recorrentes do tipo LSTM para auxílio ao diagnóstico
médico**

Versão Corrigida

Versão original encontra-se na FFCLRP/USP.

Dissertação apresentada à Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto (FFCLRP) da Universidade de São Paulo (USP), como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Ciências.

Área de Concentração: Computação Aplicada.

Orientador: Prof. Dr. Renato Tinós

Ribeirão Preto–SP

2023

SERGIO BALDO JÚNIOR

**Genetic algorithms and deep learning based on Recurrent
Neural Networks of the LSTM type to aid medical diagnostic**

Corrected Version

The original version is found at FFCLRP/USP.

Dissertation presented to Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto (FFCLRP) from the Universidade de São Paulo (USP), as part of the requirements to hold the Master of Science degree.

Field of Study: Applied Computing.

Supervisor: Prof. Dr. Renato Tinós

Ribeirão Preto–SP

2023

Sergio Baldo Júnior

Algoritmos genéticos e aprendizado profundo baseado em Redes Neurais Recorrentes do tipo LSTM para auxílio ao diagnóstico médico. Ribeirão Preto-SP, 2023. 163p. : il.; 30 cm.

Dissertação apresentada à Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto da USP, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Ciências,
Área: Computação Aplicada.

Orientador: Prof. Dr. Renato Tinós

1. Eletroencefalograma. 2. LSTM. 3. Acidente Vascular Cerebral. 4. Coma.

*Este trabalho é dedicado aos meus pais, por terem me dado todo o amor,
apoio e incentivo que precisava para chegar até aqui.
Sem eles, nada disso seria possível.*

Agradecimentos

Gostaria de expressar minha profunda gratidão às pessoas e instituições que tornaram possível a minha trajetória acadêmica até aqui. Em primeiro lugar, agradeço a Deus e aos meus pais, Maria e Sérgio, por todo o amor, esforço e dedicação em me proporcionar a oportunidade de concluir meus estudos. Sou eternamente grato por tudo o que fizeram e ainda fazem por mim.

Também sou grato à minha irmã Jéssica, que sempre esteve presente em todas as fases da minha vida, me ajudando e aconselhando em momentos difíceis.

Um agradecimento especial para a minha noiva Joyce, que tem sido uma grande companheira ao longo da minha trajetória desde o ensino fundamental até aqui, e que me apoiou incondicionalmente em todos os momentos.

Não poderia deixar de mencionar o meu orientador, o Prof. Dr. Renato Tinós, por ter me acolhido em seu laboratório no fim do meu segundo ano de graduação, e por ter me ensinado tudo o que sei hoje. Agradeço também pela paciência e orientação que me proporcionou durante todo esse tempo.

Sou grato à Universidade de São Paulo pela oportunidade de cursar Informática Biomédica e, posteriormente, o mestrado nesta prestigiada instituição de ensino. Gostaria de agradecer também a todos os professores e funcionários que fazem parte dessa comunidade acadêmica. Um agradecimento em especial ao Prof. Dr. Zhao Liang, Prof. Dr. Murillo Guimarães Carneiro e Prof. Dr. João Batista Destro Filho pelo apoio ao longo deste projeto. Agradeço também à equipe do Prof. Dr. João Batista Destro Filho, responsável pela coleta e tratamento da base de dados do Coma.

Por fim, sou grato ao Centro de Inteligência Artificial (C4AI - USP), que, com o apoio da Fundação de Amparo à Pesquisa de São Paulo (bolsa FAPESP nº 2019/07665-4) e da International Business Machines Corporation - IBM, proporcionou o apoio financeiro necessário para que eu pudesse me dedicar a este projeto de pesquisa.

*“A mente que se abre a uma nova ideia
jamais voltará ao seu tamanho original”
Albert Einstein*

Resumo

BALDO JÚNIOR, S. **Algoritmos genéticos e aprendizado profundo baseado em Redes Neurais Recorrentes do tipo LSTM para auxílio ao diagnóstico médico.** 2023. Dissertação (Mestrado em Ciências) - Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 2023.

Exames de Eletroencefalograma (EEG) têm se tornado uma ferramenta essencial no diagnóstico e avaliação de diversas doenças neurológicas. A análise automática de exames de EEG por meio de algoritmos computacionais é uma importante ferramenta para auxiliar médicos especialistas no diagnóstico mais preciso dessas doenças. Nesse sentido, neste trabalho, é proposto um modelo híbrido de Aprendizado Profundo baseado em Redes Neurais Recorrentes do tipo LSTM (Long Short Term Memory) para auxiliar na análise de sinais de EEG. O modelo híbrido proposto utiliza informações de duas diferentes fontes: i) camadas intermediárias do modelo CNN (Convolutional Neural Network) - LSTM; ii) características adicionais relacionadas a informações dos pacientes e extraídas de sinais de EEG. As saídas da camada LSTM e as características adicionais são inseridas como entradas para a primeira camada densa do modelo CNN - LSTM. O modelo é testado em sinais de EEG de pacientes em Coma e pacientes que sofreram Acidente Vascular Cerebral. Além disso, um Algoritmo Genético é utilizado para selecionar o melhor subconjunto de características e otimizar os hiper-parâmetros do modelo híbrido proposto. Os resultados dos experimentos sugerem que a inclusão de características relacionadas a informações dos pacientes e extraídas de sinais de EEG potencializou o desempenho do classificador. No entanto, nem todas as características contribuíram para aumentar o desempenho do classificador. A utilização do Algoritmo Genético na seleção das características mais relevantes foi capaz de produzir um modelo com resultados superiores aos modelos utilizados como referência. Adicionalmente, o Algoritmo Genético é capaz de encontrar a melhor arquitetura híbrida CNN - LSTM para classificar os sinais de EEG em cada base de dados testada. O modelo proposto apresenta novas possibilidades para auxiliar médicos na análise de sinais de EEG e no prognóstico e tratamento dos pacientes.

Palavras-chave: Eletroencefalograma. Convolutional Neural Networks. Long Short Term Memory. Algoritmo Genético. Acidente Vascular Cerebral. Coma.

Abstract

BALDO JÚNIOR, S. **Genetic algorithms and deep learning based on Recurrent Neural Networks of the LSTM type to aid medical diagnostic.** 2023. Dissertation (Master of Science) - Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 2023.

In recent years, Electroencephalogram (EEG) exams have become an essential tool in the diagnosis and evaluation of various neurological diseases. Automatic analysis of EEG exams through computational algorithms is an important tool to assist medical experts in the more precise diagnosis of these diseases. In this work, we propose a hybrid Deep Learning model based on Long Short-Term Memory (LSTM) Recurrent Neural Network to aid in the analysis of EEG signals. The proposed hybrid model uses information from two different sources: i) intermediate layers of the Convolutional Neural Network (CNN) - LSTM model; ii) additional features related to patient information and extracted from EEG signals. The outputs of the LSTM layer and additional features are inserted as inputs to the first dense layer of the CNN - LSTM model. The model is tested on EEG signals from Coma patients and patients who have suffered a Stroke. Additionally, a Genetic Algorithm is used to select the best subset of features and optimize the hyper-parameters of the proposed hybrid model. The experimental results suggest that the inclusion of features related to patient information and extracted from EEG signals enhanced the classifier's performance. However, not all features contributed to increasing the classifier's performance. The use of the Genetic Algorithm in selecting the most relevant features was able to produce a model with superior results to the reference models used. Furthermore, the Genetic Algorithm is capable of finding the best CNN - LSTM hybrid architecture to classify EEG signals in each tested database. The proposed model presents new possibilities to assist medical professionals in the analysis of EEG signals and the prognosis and treatment of patients.

Keywords: Electroencephalogram. Convolutional Neural Network. Long Short Term Memory. Genetic Algorithm. Stroke. Coma.

Lista de Figuras

Figura 1 – Sistema internacional 10-20 para descrever a nomenclatura e a posição dos eletrodos sobre o couro cabeludo.	46
Figura 2 – Neurônio Artificial.	47
Figura 3 – Rede Neural Feedforward.	48
Figura 4 – Exemplo de uma arquitetura de uma CNN.	48
Figura 5 – Exemplos de estruturas de uma Rede Neural Recorrente e uma Rede Neural Feedforward de camada única.	50
Figura 6 – Arquitetura da célula LSTM.	51
Figura 7 – Diagrama de tempo de uma única tentativa. Figura adaptada de (CHOWDHURY; ANDREU-PEREZ, 2021).	60
Figura 8 – Método proposto, um modelo híbrido CNN - LSTM que utiliza os sinais de EEG como entrada para a camada CNN com características adicionais inseridas na primeira camada densa;	62
Figura 9 – Métodos baseline. a) Um modelo CNN – LSTM que utiliza apenas sinais de EEG como entrada para a camada CNN; b) Um modelo Multilayer Perceptron (MLP) que utiliza apenas características como entrada;	63
Figura 10 – Exemplo de codificação representada por um indivíduo. O indivíduo é composto pelas duas partes (vermelho e verde) no AG.	65
Figura 11 – Divisão da base de dados.	67
Figura 12 – Fluxograma simplificado do AG utilizado para seleção de características e seleção dos hiper-parâmetros do modelo CNN - LSTM.	68
Figura 13 – Tipos de mutações utilizadas no Algoritmo Genético.	70
Figura 14 – Exemplo do crossover de dois pontos.	70
Figura 15 – Resultados percentuais obtidos para o conjunto de teste no experimento da divisão da base de dados em 80% para treinamento e 20% para teste utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente.	79
Figura 16 – Resultado em cada fold da validação cruzada utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente. (a) Acurácia; (b) F1 score (macro); (c) Precisão; (d) Recall.	80
Figura 17 – Eletrodos selecionados sete ou mais vezes dentre as 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente.	82

Figura 18 – Resultados percentuais obtidos para o conjunto de teste no experimento da divisão da base de dados 80% para treinamento e 20% para teste utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma.	87
Figura 19 – Resultado em cada fold da validação cruzada estratificada utilizando a base de dados do Coma para a predição do etiologia do coma. (a) Acurácia; (b) F1 score (macro); (c) F1 score (weighted); (d) Precisão; (e) Recall.	88
Figura 20 – Eletrodos selecionados sete ou mais vezes dentre as 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma.	89
Figura 21 – Resultados percentuais obtidos para o conjunto de teste no experimento da divisão da base de dados 80% para treinamento e 20% para teste utilizando a base de dados do Avidente Vascular Cerebral.	94
Figura 22 – Resultado em cada fold da validação cruzada utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. (a) Acurácia; (b) F1 score (macro); (c) Especificidade; (d) Recall.	97
Figura 23 – Eletrodos selecionados sete ou mais vezes dentre as 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral.	98
Figura 24 – Representação gráfica do modelo híbrido CNN - LSTM selecionado na melhor execução do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente.	136
Figura 25 – Características selecionadas em cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente. São apresentadas as características extraídas dos canais FP1, FP2, F7, F3, FZ, F4, F8, T3, C3 e CZ.	138
Figura 26 – Características selecionadas em cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente. São apresentadas as características extraídas dos canais C4, T4, T5, P3, PZ, P4, T6, O1, OZ e O2.	139
Figura 27 – Características selecionadas em cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente. São apresentadas as características do pacientes.	140
Figura 28 – Representação gráfica do modelo híbrido CNN - LSTM selecionado na melhor execução do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma.	146

Figura 29 – Características selecionadas em cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma. São apresentadas as características extraídas dos canais FP1, FP2, F7, F3, FZ, F4, F8, T3, C3 e CZ.	148
Figura 30 – Características selecionadas em cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma. São apresentadas as características extraídas dos canais C4, T4, T5, P3, PZ, P4, T6, O1, OZ e O2.	149
Figura 31 – Características selecionadas em cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma. São apresentadas as características do pacientes.	150
Figura 32 – Representação gráfica do modelo híbrido CNN - LSTM selecionado na melhor execução do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral.	158
Figura 33 – Características selecionadas em cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. São apresentadas as características relacionadas a densidade espectral na faixa de frequência (0 Hz a 9.8 Hz) extraídas do somatório de todos os canais de EEG.	160
Figura 34 – Características selecionadas em cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. São apresentadas as características relacionadas a densidade espectral na faixa de frequência (10 Hz a 19.8 Hz) extraídas do somatório de todos os canais de EEG.	161
Figura 35 – Características selecionadas em cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. São apresentadas as características relacionadas a densidade espectral na faixa de frequência (20 Hz a 29.8 Hz) extraídas do somatório de todos os canais de EEG.	162
Figura 36 – Características selecionadas em cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. São apresentadas as características extraídas dos canais F3, FC3, C3, CP3, P3, FCz, CPz, F4, FC4, C4, CP4 e P4.	163

Lista de Tabelas

Tabela 1	– Quantidade de pacientes de acordo com a etiologia do coma e para cada desfecho.	56
Tabela 2	– Codificação do AG. Lista de parâmetros que poderiam ser utilizados em cada posição da codificação representada por cada indivíduo. . . .	66
Tabela 3	– Matriz de confusão genérica para duas classes.	71
Tabela 4	– Resultados obtidos pelos diferentes modelos para a predição do desfecho de cada paciente utilizando a base de dados do Coma. Os resultados apresentados são para o conjunto de teste nos experimentos utilizando a divisão da base de dados em 80% para treinamento e 20% para teste, bem como a média e o desvio padrão dos resultados obtidos na validação cruzada do tipo 5-folds. Os resultados do melhor modelo estão destacados em negrito.	76
Tabela 5	– Comparação dos resultados obtidos pelos diferentes modelos, bem como pelo melhor modelo encontrado pelo Algoritmo Genético e a média obtida para todas as 10 execuções, utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente. São apresentados os resultados para o conjunto de teste nos experimentos utilizando a divisão da base de dados em 80% para treinamento e 20% para teste e também a média e o desvio padrão dos resultados obtidos na validação cruzada do tipo 5-folds. Os resultados do melhor modelo estão destacados em negrito.	78
Tabela 6	– Características selecionadas sete ou mais vezes dentre as 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente.	81
Tabela 7	– Conjunto de dados referentes a etiologia do coma. O respectivo número de pacientes para cada etiologia é indicado por N . As etiologias foram agrupadas em 4 categorias (rótulos) para classificação.	82
Tabela 8	– Resultados obtidos pelos diferentes modelos para a predição da etiologia do coma utilizando a base de dados do Coma. Os resultados são apresentados para o conjunto de teste nos experimentos utilizando a divisão da base de dados em 80% para treinamento e 20% para teste, bem como a média e o desvio padrão dos resultados obtidos na validação cruzada estratificada do tipo 5-folds. Os resultados do melhor modelo estão destacados em negrito.	84

Tabela 9 – Comparação dos resultados obtidos pelos diferentes modelos, bem como pelo melhor modelo encontrado pelo Algoritmo Genético e a média obtida para todas as 10 execuções, utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma. São apresentados os resultados para o conjunto de teste nos experimentos utilizando a divisão da base de dados em 80% para treinamento e 20% para teste e também a média e o desvio padrão dos resultados obtidos na validação cruzada estratificada do tipo 5-folds. Os resultados do melhor modelo estão destacados em negrito.	86
Tabela 10 – Características selecionadas sete ou mais vezes dentre as 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma.	89
Tabela 11 – Resultados obtidos pelos diferentes modelos, bem como pelo melhor modelo encontrado pelo Algoritmo Genético, utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. Os resultados apresentados são para o conjunto de teste nos experimentos utilizando a divisão da base de dados em 80% para treinamento e 20% para teste. A média dos resultados do melhor modelo estão destacados em negrito.	93
Tabela 12 – Média dos resultados obtidos para todas as 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. Os resultados apresentados são para o conjunto de teste nos experimentos utilizando a divisão da base de dados em 80% para treinamento e 20% para teste.	93
Tabela 13 – Resultados obtidos pelos diferentes modelos, bem como pelo melhor modelo encontrado pelo Algoritmo Genético, utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. Os resultados apresentados são para a validação cruzada do tipo 5-folds. A média dos resultados do melhor modelo estão destacados em negrito. (Acc = Acurácia; F1 = F1 score (macro))	95
Tabela 14 – Média dos resultados obtidos para todas as 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. Os resultados apresentados são para a validação cruzada do tipo 5-folds. (Acc = Acurácia; F1 = F1 score (macro))	96
Tabela 15 – Características selecionadas sete ou mais vezes dentre as 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral.	99

Tabela 16 – Comparação dos resultados obtidos pelos modelos propostos neste trabalho, bem como pelo melhor modelo encontrado pelo Algoritmo Genético e os três melhores algoritmos do <i>Brain Computer Interfaces Challenge WCCI 2020 Glasgow</i> , utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. Os resultados apresentados são para o conjunto de teste nos experimentos utilizando a divisão da base de dados em 80% para treinamento e 20% para teste.	109
Tabela 17 – Características extraídas da base de dados de pacientes em Coma.	121
Tabela 18 – Características extraídas da base de dados de pacientes que sofreram Acidente Vascular Cerebral.	123
Tabela 19 – Arquitetura do modelo CNN - LSTM proposto.	128
Tabela 20 – Arquitetura do modelo <i>Multilayer Perceptron</i>	128
Tabela 21 – Parâmetros de treinamento dos modelos quando utilizado a base de dados do Coma.	129
Tabela 22 – Parâmetros de treinamento dos modelos quando utilizado a base de dados do Acidente Vascular Cerebral.	129
Tabela 23 – Resultados dos melhores indivíduos de cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando diferentes sementes pseudo-aleatórias na base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente. Os resultados apresentados são para o conjunto de teste nos experimentos utilizando a divisão da base de dados em 80% para treinamento e 20% para teste, bem como a média e o desvio padrão dos resultados obtidos na validação cruzada do tipo 5-folds. A melhor execução está destacada em negrito e a pior execução em itálico.	132
Tabela 24 – Tempo médio de execução de cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente.	133
Tabela 25 – Arquitetura do modelo selecionado na melhor execução do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente.	134
Tabela 26 – Parâmetros de treinamento do modelo selecionado na melhor execução do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente.	135

Tabela 27 – Resultados dos melhores indivíduos de cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando diferentes sementes pseudo-aleatórias na base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma. Os resultados são para o conjunto de teste nos experimentos com divisão da base em 80% para treinamento e 20% para teste, além da média e desvio padrão dos resultados obtidos na validação cruzada estratificada do tipo 5-folds. A melhor execução está destacada em **negrito** e a pior execução em *itálico*. 142

Tabela 28 – Tempo médio de execução de cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma. 143

Tabela 29 – Arquitetura do modelo selecionado na melhor execução do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma. 144

Tabela 30 – Parâmetros de treinamento do modelo selecionado na melhor execução do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma. 145

Tabela 31 – Resultados dos melhores indivíduos das execuções 1, 2, 3 e 4 do Algoritmo Genético utilizando diferentes sementes pseudo-aleatórias para a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. Os resultados apresentados são para a validação cruzada do tipo 5-folds. (Acc = Acurácia; F1 = F1 score (macro)) 152

Tabela 32 – Resultados dos melhores indivíduos das execuções 5, 6, 7 e 8 do Algoritmo Genético utilizando diferentes sementes pseudo-aleatórias para a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. Os resultados apresentados são para a validação cruzada do tipo 5-folds. A média dos resultados do pior modelo entre as 10 execuções estão destacados em *itálico*. (Acc = Acurácia; F1 = F1 score (macro)) 153

Tabela 33 – Resultados dos melhores indivíduos das execuções 9, 10 e a média de todas as execuções do Algoritmo Genético utilizando diferentes sementes pseudo-aleatórias para a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. Os resultados apresentados são para a validação cruzada do tipo 5-folds. A média dos resultados do melhor modelo entre as 10 execuções estão destacados em **negrito**. (Acc = Acurácia; F1 = F1 score (macro)) 154

Tabela 34 – Tempo médio de execução de cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. . . 155

Tabela 35 – Arquitetura do modelo selecionado na melhor execução do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. . . 156

Tabela 36 – Parâmetros de treinamento do modelo selecionado na melhor execução do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral.	157
--	-----

Lista de abreviaturas e siglas

AG	Algoritmo Genético
AVC	Acidente Vascular Cerebral
BCI	Brain Computer Interface
CNN	Convolutional Neural Network
EEG	Eletroencefalograma
IA	Inteligência Artificial
LSTM	Long Short-Term Memory
MLP	Multilayer Perceptron
PSD	Power Spectral Density
<i>ReLU</i>	Rectified Linear Unit
RNA	Redes Neurais Artificiais
RNN	Recurrent Neural Network
<i>Sigmoid</i>	Função sigmoide
<i>Softmax</i>	Função softmax
Tanh	Tangente hiperbólica
UTI	Unidade de Terapia Intensiva
WCCI	World Congress on Computational Intelligence

Sumário

1	INTRODUÇÃO	35
1.1	Revisão Bibliográfica	36
1.1.1	Diagnóstico de doenças neurológicas utilizando o exame de Eletroencefalograma (EEG)	36
1.1.2	Coma	40
1.1.3	Acidente Vascular Cerebral (AVC)	42
1.2	Objetivos	43
1.3	Organização do Trabalho	44
2	REFERENCIAL TEÓRICO	45
2.1	Eletroencefalografia (EEG)	45
2.2	Aprendizado Profundo (<i>Deep Learning</i>)	46
2.3	Redes Neurais Convolucionais	48
2.4	Redes Neurais Recorrentes	50
2.5	<i>Long Short-Term Memory</i> - LSTM	51
2.6	CNN - RNN	53
2.7	Algoritmo Genético	53
3	MATERIAIS E MÉTODOS	55
3.1	Base de Dados	55
3.1.1	Coma	55
3.1.1.1	Pré-processamento	57
3.1.1.2	Características clínicas do paciente e extraídas dos sinais de EEG	57
3.1.2	Acidente Vascular Cerebral	58
3.1.2.1	Pré-processamento	60
3.1.2.2	Características extraídas dos sinais de EEG	60
3.2	Sistema de Auxílio Médico Baseado em Algoritmos Genéticos e Redes Neurais Recorrentes do tipo LSTM	62
3.2.1	Modelo híbrido CNN - LSTM proposto	62
3.2.2	Algoritmo Genético	64
3.2.2.1	Mutação	68
3.2.2.2	Crossover	69
3.3	Forma de Análise dos Resultados	71
4	RESULTADOS	73
4.1	Coma	73

4.1.1	Desfecho	74
4.1.1.1	Otimização pelo Algoritmo Genético	77
4.1.1.2	Características selecionadas pelo Algoritmo Genético	80
4.1.2	Etiologia	82
4.1.2.1	Otimização pelo Algoritmo Genético	85
4.1.2.2	Características selecionadas pelo Algoritmo Genético	88
4.2	Acidente Vascular Cerebral	89
4.2.1	Características selecionadas pelo Algoritmo Genético	97
5	DISCUSSÃO	101
5.1	Desfecho do Coma	101
5.2	Etiologia do Coma	104
5.3	Acidente Vascular Cerebral	106
6	CONCLUSÃO	111
	Referências Bibliográficas	113

APÊNDICES **119**

APÊNDICE A	–	CARACTERÍSTICAS EXTRAÍDAS DA BASE DE DADOS DE PACIENTES EM COMA	121
APÊNDICE B	–	CARACTERÍSTICAS EXTRAÍDAS DA BASE DE DADOS DE PACIENTES QUE SOFRERAM ACIDENTE VASCULAR CEREBRAL	123
APÊNDICE C	–	ARQUITETURA E HIPER-PARÂMETROS DOS MODELOS PROPOSTOS	127
APÊNDICE D	–	RESULTADOS DO ALGORITMO GENÉTICO UTILIZANDO A BASE DE DADOS DO COMA PARA A PREDIÇÃO DO DESFECHO DE CADA PACIENTE	131
APÊNDICE E	–	RESULTADOS DO ALGORITMO GENÉTICO UTILIZANDO A BASE DE DADOS DO COMA PARA A PREDIÇÃO DA ETIOLOGIA DO COMA DE CADA PACIENTE	141

APÊNDICE F	–	RESULTADOS DO ALGORITMO GENÉTICO UTILIZANDO A BASE DE DADOS DO ACI- DENTE VASCULAR CEREBRAL	151
------------	---	---	-----

Introdução

Uma das ferramentas utilizadas por especialistas para diagnóstico e avaliação de doenças neurológicas é o exame de Eletroencefalograma (EEG) (SOUFINEYESTANI; DOWLING; KHAN, 2020). A eletroencefalografia é uma técnica de monitoramento eletrofisiológico que permite registrar a atividade elétrica cerebral (MÜLLER-PUTZ, 2020). O exame é frequentemente utilizado para o diagnóstico de doenças como a Epilepsia (NOACHTAR; RÉMI, 2009). Além disso, também é utilizado, entre outros, para diagnosticar distúrbios do sono, coma e a morte cerebral (CHIAPPA; HILL, 1998), (GUÉRIT, 1999), (KUMAR, 2008). O EEG é ainda uma das principais ferramentas para auxílio ao diagnóstico de Acidente Vascular Cerebral (AVC) (JORDAN, 2004).

A análise visual de exames de EEG é uma tarefa muitas vezes difícil e consome muito tempo de médicos neurologistas. Além disso, requer profissionais extremamente qualificados (RAO, 2013). A análise automática de exames de EEG através de algoritmos computacionais pode auxiliar médicos especialistas no diagnóstico mais preciso de doenças neurológicas (GEVINS et al., 1975). Nos últimos anos, o avanço de métodos de Aprendizado de Máquina possibilitou melhorar significativamente a análise e o diagnóstico automático de doenças neurológicas a partir de exames de EEG (LEHMANN et al., 2007), (GÜNEŞ; POLAT; YOSUNKAYA, 2010), (TRAMBAIOLLI et al., 2011).

As Redes Neurais Artificiais (RNAs) têm se mostrado uma técnica promissora da aplicação de Inteligência Artificial (IA) em assistência médica (DURSTEWITZ; KOPPE; MEYER-LINDENBERG, 2019). O Aprendizado de Máquina, um subconjunto da IA, e o Aprendizado Profundo (*Deep Learning*), um subconjunto do Aprendizado de Máquina, estão sendo cada vez mais utilizados na pesquisa clínica (ROY et al., 2019).

Neste projeto, um modelo de Aprendizado Profundo baseado em Redes Neurais Recorrentes (*Recurrent Neural Networks* - RNNs) é proposto para auxílio à análise de sinais de EEG. Dentre as aplicações médicas, estamos particularmente interessados naquelas referentes à identificação de preditores de risco e desenlace de tratamentos associados ao AVC e Coma. As RNNs são um tipo de RNA construída seguindo uma estrutura em ca-

deia e contendo loops. Como consequência, a RNA passa a possuir uma memória interna, o que permite processar informações temporais de forma mais eficiente (JOZEFOWICZ; ZAREMBA; SUTSKEVER, 2015). As RNNs são bastante interessantes em tarefas que envolvem séries temporais, como aquelas produzidas em exames EEG.

Apesar do bom desempenho em problemas envolvendo entradas sequenciais, as RNNs tradicionais, como as Redes de Elman (HAYKIN, 2001), possuem capacidade limitada em processar informações de longo prazo. Recentemente, redes do tipo Memória de Longo e Curto Prazo (*Long Short-Term Memory* - LSTM) foram propostas para superar esta limitação (HOCHREITER; SCHMIDHUBER, 1997). Redes LSTMs têm apresentado excelentes resultados na análise de séries temporais, incluindo problemas da área médica, como, por exemplo, na classificação de sinais de EEG (FRAIWAN; ALKHODARI, 2020), (THODUPARAMBIL; DOMINIC; VARGHESE, 2020). Por outro lado, redes LSTM têm sido aplicadas também em problemas relacionados a doenças cardiovasculares (PARK; HAN; CHOI, 2018), (LV et al., 2020), (MAHESHWARI et al., 2020).

1.1 Revisão Bibliográfica

1.1.1 Diagnóstico de doenças neurológicas utilizando o exame de Eletroencefalograma (EEG)

A eletroencefalografia é uma técnica de monitoramento eletrofisiológico que permite registrar a atividade elétrica cerebral via eletrodos colocados sobre o couro cabeludo. A atividade elétrica registrada é a soma de potenciais de ação pós-sinápticos, inibitórios ou excitatórios, de grupos de neurônios localizados no córtex cerebral (MÜLLER-PUTZ, 2020). O exame de EEG é realizado através da utilização de um capacete ou de uma touca equipados com eletrodos que são colocados sobre o crânio do paciente (SOUFINEYES-TANI; DOWLING; KHAN, 2020). A organização espacial dos eletrodos e a nomenclatura utilizada segue na maioria dos casos o sistema internacional 10-20 (KLEM et al., 1999).

Movimentos da língua, dos olhos, músculos e coração são atividades que interferem na análise de exames de EEG e muitas vezes são registrados juntamente com a atividade elétrica cerebral. Esses registros afetam a visualização do padrão elétrico normal gerado pelo cérebro e são conhecidos como artefatos (DELORME; SEJNOWSKI; MA-KEIG, 2007). A análise de exames de EEG requer profissionais altamente especializados capazes de distinguir os artefatos registrados. Muitas vezes, algumas alterações causadas por esses fatores podem interferir no diagnóstico médico preciso e na identificação dos padrões elétricos normais ou anormais gerados pelo cérebro (RAO, 2013).

Através da análise de um exame de EEG é possível monitorar e diagnosticar doenças neurológicas como Alzheimer, Doença de Parkinson, Epilepsia e distúrbios do sono (MELISSANT et al., 2005), (KLASSEN et al., 2011), (ACHARYA et al., 2013), (SIDDIQUI; SRIVASTAVA; SAEED, 2016). O EEG também é utilizado no manejo clínico e monitoramento de pacientes que tenham sofrido Acidente Vascular Cerebral (AVC) (JORDAN, 2004). O exame é capaz de indicar padrões normais ou anormais gerados pelo cérebro, fazendo com que seja possível identificar atividade cerebral ocasionada por algumas doenças neurológicas; porém, muitas vezes, esta pode ser uma tarefa difícil para técnicas de Aprendizado de Máquina tradicionais.

Na literatura são citados diversos trabalhos utilizando métodos de Aprendizado de Máquina para análise e classificação de sinais de EEG para auxílio ao diagnóstico médico (LEHMANN et al., 2007), (SHOEB; GUTTAG, 2010), (QURESHI et al., 2018). O desenvolvimento de métodos de Aprendizado de Máquina, juntamente com algoritmos de extração de características/atributos dos sinais, possibilitou melhorias significativas na análise e no diagnóstico automático de doenças neurológicas.

Lehmann et al. (2007) utilizaram diversos algoritmos de classificação como Análise Discriminante Linear, Regressão Logística, *Bagging*, Floresta Aleatória, Máquina de Vetores de Suporte (*Support Vectors Machine* — SVM) e RNAs, para classificar exames de EEG de pacientes com dois graus de Alzheimer, leve ou moderado, em relação a um grupo controle de pacientes saudáveis. Para os algoritmos como Análise Discriminante Linear e Regressão Logística, os pesquisadores utilizaram algoritmos de redução de dimensionalidade como Análise de Componentes Principais (*Principal Component Analysis* - PCA) e Regressão por Mínimos Quadrados Parciais (*Partial Least Squares* - PLS) para reduzir o número de atributos utilizados como entrada. A partir de um pré-processamento dos sinais, foram extraídas características diversas dos sinais de EEG, e.g. variância na amplitude dos sinais, características relacionadas à análise dos espectros de frequência, medidas referentes à distribuição dos eletrodos no couro cabeludo e medidas relacionadas à sincronização entre os sinais captados por diferentes eletrodos. Esses atributos foram então utilizados como entradas para os classificadores. Utilizando Floresta Aleatória foi obtida uma sensibilidade de 85% e uma especificidade de 78% na classificação de exames de EEG de pacientes com grau leve de Alzheimer em relação a pacientes saudáveis. Por outro lado, utilizando SVM e RNA, os pesquisadores obtiveram uma sensibilidade de 89% e uma especificidade de 88% na classificação de exames de EEG de pacientes com grau moderado de Alzheimer em relação a pacientes saudáveis.

Shoeb e Guttag (2010) propuseram uma SVM como método de classificação para a detecção do início de uma crise convulsiva de pacientes pediátricos diagnosticados com epilepsia. A partir de um pré-processamento dos sinais, foram extraídas características dos sinais de EEG, e.g. potencial espectral e medidas relacionadas à localização espacial

dos eletrodos no couro cabeludo dos pacientes. Essas características foram então utilizadas para o treinamento de uma SVM específica para cada paciente. O classificador obteve uma acurácia média de 96% na detecção do início de uma crise convulsiva e com uma média de atraso de 3s em relação à detecção do início de uma convulsão por um médico especialista. Além disso, o classificador obteve uma taxa média de falsa detecção de somente 2 crises em um período de 24h.

Qureshi et al. (2018) compararam a eficiência de três modelos de Aprendizado de Máquina para a classificação de exames de EEG de pacientes com AVC isquêmico. Os pesquisadores extraíram características relacionadas ao domínio do tempo e da frequência dos sinais de EEG para serem utilizadas como entradas para os classificadores. Utilizando uma RNA para a classificação, foi obtida uma acurácia de 87.20% na classificação de exames de EEG de pacientes com AVC isquêmico e pacientes saudáveis. Já na utilização de um algoritmo Extra-Tree, foi obtida uma acurácia de 93.60%. Por outro lado, utilizando uma Árvore de Decisão, os pesquisadores conseguiram obter uma acurácia de 95.90%.

Apesar do bom desempenho obtido pelos métodos tradicionais de Aprendizado de Máquina na classificação de sinais de EEG, um dos problemas enfrentados é a necessidade de extração de características para serem utilizadas como entradas para os algoritmos de classificação. Um fator importante na utilização de métodos de Aprendizado de Máquina é descobrir quais atributos são necessários para fazer com que os algoritmos sejam capazes de classificar eficientemente os exames de EEG (SHOEB; GUTTAG, 2010), (QURESHI et al., 2018).

Os métodos de extração de características manuais podem não ter a precisão necessária devido à natureza variável das gravações dos sinais de EEG. Portanto, algoritmos de Aprendizado Profundo (*Deep Learning*) são implementados para superar esse problema. Esses tipos de algoritmos são capazes de aprender as características dos sinais de EEG diretamente de dados brutos gravados (AY et al., 2019), (LEE; HUSSEIN; MCKEOWN, 2019), (XU et al., 2020). Atualmente, o Aprendizado Profundo é aplicado com sucesso em diversos problemas, dentre eles o processamento de imagens médicas (SHEN; WU; SUK, 2017), (DEL-LAMA et al., 2022).

Em aplicações de modelos de Aprendizado Profundo em problemas envolvendo sinais, destaca-se o uso de algoritmos que são construídos utilizando modelos de Redes Neurais Convolucionais (*Convolutional Neural Networks* - CNNs) e Redes Neurais Recorrentes (*Recurrent Neural Networks* - RNNs) (AY et al., 2019), (LEE; HUSSEIN; MCKEOWN, 2019), (XU et al., 2020). Dentre os modelos de RNNs, as do tipo LSTM têm se mostrado promissoras para o processamento de informações temporais em problemas diversos da área médica. Diferente das RNNs tradicionais, as redes LSTM possuem capacidade de processar informações de longo prazo de maneira eficiente (HOCHREITER, 1998).

Xu et al. (2020) desenvolveram um modelo de Aprendizado Profundo composto

por redes CNN e LSTM para a classificação de sinais de EEG. Os pesquisadores utilizaram uma base de dados pública composta de cinco tipos de registros de EEG: i) registro de pacientes saudáveis com os olhos abertos; ii) pacientes saudáveis com os olhos fechados; iii) registro de EEG do hemisfério oposto do cérebro de onde está localizado a região geradora de crise convulsiva; iv) registro da área geradora de crise convulsiva, porém sem a ocorrência de convulsão; v) registro de atividade convulsiva. Utilizando os sinais como entrada para o modelo, a CNN é responsável por extrair um mapa de característica que represente os sinais de EEG. Logo depois, o mapa de características gerado pela CNN é utilizado como entrada para uma LSTM para que os padrões temporais dos dados sejam aprendidos pelo modelo. Por fim, camadas totalmente conectadas são utilizadas para classificar os sinais. Duas classificações foram propostas, classificação binária, para classificar os dados em registro de atividade convulsiva ou não; e classificações multiclasse, para classificar cada tipo de sinal. Para a classificação binária o modelo obteve uma acurácia de 99,39%, enquanto para a classificação multiclasse foi obtida uma acurácia de 82,00%.

Ay et al. (2019) propuseram um modelo híbrido composto de CNN e LSTM, com uma arquitetura diferente, para a detecção de depressão a partir de sinais de EEG. Com uma base de dados composta de registros de EEG de cada um dos hemisférios cerebrais de 15 pacientes saudáveis e 15 pacientes com depressão, os pesquisadores utilizaram os sinais de EEG como entrada para o modelo com o objetivo de classificar os sinais de pacientes com depressão e saudáveis. Os experimentos indicaram que o algoritmo conseguiu uma acurácia de 99.12% para a classificação dos sinais referentes ao hemisfério direito do cérebro. Por outro lado, obtiveram uma acurácia de 97.66% na classificação para o hemisfério esquerdo.

Lee, Hussein e McKeown (2019) utilizaram um modelo CNN - LSTM no contexto da identificação de doença de Parkinson a partir dos sinais de EEG. Utilizando os sinais de EEG como entrada para o modelo, os pesquisadores obtiveram uma acurácia de 96.90%, uma precisão de 100% e uma revocação de 93.40% na classificação de sinais de EEG de pacientes saudáveis e pacientes com Parkinson.

Apesar de modelos de Aprendizado Profundo serem utilizados com eficiência em diversos problemas, pesquisadores se deparam com uma dificuldade: encontrar hiper-parâmetros ótimos que definem a arquitetura e o treinamento dos modelos para determinados problemas. Por exemplo, em (XU et al., 2020), os pesquisadores testaram diferentes valores para o número de neurônios da rede LSTM para encontrar o que resultasse em uma melhor performance do modelo. Já em (AY et al., 2019), os pesquisadores utilizaram o mesmo modelo CNN - LSTM proposto pelo grupo de pesquisa em trabalhos anteriores. Porém, para a definição da melhor arquitetura do modelo foi utilizada a força bruta, isto é, por meio do monitoramento das curvas de treinamento e validação do modelo testou-se

a melhor arquitetura entre um conjunto pré-definido. O desempenho de RNAs, principalmente aquelas condizentes com o paradigma de Aprendizado Profundo, é altamente dependente das arquiteturas e configurações de outros hiper-parâmetros, e ajustá-los manualmente costuma ser uma tarefa difícil. Nesse sentido, Algoritmos Genéticos (AGs) (EIBEN; SMITH, 2003) têm sido utilizados para otimizar arquiteturas e outros hiper-parâmetros de RNAs (SZEMI; SZEMI, 2019), (NIKBAKHT; ANITESCU; RABCZUK, 2021), (DEL-LAMA et al., 2022).

De acordo com nosso conhecimento, trabalhos envolvendo o uso de algoritmos de Aprendizado Profundo, composto por redes LSTMs na análise de sinais de EEG, não utilizam informações médicas adicionais para a tomada de decisão. Entretanto, tais informações são geralmente utilizadas por especialistas da saúde quando EEGs são analisados. Por exemplo, para o especialista da saúde, informações sobre a idade e histórico relacionado ao AVC são importantes para a previsão de desenlace do tratamento do paciente. Ao utilizar outras características médicas (preditores) como informações adicionais para a tomada de decisão, outro problema surge: determinar quais características são mais importantes para o classificador. AGs também têm sido empregados nesta importante tarefa de Aprendizado de Máquina (XUE et al., 2016). Na abordagem *wrapper*, cada indivíduo do AG representa um subconjunto de características; o cromossomo é binário, onde cada elemento indica a presença (1) ou ausência (0) de uma característica.

Em (DEL-LAMA et al., 2022), os problemas de combinar informações de fontes heterogêneas, otimizar hiper-parâmetros e selecionar características relevantes foram tratados no contexto de imagens médicas. Em particular, imagens de ressonância magnética de corpos vertebrais com fratura. Para classificar as imagens foi proposto um método híbrido baseado em CNNs que utiliza características de três fontes diferentes: i) camadas intermediárias de CNNs; ii) radiômica; iii) informações adicionais clínicas e de histograma de imagem. No método híbrido, as características externas são inseridas como entradas adicionais à primeira camada densa de uma CNN. Um AG é usado para: i) selecionar um subconjunto de características radiômicas, clínicas e de histograma relevantes para a classificação das imagens; ii) selecionar hiper-parâmetros da CNN. Experimentos com diferentes modelos indicaram que combinar informações é interessante para melhorar o desempenho do classificador.

1.1.2 Coma

O coma pode ser definido como um estado de consciência prejudicada que pode variar de confusão a total falta de resposta. Um paciente em estado de coma não consegue ser desperto mesmo com estímulos dolorosos, sonoros ou visuais. O coma pode ser causado por diferentes condições de saúde, como, por exemplo, lesões que atingem diretamente o

cérebro, Acidente Vascular Cerebral, tumor cerebral, intoxicação por drogas ou álcool e infecções cerebrais (YOUNG, 2009).

Às vezes, os pacientes são internados na Unidade de Terapia Intensiva (UTI) sem que a causa do coma seja conhecida. Conhecer a etiologia do coma é muito importante para o prognóstico e tratamento. No entanto, médicos em unidades de saúde remotas e com recursos limitados podem ter dificuldades em detectar a causa do coma devido a limitações de equipamentos e recursos. Além disso, prever o desfecho do paciente em coma é fundamental para as tomadas de decisões clínicas e intervenções oportunas. A identificação precoce e confiável de pacientes sem possibilidade de recuperação do coma ou com risco de desenvolver deficiências neurológicas graves é de extrema importância para auxiliar na escolha adequada de tratamentos de suporte à vida (SANDRONI et al., 2014).

O diagnóstico de um paciente em estado de coma é feito por diferentes tipos de exames, como, por exemplo, exames físicos e de sangue, Ressonância Magnética, Tomografia Computadorizada e Eletroencefalograma (TRAUB; WIJDICKS, 2016). A eletroencefalografia é uma ferramenta útil e barata na avaliação de pacientes em coma (ARDESHNA, 2016). Embora clinicamente o coma possa se assemelhar ao estado de sono normal, os padrões encontrados nos sinais de EEG são diferentes e suficientes para permitir uma distinção entre os dois estados. Alterações nos padrões de EEG podem indicar aprofundamento ou alívio do coma, outros são significativos para definir um prognóstico favorável ou ruim (ZHENG et al., 2022).

RNAs têm sido aplicadas na predição do prognóstico de pacientes em coma. Em (AELLEN et al., 2023) Redes Neurais Convolucionais foram utilizadas para prever o desfecho de pacientes em estado de coma após sofrerem parada cardíaca. Utilizando os sinais de EEG obtidos enquanto estímulos sonoros eram produzidos no primeiro dia de internação de pacientes comatosos, os pesquisadores utilizaram uma CNN para prever o desfecho dos pacientes em um período de 3 meses. O uso de CNNs resultou em um desempenho preditivo significativo para o despertar do paciente, com valores médios de 0.83 ± 0.04 e 0.81 ± 0.06 para pacientes submetidos a hipotermia terapêutica e normotermia, respectivamente.

Pham et al. (2022) compararam a eficiência de três modelos de Aprendizado de Máquina (Floresta Aleatória, Regressão Logística e um modelo de Aprendizado Profundo baseado em Redes Neurais Convolucionais), para a predição da condição neurológica de pacientes em coma após sofrerem parada cardíaca. Os modelos foram utilizados para prever a recuperação funcional neurológica após 6 meses da parada cardíaca. A classificação da função neurológica é expressa como uma pontuação na escala de Categoria de Desempenho Cerebral (*Cerebral Performance Category* - CPC). A escala foi transformada como “bom” (valores de CPC de 1–2, correspondentes a nenhum comprometimento neurológico

ou comprometimento neurológico leve) ou “ruim” (valores de CPC de 3–5, correspondentes a comprometimento neurológico grave, estado vegetativo ou morte). Para os modelos como Floresta Aleatória e Regressão Logística, características dos sinais de EEG foram extraídas para serem utilizadas como entradas. Por outro lado, a CNN utilizou somente os sinais de EEG como entrada para a classificação, evitando a necessidade de extração de características. O modelo de aprendizado profundo superou a Floresta Aleatória e Regressão Logística para a previsão da condição neurológica de pacientes em coma após parada cardíaca.

1.1.3 Acidente Vascular Cerebral (AVC)

O Acidente Vascular Cerebral é uma das condições neurológicas mais prevalentes em todo o mundo e ocorre especialmente entre os idosos (VIRANI et al., 2021). A doença afeta os vasos que transportam o sangue para/e dentro do cérebro. Um AVC ocorre quando um vaso sanguíneo que transporta oxigênio e nutrientes para o cérebro fica bloqueado ou rompido, fazendo com que parte do cérebro não consiga receber sangue e oxigênio suficiente para manter o seu funcionamento adequado (GIRI et al., 2016).

Existem dois tipos principais de Acidente Vascular Cerebral: i) Acidente Vascular Cerebral Isquêmico: é o tipo mais comum e ocorre quando há obstrução de uma artéria, impedindo a passagem de oxigênio para células cerebrais que acabam morrendo. Essa obstrução pode acontecer devido a um trombo (trombose) ou a um êmbolo (embolia); ii) Acidente Vascular Cerebral Hemorrágico: ocorre quando há rompimento de um vaso cerebral, provocando hemorragia. Esta hemorragia pode acontecer dentro do tecido cerebral ou na superfície entre o cérebro e a meninge (CHANTAMIT-O-PAS; GOYAL, 2018).

O diagnóstico do AVC pode ser feito por diferentes exames como, por exemplo, Tomografia Computadorizada, Ressonância Magnética, Eletroencefalograma e Eletromiografia. Além de ser utilizado para auxílio ao diagnóstico de AVC, o EEG por ser um instrumento de baixo custo e fácil acesso, pode ser usado por médicos neurologistas como ferramenta para monitoramento da função cerebral durante a reabilitação de pacientes (DJAMAL et al., 2020).

O AVC pode causar uma variedade de sequelas, porém, o tipo de complicação depende de vários fatores, principalmente a localização da obstrução e quanto o tecido cerebral é afetado (CHANTAMIT-O-PAS; GOYAL, 2018). As principais sequelas são: deficiência motora, dor, fadiga, incontinência urinária ou intestinal e problemas e dificuldade de compreensão. O tratamento pós-AVC é baseado na plasticidade fisiológica e anatômica que ocorre no cérebro, desse modo, um dos melhores tratamentos é a combinação de tarefas/treinamentos específicos (com terapia ocupacional) e exercícios aeróbicos gerais (DIMYAN; COHEN, 2011).

RNAs têm sido aplicadas para predição de Acidente Vascular Cerebral. Em (CHANTAMIT-O-PAS; GOYAL, 2018), uma rede LSTM é utilizada para prever o risco de ocorrência de AVC utilizando como entrada informações médicas armazenadas em Registros Eletrônicos de Saúde (*Electronic Health Record* - EHR). Utilizando os Registros Eletrônicos de Saúde de pacientes que sofreram AVC e que não tenham sofrido AVC para o treinamento da LSTM, os pesquisadores obtiveram resultados superiores na predição da ocorrência de AVC se comparado com outros modelos de RNAs.

Por outro lado, redes CNN e LSTM são aplicadas para classificação de sinais de EEG de pacientes que tenham sofrido AVC. Em (DJAMAL et al., 2020), pesquisadores utilizaram Transformadas Wavelet para extrair características dos sinais de EEG para serem utilizadas como entrada para uma CNN. Os pesquisadores testaram diferentes configurações das características de entrada para a CNN e diferentes hiper-parâmetros para o modelo. Com uma acurácia de 90%, a CNN foi capaz de diferenciar os sinais de EEG de pacientes saudáveis e com AVC.

Em (GUNTARI et al., 2020), pesquisadores utilizaram Algoritmos Genéticos e redes LSTM para classificação dos sinais de EEG. Características dos sinais foram extraídas utilizando Transformadas Wavelet. Depois, Algoritmos Genéticos foram utilizados para determinar qual a melhor configuração dos canais do exame de EEG. Utilizando uma LSTM para classificação, foi obtida uma acurácia de 90% na classificação de sinais de EEG entre paciente saudável, paciente com grau leve de AVC e paciente com grau moderado.

1.2 Objetivos

Nas seções anteriores, foram citadas algumas observações relevantes: i) a utilização de exames de EEG e Aprendizado de Máquina para auxílio ao diagnóstico e avaliação relacionados a diversas doenças neurológicas, incluindo na identificação de preditores de risco e desenlace de tratamentos associados ao Acidente Vascular Cerebral e de pacientes em Coma; ii) o bom desempenho de modelos de Aprendizado Profundo baseado em redes LSTM em problemas associados com séries temporais provenientes de dados médicos; iii) o não uso, por modelos de Aprendizado Profundo baseado em redes LSTM, de informações adicionais ao EEG, e.g. características clínicas relevantes para o diagnóstico e avaliação de doenças neurológicas; iv) a dificuldade de selecionar características (preditores) e otimizar hiper-parâmetros de modelos de Aprendizado Profundo.

Dadas estas observações, podemos então definir a hipótese deste trabalho de pesquisa:

HIPÓTESE: *“um classificador baseado em redes LSTM que combina o EEG e*

características clínicas relevantes, como o histórico de saúde do paciente, sexo e idade, terá, em geral, desempenho superior ao de outras técnicas computacionais atualmente utilizadas para a predição de desenlace em tratamentos associados ao Acidente Vascular Cerebral e de pacientes em Coma. A seleção de características (preditores) e a otimização dos hiper-parâmetros deverá ainda produzir um classificador com desempenho superior.”.

A seleção de características é importante para reduzir a dimensionalidade dos dados e para melhorar o desempenho de classificadores. Algoritmos Evolutivos têm recebido grande atenção de pesquisadores que investigam técnicas de seleção de características (XUE et al., 2016). A partir da hipótese, podemos formular o objetivo principal deste projeto:

OBJETIVO PRINCIPAL: *“Investigar: i) o uso, para a predição de desenlace em tratamentos associados ao Acidente Vascular Cerebral e de pacientes em Coma, de modelos de Aprendizado Profundo baseado em redes LSTM que utilizam como entrada o EEG e no qual características clínicas e/ou extraídas do EEG são inseridas em camadas intermediárias ou de saída da rede neural. ii) o uso de AGs para a seleção de características clínicas e extraídas do EEG, e para otimizar hiper-parâmetros do modelo de Aprendizado Profundo”.*

Vale ressaltar que a análise das características selecionadas pode trazer informações relevantes do ponto de vista médico para a predição de desenlace em tratamentos associados ao Acidente Vascular Cerebral e de pacientes em Coma. Assim, um objetivo secundário deste projeto é analisar as características selecionadas (preditores) em busca de informações relevantes que possam auxiliar a predição de desenlace em tratamentos associados ao Acidente Vascular Cerebral e de pacientes em Coma.

1.3 Organização do Trabalho

O trabalho está organizado em seis capítulos. O Capítulo 2 apresenta uma introdução sobre Eletroencefalografia, Aprendizado Profundo, Redes Neurais Convolucionais, Redes Neurais Recorrentes, Redes Neurais Recorrentes do tipo *Long Short-Term Memory* - LSTM e Algoritmos Genéticos. No Capítulo 3, são apresentadas as bases de dados utilizadas neste trabalho, bem como o modelo híbrido CNN-LSTM proposto e o Algoritmo Genético utilizado para a seleção de características e otimização de hiper-parâmetros. Já no Capítulo 4, são apresentados os resultados, seguidos pela Discussão no Capítulo 5. Por fim, a Conclusão é apresentada no Capítulo 6.

Referencial Teórico

2.1 Eletroencefalografia (EEG)

A eletroencefalografia é uma técnica de monitoramento eletrofisiológico que registra a atividade elétrica cerebral por meio de eletrodos sobre o couro cabeludo. A atividade elétrica registrada é caracterizada pela soma de potenciais de ação pós-sinápticos, inibitórios ou excitatórios, de milhares de neurônios localizados no córtex cerebral (MÜLLER-PUTZ, 2020). O sistema internacional 10-20 (KLEM et al., 1999) é frequentemente adotado para definir a distribuição dos eletrodos sobre o crânio do paciente. Reconhecido internacionalmente, o sistema é usado para descrever a localização dos eletrodos no couro cabeludo e garante que as distâncias entre os eletrodos sejam iguais. O sistema 10-20 é baseado no posicionamento de 21 eletrodos, considerando o tamanho do crânio do paciente e também as distâncias entre os pontos de captação. O nome de 10-20 foi adotado justamente por utilizar valores de distância que correspondem a 10% ou 20% da seção do crânio, medidos a partir de pontos de referência *nasion* e *inion* no plano medial e os pontos pré-auriculares no plano perpendicular ao crânio (DONDELINGER, 2009).

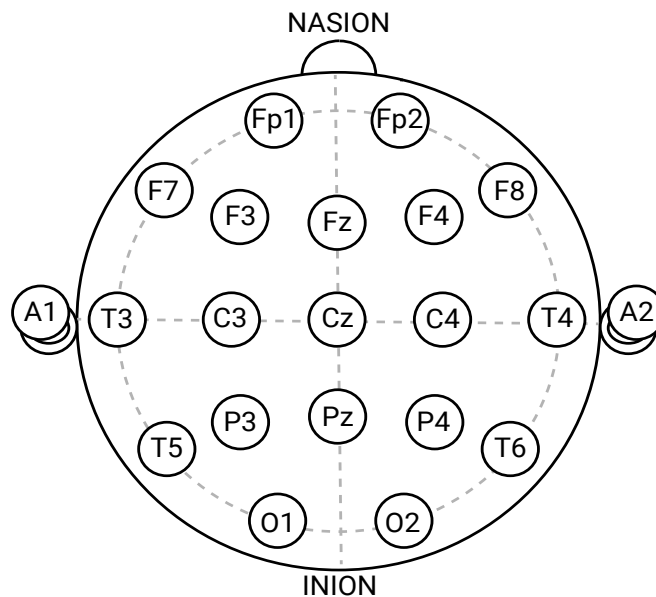
A nomenclatura adotada para descrever a posição dos eletrodos é mostrada na Figura 1. As seguintes regras são seguidas: i) a primeira letra se refere à área do cérebro que o eletrodo está posicionado: Fp = frontal polar, F = frontal, T = temporal, C = central, P = parietal e O = occipital. Os eletrodos localizados sobre a linha média são indexados pela letra “z”, de “zero”, e os localizados nas orelhas (Auriculares) tem a letra A como representação; ii) um número segue após a primeira letra. Os números ímpares indicam locais no hemisfério esquerdo e números pares indicam locais no hemisfério direito.

Um canal de EEG é formado pela diferença entre os potenciais medidos em dois eletrodos. Em um indivíduo saudável e em vigília, a amplitude pico a pico do sinal registrado por um canal é normalmente inferior a 75 mV. A maioria do sinal observado no couro cabeludo se origina de oscilações rítmicas com uma largura de banda de frequência

de 1 Hz a 40 Hz (MÜLLER-PUTZ, 2020). A ampla faixa de frequência é subdividida em faixas menores conhecidas como:

- delta (1 – 4 Hz): associada ao sono profundo e inconsciente em humanos saudáveis. O ritmo delta também está associado a estados neurais patológicos, como coma ou perda de consciência;
- teta (4 – 8 Hz): associada a estados específicos de sono, sonolência e meditação;
- alfa (8 – 13 Hz): associada a estados de vigília relaxados em adultos saudáveis;
- beta (13 – 30 Hz): associada a vários estados mentais, como concentração ativa, envolvimento em tarefas, excitação, ansiedade ou atenção;
- gama (> 30 Hz): associada a mecanismos de excitação e percepção.

Figura 1 – Sistema internacional 10-20 para descrever a nomenclatura e a posição dos eletrodos sobre o couro cabeludo.

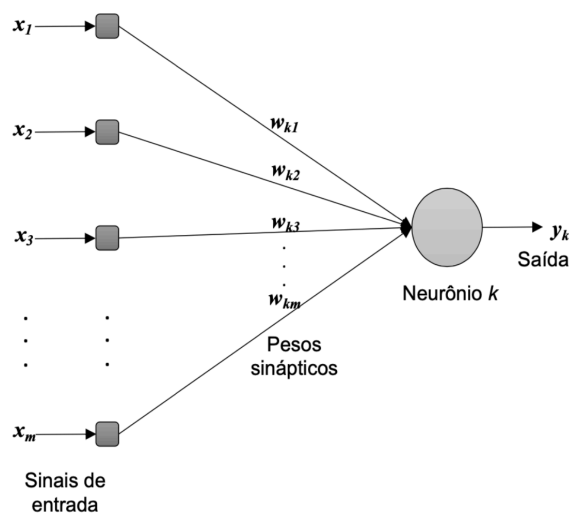


2.2 Aprendizado Profundo (*Deep Learning*)

As Redes Neurais Artificiais (RNAs) são modelos computacionais inspirados na estrutura e no funcionamento de redes neurais biológicas. As RNAs consistem em vários elementos de processamento interligados que recebem entradas e entregam saídas com base em suas funções de ativação predefinidas. Essa técnica tem sido amplamente utilizada em inúmeras aplicações, com destaque para aquelas que envolvem previsão de séries temporais, classificação e processamento de linguagem natural (LECUN; BENGIO; HINTON, 2015).

Uma RNA pode ser compreendida como um sistema conexionista computacional cujo funcionamento é inspirado na maneira como o cérebro realiza uma tarefa específica ou função de interesse. A semelhança entre ambos pode ser entendida no sentido de que, assim como o cérebro humano, uma RNA tem a capacidade de adquirir conhecimento através de um processo de aprendizagem e armazenar o conhecimento nas forças de conexão entre os seus neurônios artificiais (ou elementos de processamento) (AGATONOVIC-KUSTRIN; BERESFORD, 2000). Essas forças de conexão utilizadas para armazenar o conhecimento adquirido são conhecidas como pesos sinápticos (Figura 2).

Figura 2 – Neurônio Artificial.

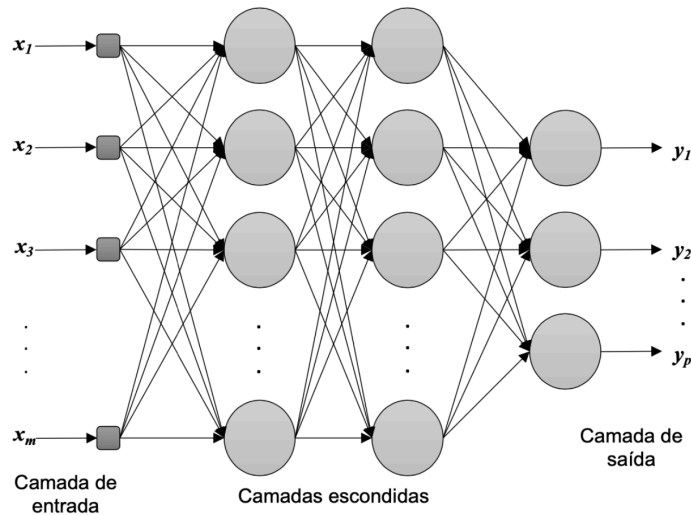


A estrutura de uma RNA consiste em um conjunto de neurônios (Figura 2) conectados e organizados em camadas (Figura 3). As RNAs adquirem conhecimento pela detecção de padrões e relações nos dados e aprendem (são treinadas) através da experiência. O treinamento é feito através da modificação dos pesos sinápticos da rede para alcançar o objetivo desejado (HAYKIN, 2001). A Rede Neural Feedforward foi o primeiro e mais simples modelo de rede neural artificial desenvolvida. Uma Rede Neural Feedforward é uma rede neural artificial em que as conexões entre os neurônios artificiais não formam um ciclo.

O Aprendizado Profundo (*Deep Learning*) é essencialmente uma RNA composta de três ou mais camadas de processamento. Os modelos de Aprendizado Profundo tentam simular o comportamento do cérebro humano permitindo que ele aprenda com grandes volumes de dados. Os modelos são baseados em um conjunto de algoritmos que tentam modelar abstrações de alto nível de dados usando um grafo profundo com várias camadas de processamento, compostas de várias transformações lineares e não lineares. O aprendizado ocorre por meio de uma hierarquia de conceitos, onde cada camada oculta é responsável por realizar uma operação específica (LECUN; BENGIO; HINTON, 2015). Em problemas envolvendo séries temporais, como exames de EEG, o algoritmo de Aprendizado Profundo

pode ser composto por várias redes neurais diferentes, como, por exemplo, Redes Neurais Convolucionais e Redes Neurais Recorrentes, onde cada rede irá compor uma camada com uma operação específica (AY et al., 2019), (LEE; HUSSEIN; MCKEOWN, 2019), (XU et al., 2020).

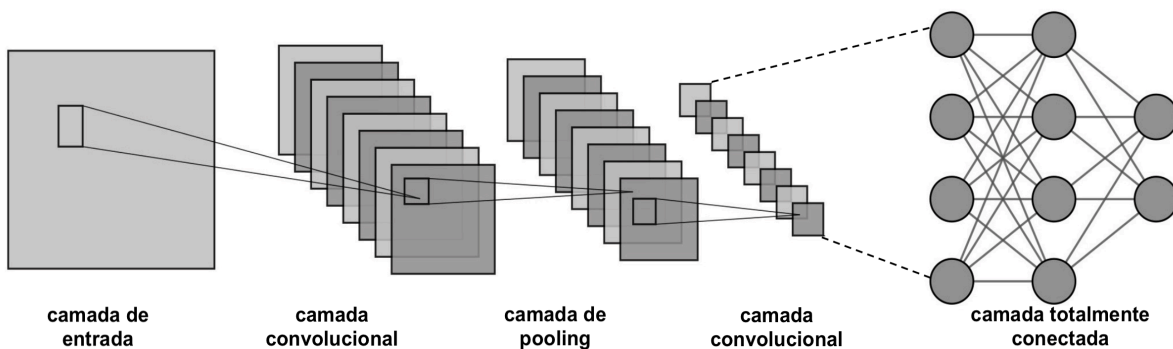
Figura 3 – Rede Neural Feedforward.



2.3 Redes Neurais Convolucionais

As Redes Neurais Convolucionais (*Convolutional Neural Networks* - CNNs) são um tipo de RNA composta de várias camadas convolucionais subsequentes (SAEEDI et al., 2021). Este tipo de rede é amplamente utilizada em problemas de classificação de imagens (REHMAN et al., 2021) e processamento de sinais (JEONG et al., 2020). CNNs são tradicionalmente compostas de camadas convolucionais, *pooling* e totalmente conectadas (SAEEDI et al., 2021). A Figura 4 mostra um exemplo de uma arquitetura de uma CNN.

Figura 4 – Exemplo de uma arquitetura de uma CNN.



A camada convolucional realiza transformações não lineares nos dados de entrada por meio de filtros determinados pelos pesos dos neurônios e funções de ativação não

linear. O propósito do processo de convolução é extrair padrões das entradas. Assim, as CNNs requerem menos pré-processamento de dados em comparação com outros algoritmos de Aprendizado de Máquina. A operação de convolução pode ser definida da seguinte maneira:

$$x_{ij}^l = \sum_{a=0}^{K-1} \sum_{b=0}^{K-1} w_{ab} \cdot y_{(i+a)(j+b)}^{l-1} \quad (2.1)$$

$$y_{ij}^l = \text{ReLU}(x_{ij}^l) \quad (2.2)$$

sendo o filtro representado por uma matriz $K \times K$, no qual cada elemento da matriz é um peso w_{ab} . Já x_{ij}^l representa um único elemento de saída da camada atual l sendo calculado com o filtro deslizando sobre a matriz de saídas da camada anterior y^{l-1} . Após a operação de convolução, uma função de ativação, por exemplo, *ReLU*, é aplicada a x_{ij}^l introduzindo, portanto, a não linearidade (Eq. 2.2). Durante a fase de treinamento, os pesos do filtro são atualizados com base na retropropagação do erro (*backpropagation*).

A retropropagação do erro consiste em fornecer os dados de entrada à rede neural, calcular a saída produzida e compará-la com a saída desejada. Em seguida, a diferença entre as saídas é propagada de volta pela rede, ajustando os pesos das conexões entre os neurônios utilizando o cálculo do gradiente descendente. O cálculo do gradiente descendente determina a direção em que os pesos devem ser ajustados para minimizar o erro. A cada iteração do algoritmo, os pesos são ajustados em pequenas quantidades controladas pela taxa de aprendizado, levando a uma redução gradual do erro.

As camadas de *pooling* são geralmente utilizadas imediatamente após as camadas convolucionais. Elas reduzem a dimensão dos dados selecionando as informações mais importantes geradas pelas camadas convolucionais. Uma camada de *pooling* tem um tamanho de kernel fixo e a redução dos dados pode ser definida usando operações de elemento médio ou máximo (*MaxPooling*). A camada de *pooling* permite que os cálculos prossigam mais rapidamente, além de reduzir os parâmetros e ajudar a evitar o *overfitting* (GÉRON, 2019). A operação de elemento máximo (*MaxPooling*) pode ser definida da seguinte maneira:

$$h_{ij}^l = \max_{(a=0, \dots, S-1; b=0, \dots, S-1)} (y_{(i+a)(j+b)}^{l-1}) \quad (2.3)$$

onde o kernel é representado por uma matriz $S \times S$ e h_{ij}^l representa um único elemento de saída da camada de *pooling* atual l . h_{ij}^l é calculado com o kernel deslizando sobre o mapa de características resultante da camada anterior y^{l-1} e selecionando o maior elemento dentre os enquadrados pelo kernel.

Por fim, o mapa de características resultante produzido por seqüências de camadas convolucionais e de *pooling* é transformado em um único vetor coluna para ser utilizado como entrada para as camadas totalmente conectadas. As camadas finais das redes CNN são iguais às camadas tradicionais usadas em RNAs, i.e., camadas totalmente conectadas com funções de ativação não-lineares.

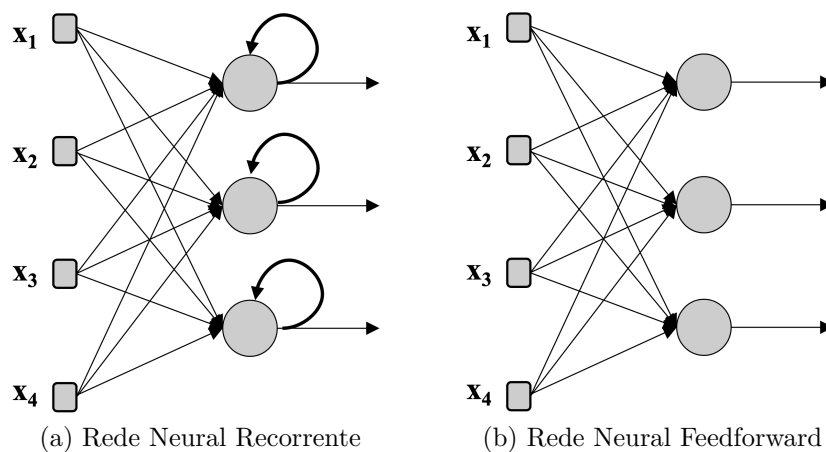
2.4 Redes Neurais Recorrentes

As Redes Neurais Recorrentes (*Recurrent Neural Networks* - RNNs) são diferentes das Redes Neurais Feedforward, pois utilizam como entrada não apenas o dado do exemplo de entrada atual, mas também o que foi processado anteriormente no tempo (HAYKIN, 2001). A Figura 5 mostra um diagrama comparando uma Rede Neural Recorrente e uma Rede Neural Feedforward.

O processamento feito por uma rede recorrente no tempo $t - 1$ afeta o processamento que será feito no tempo t . Assim, as redes recorrentes têm duas fontes de entrada, a atual e a informação processada recentemente, que se combinam para determinar como respondem a novos dados. Portanto, a saída das RNNs depende dos elementos anteriores dentro de uma seqüência.

As redes recorrentes são diferenciadas das redes feedforward pelo loop de feedback conectado às suas decisões anteriores, recebendo suas próprias saídas momento após momento como entrada. Logo, os loops são usados como memória pelas redes recorrentes.

Figura 5 – Exemplos de estruturas de uma Rede Neural Recorrente e uma Rede Neural Feedforward de camada única.

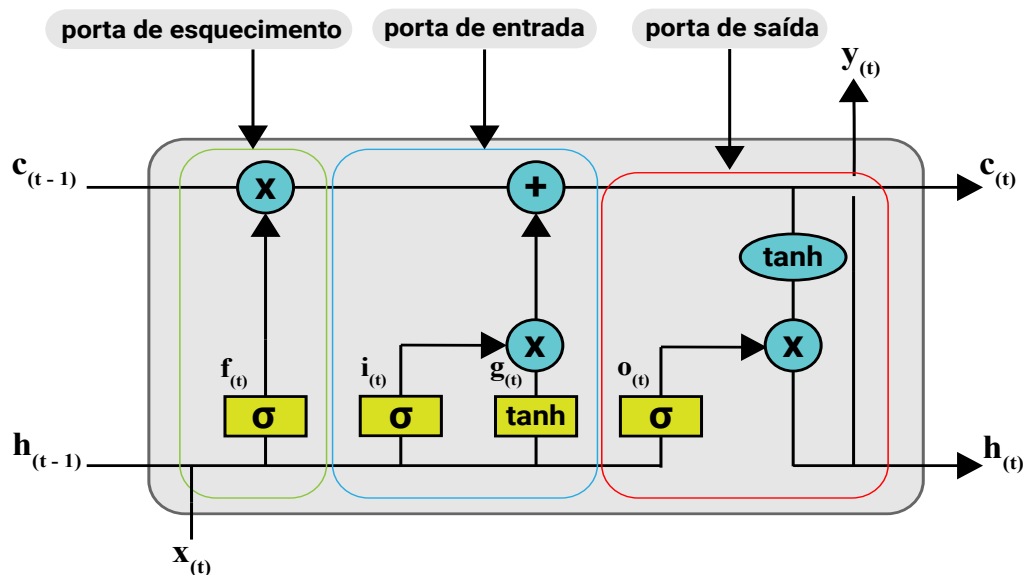


2.5 Long Short-Term Memory - LSTM

A RNN do tipo *Long Short-Term Memory* - LSTM é uma variação das RNNs (HOCHREITER; SCHMIDHUBER, 1997). As redes LSTMs foram criadas devido ao problema de memória de curto prazo e do problema de desaparecimento do gradiente (*Vanishing Gradient Problem*) que as RNNs enfrentam (HOCHREITER, 1998). A rede LSTM possui uma unidade básica chamada de bloco ou célula de memória que pode decidir o que será armazenado na memória através de algumas “portas” que foram desenvolvidas para regular o fluxo de informações que são passadas para o próximo estado durante o treinamento da rede. Assim como as RNNs, cada célula LSTM passa uma informação de um estado oculto para o próximo estado.

A Figura 6 mostra a estrutura da célula LSTM. O estado da célula é representado por dois vetores: $\mathbf{h}_{(t)}$, referente ao estado de curto prazo; $\mathbf{c}_{(t)}$, referente ao estado de longo prazo. Uma célula LSTM é construída para que a rede possa aprender o que armazenar, esquecer e o que deve ler no estado de longo prazo. Portanto, o estado da célula é visto como a memória da rede, que pode transferir informações relevantes ao longo do tempo.

Figura 6 – Arquitetura da célula LSTM.



O estado de longo prazo $\mathbf{c}_{(t-1)}$ passa pela célula no sentido da esquerda para a direita, passando primeiro pela porta de esquecimento e descartando as informações (memórias) desnecessárias com base no estado de curto prazo $\mathbf{h}_{(t-1)}$ e nos dados de entrada atual $\mathbf{x}_{(t)}$. Logo depois, são adicionadas novas informações através da operação de adição com base no que foi processado pela porta de entrada. O resultado $\mathbf{c}_{(t)}$ é enviado diretamente para o próximo passo $t + 1$. Desse modo, a cada passo, algumas memórias são descartadas e outras são adicionadas na rede. Após a operação de adição, o estado

de longo prazo $\mathbf{c}_{(t)}$ é copiado e passa por uma camada totalmente conectada constituída de neurônios com função de ativação tangente hiperbólica, e então, o resultado é filtrado pela porta de saída através da operação de multiplicação. Essa operação produz o estado de curto prazo $\mathbf{h}_{(t)}$, sendo igual à saída $\mathbf{y}_{(t)}$ da célula para o passo de tempo t .

A formação de novas memórias e o funcionamento das portas de esquecimento, entrada e saída funcionam da seguinte forma: primeiro, o vetor de dados da entrada atual $\mathbf{x}_{(t)}$ e o estado anterior de curto prazo $\mathbf{h}_{(t-1)}$ são utilizados como entradas para quatro camadas totalmente conectadas. Cada camada é responsável por uma tarefa específica, sendo:

- Uma camada principal constituída de neurônios com função de ativação tangente hiperbólica que gera como resultado $\mathbf{g}_{(t)}$. Essa camada é responsável por analisar os dados de entrada atual $\mathbf{x}_{(t)}$ e o estado anterior de curto prazo $\mathbf{h}_{(t-1)}$. Em uma célula de RNN básica, somente essa camada está presente e sua saída vai direto para $\mathbf{y}_{(t)}$ e $\mathbf{h}_{(t)}$. Na célula LSTM a saída desta camada é parcialmente armazenada no estado de longo prazo.
- As outras três camadas são conhecidas como controladores de portas, uma vez que utilizam a função de ativação sigmóide com suas saídas variando de 0 a 1. As saídas dessas camadas são utilizadas nas operações de multiplicação elemento a elemento. Desse modo, quando produzem como saída o valor 0, significa que a porta está fechada, por outro lado, se produzirem o valor 1, a porta está aberta. Além disso, valores variando entre 0 e 1 controlam a quantidade de informação que é processada. Especificamente:
 - A porta de esquecimento tem como resultado $\mathbf{f}_{(t)}$ que controla quais partes do estado de longo prazo $\mathbf{c}_{(t-1)}$ devem ser apagadas.
 - A porta de entrada tem como resultado $\mathbf{i}_{(t)}$ que controla quais partes de $\mathbf{g}_{(t)}$ devem ser adicionadas para o estado de longo prazo $\mathbf{c}_{(t)}$.
 - A porta de saída tem como resultado $\mathbf{o}_{(t)}$ que controla quais partes do estado de longo prazo devem ser lidos e emitido neste passo de tempo (tanto para $\mathbf{h}_{(t)}$ quanto para $\mathbf{y}_{(t)}$).

As Equações (2.4 - 2.9) resumem como calcular o estado de longo prazo da célula, seu estado de curto prazo e sua saída em cada passo de tempo para uma única instância.

$$\mathbf{i}_{(t)} = \sigma(\mathbf{W}_{xi}^T \cdot \mathbf{x}_{(t)} + \mathbf{W}_{hi}^T \cdot \mathbf{h}_{(t-1)} + \mathbf{b}_i) \quad (2.4)$$

$$\mathbf{f}_{(t)} = \sigma(\mathbf{W}_{xf}^T \cdot \mathbf{x}_{(t)} + \mathbf{W}_{hf}^T \cdot \mathbf{h}_{(t-1)} + \mathbf{b}_f) \quad (2.5)$$

$$\mathbf{o}_{(t)} = \sigma(\mathbf{W}_{xo}^T \cdot \mathbf{x}_{(t)} + \mathbf{W}_{ho}^T \cdot \mathbf{h}_{(t-1)} + \mathbf{b}_o) \quad (2.6)$$

$$\mathbf{g}_{(t)} = \tanh(\mathbf{W}_{xg}^T \cdot \mathbf{x}_{(t)} + \mathbf{W}_{hg}^T \cdot \mathbf{h}_{(t-1)} + \mathbf{b}_g) \quad (2.7)$$

$$\mathbf{c}_{(t)} = \mathbf{f}_{(t)} \otimes \mathbf{c}_{(t-1)} + \mathbf{i}_{(t)} \otimes \mathbf{g}_{(t)} \quad (2.8)$$

$$\mathbf{y}_{(t)} = \mathbf{h}_{(t)} = \mathbf{o}_{(t)} \otimes \tanh(\mathbf{c}_{(t)}) \quad (2.9)$$

sendo:

- \mathbf{W}_{xi} , \mathbf{W}_{xf} , \mathbf{W}_{xo} e \mathbf{W}_{xg} as matrizes de pesos de cada uma das quatro camadas para sua conexão com o vetor de entrada $\mathbf{x}_{(t)}$.
- \mathbf{W}_{hi} , \mathbf{W}_{hf} , \mathbf{W}_{ho} e \mathbf{W}_{hg} as matrizes de pesos de cada uma das quatro camadas para sua conexão com o vetor de estado de curto prazo $\mathbf{h}_{(t-1)}$
- \mathbf{b}_i , \mathbf{b}_f , \mathbf{b}_o e \mathbf{b}_g os termos de bias para cada uma das quatro camadas.
- σ : função de ativação logística sigmóide.
- \tanh : função de ativação tangente hiperbólica.

2.6 CNN - RNN

Um modelo de Aprendizado Profundo atualmente utilizado na classificação de séries temporais é composto da junção de uma rede CNN com uma rede RNN, sendo denominado CNN - RNN. Nesse método, os dados de entrada primeiro passam por uma série de camadas convolucionais para fornecer um mapa de características que represente os dados. Em seguida, essas características são fornecidas a várias camadas de Redes Recorrentes, normalmente uma LSTM, para analisar as possíveis informações temporais dos dados de entrada (AY et al., 2019), (LEE; HUSSEIN; MCKEOWN, 2019), (XU et al., 2020). A classificação nesse tipo de modelo também é feita através de camadas totalmente conectadas.

2.7 Algoritmo Genético

Os AGs são métodos adaptativos inspirados nos processos genéticos de organismos biológicos e na teoria da evolução por seleção natural. AGs são frequentemente utilizados para resolver problemas de busca e otimização (MITCHELL, 1996).

No AG padrão, um conjunto de indivíduos (ou cromossomos) representando soluções do problema é sujeito a operadores de seleção e transformação inspirados em mecanismos encontrados na evolução por seleção natural e na genética. A solução \mathbf{x}_i (também chamada de indivíduo ou cromossomo), para $i = 1, \dots, N$, sendo N o tamanho da população, é avaliada através de uma função de custo, ou *fitness*, $f(\mathbf{x}_i)$.

Os operadores de transformação mais utilizados são o *crossover* e a mutação. No primeiro, dois indivíduos da população corrente escolhidos por meio do operador de seleção têm algumas das variáveis de decisão trocadas. Um exemplo de operador de seleção é o método da roleta, no qual a probabilidade de um indivíduo ser selecionado é proporcional ao seu *fitness* relativo (i.e., ao *fitness* normalizado pela soma de *fitness* dos indivíduos da população atual).

A probabilidade de se aplicar *crossover* é definida por uma taxa p_c , chamada de taxa de *crossover*. Na mutação, indivíduos têm alguns de seus elementos alterados por meio de uma regra pré-definida. Por exemplo, quando ocorre mutação no i -ésimo elemento do cromossomo para o caso binário, este elemento é complementado. O número de variáveis de decisão alteradas por mutação é definido por uma taxa p_m , chamada de taxa de mutação. O pseudo-código simplificado do AG padrão é apresentado no Algoritmo 1.

Algoritmo 1: Pseudo-Código do AG Padrão

```
1 início
2   inicialize a população
3   avalie a população inicial
4   enquanto critério de convergência não for satisfeito faça
5       selecione indivíduos para a nova população
6       aplique mutação e cruzamento nos indivíduos selecionados
7       avalie os indivíduos da nova população
8   fim
9 fim
```

AGs têm sido aplicados em vários problemas associados ao Aprendizado de Máquina, como por exemplo em: *clustering* (TINÓS et al., 2018), treinamento de RNAs (COSTA; TINÓS, 2016) e seleção de características (OLIVEIRA et al., 2010). O uso de Algoritmos Evolutivos para seleção de características na abordagem *wrapper* tem atraído bastante atenção (XUE et al., 2016). Na abordagem *wrapper*, o problema de seleção de características é visto como um problema de otimização, na qual o objetivo é encontrar um subconjunto de características ótimo para um determinado classificador, dada uma base de dados. Nestes problemas, os indivíduos do AG representam combinações de características para o classificador utilizado.

Materiais e Métodos

No método proposto neste trabalho, um modelo híbrido CNN - LSTM é utilizado para auxílio na predição de desenlace em tratamentos associados ao Acidente Vascular Cerebral e de pacientes em Coma. Como em outros trabalhos da literatura, o modelo de Aprendizado Profundo utiliza os sinais de EEG nas entradas. Entretanto, diferentemente de outros métodos, características clínicas do paciente e obtidas a partir dos exames de EEG são inseridas na primeira camada densa do modelo. A seguir, as bases de dados utilizadas são apresentadas na Seção 3.1, enquanto o método proposto é descrito na Seção 3.2. Já a forma de análise de resultados é discutida na Seção 3.3.

3.1 Base de Dados

O método proposto neste trabalho é genérico para problemas da área de saúde que envolvam sinais de EEG. Neste trabalho, para testar o modelo proposto, duas bases de dados distintas são utilizadas.

3.1.1 Coma

Base de dados composta de 60 pacientes em estado de coma fornecida por pesquisadores da Universidade Federal de Uberlândia. Os exames de EEG foram coletados entre os anos de 2010 e 2014 pela equipe técnica responsável pelos pacientes comatosos internados na UTI Adulto do Hospital de Clínicas da Universidade Federal de Uberlândia (HCU-UFU), com aprovação do Comitê de Ética em Pesquisa da Universidade Federal de Uberlândia (protocolo de pesquisa número 369/11). Uma variação dessa base de dados foi utilizada em (DAVI RAMOS; DESTRO-FILHO, 2021), tendo como objetivo descrever quantitativamente os valores de coerência do sinal de EEG de indivíduos brasileiros. O estudo incluiu um grupo de pacientes em coma (N=75) com resultados favoráveis (sobreviventes)

ou desfavoráveis (óbitos), bem como um grupo controle de indivíduos neurologicamente normais (N=100). Foram realizadas comparações estatísticas para verificar as diferenças no comportamento da coerência de acordo com os níveis de consciência.

Os pacientes desta base de dados foram submetidos a um registro de EEG cerca de 14 dias após a admissão no hospital. O exame durou aproximadamente 20 minutos e o aparelho utilizado nas coletas foi o amplificador/condicionador de sinais BrainNet BNT-EEG (Linx BNT®). As aquisições foram feitas a partir de 20 eletrodos dispostos no couro cabeludo seguindo o sistema internacional 10-20, sendo: FP1, FP2, F7, F3, Fz, F4, F8, T3, C3, Cz, C4, T4, T5, P3, Pz, P4, T6, O1, Oz e O2. A frequência de aquisição variou de 100 a 600 Hz. Durante as gravações os pacientes não foram submetidos a nenhum estímulo externo.

Informações sobre idade, sexo, etiologia do coma e o desfecho de cada paciente foram obtidas para todos os indivíduos. A idade média de todos os pacientes foi de 49.16 ± 19.18 , sendo 44 pacientes do sexo masculino e 16 do sexo feminino. A Tabela 1 apresenta o número de pacientes para cada etiologia do coma. Além disso, a tabela resume a quantidade de pacientes para cada desfecho, sendo considerado favorável aqueles que tiveram alta médica e desfavorável aqueles que foram a óbito.

Tabela 1 – Quantidade de pacientes de acordo com a etiologia do coma e para cada desfecho.

Etiologia	N ^o Pacientes	Desfecho	
		Favorável	Desfavorável
Traumatismo Cranioencefálico	20	17	3
Coma Metabólico	18	5	13
Acidente Vascular Cerebral	12	5	7
Encefalopatia pós anóxica	2	2	0
Neoplasia	2	0	2
Distúrbios Hidroeletrólíticos	1	1	0
Ferimento por arma de fogo	1	0	1
Hematoma subdural crônico	1	0	1
Hidrocefalia	1	0	1
Encefalopatia hipóxica	1	0	1
Neurocisticercose	1	0	1
Total	60	30	30

Conforme abordado na Subseção 1.1.2, muitas vezes os pacientes são internados na Unidade de Terapia Intensiva (UTI) sem que a causa do coma seja conhecida. Assim, é crucial conhecer a etiologia do coma para garantir um prognóstico preciso e efetivo

tratamento. Além disso, prever o desfecho do paciente é essencial para a tomada de decisões clínicas e intervenções oportunas. Nesse sentido, foram realizados dois experimentos utilizando esta base de dados:

1. **Desfecho:** neste estudo, a informação do desfecho de cada paciente foi utilizada como variável dependente, ou seja, a saída do modelo. Dessa forma, o modelo híbrido proposto tem como objetivo prever o desfecho do paciente utilizando os sinais brutos de EEG como entrada para a CNN e tanto as características do paciente (idade, sexo e etiologia do coma) quanto as extraídas dos sinais de EEG como entradas adicionais para a primeira camada densa.
2. **Etiologia:** neste estudo, a informação da etiologia do coma foi utilizada como variável dependente, ou seja, a saída do modelo. Dessa forma, o modelo híbrido proposto tem como objetivo prever a etiologia do coma de cada paciente utilizando os sinais brutos de EEG como entrada para a CNN e tanto as características do paciente (idade e sexo) quanto as extraídas dos sinais de EEG como entradas adicionais para a primeira camada densa. É importante destacar que a informação sobre o desfecho do paciente não foi utilizada como característica adicional, uma vez que um sistema para prever a etiologia do coma de um paciente seria utilizado durante a fase de internação do paciente na UTI.

3.1.1.1 Pré-processamento

Os registros foram analisados visualmente por um grupo de neurologistas clínicos especialistas em EEG que selecionaram 10 épocas de 2 segundos de cada exame de 20 minutos. Portanto, para cada paciente, existem 10 épocas/amostras. Cada época consiste em um período de gravação do EEG com 20 canais.

3.1.1.2 Características clínicas do paciente e extraídas dos sinais de EEG

As características clínicas de cada paciente são compostas das informações contidas na base de dados, sendo elas:

- Idade do paciente;
- Sexo do paciente;
- Etiologia do coma;
- Desfecho do paciente;

As características como sexo do paciente e etiologia do coma são variáveis categóricas, desse modo, quando utilizadas, essas características foram transformadas em variáveis numéricas.

Dado que um exame de EEG é um sinal contínuo, informações adicionais podem ser adquiridas através do processamento de sinais. Portanto, foram extraídas características no domínio do tempo (*Time Domain*) de cada época de 2 segundos. Sendo:

- Média;
- Mínima Amplitude;
- Máxima Amplitude;
- Desvio Padrão;
- Variância;

Como cada época de 2 segundos consiste em um período de gravação de EEG com 20 canais, e cada canal corresponde a um sinal, o total de atributos extraídos de cada época são 100. No Apêndice A é apresentada a lista de todos os atributos obtidos para esta base de dados. É importante mencionar que optamos por extrair características simples dos sinais de EEG, dado que as CNNs já possuem a capacidade de extrair características automaticamente a partir dos sinais de entrada.

3.1.2 Acidente Vascular Cerebral

Base de dados pública utilizada no *Clinical Brain Computer Interfaces Challenge WCCI 2020 Glasgow*, realizado no *World Congress on Computational Intelligence (WCCI)* em 2020 na cidade de Glasgow, na Escócia. Os dados estão disponíveis no GitHub¹. A base de dados é composta de gravações de EEG de 10 pacientes com AVC hemiparético, isto é, pacientes que após o Acidente Vascular Encefálico (AVE) ou Acidente Vascular Cerebral (AVC), tiveram a sua marcha afetada causando uma redução ou imobilidade de uma parte do corpo. A idade média de todos os sujeitos é de 47.50 ± 15.31 anos, sendo 6 do sexo masculino e 4 do sexo feminino. Entre os 10 sujeitos, 3 deles apresentavam comprometimento do lado direito e os demais 7 apresentavam comprometimento do lado esquerdo.

Os dados de EEG foram registrados a partir de 12 eletrodos colocados principalmente sobre o córtex motor seguindo o sistema internacional 10-20, sendo: F3, FC3, C3, CP3, P3, FCz, CPz, F4, FC4, C4, CP4 e P4. Os sinais de EEG foram registrados a uma

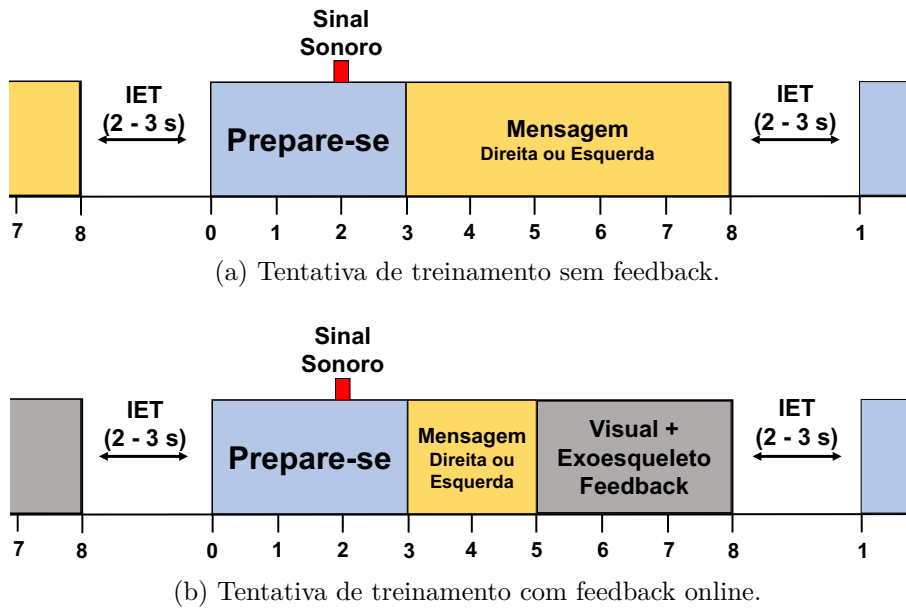
¹ <https://github.com/5anirban9/Clinical-Brain-Computer-Interfaces-Challenge-WCCI-2020-Glasgow> (Acessado em 01/06/2022)

taxa de amostragem de 512 Hz e inicialmente filtrados entre 0.1 Hz a 100 Hz com um filtro notch em 50 Hz para cancelar o ruído da linha de energia.

Para cada indivíduo existem 120 registros de EEG. Os registros foram divididos em duas sessões: i) sessão de treinamento sem feedback; ii) sessão com feedback online. A sessão de treinamento sem feedback consiste em duas execuções de 40 tentativas cada e a sessão de feedback online consiste em uma execução de 40 tentativas. Cada tentativa começa com um alerta “prepare-se” com duração de 3 segundos, seguida de uma mensagem informando para o indivíduo realizar a tentativa de preensão com a mão esquerda ou direita, com duração de 5 segundos. Nas tentativas de treinamento sem feedback, o período de 5 segundos foi o momento no qual o indivíduo tentou realizar o movimento. Um sinal sonoro foi emitido 1 segundo antes do aparecimento da mensagem para alertar os sujeitos. Já nas tentativas de feedback online, a mensagem informando para o indivíduo realizar a tentativa de preensão com a mão esquerda ou direita durou cerca de 2 segundos e, em seguida, o feedback foi emitido para o restante dos 3 segundos. Cada tentativa, tanto no treinamento sem feedback quanto no feedback online, durou 8 segundos, após isso ocorreu um Intervalo Entre Tentativas (IET) durando cerca de 2 a 3 segundos. O diagrama de tempo de uma tentativa de treinamento sem feedback e com feedback online é dado na Figura 7. O feedback emitido durante a etapa de feedback online foi composto de feedback visual em uma tela de computador na forma de um aperto de mão antropomórfico e feedback proprioceptivo mediado por um dispositivo de exoesqueleto de mão. O exoesqueleto consegue fornecer assistência a pacientes com AVC para realizar o movimento de flexão e extensão de seus dedos (CHOWDHURY; ANDREU-PEREZ, 2021).

As 40 tentativas para cada execução são igualmente distribuídas em mão esquerda e direita, ou seja, 20 tentativas foram para a mão esquerda e 20 foram para a mão direita, geradas aleatoriamente. Assim, houve um total de 80 tentativas para treinar um classificador (geradas durante as 2 rodadas de sessão sem feedback) e 40 tentativas para testar o classificador (40 tentativas geradas na etapa de feedback online).

Figura 7 – Diagrama de tempo de uma única tentativa. Figura adaptada de (CHOWDHURY; ANDREU-PEREZ, 2021).



3.1.2.1 Pré-processamento

Cada registro de EEG tem duração de 8 segundos, porém, somente os últimos 5 segundos são utilizados para registrar a tentativa de prensão com a mão esquerda ou direita (Figura 7). Neste projeto, de cada gravação de EEG, foram removidos os sinais gerados durante os primeiros 3 segundos de cada tentativa. Após a remoção, os sinais foram filtrados entre 1 Hz e 50 Hz.

3.1.2.2 Características extraídas dos sinais de EEG

Por ser uma base de dados pública, as informações clínicas de cada paciente não foram disponibilizadas. Desse modo, apenas características extraídas dos sinais de EEG foram utilizadas para esta base de dados.

Como mencionado anteriormente, um exame de EEG é um sinal contínuo, portanto, informações adicionais podem ser adquiridas através do processamento de sinais. Foram extraídas informações no domínio do tempo (*Time Domain*) e no domínio da frequência (*Frequency Domain*) de cada época de 5 segundos. Sendo as informações no domínio do tempo:

- Média;
- Mínima Amplitude;
- Máxima Amplitude;

- Desvio Padrão;
- Variância;

Como cada época de 5 segundos consiste em um período de gravação de EEG com 12 canais, e cada canal corresponde a um sinal, o total de atributos no domínio do tempo extraídos de cada época são 60.

Dado que os registros de EEG foram utilizados em um problema envolvendo Interface Cérebro-Computador (*Brain Computer Interface - BCI*), a extração de outras informações dos sinais pode ser relevante para o problema. Muitos sistemas de BCI utilizam características extraídas do espectro de potência de um sinal cerebral, como EEG ou Eletrocorticografia (ECoG). O espectro de potência é calculado e a potência em uma banda de frequência específica é usada como features espectrais em análises posteriores, como, por exemplo, a classificação do sinal. Dado que durante a realização de um movimento ou a imaginação do movimento ocorrem variações de potência na banda de frequência mu (8 - 12 Hz) ou beta (13 - 30 Hz), informações relacionadas a essas frequências podem ser utilizadas (RAO, 2013).

Nesse trabalho, características no domínio da frequência, especificamente, as obtidas por meio da análise da densidade espectral (*Power Spectral Density - PSD*), foram extraídas de cada sinal. Como cada época de 5 segundos consiste em um período de gravação de EEG com 12 canais, foi realizado um somatório dos 12 canais e para o sinal resultante foi calculado a densidade espectral. Os valores de potência obtidos para a faixa de 0 a 30 Hz foram considerados como atributos espectrais.

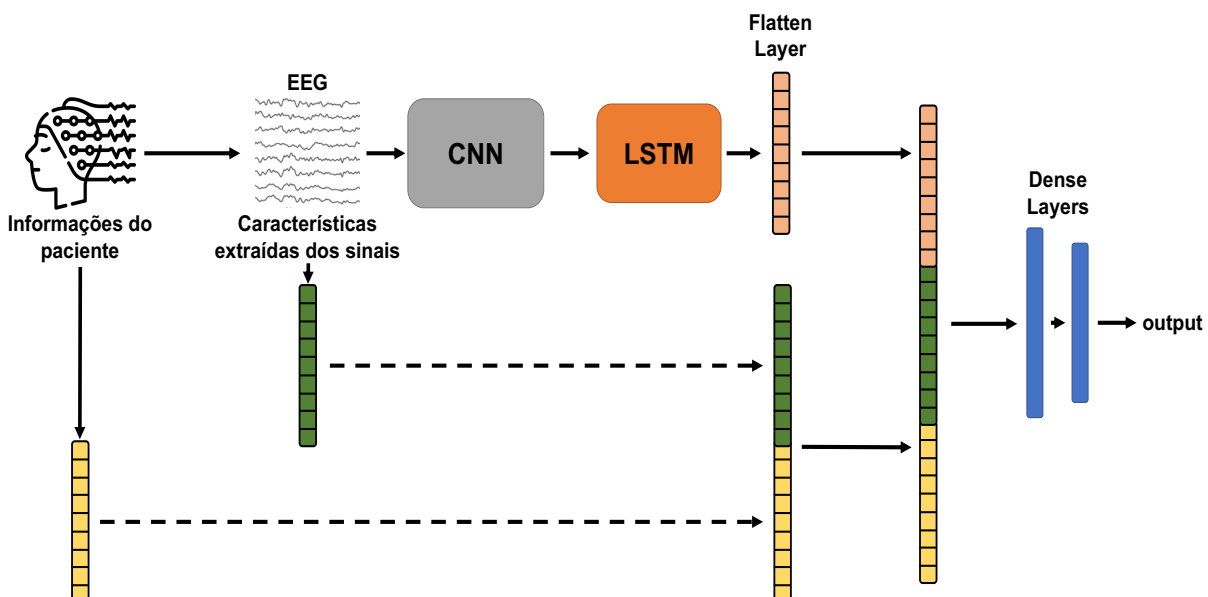
Dado que para a faixa de frequência considerada o primeiro valor começa em 0 Hz sendo incrementado de 0.2 Hz até chegar a 30 Hz, o número total de atributos relacionados a densidade espectral extraídos de cada época são 150. No Apêndice B encontra-se uma lista com todos os atributos obtidos para esta base de dados. Como para a base de dados anterior, também optamos por extrair características simples dos sinais de EEG, dado que as CNNs já possuem a capacidade de extrair características automaticamente a partir dos sinais de entrada.

3.2 Sistema de Auxílio Médico Baseado em Algoritmos Genéticos e Redes Neurais Recorrentes do tipo LSTM

3.2.1 Modelo híbrido CNN - LSTM proposto

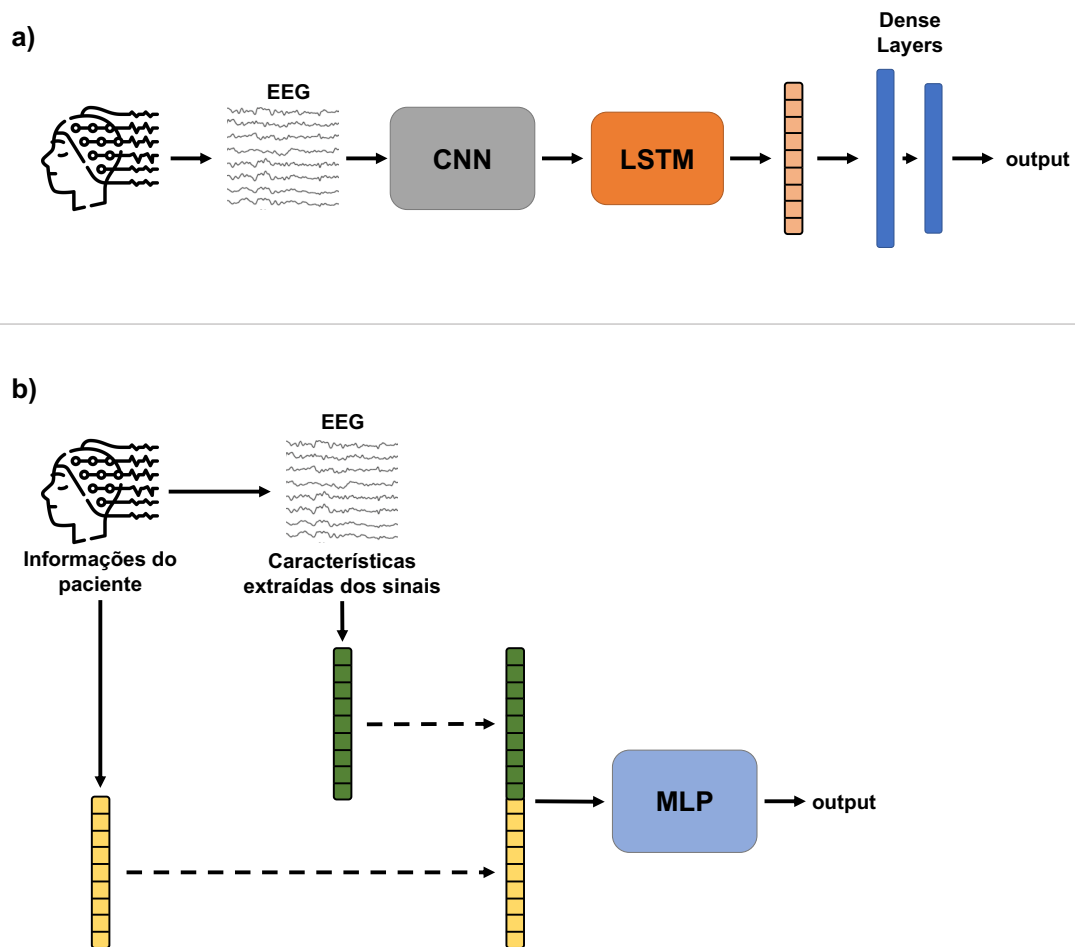
O modelo de Aprendizado Profundo proposto neste trabalho utiliza uma arquitetura composta por redes CNN e LSTM. Inicialmente a arquitetura utilizada é baseada na proposta em Ay et al. (2019) para classificar sinais de EEG de pacientes com depressão. Diferentemente do modelo utilizado em Ay et al. (2019), atributos extraídos por meio do pré-processamento dos sinais de exames de EEG, como características no domínio da frequência e do tempo e informações do paciente (quando presentes), como idade, sexo e comorbidades, são inseridas como entradas adicionais na primeira camada densa do modelo. Assim, três tipos de informações são utilizadas. Na prática, os sinais de EEG brutos são fornecidos como entrada da rede convolucional, como nos modelos de Aprendizado Profundo tradicionais. As entradas adicionais na primeira camada densa são fornecidas por um vetor composto pelos atributos extraídos dos sinais e informações do paciente. Desta forma, as características encontradas pelas camadas LSTM (camadas intermediárias do modelo) são utilizadas como entradas, juntamente com as entradas adicionais, na primeira camada densa (Figura 8). O treinamento do modelo é feito por Backpropagation.

Figura 8 – Método proposto, um modelo híbrido CNN - LSTM que utiliza os sinais de EEG como entrada para a camada CNN com características adicionais inseridas na primeira camada densa;



A fim de testar nossa hipótese de que incluir informações adicionais na primeira camada densa do modelo CNN - LSTM pode melhorar a classificação, o modelo proposto é comparado a duas outras abordagens: i) uma CNN - LSTM utilizando como entrada apenas sinais de EEG (brutos) (Figura 9a); ii) um *Multilayer Perceptron* (MLP) usando apenas atributos extraídos por meio do pré-processamento dos sinais de exames de EEG e informações do paciente (quando presentes) (Figura 9b). A arquitetura utilizada para a CNN - LSTM é baseada na proposta em Ay et al. (2019). Por outro lado, o MLP foi construído apenas com uma camada intermediária e com o número de neurônios artificiais igual à quantidade de características utilizadas como entrada. Experimentos preliminares foram realizados para encontrar os melhores parâmetros para a arquitetura e o treinamento dos modelos, como número de épocas, otimizador, *learning rate* e *batch size*. O Apêndice C apresenta os hiper-parâmetros que definem a arquitetura e o treinamento dos três modelos utilizados.

Figura 9 – Métodos baseline. **a)** Um modelo CNN – LSTM que utiliza apenas sinais de EEG como entrada para a camada CNN; **b)** Um modelo Multilayer Perceptron (MLP) que utiliza apenas características como entrada;



3.2.2 Algoritmo Genético

O AG foi empregado para selecionar o melhor subconjunto de características a partir do conjunto total de características extraídas dos sinais de EEG e das informações do paciente, e para encontrar os melhores hiper-parâmetros para a construção do modelo CNN - LSTM. Em um AG utilizado para seleção de características, cada indivíduo representa um subconjunto de características, sendo que cada elemento binário do cromossomo indica a presença ou não de cada característica disponível. Já em um AG aplicado na otimização de hiper-parâmetros, cada indivíduo representa um conjunto de hiper-parâmetros que determinam a arquitetura do modelo.

Neste trabalho, cada indivíduo é formado por duas partes principais, uma para selecionar o subconjunto de características e a outra para selecionar os hiper-parâmetros que determinam a arquitetura do modelo CNN - LSTM (Figura 10). As arquiteturas codificadas pelo AG podem ter até 4 camadas de convolução, até 3 camadas LSTM e até 2 camadas densas. A Tabela 2 apresenta os parâmetros que podem ser selecionados pelo AG em cada posição da codificação, sendo eles do tipo booleano, inteiro ou string.

Figura 10 – Exemplo de codificação representada por um indivíduo. O indivíduo é composto pelas duas partes (vermelho e verde) no AG.

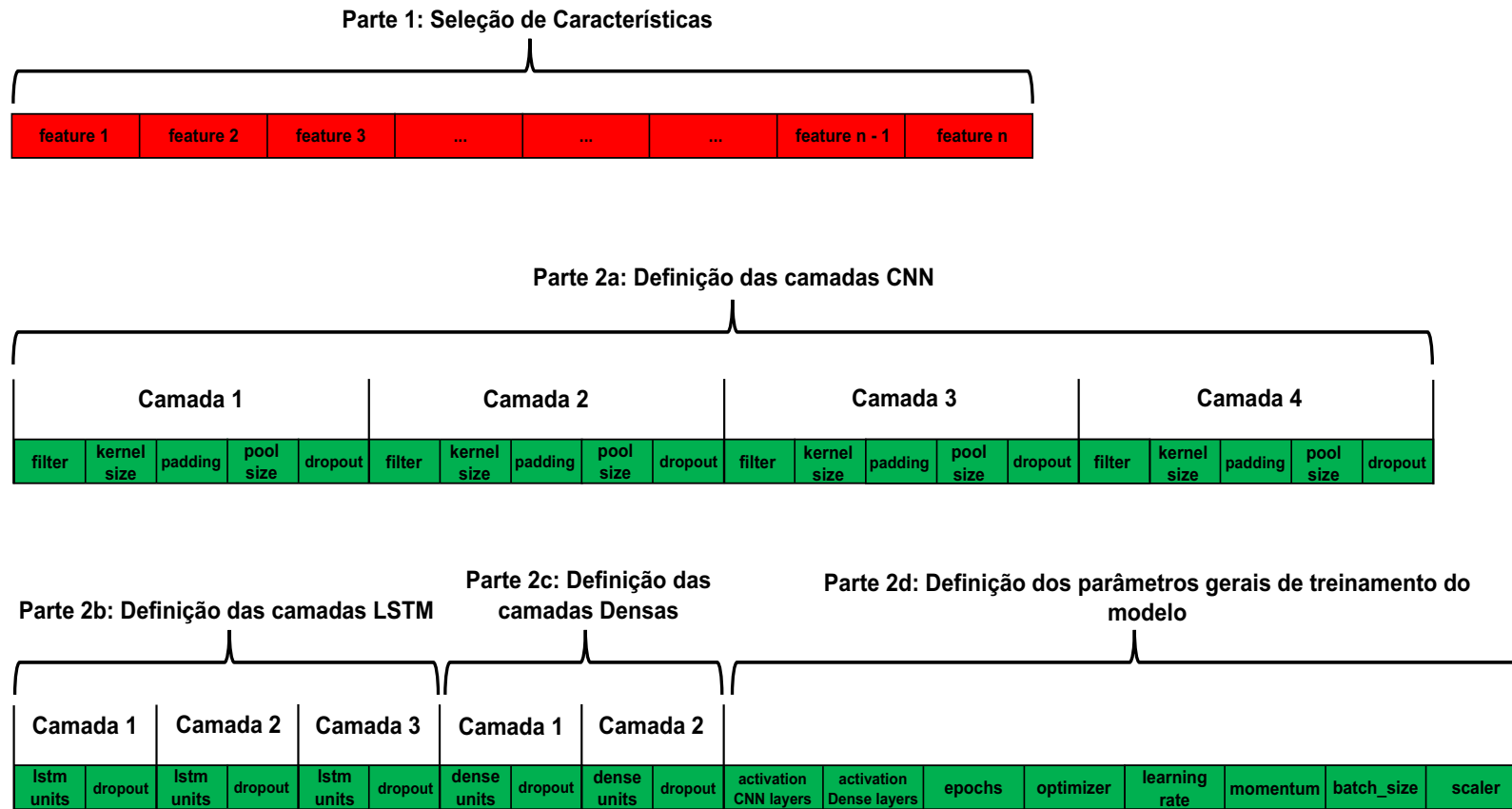


Tabela 2 – Codificação do AG. Lista de parâmetros que poderiam ser utilizados em cada posição da codificação representada por cada indivíduo.

Descrição do Parâmetro	Nome do parâmetro	Valores	Tipo de dado
Função de ativação das camadas convolucionais	activation_CNN_layers	['relu', 'tanh']	string
Função de ativação das camadas densas	activation_Dense_layers	['relu', 'tanh']	string
Taxa de <i>dropout</i> a ser utilizado na camada	dropout	[0.0, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5]***	real
Número de neurônios na camada lstm	lstm_units	[0, 8, 16, 32, 64]**	inteiro
Número de neurônios na camada densa	dense_units	[0, 32, 64, 128, 256]***	inteiro
Dimensionalidade do espaço de saída (ou seja, o número de filtros de saída na convolução)	filter	[0, 32, 64, 128, 256]***	inteiro
Comprimento da janela de convolução 1D	kernel_size	[2, 6, 9, 13]	inteiro
Número de épocas pelo qual o modelo deve ser treinado	epochs	[5, 10, 15, 20]* [10, 20, 30, 40]**	inteiro
Otimizador utilizado no treinamento do modelo	optimizer	['adam', 'sgd']	string
<i>Learning rate</i> utilizada no treinamento do modelo	learning_rate	[0.0001, 0.001, 0.01, 0.05, 0.1]	real
Método para deixar os dados na mesma escala	scaler	['standard', 'minmax']	string
Hiper-parâmetro para aumentar a velocidade do treinamento do modelo e reduzir o perigo de instabilidade	momentum	[0.3, 0.5, 0.7, 0.9]	real
Operação que estende a área de uma dado em que uma rede neural convolucional processa	padding	['same', 'causal']	string
Fator inteiro pelo qual reduzir os dados gerados na camada convolucional	pool_size	[0, 2, 3, 4, 5]***	inteiro
Número de amostras processadas antes que os pesos do modelo sejam atualizados	batch_size	[1]* [4, 8, 16, 32]**	inteiro
Define se a feature é selecionada ou não	feature	['true', 'false']	booleano

*Utilizado na base de dados do Coma

**Utilizado na base de dados do Acidente Vascular Cerebral

*** O valor zero (0) indica a ausência da respectiva camada

As duas bases de dados foram divididas em três partes distintas, sendo 40% para treinamento, 40% para validação e 20% para teste. No processo de execução do AG, foram utilizadas as partes de treinamento e validação. Cada indivíduo do AG é avaliado treinando o modelo correspondente utilizando os dados de treinamento e o resultado da f1-score nos exemplos de validação é utilizado para a avaliação do indivíduo. Ao final da execução do AG, o melhor indivíduo encontrado foi avaliado utilizando os conjuntos treinamento e validação para treinar o modelo e o conjunto de teste para testar a performance do modelo encontrado. Além disso, também utilizamos a validação cruzada do tipo 5-folds para avaliar o melhor indivíduo encontrado, considerando 100% da base de dados e dividindo-a em 5 subconjuntos diferentes para treinamento e teste. É importante destacar que a divisão das bases de dados tanto em conjunto de treinamento, validação e teste, quanto na validação cruzada, foi realizada considerando o número de pacientes e não a quantidade total de amostras. Para visualizar melhor como foi realizada a divisão das bases de dados, consulte a Figura 11. O fluxograma simplificado do AG utilizado pode ser observado na Figura 12.

Depois de selecionar a melhor arquitetura utilizando o AG, o modelo é comparado aos 3 modelos propostos para classificação (mostrados nas Figuras 8 e 9) utilizando as partes de treinamento e validação para treinar os modelos e a parte de teste para testar. A validação cruzada do tipo 5-folds utilizando 100% da base da dados também é utilizada para a comparação dos modelos.

Figura 11 – Divisão da base de dados.

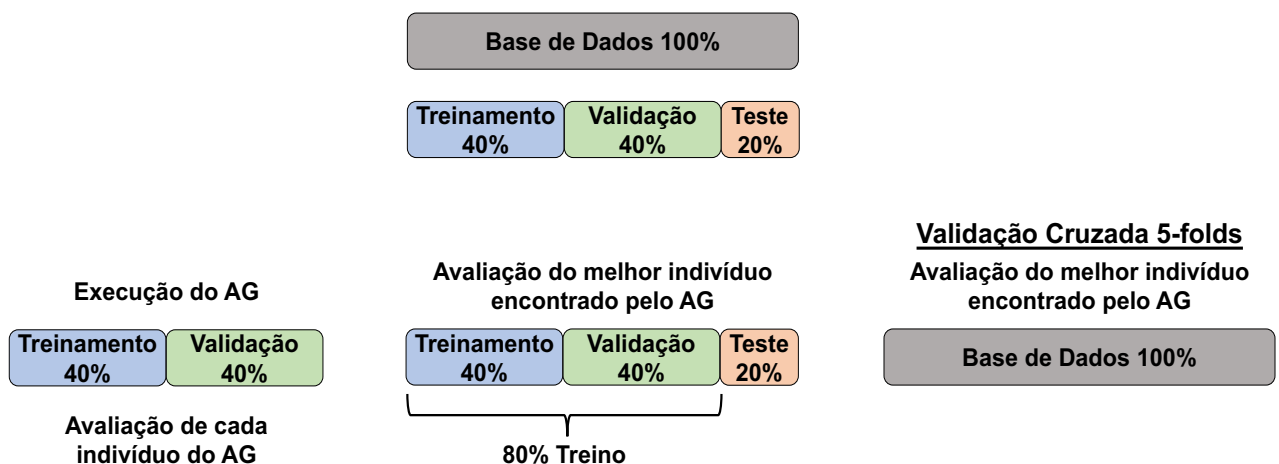
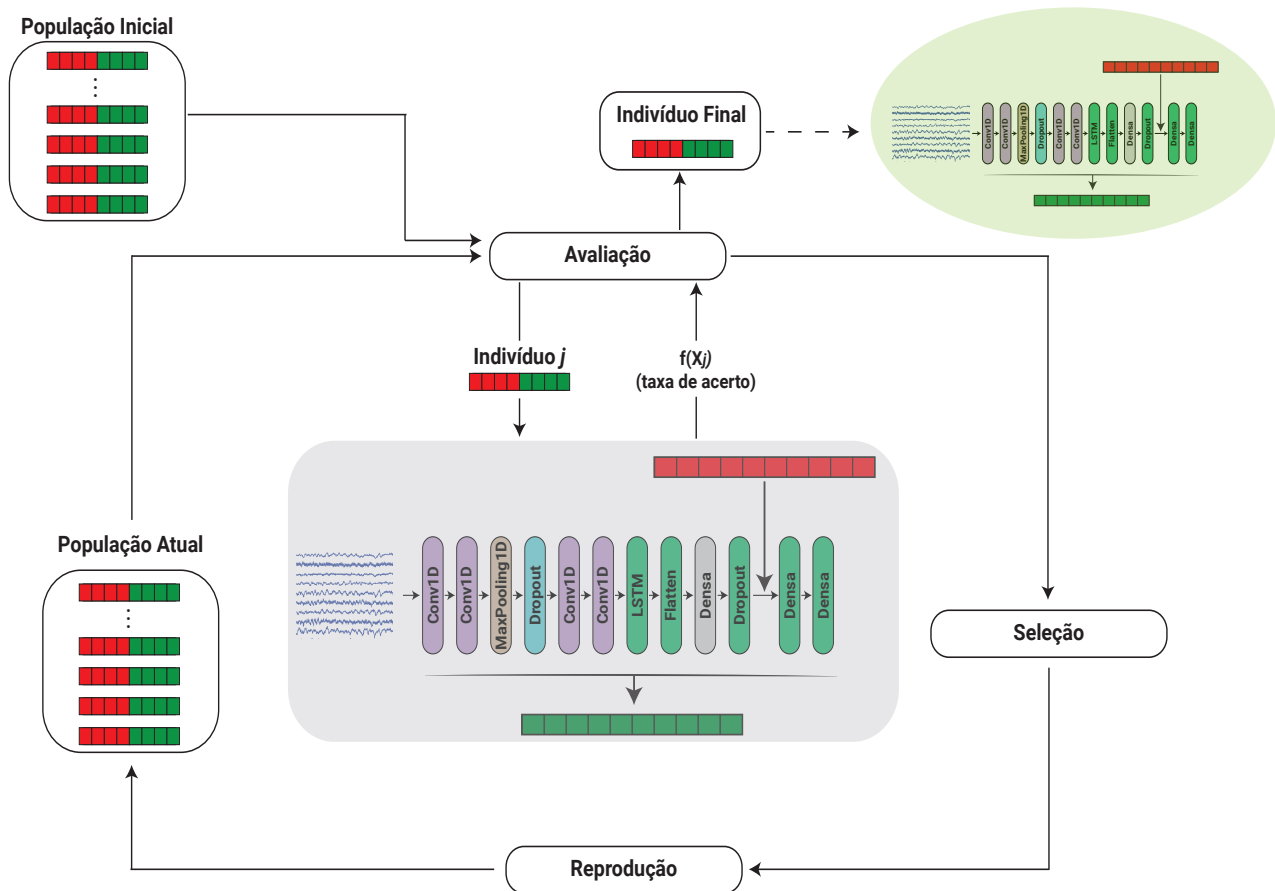


Figura 12 – Fluxograma simplificado do AG utilizado para seleção de características e seleção dos hiper-parâmetros do modelo CNN - LSTM.



3.2.2.1 Mutação

Dado que os cromossomos do AG são formados por duas partes principais: uma para codificar as características selecionadas a partir do conjunto total de características e outra para codificar os hiper-parâmetros do modelo CNN - LSTM, o cromossomo é constituído por diferentes tipos de dados como booleanos, inteiros ou strings. Portanto, são implementados diferentes tipos de mutações, que são utilizadas de acordo com cada tipo de dado presente na posição do cromossomo escolhida aleatoriamente para sofrer a mutação (DEL-LAMA et al., 2022). Na sequência cada uma delas é apresentada. A Figura 13 mostra um exemplo de cada tipo de mutação utilizada no Algoritmo Genético.

Mutação booleana

A mutação booleana ocorre quando uma mutação afeta uma posição no cromossomo em que o tipo de dado é booleano, resultando na complementação do valor presente no cromossomo original. Um exemplo da mutação booleana pode ser visto na Figura 13a.

Mutação em janela

A mutação em janela é aplicada quando a mutação ocorre na posição do cromossomo no qual o tipo de dado é inteiro ou real. Nesse caso, os valores são ordinais e a mutação consiste em selecionar dois elementos maiores e dois menores que estão próximos ao valor presente no cromossomo e, em seguida, escolher aleatoriamente um novo valor entre esses elementos. Na Figura 13b é apresentado um exemplo da mutação em janela aplicada em um gene do cromossomo que codifica o dropout.

Mutação nominal

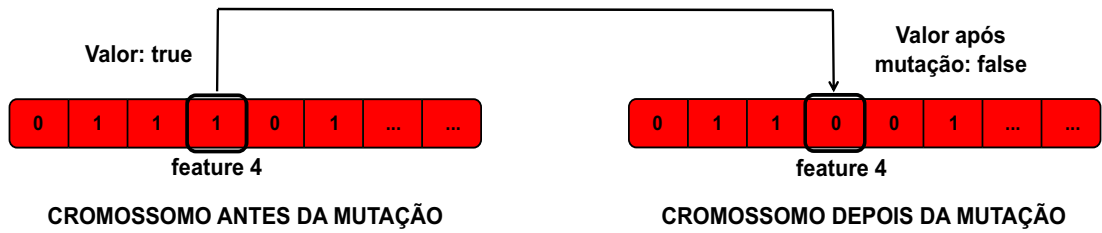
A mutação nominal é utilizada quando a mutação ocorre na posição do cromossomo que representa uma variável categórica nominal (string), ou seja, uma variável com valores não ordenados. Nesse caso, um novo valor é sorteado aleatoriamente para substituir o valor presente no cromossomo. A Figura 13c ilustra um exemplo da aplicação da mutação nominal em um gene do cromossomo que codifica o valor de padding.

É importante ressaltar que, no caso de variáveis categóricas nominais com apenas dois valores, a mutação nominal pode ser comparável à mutação booleana. No entanto, quando há mais de dois valores disponíveis, este tipo de mutação se faz necessária.

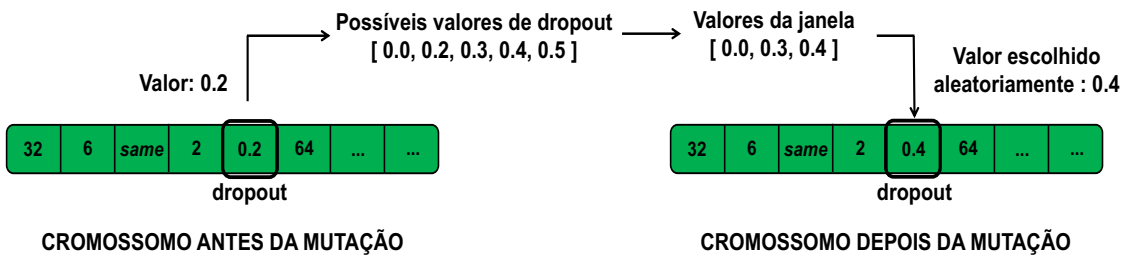
3.2.2.2 Crossover

O método de crossover adotado neste estudo foi o crossover de dois pontos. Esse método consiste em selecionar aleatoriamente dois pontos nos cromossomos dos indivíduos da geração atual (pais), e o que está entre esses dois pontos nos cromossomos é trocado para gerar novos cromossomos (filhos) para a próxima geração. A Figura 14 exemplifica como é realizado o crossover de dois pontos.

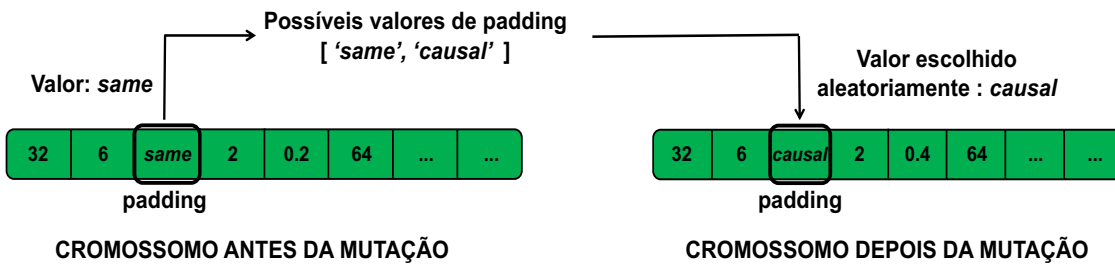
Figura 13 – Tipos de mutações utilizadas no Algoritmo Genético.



(a) Mutação booleana.

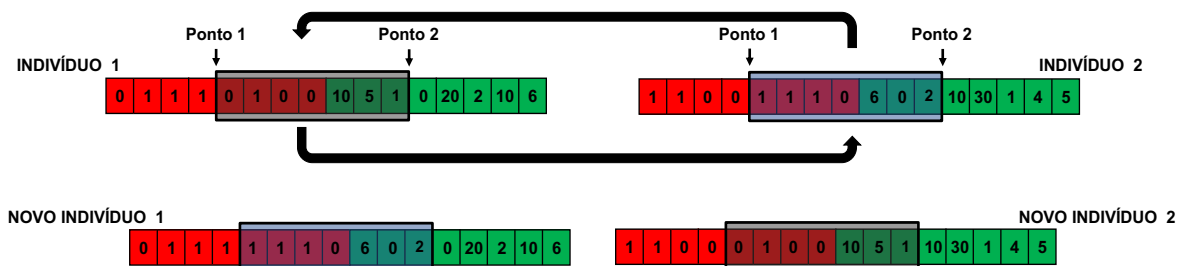


(b) Mutação em janela.



(c) Mutação nominal.

Figura 14 – Exemplo do crossover de dois pontos.



3.3 Forma de Análise dos Resultados

Na classificação realizada por algoritmos de Aprendizado de Máquina, dada uma matriz de confusão (Tabela 3), os termos verdadeiros positivos (tp), verdadeiros negativos (tn), falso-positivos (fp) e falso-negativos (fn) são usados para calcular métricas relevantes para a comparação dos resultados entre diferentes algoritmos. Os termos verdadeiros positivos e verdadeiros negativos referem-se ao que o classificador previu corretamente, e os termos falso-positivos e falso-negativos referem-se ao que o classificador previu de forma errada.

Tabela 3 – Matriz de confusão genérica para duas classes.

		Previsto	
		Classe 1	Classe 2
Real	Classe 1	verdadeiros positivo (tp)	falso-negativos (fn)
	Classe 2	falso-positivos (fp)	verdadeiros negativos (tn)

Neste trabalho, três modelos baseados em RNAs são comparados. Os modelos diferem na maneira como as entradas são consideradas. O modelo CNN - LSTM proposto é comparado com RNAs treinadas com características de cada um dos tipos isoladamente. São utilizadas medidas padrão na área médica para comparação de classificadores, como acurácia (3.1), precisão (3.2), sensibilidade/revocação (3.3), especificidade (3.4) e F1-score (3.5) (SOKOLOVA; LAPALME, 2009). Duas métricas de F1 score foram utilizadas: a F1 score (macro) e a F1 score (weighted). A F1 score (macro) é calculada como a média aritmética da F1 score calculada para todas as classes. Já a F1 score (weighted) é calculada individualmente para cada classe, e em seguida é feita uma média ponderada, com os pesos sendo proporcionais ao número de exemplos para cada classe no conjunto de dados.

$$acuracia = \frac{tp + tn}{tp + fn + fp + tn} \quad (3.1)$$

$$precisao = \frac{tp}{tp + fp} \quad (3.2)$$

$$sensibilidade = \frac{tp}{tp + fn} \quad (3.3)$$

$$especificidade = \frac{tn}{tn + fp} \quad (3.4)$$

$$F_1 - score = \frac{2 \times precisao \times revocacao}{precisao + revocacao} \quad (3.5)$$

Resultados

Neste capítulo são apresentados os resultados experimentais do modelo híbrido CNN - LSTM proposto para as duas bases de dados. Todos os códigos foram implementados em Python (3.9.15) usando a biblioteca TensorFlow (2.10.0). Uma estação de trabalho com processador Intel® Core i7-12700 Alder Lake (12 núcleos, 20 threads, 25 MB de cache), 128 GB de RAM e uma GPU GF AMPERE RTX 3060 12GB 3584 CUDA foi utilizada para executar todos os experimentos. Na Seção 4.1 são apresentados os resultados obtidos utilizando a base de dados do Coma. Já na Seção 4.2, são apresentados os resultados utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral.

4.1 Coma

Neste estudo, é proposto um modelo híbrido CNN - LSTM para classificação de sinais de EEG de pacientes em coma (Figura 8), o qual é comparado a outros dois modelos (conforme ilustrado na Figura 9). Considerando que a base de dados do Coma apresenta características clínicas relacionadas aos pacientes e extraídas dos sinais de EEG, a comparação entre os modelos foi realizada considerando variações na utilização dessas características como entradas. É importante ressaltar que esses modelos não utilizam o Algoritmo Genético para a otimização dos hiper-parâmetros e seleção de características. Sendo:

- MLP Características do Paciente: um MLP que utiliza apenas as características do paciente como entrada;
- MLP Características do EEG: um MLP que utiliza apenas as características extraídas dos sinais de EEG como entrada;
- MLP Todas as Características: um MLP que utiliza tanto as características do paciente quanto as extraídas dos sinais de EEG como entrada (Figura 9b);

- CNN – LSTM: um modelo CNN – LSTM que utiliza apenas os sinais brutos de EEG como entrada para a CNN (Figura 9a);
- CNN - LSTM + Características do Paciente: um modelo CNN – LSTM que utiliza os sinais brutos de EEG como entrada para a CNN e as características do paciente como entradas adicionais para a primeira camada densa;
- CNN - LSTM + Características do EEG: um modelo CNN – LSTM que utiliza os sinais brutos de EEG como entrada para a CNN e as características extraídas dos sinais de EEG como entradas adicionais para a primeira camada densa;
- CNN - LSTM + Todas as Características: um modelo CNN - LSTM que utiliza os sinais brutos de EEG como entrada para a CNN e tanto as características do paciente quanto as extraídas dos sinais de EEG como entradas adicionais para a primeira camada densa (Figura 8).

4.1.1 Desfecho

Para simular um cenário realista, foi adotada a estratégia de validação cruzada do tipo 5-folds em que o conjunto de dados é dividido aleatoriamente em cinco grupos conforme o número de pacientes. Em cada fold, um dos grupos é usado para teste, enquanto os outros quatro grupos são usados para treinamento do modelo. Dado que para cada paciente existem 10 amostras/épocas de EEG, somente as nove primeiras amostras foram utilizadas. A classificação foi realizada nas nove amostras, e a classificação com a maior predição dentre as nove amostras foi considerada a predição final do algoritmo para aquele paciente. Para a divisão da base de dados em 80% treinamento e 20% teste, seguimos a mesma abordagem utilizada na validação cruzada, na qual os dados foram divididos com base no número de pacientes. Além disso, a classificação também foi realizada nas nove primeiras amostras de cada paciente.

Neste estudo, foram utilizadas informações adicionais do paciente, como características clínicas (idade, sexo e etiologia do coma) e características extraídas dos sinais de EEG (*Time Domain Features*). As características como sexo e etiologia do coma são atributos categóricos, e para torná-las numéricas, foi realizada uma transformação utilizando a técnica de *One-Hot-Encoding* (HANCOCK; KHOSHGOFTAAR, 2020). Nessa técnica, as categorias são transformadas em novas variáveis onde o número 1 representa o valor afirmativo e o 0 negativo. A transformação resultou em um total de 14 características relacionadas ao paciente. Por outro lado, as informações extraídas dos sinais de EEG resultaram em um total de 100 características.

A Tabela 4 apresenta os resultados obtidos pelos sete modelos em relação ao conjunto de teste, utilizando a divisão da base de dados em 80% treino/20% teste. Além

disso, a tabela resume a média e o desvio padrão dos resultados obtidos na validação cruzada do tipo 5-folds. Para todos os modelos, a acurácia, F1 score (macro), precisão e recall foram calculados utilizando os resultados obtidos no conjunto de teste de cada fold. O modelo híbrido proposto, que utiliza sinais brutos de EEG como entrada para a CNN e apenas as características do paciente como informações adicionais para a primeira camada densa (CNN - LSTM + Características do Paciente), apresenta a melhor performance se analisado o desempenho obtido nos dois experimentos.

Tabela 4 – Resultados obtidos pelos diferentes modelos para a predição do desfecho de cada paciente utilizando a base de dados do Coma. Os resultados apresentados são para o conjunto de teste nos experimentos utilizando a divisão da base de dados em 80% para treinamento e 20% para teste, bem como a média e o desvio padrão dos resultados obtidos na validação cruzada do tipo 5-folds. Os resultados do melhor modelo estão destacados em negrito.

Modelo	Experimento Base de dados	Acurácia	F1 score (macro)	Precisão	Recall
MLP Características do Paciente	80% Treino/20% Teste	0.750	0.769	0.714	0.833
	Validação Cruzada	0.667 ± 0.091	0.645 ± 0.125	0.681 ± 0.085	0.633 ± 0.163
MLP Características do EEG	80% Treino/20% Teste	0.583	0.615	0.571	0.677
	Validação Cruzada	0.517 ± 0.134	0.487 ± 0.189	0.492 ± 0.141	0.500 ± 0.236
MLP Todas as Características	80% Treino/20% Teste	0.833	0.857	0.750	1.000
	Validação Cruzada	0.650 ± 0.133	0.635 ± 0.160	0.652 ± 0.143	0.633 ± 0.194
CNN - LSTM	80% Treino/20% Teste	0.750	0.727	0.800	0.667
	Validação Cruzada	0.833 ± 0.053	0.822 ± 0.048	0.909 ± 0.117	0.767 ± 0.081
CNN - LSTM + Características do Paciente	80% Treino/20% Teste	0.833	0.833	0.833	0.833
	Validação Cruzada	0.833 ± 0.091	0.826 ± 0.092	0.871 ± 0.124	0.800 ± 0.125
CNN - LSTM + Características do EEG	80% Treino/20% Teste	0.750	0.727	0.800	0.667
	Validação Cruzada	0.800 ± 0.067	0.795 ± 0.062	0.846 ± 0.130	0.767 ± 0.081
CNN - LSTM + Todas as Características	80% Treino/20% Teste	0.750	0.727	0.800	0.667
	Validação Cruzada	0.817 ± 0.122	0.806 ± 0.127	0.853 ± 0.129	0.767 ± 0.133

4.1.1.1 Otimização pelo Algoritmo Genético

Para otimizar os hiper-parâmetros do modelo híbrido CNN - LSTM proposto e selecionar o melhor subconjunto de características para serem utilizadas como entradas adicionais na primeira camada densa, utilizamos um Algoritmo Genético. Como o AG emprega soluções iniciais aleatórias e operadores estocásticos, o algoritmo foi executado 10 vezes com diferentes sementes pseudo-aleatórias.

O AG foi executado utilizando uma população de tamanho 30, durante 30 gerações. A taxa de crossover e de mutação utilizada foi de 60%. A escolha de uma taxa de crossover e mutação elevada teve como objetivo promover a exploração do espaço de soluções. Foi utilizado o método de elitismo, em que o melhor indivíduo de cada geração foi passado automaticamente para a próxima geração. O método de seleção utilizado foi o Torneio de tamanho 2, onde é sorteado dois indivíduos ao acaso, comparado os fitness e o mais apto destes dois é selecionado. Os resultados obtidos pelos melhores modelos encontrados em cada execução do AG são apresentados no Apêndice D, bem como o tempo médio de cada execução.

No Apêndice D também são apresentados os hiper-parâmetros que definem a arquitetura e o treinamento do modelo encontrado na melhor execução do AG. O melhor modelo encontrado, um modelo híbrido CNN - LSTM, é composto por 24 camadas e utiliza somente 55 características como informações adicionais, que são inseridas na primeira camada densa do modelo. Das 55 características selecionadas, 6 são informações clínicas do paciente, enquanto 49 são informações extraídas dos sinais de EEG.

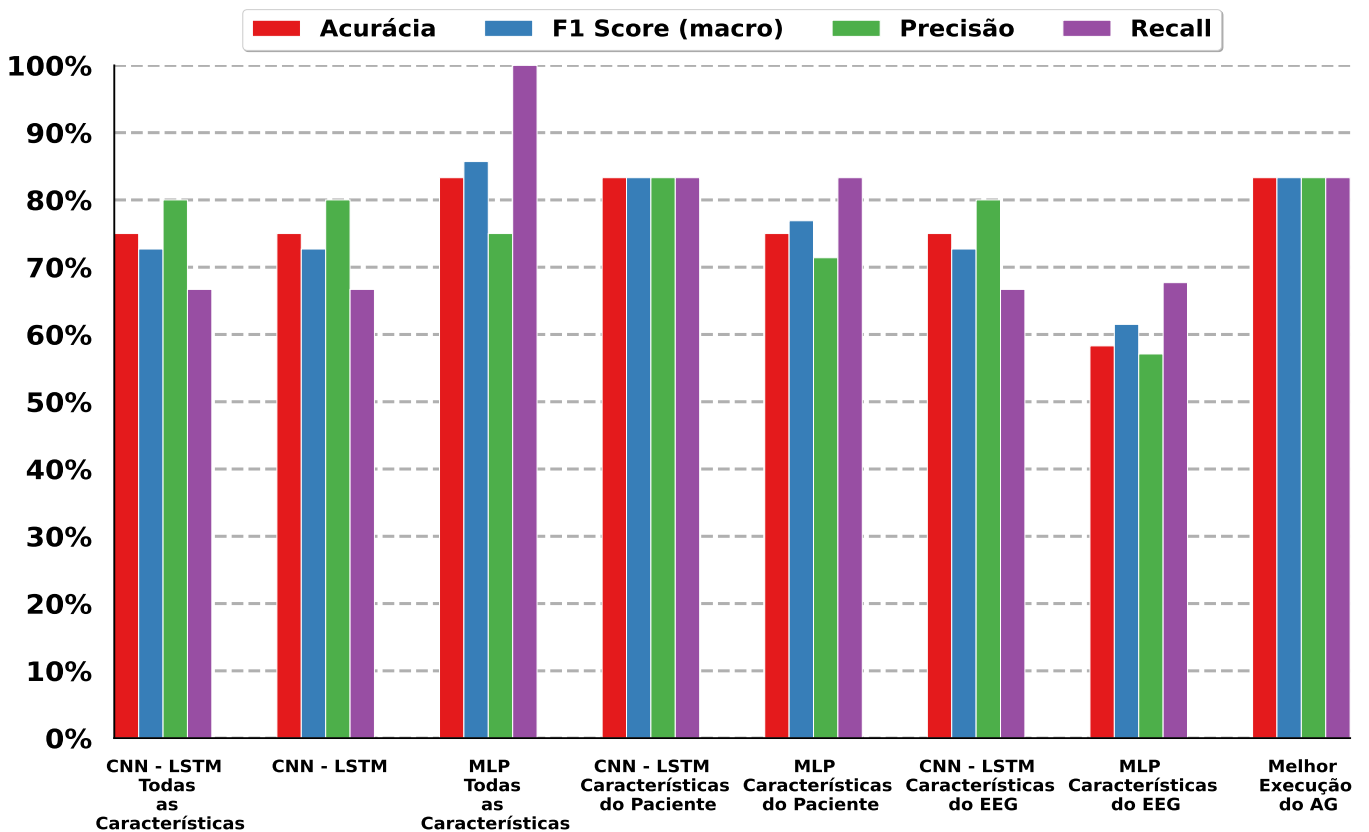
A Tabela 5 apresenta os resultados dos sete modelos e também do melhor modelo encontrado na melhor execução do AG, bem como a média obtida nas 10 execuções. De modo geral, podemos observar que o melhor modelo encontrado pelo AG obteve a melhor performance.

Tabela 5 – Comparação dos resultados obtidos pelos diferentes modelos, bem como pelo melhor modelo encontrado pelo Algoritmo Genético e a média obtida para todas as 10 execuções, utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente. São apresentados os resultados para o conjunto de teste nos experimentos utilizando a divisão da base de dados em 80% para treinamento e 20% para teste e também a média e o desvio padrão dos resultados obtidos na validação cruzada do tipo 5-folds. Os resultados do melhor modelo estão destacados em negrito.

Modelo	Experimento Base de dados	Acurácia	F1 score (macro)	Precisão	Recall
MLP Características do Paciente	80% Treino/20% Teste	0.750	0.769	0.714	0.833
	Validação Cruzada	0.667 ± 0.091	0.645 ± 0.125	0.681 ± 0.085	0.633 ± 0.163
MLP Características do EEG	80% Treino/20% Teste	0.583	0.615	0.571	0.677
	Validação Cruzada	0.517 ± 0.134	0.487 ± 0.189	0.492 ± 0.141	0.500 ± 0.236
MLP Todas as Características	80% Treino/20% Teste	0.833	0.857	0.750	1.000
	Validação Cruzada	0.650 ± 0.133	0.635 ± 0.160	0.652 ± 0.143	0.633 ± 0.194
CNN - LSTM	80% Treino/20% Teste	0.750	0.727	0.800	0.667
	Validação Cruzada	0.833 ± 0.053	0.822 ± 0.048	0.909 ± 0.117	0.767 ± 0.081
CNN - LSTM + Características do Paciente	80% Treino/20% Teste	0.833	0.833	0.833	0.833
	Validação Cruzada	0.833 ± 0.091	0.826 ± 0.092	0.871 ± 0.124	0.800 ± 0.125
CNN - LSTM + Características do EEG	80% Treino/20% Teste	0.750	0.727	0.800	0.667
	Validação Cruzada	0.800 ± 0.067	0.795 ± 0.062	0.846 ± 0.130	0.767 ± 0.081
CNN - LSTM + Todas as Características	80% Treino/20% Teste	0.750	0.727	0.800	0.667
	Validação Cruzada	0.817 ± 0.122	0.806 ± 0.127	0.853 ± 0.129	0.767 ± 0.133
Melhor execução do AG	80% Treino/20% Teste	0.833	0.833	0.833	0.833
	Validação Cruzada	0.933 ± 0.082	0.938 ± 0.076	0.917 ± 0.105	0.967 ± 0.067
Média AG	80% Treino/20% Teste	0.848 ± 0.123	0.824 ± 0.202	0.842 ± 0.120	0.823 ± 0.233
	Validação Cruzada	0.817 ± 0.122	0.793 ± 0.234	0.804 ± 0.252	0.810 ± 0.221

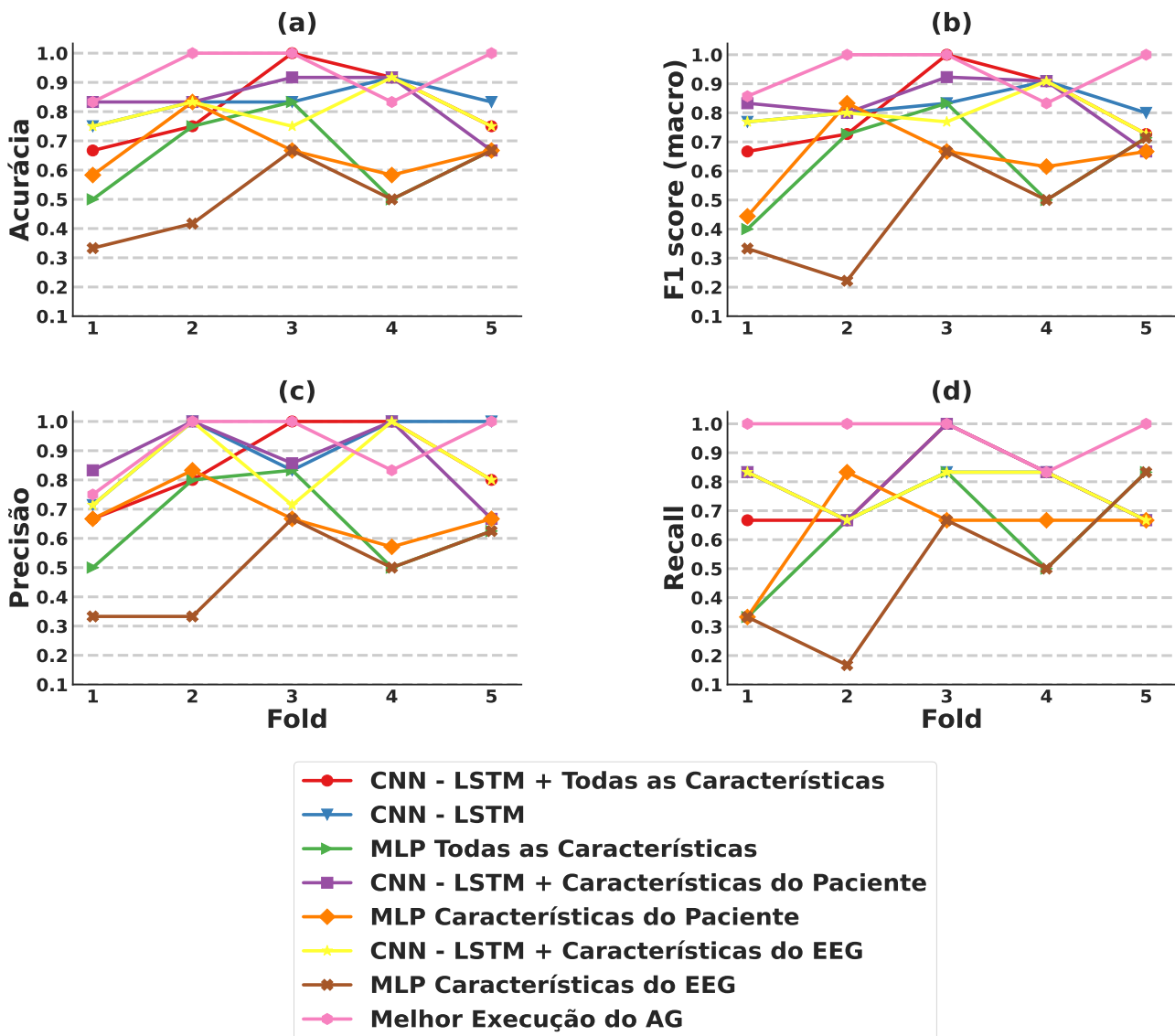
A Figura 15 ilustra os resultados obtidos em percentual para cada modelo no experimento da base de dados utilizando 80% para treinamento e 20% para teste. Observa-se que o modelo ‘MLP Todas as Características’ obteve o melhor desempenho em termos de F1 score (macro) e Recall.

Figura 15 – Resultados percentuais obtidos para o conjunto de teste no experimento da divisão da base de dados em 80% para treinamento e 20% para teste utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente.



A fim de avaliar o desempenho dos diferentes modelos, uma análise detalhada foi realizada comparando as métricas de avaliação em cada fold da validação cruzada (conforme ilustrado na Figura 16). De acordo com os resultados obtidos, é possível concluir que, em geral, o modelo selecionado pelo AG apresentou um desempenho superior nos folds 2 e 5 em comparação com os demais modelos avaliados.

Figura 16 – Resultado em cada fold da validação cruzada utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente. (a) Acurácia; (b) F1 score (macro); (c) Precisão; (d) Recall.



4.1.1.2 Características selecionadas pelo Algoritmo Genético

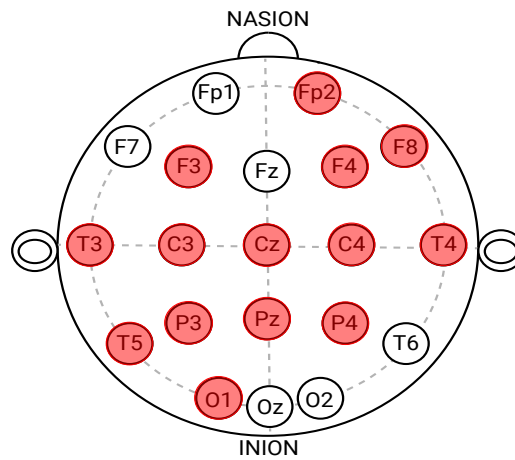
Neste projeto, utilizamos o Algoritmo Genético para otimizar os hiper-parâmetros do modelo híbrido proposto, bem como para selecionar o melhor subconjunto de características para a primeira camada densa do modelo. Um dos objetivos secundários deste estudo é analisar as características selecionadas (preditores), pois a análise dessas características pode trazer informações relevantes do ponto de vista médico para o auxílio a tratamentos associados a pacientes em coma. O Apêndice D apresenta a frequência de seleção de cada característica nas 10 execuções do AG, enquanto a Tabela 6 apresenta as características que foram selecionadas sete ou mais vezes entre as 10 execuções. A idade do paciente foi a característica selecionada em todas as execuções, enquanto informações sobre a etiologia do coma também demonstraram ser importantes para a predição do desfecho do paciente.

Para as características extraídas dos sinais de EEG, observamos que informações de diferentes canais do EEG foram consideradas importantes. A Figura 17 ilustra os eletrodos selecionados e suas posições no córtex.

Tabela 6 – Características selecionadas sete ou mais vezes dentre as 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente.

Tipo	Descrição	Feature	Total
Característica do Paciente	Idade do paciente	Age	10
	Etiologia (Distúrbios Hidroeletrolíticos)	Etiology Hydroelectrolytic Disorders	7
	Etiologia (Encefalopatia pós anóxica)	Etiology Post Anoxic Encephalopathy	8
	Etiologia (Hematoma subdural crônico)	Etiology Chronic Subdural Hematoma	7
Time Domain Features	Máximo do canal FP2	FP2_max	8
	Desvio Padrão do canal F3	F3_std	7
	Desvio Padrão do canal F4	F4_std	8
	Mínimo do canal F4	F4_min	8
	Média do canal F8	F8_mean	7
	Mínimo do canal F8	F8_min	7
	Máximo do canal T3	T3_max	7
	Variância do canal C3	C3_var	7
	Média do canal CZ	CZ_mean	8
	Média do canal C4	C4_mean	7
	Variância do canal T4	T4_var	7
	Mínimo do canal T5	T5_min	7
	Mínimo do canal P3	P3_min	7
	Máximo do canal PZ	PZ_max	7
	Máximo do canal P4	P4_max	8
Média do canal O1	O1_mean	7	

Figura 17 – Eletrodos selecionados sete ou mais vezes dentre as 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente.



4.1.2 Etiologia

A variável dependente (saída do modelo) utilizada aqui foi a etiologia do coma. A Tabela 7 apresenta os exemplos (pacientes) do conjunto de dados categorizados de acordo com a etiologia do coma. Devido ao número reduzido de pacientes em algumas etiologias, agrupamos as causas com 2 ou menos pacientes em uma nova categoria denominada ‘Outros’.

Tabela 7 – Conjunto de dados referentes a etiologia do coma. O respectivo número de pacientes para cada etiologia é indicado por N . As etiologias foram agrupadas em 4 categorias (rótulos) para classificação.

Etiologia	N	Categoria	Total		
Traumatismo Cranioencefálico	20	Traumatismo Cranioencefálico	20		
Coma Metabólico	18	Coma Metabólico	18		
Acidente Vascular Cerebral	12	Acidente Vascular Cerebral	12		
Encefalopatia pós anóxica	2	Outros	10		
Neoplasia	2				
Distúrbios Hidroeletrólíticos	1				
Ferimento por arma de fogo	1				
Hematoma subdural crônico	1				
Hidrocefalia	1				
Encefalopatia hipóxica	1				
Neurocisticercose	1				
				60	

Para lidar com o desbalanceamento das amostras, utilizamos a técnica de validação cruzada estratificada do tipo k -fold para avaliar os modelos. Nessa abordagem, o conjunto de dados é dividido aleatoriamente em k grupos de mesmo tamanho. O modelo é treinado com $k-1$ grupos e testado com o grupo restante, repetindo o processo até que todos os grupos tenham sido usados para teste. Essa técnica estratifica as amostras, garantindo que a proporção de cada categoria seja mantida em cada grupo de teste. Isso é particularmente importante dado o desbalanceamento das amostras em nosso conjunto de dados.

Com o objetivo de simular um cenário realista, adotamos a estratégia de validação cruzada estratificada do tipo 5-folds, em que o conjunto de dados é dividido aleatoriamente em cinco grupos conforme o número de pacientes. Nesse sentido, os 60 pacientes foram divididos em cinco grupos de mesmo tamanho. Além disso, devido ao fato de termos 10 amostras/épocas de EEG por paciente, apenas as nove primeiras foram utilizadas para a análise. A classificação foi realizada considerando as nove amostras e a predição final do algoritmo para cada paciente foi determinada com base na classificação com a maior predição dentre as nove amostras. Para a divisão da base de dados em 80% treinamento e 20% teste, seguimos a mesma abordagem utilizada na validação cruzada e a classificação também foi realizada nas nove primeiras amostras de cada paciente.

Além das métricas de avaliação utilizadas no estudo anterior (Acurácia, F1 score (macro), Precisão e Recall), para avaliar os modelos neste estudo em que há um desbalanceamento do conjunto de dados, utilizamos também a F1 score (weighted).

Neste estudo foram utilizadas informações adicionais do paciente, como idade e sexo, e características extraídas dos sinais de EEG (*Time Domain Features*). Como no estudo anterior, a característica relacionada ao sexo do paciente foi transformada em uma variável numérica utilizando a técnica de *One-Hot-Encoding*. A transformação resultou em um total de 3 características relacionadas ao paciente. As informações extraídas dos sinais de EEG resultaram em um total de 100 características.

A Tabela 8 apresenta os resultados obtidos para cada modelo no conjunto de teste, utilizando a divisão da base de dados em 80% treinamento e 20% teste. Além disso, a tabela resume a média e o desvio padrão dos resultados da validação cruzada estratificada do tipo 5-folds para os sete modelos avaliados. Para todos os modelos, a média e o desvio padrão da acurácia, F1 score (macro), F1 score (weighted), precisão e recall são calculados com base nos resultados obtidos no conjunto de teste de cada fold. O sistema híbrido proposto, que utiliza sinais brutos de EEG como entrada para a CNN e apenas características do paciente como informações adicionais para a primeira camada densa (CNN - LSTM + Características do Paciente), obteve resultados significativamente superiores aos outros modelos na validação cruzada estratificada. De modo geral, o modelo apresenta a melhor performance se analisado o desempenho obtido nos dois experimentos.

Tabela 8 – Resultados obtidos pelos diferentes modelos para a predição da etiologia do coma utilizando a base de dados do Coma. Os resultados são apresentados para o conjunto de teste nos experimentos utilizando a divisão da base de dados em 80% para treinamento e 20% para teste, bem como a média e o desvio padrão dos resultados obtidos na validação cruzada estratificada do tipo 5-folds. Os resultados do melhor modelo estão destacados em negrito.

Modelo	Experimento Base de dados	Acurácia	F1 score (macro)	F1 score (weighted)	Precisão	Recall
MLP Características do Paciente	80% Treino/20% Teste	0.500	0.351	0.468	0.357	0.375
	Validação Cruzada	0.417 ± 0.140	0.304 ± 0.161	0.343 ± 0.153	0.281 ± 0.166	0.363 ± 0.150
MLP Características do EEG	80% Treino/20% Teste	0.417	0.250	0.333	0.208	0.312
	Validação Cruzada	0.267 ± 0.062	0.146 ± 0.041	0.191 ± 0.054	0.134 ± 0.057	0.204 ± 0.046
MLP Todas as Características	80% Treino/20% Teste	0.500	0.338	0.450	0.312	0.375
	Validação Cruzada	0.417 ± 0.118	0.305 ± 0.094	0.373 ± 0.118	0.289 ± 0.092	0.342 ± 0.090
CNN - LSTM	80% Treino/20% Teste	0.500	0.400	0.450	0.375	0.438
	Validação Cruzada	0.417 ± 0.140	0.339 ± 0.112	0.376 ± 0.132	0.340 ± 0.142	0.375 ± 0.104
CNN - LSTM + Características do Paciente	80% Treino/20% Teste	0.583	0.601	0.607	0.750	0.625
	Validação Cruzada	0.617 ± 0.125	0.576 ± 0.102	0.597 ± 0.108	0.641 ± 0.103	0.592 ± 0.101
CNN - LSTM + Características do EEG	80% Treino/20% Teste	0.417	0.346	0.379	0.333	0.375
	Validação Cruzada	0.367 ± 0.125	0.246 ± 0.080	0.318 ± 0.111	0.230 ± 0.087	0.283 ± 0.089
CNN - LSTM + Todas as Características	80% Treino/20% Teste	0.583	0.601	0.595	0.725	0.625
	Validação Cruzada	0.517 ± 0.097	0.438 ± 0.056	0.501 ± 0.085	0.440 ± 0.059	0.458 ± 0.066

4.1.2.1 Otimização pelo Algoritmo Genético

O Algoritmo Genético foi utilizado para otimizar os hiper-parâmetros do modelo híbrido CNN - LSTM proposto e selecionar o melhor subconjunto de características para serem utilizadas como entradas adicionais na primeira camada densa. Como no estudo anterior, o algoritmo foi executado 10 vezes com diferentes sementes pseudo-aleatórias. Para cada semente pseudo-aleatória, o AG foi executado utilizando uma população de tamanho 30, durante 30 gerações. A taxa de crossover e de mutação utilizada foi de 60%. Foi utilizado o método de elitismo, onde o melhor indivíduo de cada geração foi passado automaticamente para a próxima geração. O método de seleção utilizado foi o Torneio de tamanho 2. Os resultados obtidos pelos melhores modelos encontrados em cada execução do AG são apresentados no Apêndice E, bem como o tempo médio de cada execução.

No Apêndice E são apresentados os hiper-parâmetros que definem a arquitetura e o treinamento do modelo encontrado na melhor execução do AG. O melhor modelo encontrado, um modelo híbrido CNN - LSTM, é composto por 21 camadas e utiliza somente 53 características como informações adicionais, que são inseridas na primeira camada densa do modelo. Das 53 características selecionadas, 1 é informação clínica do paciente, enquanto 52 são informações extraídas dos sinais de EEG.

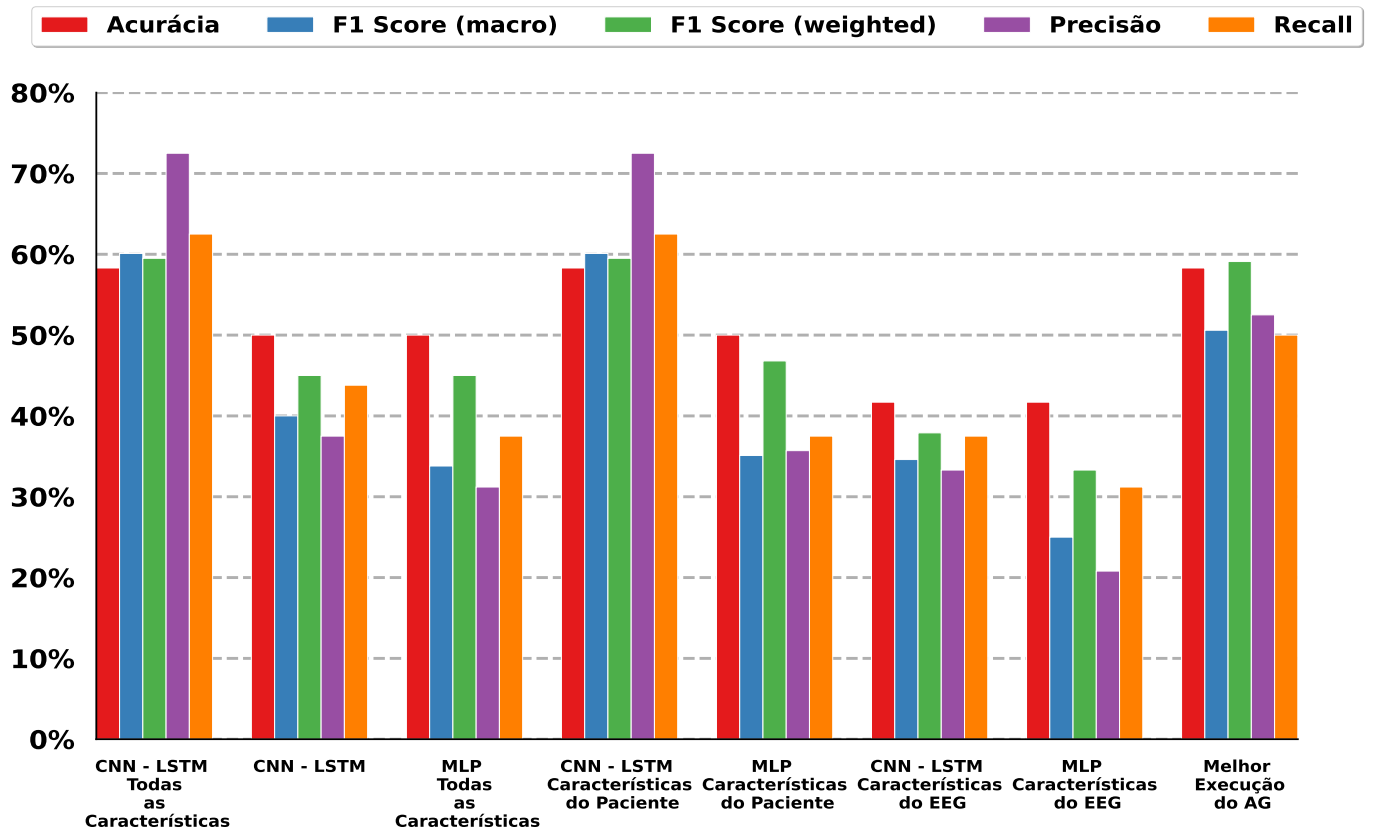
A Tabela 9 apresenta os resultados dos sete modelos e do melhor modelo encontrado na melhor execução do AG, bem como a média obtida nas 10 execuções. O modelo (CNN - LSTM + Características do Paciente), ainda obteve um desempenho superior se comparado com o melhor modelo encontrado na melhor execução do AG.

Tabela 9 – Comparação dos resultados obtidos pelos diferentes modelos, bem como pelo melhor modelo encontrado pelo Algoritmo Genético e a média obtida para todas as 10 execuções, utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma. São apresentados os resultados para o conjunto de teste nos experimentos utilizando a divisão da base de dados em 80% para treinamento e 20% para teste e também a média e o desvio padrão dos resultados obtidos na validação cruzada estratificada do tipo 5-folds. Os resultados do melhor modelo estão destacados em negrito.

Modelo	Experimento Base de dados	Acurácia	F1 score (macro)	F1 score (weighted)	Precisão	Recall
MLP Características do Paciente	80% Treino/20% Teste	0.500	0.351	0.468	0.357	0.375
	Validação Cruzada	0.417 ± 0.140	0.304 ± 0.161	0.343 ± 0.153	0.281 ± 0.166	0.363 ± 0.150
MLP Características do EEG	80% Treino/20% Teste	0.417	0.250	0.333	0.208	0.312
	Validação Cruzada	0.267 ± 0.062	0.146 ± 0.041	0.191 ± 0.054	0.134 ± 0.057	0.204 ± 0.046
MLP Todas as Características	80% Treino/20% Teste	0.500	0.338	0.450	0.312	0.375
	Validação Cruzada	0.417 ± 0.118	0.305 ± 0.094	0.373 ± 0.118	0.289 ± 0.092	0.342 ± 0.090
CNN - LSTM	80% Treino/20% Teste	0.500	0.400	0.450	0.375	0.438
	Validação Cruzada	0.417 ± 0.140	0.339 ± 0.112	0.376 ± 0.132	0.340 ± 0.142	0.375 ± 0.104
CNN - LSTM + Características do Paciente	80% Treino/20% Teste	0.583	0.601	0.607	0.750	0.625
	Validação Cruzada	0.617 ± 0.125	0.576 ± 0.102	0.597 ± 0.108	0.641 ± 0.103	0.592 ± 0.101
CNN - LSTM + Características do EEG	80% Treino/20% Teste	0.417	0.346	0.379	0.333	0.375
	Validação Cruzada	0.367 ± 0.125	0.246 ± 0.080	0.318 ± 0.111	0.230 ± 0.087	0.283 ± 0.089
CNN - LSTM + Todas as Características	80% Treino/20% Teste	0.583	0.601	0.595	0.725	0.625
	Validação Cruzada	0.517 ± 0.097	0.438 ± 0.056	0.501 ± 0.085	0.440 ± 0.059	0.458 ± 0.066
Melhor execução do AG	80% Treino/20% Teste	0.583	0.506	0.591	0.525	0.500
	Validação Cruzada	0.517 ± 0.153	0.424 ± 0.118	0.482 ± 0.126	0.454 ± 0.127	0.450 ± 0.138
Média AG	80% Treino/20% Teste	0.433 ± 0.102	0.338 ± 0.117	0.409 ± 0.129	0.373 ± 0.137	0.362 ± 0.097
	Validação Cruzada	0.455 ± 0.070	0.338 ± 0.078	0.403 ± 0.081	0.334 ± 0.087	0.384 ± 0.071

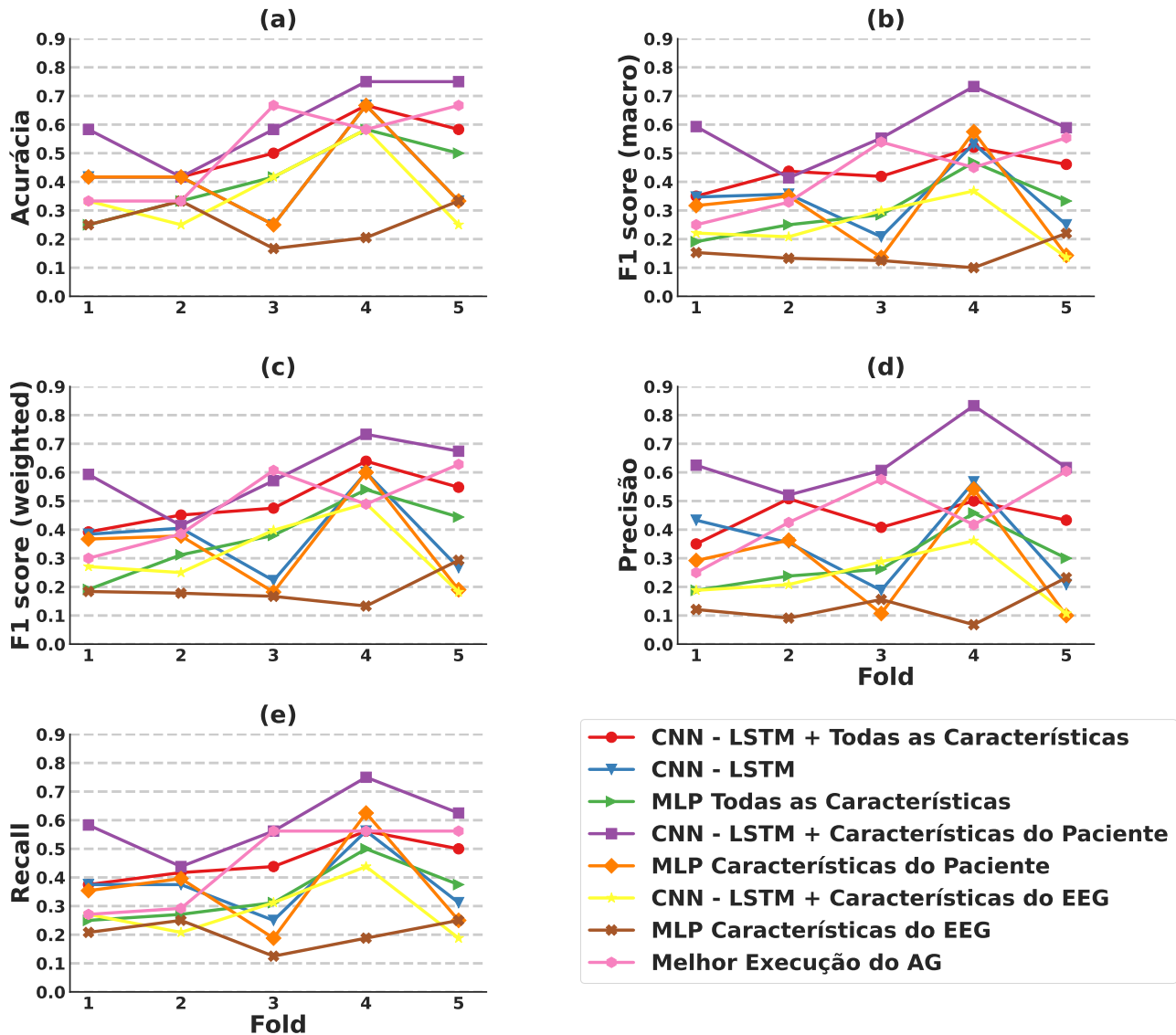
A Figura 18 apresenta os resultados em porcentagem para cada modelo no experimento da base de dados utilizando 80% treinamento/20% teste. Observa-se que os modelos ‘CNN - LSTM + Características do Paciente’ e ‘CNN - LSTM + Todas as Características’, apresentam resultados similares.

Figura 18 – Resultados percentuais obtidos para o conjunto de teste no experimento da divisão da base de dados 80% para treinamento e 20% para teste utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma.



A fim de avaliar o desempenho dos diferentes modelos, uma análise detalhada foi realizada comparando as métricas de avaliação em cada fold da validação cruzada (conforme ilustrado na Figura 19). De acordo com os resultados obtidos, é possível concluir que, em geral, o modelo ‘CNN - LSTM + Características do Paciente’ obtém um resultado superior nos folds 1, 4 e 5.

Figura 19 – Resultado em cada fold da validação cruzada estratificada utilizando a base de dados do Coma para a predição do etiologia do coma. (a) Acurácia; (b) F1 score (macro); (c) F1 score (weighted); (d) Precisão; (e) Recall.



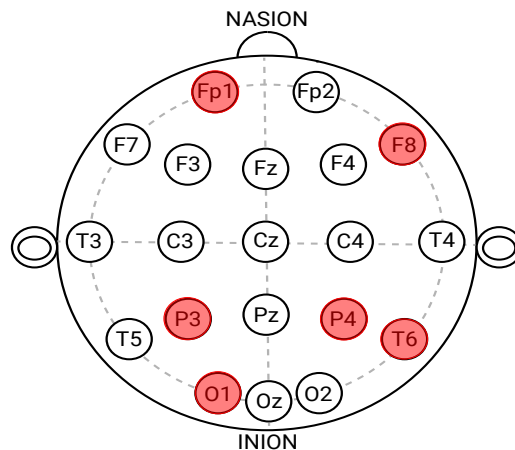
4.1.2.2 Características selecionadas pelo Algoritmo Genético

Como no estudo anterior, utilizamos o Algoritmo Genético para otimizar os hiper-parâmetros do modelo híbrido proposto, bem como para selecionar o melhor subconjunto de características para a primeira camada densa do modelo. O Apêndice E apresenta a frequência de seleção de cada característica nas 10 execuções do AG, enquanto a Tabela 10 apresenta as características que foram selecionadas sete ou mais vezes entre as 10 execuções. A idade do paciente foi a característica que apareceu em todas as execuções do AG, enquanto que para as características extraídas dos sinais de EEG, podemos observar que informações de poucos canais do EEG foram consideradas importantes. A Figura 20 ilustra os eletrodos selecionados e suas posições no córtex.

Tabela 10 – Características selecionadas sete ou mais vezes dentre as 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma.

Tipo	Descrição	Feature	Total
Característica do Paciente	Idade do paciente	Age	10
	Máximo do canal FP1	FP2_max	9
Time Domain Features	Mínimo do canal F8	F8_min	7
	Média do canal P3	P3_mean	8
	Desvio Padrão do canal P4	P4_std	7
	Variância do canal P4	P4_var	7
	Média do canal T6	T6_mean	7
	Mínimo do canal O1	O1_min	7

Figura 20 – Eletrodos selecionados sete ou mais vezes dentre as 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma.



4.2 Acidente Vascular Cerebral

Neste estudo, é proposto um modelo híbrido para classificação de sinais de EEG de pacientes que sofreram AVC (ver Figura 8) e o compara com outros dois modelos (conforme ilustrado na Figura 9). Uma vez que esta é uma base de dados pública e as informações dos pacientes não estão disponíveis, a comparação entre os modelos foi realizada considerando exclusivamente a forma como as entradas são utilizadas. É importante ressaltar que esses modelos iniciais não utilizam o Algoritmo Genético para a otimização dos hiper-parâmetros e seleção de características. Sendo:

- MLP Todas as Características: um MLP que utiliza todas as características extraídas dos sinais de EEG como entrada (Figura 9b);

- CNN – LSTM: um modelo CNN – LSTM que utiliza apenas os sinais brutos de EEG como entrada para a CNN (Figura 9a);
- CNN - LSTM + Todas as Características: um modelo CNN - LSTM que utiliza os sinais brutos de EEG como entrada para a CNN e todas as características extraídas dos sinais de EEG como entradas adicionais para a primeira camada densa (Figura 8);

Considerando que a base de dados foi utilizada em uma competição (CHOWDHURY; ANDREU-PEREZ, 2021), os experimentos realizados neste estudo foram conduzidos com base no desafio proposto aos integrantes. No desafio, os participantes utilizaram um conjunto de dados de EEG de 10 indivíduos que apresentavam hemiparesia em decorrência de Acidente Vascular Cerebral. Os dados de EEG foram gerados a partir de um paradigma experimental de neuroreabilitação BCI (*Brain Computer Interface*), composto por ritmo sensório-motor (*Sensorimotor Rhythm* - SMR) associado a duas classes: tentativa de preensão com a mão direita e tentativa de preensão com a mão esquerda (ver Subseção 3.1.2).

Na competição, foi proposta a classificação dos sinais em duas classes: **classe 0** - tentativa de preensão com a mão direita; **Classe 1** - tentativa de preensão com a mão esquerda. Duas abordagens foram disponibilizadas para a classificação dos sinais, sendo: 1) utilizando os dados referentes a cada paciente e 2) utilizando os dados de todos os pacientes. Na abordagem (1), um classificador é treinado com os dados de treinamento do próprio paciente (registros de EEG gerados durante a sessão de treinamento sem feedback) e avaliado utilizando os dados de teste do mesmo paciente (registros de EEG gerados durante a sessão com feedback online). Já na abordagem (2), os dados de treinamento dos oito primeiros pacientes (P01 - P08) é utilizado para treinar o classificador, que é avaliado utilizando os dados de teste dos dois últimos pacientes (P09 e P10). É importante ressaltar que os dados de treinamento dos sujeitos P09 e P10 não foram utilizados no treinamento do classificador para evitar possíveis influências do mesmo sujeito. Neste estudo, para os nossos experimentos, optamos por considerar somente a abordagem (2), uma vez que, nessa abordagem, o número de amostras para treinamento do classificador é maior.

Para avaliar a performance dos modelos de classificação propostos neste estudo, adotamos a estratégia de validação cruzada 5-folds, na qual o conjunto de dados foi dividido em cinco grupos com base no número de pacientes. Em cada fold, um dos grupos foi utilizado como conjunto de teste, enquanto os outros quatro grupos foram utilizados para treinamento do modelo. Entretanto, seguimos a mesma abordagem utilizada na competição, na qual os dados de treinamento e teste dos pacientes foram combinados de maneira específica em cada fold. Por exemplo, no fold 1, os dados de treinamento dos pacientes P03 a P10 foram utilizados para treinar o modelo, que foi avaliado nos dados de

teste dos pacientes P01 e P02. Para o fold 2, os dados de treinamento dos pacientes P01, P02 e P06 a P10 foram utilizados para treinar o modelo, que foi avaliado nos dados de teste dos pacientes P04 e P05. Esse procedimento foi repetido até que os dados de teste de todos os indivíduos fossem avaliados. Além disso, também realizamos o experimento de divisão da base de dados em 80% treino/20% teste seguindo a mesma abordagem, na qual os dados de treinamento dos pacientes P01 a P08 foram utilizados para treinar o modelo, que foi avaliado nos dados de teste dos pacientes P09 e P10.

Como características adicionais para serem utilizadas na primeira camada densa do modelo ‘CNN - LSTM + Todas as Características’ e como entrada para o modelo ‘MLP Todas as Características’, foram utilizadas somente as características extraídas dos sinais de EEG (*Time Domain Features* e *Frequency Domain Features*). No total, 210 características foram obtidas dos sinais de EEG.

A Tabela 11 apresenta os resultados obtidos para cada modelo no conjunto de teste, utilizando a divisão da base de dados em 80% treinamento e 20% teste. Além disso, também são apresentados os resultados obtidos do melhor modelo encontrado na melhor execução do Algoritmo Genético. O AG foi utilizado para otimizar os hiper-parâmetros do modelo híbrido proposto e selecionar o melhor subconjunto de características para serem utilizadas como entradas adicionais na primeira camada densa. Como mencionado na Seção 3.2.2, a base de dados foi dividida em 40% para treinamento, 40% para validação e 20% para teste com base no número de pacientes. As partes de treinamento e validação foram utilizadas na execução do AG. Cada indivíduo do AG é avaliado treinando o modelo correspondente utilizando o conjunto de treinamento e o resultado da f1-score nos exemplos de validação é utilizado para a avaliação do indivíduo. Nesta etapa, também seguimos a mesma abordagem proposta na competição, onde para treinar cada indivíduo do AG utilizamos os dados de treinamento dos paciente P1 a P4, que foi avaliado nos dados de teste dos pacientes P05 a P08.

Como no estudo anterior, o algoritmo foi executado 10 vezes com diferentes sementes pseudo-aleatórias. Para cada semente pseudo-aleatória, o AG foi executado utilizando uma população de tamanho 30, durante 30 gerações. A taxa de crossover e de mutação utilizada foi de 60%. Foi utilizado o método de elitismo, onde o melhor indivíduo de cada geração foi passado automaticamente para a próxima geração. O método de seleção utilizado foi o Torneio de tamanho 2. Os resultados obtidos pelo melhor modelo encontrado em cada execução do AG, bem como a média de todas as execuções, são apresentados no Apêndice F. No Apêndice F também é apresentado o tempo médio de cada execução.

No Apêndice F também são apresentados os hiper-parâmetros que definem a arquitetura e o treinamento do modelo encontrado na melhor execução do AG. O melhor modelo encontrado, um modelo híbrido CNN - LSTM, é composto por 20 camadas e utiliza somente 106 características como informações adicionais, que são inseridas na primeira

camada densa do modelo. Das 106 características selecionadas, 32 são características extraídas no domínio do tempo dos sinais de EEG, enquanto 74 são características extraídas no domínio da frequência dos sinais.

Conforme apresentado na Tabela 11, o modelo encontrado na melhor execução do AG obteve uma média de resultados superior aos três outros modelos (Acurácia: 0.763, F1 score (macro): 0.746, Especificidade: 0.825, Recall: 0.700).

Tabela 11 – Resultados obtidos pelos diferentes modelos, bem como pelo melhor modelo encontrado pelo Algoritmo Genético, utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. Os resultados apresentados são para o conjunto de teste nos experimentos utilizando a divisão da base de dados em 80% para treinamento e 20% para teste. A média dos resultados do melhor modelo estão destacados em negrito.

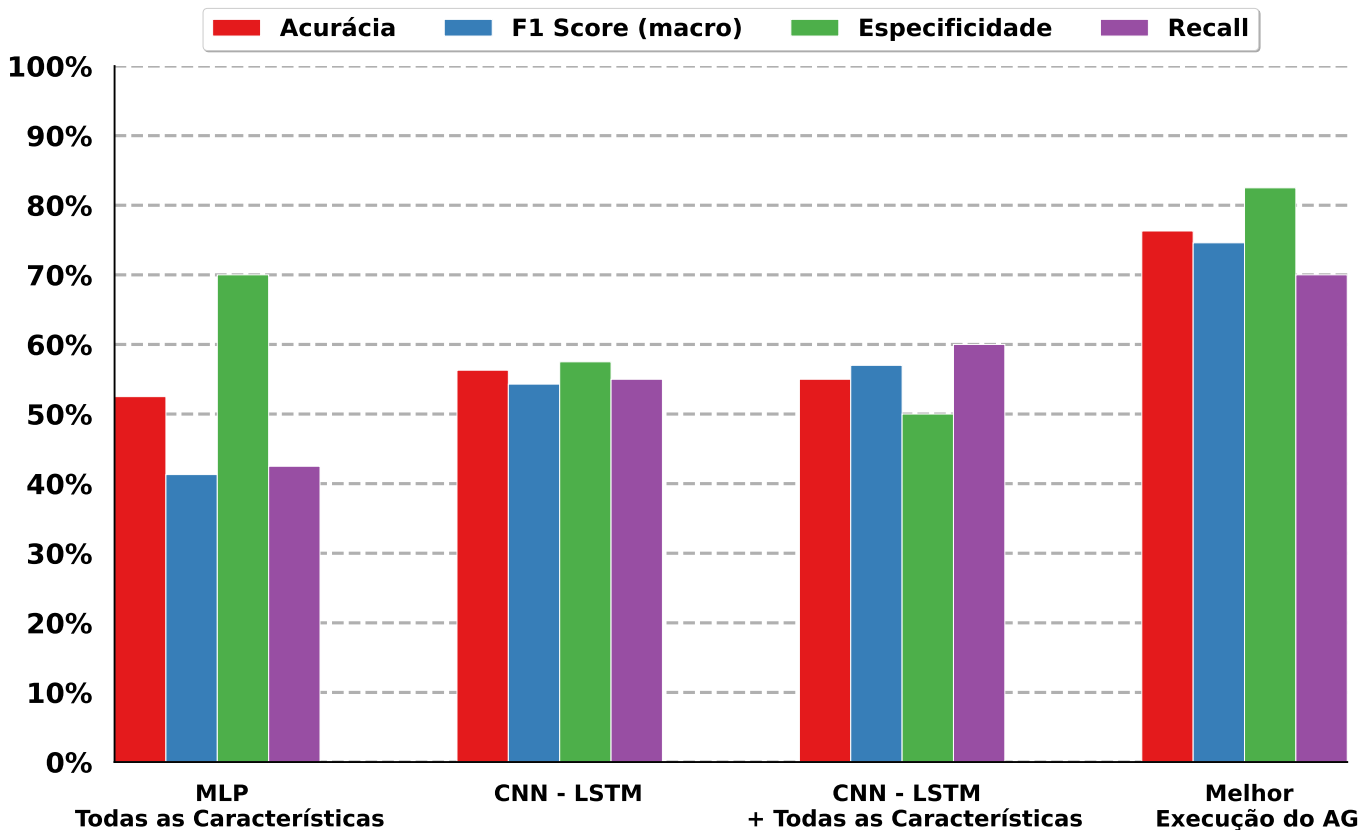
ID	MLP Todas as Características				CNN - LSTM				CNN - LSTM + Todas as Características				Melhor Execução do AG			
	Acurácia	F1 score (macro)	Especificidade	Recall	Acurácia	F1 score (macro)	Especificidade	Recall	Acurácia	F1 score (macro)	Especificidade	Recall	Acurácia	F1 score (macro)	Especificidade	Recall
P09	0.600	0.652	0.450	0.750	0.750	0.762	0.700	0.800	0.625	0.651	0.550	0.700	0.675	0.649	0.750	0.600
P10	0.525	0.174	0.950	0.100	0.375	0.324	0.450	0.300	0.475	0.488	0.450	0.500	0.850	0.842	0.900	0.800
Média	0.525	0.413	0.700	0.425	0.563	0.543	0.575	0.550	0.550	0.570	0.500	0.600	0.763	0.746	0.825	0.700

Tabela 12 – Média dos resultados obtidos para todas as 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. Os resultados apresentados são para o conjunto de teste nos experimentos utilizando a divisão da base de dados em 80% para treinamento e 20% para teste.

Média AG				
ID	Acurácia	F1 score (macro)	Especificidade	Recall
P09	0.538 ± 0.102	0.437 ± 0.244	0.635 ± 0.279	0.440 ± 0.260
P10	0.540 ± 0.244	0.443 ± 0.354	0.605 ± 0.491	0.475 ± 0.355
Média	0.539 ± 0.148	0.440 ± 0.277	0.620 ± 0.361	0.458 ± 0.288

A Figura 21 ilustra a média dos resultados em porcentagem para cada modelo no experimento da base de dados utilizando 80% treinamento/20% teste. Observa-se que o modelo encontrado na melhor execução do AG supera os outros três modelos.

Figura 21 – Resultados percentuais obtidos para o conjunto de teste no experimento da divisão da base de dados 80% para treinamento e 20% para teste utilizando a base de dados do Avidente Vascular Cerebral.



A Tabela 13 resume a média e o desvio padrão dos resultados obtidos na validação cruzada do tipo 5-folds para os 3 modelos avaliados, bem como para o melhor modelo encontrado na melhor execução do AG. Em todos os experimentos, a média e o desvio padrão da acurácia, F1 score (macro), especificidade e recall são calculados com base nos resultados obtidos no conjunto de teste de cada fold. Utilizando a validação cruzada, o modelo encontrado na melhor execução do AG também obteve uma média de resultados superior aos três outros modelos (Acurácia: 0.555 ± 0.127 , F1 score (macro): 0.565 ± 0.176 , Especificidade: 0.480 ± 0.337 , Recall: 0.630 ± 0.264).

Tabela 13 – Resultados obtidos pelos diferentes modelos, bem como pelo melhor modelo encontrado pelo Algoritmo Genético, utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. Os resultados apresentados são para a validação cruzada do tipo 5-folds. A média dos resultados do melhor modelo estão destacados em negrito. (Acc = Acurácia; F1 = F1 score (macro))

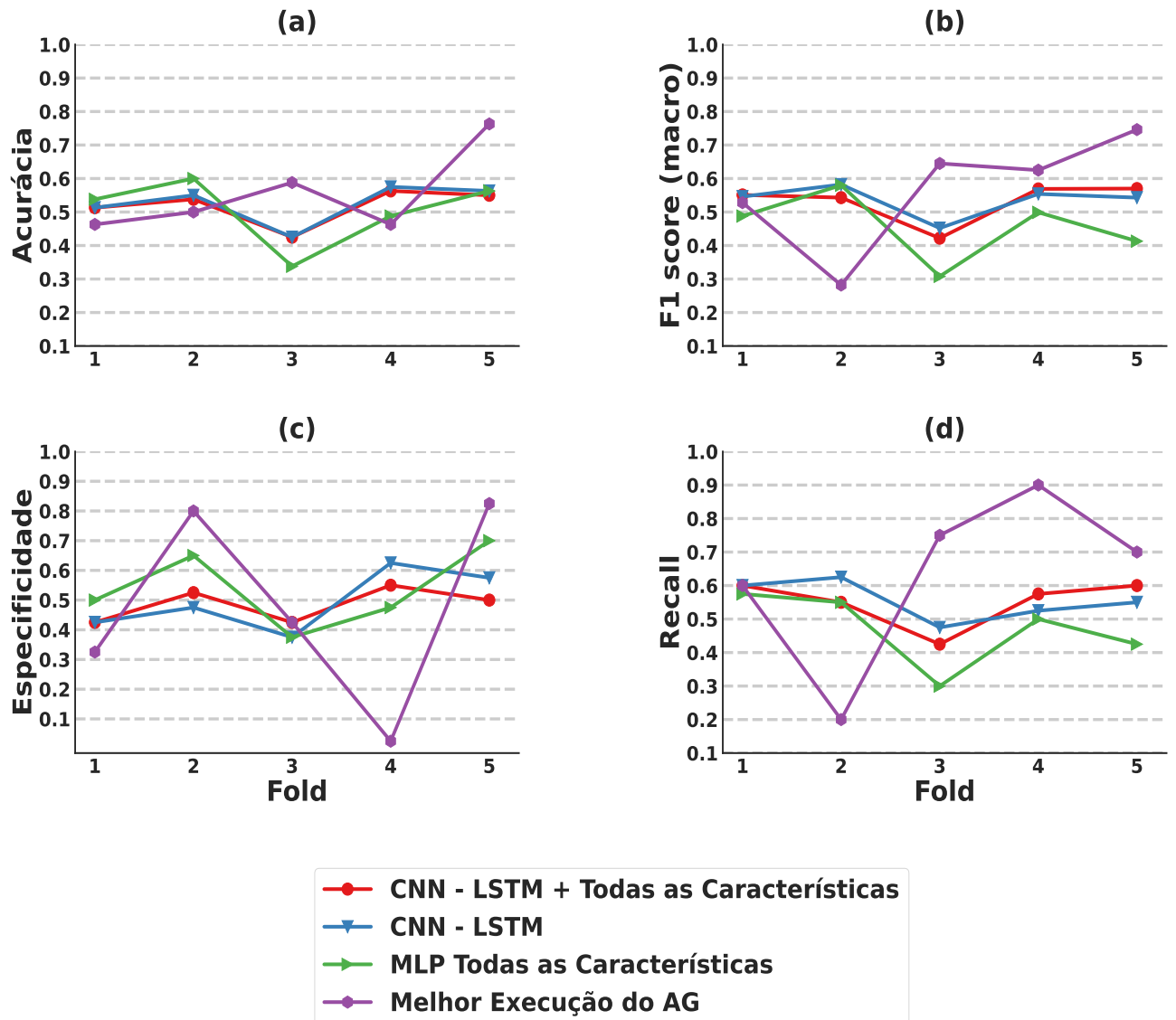
Folds	ID	MLP Todas as Características				CNN - LSTM				CNN - LSTM + Todas as Características				Melhor Execução do AG			
		Acc	F1	Especificidade	Recall	Acc	F1	Especificidade	Recall	Acc	F1	Especificidade	Recall	Acc	F1	Especificidade	Recall
Fold 1	P01	0.550	0.679	0.150	0.950	0.425	0.439	0.400	0.450	0.500	0.524	0.450	0.550	0.425	0.531	0.200	0.650
	P02	0.525	0.296	0.850	0.200	0.600	0.652	0.450	0.750	0.525	0.578	0.400	0.650	0.500	0.524	0.450	0.550
	Média	0.538	0.488	0.500	0.575	0.513	0.546	0.425	0.600	0.513	0.551	0.425	0.600	0.463	0.528	0.325	0.600
Fold 2	P03	0.625	0.595	0.700	0.550	0.525	0.578	0.400	0.650	0.575	0.585	0.550	0.600	0.500	0.231	0.850	0.150
	P04	0.575	0.564	0.600	0.550	0.575	0.585	0.550	0.600	0.500	0.500	0.500	0.500	0.500	0.333	0.750	0.250
	Média	0.600	0.580	0.650	0.550	0.550	0.582	0.475	0.625	0.538	0.543	0.525	0.550	0.500	0.282	0.800	0.200
Fold 3	P05	0.275	0.216	0.350	0.200	0.425	0.439	0.400	0.450	0.400	0.368	0.450	0.350	0.550	0.609	0.400	0.700
	P06	0.400	0.400	0.400	0.400	0.425	0.465	0.350	0.500	0.450	0.476	0.400	0.500	0.625	0.681	0.450	0.800
	Média	0.338	0.308	0.375	0.300	0.425	0.452	0.375	0.475	0.425	0.422	0.425	0.425	0.588	0.645	0.425	0.750
Fold 4	P07	0.600	0.579	0.650	0.550	0.525	0.537	0.500	0.550	0.525	0.537	0.500	0.550	0.525	0.678	0.050	1.000
	P08	0.375	0.419	0.300	0.450	0.625	0.571	0.750	0.500	0.600	0.600	0.600	0.600	0.400	0.571	0.000	0.800
	Média	0.488	0.499	0.475	0.500	0.575	0.554	0.625	0.525	0.563	0.569	0.550	0.575	0.463	0.625	0.025	0.900
Fold 5	P09	0.600	0.652	0.450	0.750	0.750	0.762	0.700	0.800	0.625	0.651	0.550	0.700	0.675	0.649	0.750	0.600
	P10	0.525	0.174	0.950	0.100	0.375	0.324	0.450	0.300	0.475	0.488	0.450	0.500	0.850	0.842	0.900	0.800
	Média	0.525	0.413	0.700	0.425	0.563	0.543	0.575	0.550	0.550	0.570	0.500	0.600	0.763	0.746	0.825	0.700
Média		0.505 ± 0.102	0.457 ± 0.102	0.540 ± 0.133	0.470 ± 0.111	0.525 ± 0.061	0.535 ± 0.049	0.495 ± 0.104	0.555 ± 0.060	0.518 ± 0.055	0.531 ± 0.062	0.485 ± 0.058	0.550 ± 0.073	0.555 ± 0.127	0.565 ± 0.176	0.480 ± 0.337	0.630 ± 0.264

Tabela 14 – Média dos resultados obtidos para todas as 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. Os resultados apresentados são para a validação cruzada do tipo 5-folds. (Acc = Acurácia; F1 = F1 score (macro))

Média AG					
Folds	ID	Acc	F1	Especificidade	Recall
Fold 1	P01	0.510 ± 0.142	0.452 ± 0.252	0.535 ± 0.308	0.485 ± 0.293
	P02	0.493 ± 0.065	0.439 ± 0.204	0.495 ± 0.324	0.490 ± 0.312
	Média	0.501 ± 0.053	0.445 ± 0.210	0.515 ± 0.255	0.488 ± 0.279
Fold 2	P03	0.543 ± 0.103	0.520 ± 0.191	0.490 ± 0.340	0.595 ± 0.339
	P04	0.475 ± 0.077	0.446 ± 0.197	0.440 ± 0.333	0.510 ± 0.300
	Média	0.509 ± 0.061	0.483 ± 0.182	0.465 ± 0.325	0.553 ± 0.309
Fold 3	P05	0.550 ± 0.067	0.514 ± 0.208	0.525 ± 0.291	0.575 ± 0.297
	P06	0.533 ± 0.114	0.488 ± 0.229	0.525 ± 0.249	0.540 ± 0.322
	Média	0.541 ± 0.075	0.501 ± 0.214	0.525 ± 0.251	0.558 ± 0.300
Fold 4	P07	0.503 ± 0.073	0.406 ± 0.278	0.505 ± 0.412	0.500 ± 0.414
	P08	0.485 ± 0.050	0.395 ± 0.248	0.500 ± 0.426	0.470 ± 0.362
	Média	0.494 ± 0.041	0.400 ± 0.260	0.503 ± 0.410	0.485 ± 0.384
Fold 5	P09	0.538 ± 0.102	0.437 ± 0.244	0.635 ± 0.279	0.440 ± 0.260
	P10	0.540 ± 0.244	0.443 ± 0.354	0.605 ± 0.491	0.475 ± 0.355
	Média	0.539 ± 0.148	0.440 ± 0.277	0.620 ± 0.361	0.458 ± 0.288
Média		0.517 ± 0.023	0.454 ± 0.102	0.526 ± 0.119	0.508 ± 0.101

A fim de avaliar o desempenho dos diferentes modelos, uma análise detalhada foi realizada comparando a média das métricas de avaliação em cada fold da validação cruzada (conforme ilustrado na Figura 22). De acordo com os resultados obtidos, o modelo encontrado na melhor execução do AG, obtém um resultado superior nos folds 3 e 5.

Figura 22 – Resultado em cada fold da validação cruzada utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. (a) Acurácia; (b) F1 score (macro); (c) Especificidade; (d) Recall.



4.2.1 Características selecionadas pelo Algoritmo Genético

Como para a base de dados do Coma, utilizamos o Algoritmo Genético para otimizar os hiper-parâmetros do modelo híbrido proposto, bem como para selecionar o melhor subconjunto de características para a primeira camada densa do modelo. O Apêndice

F apresenta a frequência de seleção de cada característica nas 10 execuções do AG. A Tabela 15 apresenta as características que foram selecionadas sete ou mais vezes entre as 10 execuções. Para as características extraídas no domínio do tempo dos sinais de EEG (*Time Domain Features*), observamos que informações de diferentes canais do EEG foram consideradas importantes. A Figura 23 ilustra os eletrodos selecionados e suas posições no córtex. Por outro lado, para as características extraídas no domínio da frequência dos sinais (*Frequency Domain Features*), foram consideradas importantes as extraídas na frequência de 10 Hz a 30 Hz.

Figura 23 – Eletrodos selecionados sete ou mais vezes dentre as 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral.

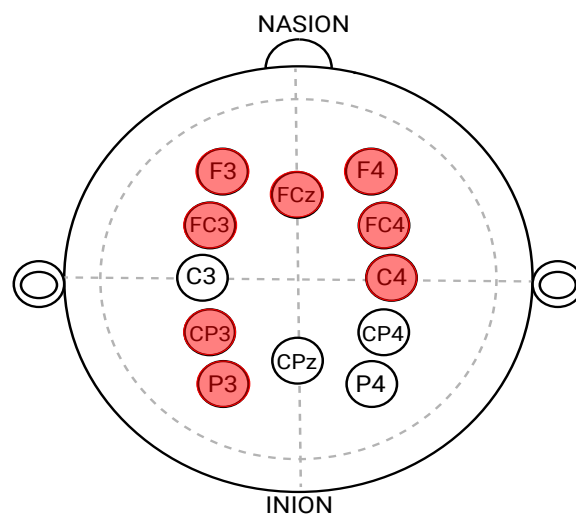


Tabela 15 – Características selecionadas sete ou mais vezes dentre as 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral.

Tipo	Descrição	Feature	Total
Time Domain Features	Mínimo do canal F3	F3_min	7
	Média do canal FC3	FC3_mean	7
	Variância do canal CP3	CP3_var	7
	Máximo do canal P3	P3_max	7
	Média do canal FCz	FCz_mean	7
	Desvio Padrão do canal F4	F4_std	7
	Máximo do canal F4	F4_max	7
	Desvio Padrão do canal FC4	FC4_std	8
	Desvio Padrão do canal C4	C4_std	7
Frequency Domain Features	Potência na Frequência 0.2 HZ	PSD_0.2_HZ	7
	Potência na Frequência 2.2 HZ	PSD_2.2_HZ	7
	Potência na Frequência 4.6 HZ	PSD_4.6_HZ	7
	Potência na Frequência 7.0 HZ	PSD_7.0_HZ	8
	Potência na Frequência 7.4 HZ	PSD_7.4_HZ	8
	Potência na Frequência 7.8 HZ	PSD_7.8_HZ	7
	Potência na Frequência 8.6 HZ	PSD_8.6_HZ	7
	Potência na Frequência 10.6 HZ	PSD_10.6_HZ	7
	Potência na Frequência 10.8 HZ	PSD_10.8_HZ	7
	Potência na Frequência 11.2 HZ	PSD_11.2_HZ	7
	Potência na Frequência 12.8 HZ	PSD_12.8_HZ	7
	Potência na Frequência 15.2 HZ	PSD_15.2_HZ	7
	Potência na Frequência 16.0 HZ	PSD_16.0_HZ	7
	Potência na Frequência 17.8 HZ	PSD_17.8_HZ	7
	Potência na Frequência 19.2 HZ	PSD_19.2_HZ	8
	Potência na Frequência 19.4 HZ	PSD_19.4_HZ	7
	Potência na Frequência 19.6 HZ	PSD_19.6_HZ	8
	Potência na Frequência 20.0 HZ	PSD_20.0_HZ	7
	Potência na Frequência 20.4 HZ	PSD_20.4_HZ	7
	Potência na Frequência 21.4 HZ	PSD_21.4_HZ	7
Potência na Frequência 22.0 HZ	PSD_22.0_HZ	8	
Potência na Frequência 23.4 HZ	PSD_23.4_HZ	7	
Potência na Frequência 24.6 HZ	PSD_24.6_HZ	7	
Potência na Frequência 27.6 HZ	PSD_27.6_HZ	7	
Potência na Frequência 27.8 HZ	PSD_27.8_HZ	7	
Potência na Frequência 29.4 HZ	PSD_29.4_HZ	7	

Discussão

Neste mestrado é proposto um modelo híbrido CNN – LSTM que utiliza sinais brutos de EEG como entrada para a primeira camada CNN e no qual características clínicas e/ou extraídas dos sinais de EEG são inseridas na primeira camada densa do modelo (Figura 8). O modelo é utilizado para a predição de deslance em tratamentos associados a pacientes em Coma e pacientes que sofreram Acidente Vascular Cerebral. Além disso, um Algoritmo Genético é utilizado para a seleção de características clínicas e extraídas dos sinais de EEG, e para otimizar os hiper-parâmetros do modelo híbrido proposto. Para testar nossa hipótese de que incluir informações adicionais na primeira camada densa do modelo CNN - LSTM pode melhorar a classificação, o modelo proposto é comparado a duas outras abordagens: i) uma CNN - LSTM utilizando como entrada apenas sinais de EEG (brutos) (Figura 9a); ii) um Multilayer Perceptron (MLP) utilizando como entrada apenas atributos extraídos por meio do pré-processamento dos sinais de exames de EEG e informações do paciente (quando presentes) (Figura 9b). O método proposto neste trabalho é genérico para problemas da área de saúde que envolvam sinais de EEG, desse modo, utilizamos duas bases de dados diferentes. A seguir são discutidos os resultados obtidos para as duas bases de dados utilizadas.

5.1 Desfecho do Coma

O modelo híbrido proposto é utilizado para prever o desfecho do paciente. Para isso, utilizam-se os sinais brutos de EEG como entrada para a CNN e tanto características do paciente (idade, sexo e etiologia do coma) quanto as características extraídas dos sinais de EEG como entradas adicionais para a primeira camada densa.

Conforme a Tabela 4, o modelo híbrido proposto que utiliza sinais brutos de EEG como entrada para a CNN e apenas as características do paciente como informações adicionais para a primeira camada densa (CNN - LSTM + Características do Paciente),

apresenta resultados semelhantes ao modelo CNN – LSTM que utiliza apenas os sinais brutos de EEG como entrada para a CNN (CNN - LSTM), se comparados pela média e desvio padrão obtidos na validação cruzada (Acurácia: 0.833 ± 0.091 , F1 score (macro): 0.826 ± 0.092 ; Precisão: 0.871 ± 0.124 ; Recall: 0.800 ± 0.125 vs. Acurácia: 0.833 ± 0.053 , F1 score (macro): 0.822 ± 0.048 ; Precisão: 0.909 ± 0.117 ; Recall: 0.767 ± 0.081). Já na divisão da base de dados em 80% treino/20% teste, o modelo se assemelha aos resultados obtidos pelo MLP que utiliza tanto as características do paciente quanto as extraídas dos sinais de EEG como entrada (MLP Todas as Características) (Acurácia: 0.833, F1 score (macro): 0.833, Precisão: 0.833, Recall: 0.833 vs. Acurácia: 0.833, F1 score (macro): 0.857, Precisão: 0.750, Recall: 1.000). Ao analisar os resultados obtidos nos dois experimentos, podemos observar que o modelo ‘CNN - LSTM + Características do Paciente’ obtém o melhor desempenho geral.

A performance obtida pelo modelo ‘CNN - LSTM + Características do Paciente’ indica que a inclusão de características do paciente como informações adicionais para a primeira camada densa melhorou o desempenho do modelo CNN – LSTM. No entanto, quando todas as características disponíveis, tanto as do paciente (idade, sexo e etiologia do coma) quanto as extraídas dos sinais de EEG, foram utilizadas como entradas adicionais para a primeira camada densa no modelo ‘CNN - LSTM + Todas as Características’, observou-se uma queda no desempenho do classificador. Isso se deve, em parte, ao fato de que o número de características utilizadas é muito maior (114 características) no modelo ‘CNN - LSTM + Todas as Características’ em comparação com apenas 14 características utilizadas no modelo ‘CNN - LSTM + Características do Paciente’. Além disso, as características extraídas dos sinais de EEG são relativamente simples e não contribuem muito para a classificação, o que pode explicar a queda no desempenho observada no modelo ‘CNN - LSTM + Todas as Características’.

Ao empregar o Algoritmo Genético para otimizar os hiper-parâmetros do modelo híbrido proposto e selecionar o melhor subconjunto de características para a primeira camada densa do modelo, constatou-se uma melhora significativa na performance do modelo. A Tabela 5 evidencia que o modelo obtido pelo AG apresentou o mesmo desempenho que o modelo ‘CNN - LSTM + Características do Paciente’ na divisão da base de dados em 80% treino/20% teste (Acurácia: 0.833, F1 score (macro): 0.833, Precisão: 0.833, Recall: 0.833 vs. Acurácia: 0.833, F1 score (macro): 0.833, Precisão: 0.833, Recall: 0.833), entretanto, na validação cruzada do tipo 5-folds, o modelo alcançou um resultado superior (Acurácia: 0.933 ± 0.082 , F1 score (macro): 0.938 ± 0.076 ; Precisão: 0.917 ± 0.105 ; Recall: 0.967 ± 0.067 vs. Acurácia: 0.833 ± 0.091 , F1 score (macro): 0.826 ± 0.092 ; Precisão: 0.871 ± 0.124 ; Recall: 0.800 ± 0.125). O melhor modelo encontrado pelo AG utiliza apenas 55 características como entradas adicionais, sendo 6 informações clínicas do paciente e 49 características extraídas dos sinais de EEG. A quantidade de características utilizadas é menor do que a empregada no modelo ‘CNN - LSTM + Todas as Caracterís-

ticas'. Os resultados sugerem que o uso de algumas características específicas extraídas dos sinais de EEG em conjunto com as informações do paciente contribuiu para melhorar o desempenho do classificador.

Ao compararmos os modelos pelos resultados obtidos no experimento da divisão da base de dados em 80% treinamento e 20% teste, podemos observar na Figura 15 que o modelo 'MLP Todas as Características', que utiliza tanto as características do paciente quanto as extraídas dos sinais de EEG como entrada, obteve o melhor desempenho em termos de F1 score (macro) e Recall. Por outro lado, a melhor execução do AG apresentou resultados iguais ao modelo 'CNN - LSTM + Características do Paciente' nesse experimento. No entanto, vale ressaltar que esses resultados são parcialmente afetados pelo pequeno número de pacientes utilizados para teste, o que dificulta a análise da real performance do modelo. Dessa forma, percebemos haver semelhança nos resultados entre alguns modelos. Porém, ao analisar a performance dos modelos através da validação cruzada, é possível observar diferenças significativas nos resultados obtidos (Figura 16).

Ao analisar a performance dos modelos em cada fold da validação cruzada, é possível identificar como cada algoritmo se comporta com diferentes conjuntos de treinamento e teste. Observando o desempenho dos diferentes modelos em cada fold da validação cruzada (conforme ilustrado na Figura 16), conclui-se que o modelo selecionado pelo algoritmo genético apresentou um melhor desempenho em geral nos folds 2 e 5 em comparação com os demais modelos avaliados. Além disso, os modelos MLP com diferentes tipos de entradas obtiveram a pior performance se comparados aos outros modelos.

Os resultados indicam que o AG é capaz de selecionar o conjunto mais adequado de características para serem utilizadas na primeira camada densa do modelo CNN - LSTM. Adicionalmente, o AG proporciona um modelo com resultados superiores e com os hiper-parâmetros otimizados para resolver esse problema. No entanto, como evidenciado na Tabela 5, a média dos resultados obtidos em todas as execuções do AG não é superior a todos os outros modelos. Isto sugere que nem todas as execuções do AG conseguiram encontrar um modelo superior aos que foram utilizados como referência.

A utilização do AG para a seleção de características pode fornecer informações valiosas para auxiliar no tratamento de pacientes em coma. Ao analisar as características selecionadas nas 10 execuções do AG (Tabela 6), é possível observar que a idade do paciente foi uma característica selecionada em todas as execuções, enquanto informações sobre a etiologia do coma também foram consideradas importantes para prever o desfecho do paciente. Além disso, para as características extraídas dos sinais de EEG, informações de vários canais do EEG foram consideradas relevantes. A Figura 17 ilustra os eletrodos selecionados e suas posições no córtex, permitindo observar que foram selecionadas características extraídas de várias regiões do córtex. A análise dos canais selecionados pode ser útil para neurologistas identificarem padrões relevantes encontrados nesses ca-

nais de EEG. Os resultados obtidos neste experimento sugerem que é importante analisar as informações de todo o córtex cerebral para prever o desfecho do paciente.

5.2 Etiologia do Coma

O modelo híbrido proposto é utilizado para prever a etiologia do coma de cada paciente. Para isso, utilizam-se os sinais brutos de EEG como entrada para a CNN e tanto características do paciente (idade e sexo) quanto as características extraídas dos sinais de EEG como entradas adicionais para a primeira camada densa.

Conforme a Tabela 8, o modelo híbrido proposto, que utiliza sinais brutos de EEG como entrada para a CNN e apenas características do paciente como informações adicionais para a primeira camada densa (CNN - LSTM + Características do Paciente), apresentou resultados semelhantes ao modelo que utiliza tanto as características do paciente quanto as extraídas dos sinais de EEG como informações adicionais (CNN - LSTM + Todas as Características), se comparados pelo experimento utilizando a divisão da base de dados em 80% treino/20% teste (Acurácia: 0.583, F1 score (macro): 0.601, F1 score (weighted): 0.607, Precisão: 0.750, Recall: 0.625 vs. Acurácia: 0.583, F1 score (macro): 0.601, F1 score (weighted): 0.595, Precisão: 0.725, Recall: 0.625). Por outro lado, para a validação cruzada, o modelo (CNN - LSTM + Características do Paciente) apresentou resultados significativamente superiores aos outros modelos (Acurácia: 0.617 ± 0.125 , F1 score (macro): 0.576 ± 0.102 , F1 score (weighted): 0.597 ± 0.108 , Precisão: 0.641 ± 0.103 , Recall: 0.592 ± 0.101). Ao analisar os resultados obtidos nos dois experimentos, podemos observar que o modelo ‘CNN - LSTM + Características do Paciente’ obtém o melhor desempenho geral.

Como nos resultados do experimento anterior, a performance obtida pelo modelo ‘CNN - LSTM + Características do Paciente’ indica que a utilização de características do paciente como informações adicionais para a primeira camada densa melhorou o desempenho do modelo CNN - LSTM. Entretanto, ao utilizar tanto as características do paciente (idade e sexo) quanto as extraídas dos sinais de EEG como entradas adicionais para a primeira camada densa, também se observa uma queda no desempenho do classificador. Como observado no estudo anterior, a queda no desempenho do modelo é parcialmente causada pela quantidade de características utilizadas, sendo 103 características utilizadas no modelo ‘CNN - LSTM + Todas as Características’ em comparação com apenas 3 características utilizadas no modelo ‘CNN - LSTM + Características do Paciente’. A piora nos resultados também pode ser consequência das características extraídas dos sinais de EEG serem muito simples.

Ao utilizar o Algoritmo Genético para otimizar os hiper-parâmetros do modelo

híbrido proposto e selecionar o melhor subconjunto de características para a primeira camada densa do modelo, foi observado que não houve melhora no desempenho do modelo. A Tabela 9 apresenta que o modelo híbrido proposto, que utiliza sinais brutos de EEG como entrada para a CNN e apenas características do paciente como informações adicionais para a primeira camada densa (CNN - LSTM + Características do Paciente), ainda obteve um melhor desempenho em comparação com o modelo encontrado na melhor execução do AG. Além disso, observa-se que o modelo selecionado pelo AG ainda apresentou um resultado inferior quando comparado ao modelo ‘CNN - LSTM + Todas as Características’. O número desbalanceado de amostras e a quantidade pequena de exemplos para cada classe podem ter influenciado os resultados do AG utilizado para encontrar um modelo que obtivesse um desempenho superior ao modelo ‘CNN - LSTM + Características do Paciente’.

Ao comparar os resultados obtidos no experimento em que foram utilizados 80% dos dados para treinamento e 20% para teste, é possível observar, por meio da Figura 18, que os modelos ‘CNN - LSTM + Características do Paciente’ e ‘CNN - LSTM + Todas as Características’ apresentam resultados semelhantes. No entanto, todos os outros modelos não conseguem atingir um resultado superior à 50% em nenhuma métrica avaliada, exceto pelo melhor modelo encontrado na melhor execução do AG, que consegue obter uma acurácia, F1 score (weighted) e Precisão acima de 50%. Novamente, os resultados são parcialmente influenciados pelo número reduzido de pacientes utilizados para teste. Além disso, o desbalanceamento das amostras também impactou nos resultados. Ao analisar a performance dos modelos por meio da validação cruzada estratificada, é possível observar diferenças nos resultados entre os modelos, conforme ilustrado na Figura 19. Com base nos resultados obtidos, pode-se concluir que, de maneira geral, o modelo ‘CNN - LSTM + Características do Paciente’ apresentou uma performance superior aos demais modelos.

Ao analisar as características selecionadas pelo AG, foi possível observar que novamente a idade do paciente foi a característica que apareceu em todas as execuções (Tabela 10), enquanto para as características extraídas dos sinais de EEG, informações de poucos canais foram consideradas importantes. Na Figura 20, que ilustra os eletrodos selecionados e suas posições no córtex, é observado que foram selecionadas características extraídas de poucos canais, obtendo informações sobre a região frontal e parietal do córtex. Essas duas regiões são responsáveis, respectivamente, pelos movimentos voluntários do corpo, linguagem e habilidades cognitivas, e pela integração de informações sensoriais como toque, temperatura, pressão e dor. Os resultados sugerem que, para a predição da etiologia do coma do paciente, é importante analisar as informações dessas duas regiões do córtex cerebral. A hipótese é que, dependendo do grau de acometimento do coma e do quão profundo a pessoa está inconsciente, informações sobre essas duas regiões podem sugerir a causa do coma do paciente.

5.3 Acidente Vascular Cerebral

Os dados de EEG utilizados neste estudo foram gerados a partir de um paradigma experimental de neuroreabilitação BCI (*Brain Computer Interface*), composto por ritmo sensório-motor (*Sensorimotor Rhythm - SMR*) associado a duas classes: i) tentativa de preensão com a mão direita; ii) tentativa de preensão com a mão esquerda. O modelo híbrido proposto tem como objetivo classificar os sinais de EEG em tentativa de preensão com a mão direita ou tentativa de preensão com a mão esquerda. Para isso, utilizam-se os sinais brutos de EEG como entrada para a CNN, e as características extraídas dos sinais de EEG como entradas adicionais para a primeira camada densa.

Foram realizados dois experimentos seguindo a abordagem proposta no *Clinical Brain Computer Interfaces Challenge WCCI 2020 Glasgow*. A Tabela 11 apresenta os resultados do conjunto de teste obtidos no primeiro experimento, o qual também foi utilizado para avaliar os competidores em (CHOWDHURY; ANDREU-PEREZ, 2021). Neste experimento, os dados de treinamento dos oito primeiros pacientes (P01 - P08) foram utilizados para treinar um classificador, avaliado com os dados de teste dos dois últimos pacientes (P09 e P10). Os resultados da Tabela 11 e Figura 21 indicam que o modelo ‘CNN - LSTM’ obteve uma média de resultados semelhante ao modelo ‘CNN - LSTM + Todas as Características’ (Acurácia: 0.563, F1 score (macro): 0.543, Especificidade: 0.575, Recall: 0.550 vs. Acurácia: 0.550, F1 score (macro): 0.570, Especificidade: 0.500, Recall: 0.600). Por outro lado, o modelo encontrado na melhor execução do Algoritmo Genético obteve uma média de resultados superior aos três outros modelos (Acurácia: 0.763, F1 score (macro): 0.746, Especificidade: 0.825, Recall: 0.700). A performance obtida pelo modelo ‘CNN - LSTM + Todas as Características’ sugere que a utilização de muitas características como informações adicionais para a primeira camada densa não ajuda a melhorar o desempenho do modelo CNN - LSTM. Em contrapartida, ao utilizar o AG para otimizar os hiper-parâmetros do modelo híbrido proposto e selecionar o melhor subconjunto de características para a primeira camada densa do modelo, observou-se uma melhoria significativa no desempenho do classificador. Esses resultados indicam que algumas características extraídas dos sinais de EEG são úteis para melhorar o desempenho do classificador, mas nem todas são necessárias.

Os resultados obtidos na validação cruzada 5-folds (Tabela 13) corroboram os achados anteriores, no qual o modelo ‘CNN - LSTM’ apresentou um desempenho semelhante ao modelo ‘CNN - LSTM + Todas as Características’ (Acurácia: 0.525 ± 0.061 , F1 score (macro): 0.535 ± 0.049 , Especificidade: 0.495 ± 0.104 , Recall: 0.555 ± 0.060 vs.. Acurácia: 0.518 ± 0.055 , F1 score (macro): 0.531 ± 0.062 , Especificidade: 0.485 ± 0.058 , Recall: 0.550 ± 0.073). Entretanto, o modelo selecionado pelo AG obteve um desempenho superior aos demais modelos (Acurácia: 0.555 ± 0.127 , F1 score (macro): $0.565 \pm$

0.176, Especificidade: 0.480 ± 0.337 , Recall: 0.630 ± 0.264). Analisando a performance dos diferentes modelos em cada fold da validação cruzada (conforme ilustrado na Figura 22), é possível concluir que, em geral, os três modelos utilizados como base (MLP Todas as Características, CNN - LSTM e CNN - LSTM + Todas as Características) obtêm resultados muito próximos em todos os folds. Já o modelo encontrado na melhor execução do AG, obtém um resultado superior no fold 3 e 5 em termos de acurácia, porém, podemos observar uma flutuação muito grande na média dos resultados quando olhamos para as métricas como especificidade e recall.

Os resultados indicam que o AG é capaz de selecionar o conjunto mais adequado de características para serem utilizadas na primeira camada densa do modelo CNN - LSTM. Adicionalmente, o AG proporciona um modelo com resultados superiores e com os hiper-parâmetros otimizados para resolver esse problema. No entanto, conforme observado na Tabela 12 e Tabela 14, a média dos resultados obtidos em todas as execuções do AG não é superior a todos os outros modelos. Isto sugere que nem todas as execuções do AG conseguiram encontrar um modelo superior aos que foram utilizados como referência.

Para comparar a performance do modelo híbrido proposto, foi realizada uma análise comparativa dos resultados obtidos pelos três melhores participantes da competição. A análise foi realizada com base no experimento utilizando os dados de treinamento dos oito primeiros pacientes (P01 - P08) para treinar o classificador, que é avaliado utilizando os dados de teste dos dois últimos pacientes (P09 e P10). A classificação dos participantes foi definida com base nos valores do Coeficiente Kappa de Cohen obtidos na classificação. Na Tabela 16 são exibidos a acurácia e o Coeficiente Kappa de Cohen obtidos na classificação dos pacientes de teste pelos três modelos propostos neste estudo, além do melhor modelo híbrido CNN - LSTM encontrado na melhor execução do AG. A Tabela 16 também apresenta os resultados obtidos pelos três melhores participantes. Os resultados indicam que o modelo híbrido CNN - LSTM proposto, que utiliza os sinais brutos de EEG como entrada para a CNN e características extraídas dos sinais de EEG como entradas adicionais para a primeira camada densa e que foi otimizado pelo Algoritmo Genético, superou o terceiro colocado, que utilizou uma rede neural residual (ResNet) para classificar os sinais de EEG.

O modelo híbrido CNN - LSTM encontrado na melhor execução do AG não obteve um desempenho superior aos dois primeiros colocados da competição. O primeiro lugar utilizou o método SEE (*Single Electrode Energy*) para classificar os sinais de EEG dos diferentes pacientes, utilizando apenas o sinal de um único eletrodo. Neste método, primeiro o sinal é filtrado para remover os ruídos presentes e, em seguida, uma função é aplicada para calcular o valor característico do sinal. O valor característico é utilizado para ordenar as amostras e atribuir as duas classes aos dois grupos diferentes, com base na mediana. Por outro lado, a equipe que alcançou o segundo lugar utili-

zou as características obtidas por meio da geometria de Riemann (*Riemannian geometry* -Rg) em conjunto com três classificadores diferentes: Rede Neural Densa (*Dense Neural Network* - DNN), Máquina de Vetores de Suporte (*Support-Vector Machine* – SVM) e EEGNet. O *ensemble* de Rg+DNN, Rg+SVM e Rg+EEGNet foi utilizado para a classificação dos sinais e a previsão final foi realizada por meio da técnica de votação majoritária. Embora o modelo híbrido CNN - LSTM não tenha superado os resultados dos primeiros colocados, é importante destacar que as abordagens utilizadas pelos primeiros colocados foram distintas e exploraram aspectos específicos dos sinais de EEG, enquanto para o modelo híbrido proposto, optou-se por extrair características simples dos sinais. Assim, o desempenho do modelo híbrido proposto pode ser melhorado ao explorar características mais complexas dos sinais de EEG.

Tabela 16 – Comparação dos resultados obtidos pelos modelos propostos neste trabalho, bem como pelo melhor modelo encontrado pelo Algoritmo Genético e os três melhores algoritmos do *Brain Computer Interfaces Challenge WCCI 2020 Glasgow*, utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. Os resultados apresentados são para o conjunto de teste nos experimentos utilizando a divisão da base de dados em 80% para treinamento e 20% para teste.

Modelo	Paciente	Acurácia (%)	Acurácia Média	<i>kappa</i>	Média <i>kappa</i>
1 ^o Colocado	P09	95.00	95.00	0.90	0.90
	P10	95.00		0.90	
2 ^o Colocado	P09	92.50	83.75	0.85	0.68
	P10	75.00		0.50	
3 ^o Colocado	P09	52.50	75.00	0.05	0.50
	P10	97.50		0.95	
MLP Todas as Características	P09	60.00	56.25	0.20	0.12
	P10	52.50		0.05	
CNN - LSTM	P09	75.00	56.25	0.50	0.12
	P10	37.50		-0.25	
CNN - LSTM + Todas as Características	P09	62.50	55.00	0.25	0.10
	P10	47.50		-0.05	
Melhor Execução do AG	P09	67.50	76.25	0.35	0.52
	P10	85.00		0.70	

Ao analisarmos as características que foram selecionadas sete ou mais vezes nas 10 execuções do AG (Tabela 15), observamos que em relação às características extraídas no domínio do tempo dos sinais de EEG (*Time Domain Features*), diferentes canais do EEG foram considerados importantes. A Figura 23 ilustra os eletrodos selecionados e suas posições no córtex, mostrando que as características selecionadas foram extraídas da maioria dos eletrodos utilizados. Já as informações extraídas no domínio da frequência dos sinais (*Frequency Domain Features*) foram consideradas importantes as extraídas na frequência de 10 Hz a 30 Hz. Como mencionado na Subseção 3.1.2, durante a realização ou imaginação de um movimento, há variações de potência nas bandas de frequência mu (8-12 Hz) ou beta (13-30 Hz), tornando as informações relacionadas a essas frequências importantes para a classificação. As características selecionadas pelo AG corroboram essa afirmação, sendo as mais selecionadas entre as 10 execuções do AG.

Conclusão

Neste trabalho, é proposto um modelo híbrido CNN - LSTM que utiliza sinais de EEG como entrada para a primeira camada CNN e no qual características clínicas e/ou extraídas dos sinais de EEG são inseridas na primeira camada densa do modelo. O modelo é utilizado para a predição de desenlace em tratamentos associados a pacientes em Coma e pacientes que sofreram Acidente Vascular Cerebral. Além disso, um Algoritmo Genético é empregado para selecionar o melhor subconjunto de características clínicas e extraídas dos sinais de EEG, bem como para otimizar os hiper-parâmetros do modelo híbrido proposto.

Os resultados obtidos nos experimentos com as duas bases de dados indicam que a inclusão de características clínicas e/ou extraídas dos sinais de EEG como informações adicionais na primeira camada densa do modelo CNN - LSTM potencializou o desempenho do classificador. No entanto, nem todas as características contribuem para essa melhoria. Assim, a utilização do Algoritmo Genético na seleção das características mais relevantes foi capaz de produzir um classificador com resultados superiores aos modelos utilizados como base. Adicionalmente, o AG é capaz de encontrar a melhor arquitetura híbrida CNN - LSTM para classificar os sinais de EEG em cada base de dados.

Uma das limitações deste estudo é o tamanho reduzido das bases de dados. Na base de dados do Coma, por exemplo, há apenas 60 pacientes, com 9 segmentos de EEG por paciente. Já na base de dados do Acidente Vascular Cerebral, embora haja mais amostras disponíveis, cada paciente contribui com apenas 120 segmentos de EEG. Essa quantidade de exemplos para cada paciente é um obstáculo significativo para o treinamento de algoritmos de Aprendizado Profundo. Além disso, optamos por extrair características simples dos sinais de EEG, dado que as CNNs já realizam essa extração automaticamente a partir dos sinais de entrada. Desse modo, as características extraídas não contribuem muito para a classificação. Contudo, em pesquisas futuras, outras características obtidas por meio do processamento de sinais podem ser exploradas para expandir ainda mais a análise.

O presente trabalho apresenta duas principais contribuições. Em primeiro lugar, é proposto um modelo de Aprendizado Profundo que utiliza sinais de EEG como entrada

para predição de desenlace em tratamentos associados a pacientes em Coma e pacientes que sofreram Acidente Vascular Cerebral. Isso abre novas possibilidades para auxiliar os médicos na análise de sinais de EEG e no prognóstico e tratamento dos pacientes. Em segundo lugar, é proposto um modelo híbrido CNN - LSTM que combina informações obtidas por meio do prontuário médico dos pacientes e extraídas dos sinais de EEG, que são inseridas como entradas adicionais para a primeira camada densa do modelo, para a classificação de sinais de EEG. Os resultados dos experimentos sugerem que a inclusão de informações adicionais melhorou o desempenho do modelo CNN - LSTM. Assim, o modelo proposto também pode ser utilizado na análise de sinais de EEG referentes a outras doenças, como Alzheimer, distúrbios do sono e Epilepsia. Essas contribuições têm o potencial de melhorar o diagnóstico e o tratamento de doenças neurológicas, fornecendo informações valiosas para os médicos no cuidado de seus pacientes.

Referências Bibliográficas

ACHARYA, U. R.; SUBBHURAAM, V. S.; GOUTHAM, S.; MARTIS R.AND SURI, J. Automated eeg analysis of epilepsy: A review. *Knowledge-Based Systems*, v. 45, p. 147–165, 2013.

AELLEN, F. M.; ALNES, S. L.; LOOSLI, F.; ROSSETTI, A. O.; ZUBLER, F.; LUCIA, M. D.; TZOVARA, A. Auditory stimulation and deep learning predict awakening from coma after cardiac arrest. *Brain : a journal of neurology*, v. 146, n. 2, p. 778–788, 2023.

AGATONOVIC-KUSTRIN, S.; BERESFORD, R. Basic concepts of artificial neural network (ann) modeling and its application in pharmaceutical research. *Journal of pharmaceutical and biomedical analysis*, v. 22, n. 5, p. 717–727, 2000.

ARDESHNA, N. I. Eeg and coma. *The Neurodiagnostic journal*, v. 56, n. 1), p. 1–16, 2016.

ASZEMI, N. M.; ASZEMI, P. Hyperparameter optimization in convolutional neural network using genetic algorithms. *International Journal of Advanced Computer Science and Applications*, The Science and Information Organization, v. 10, n. 6, 2019. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.14569/IJACSA.2019.0100638>>.

AY, B.; YILDIRIM, O.; TALO, M.; BALOGLU, U. B.; AYDIN, G.; PUTHANKATTIL, S. D.; ACHARYA, U. R. Automated depression detection using deep representation and sequence learning with eeg signals. *Journal of medical systems*, v. 43, n. 7, p. 205, 2019.

CHANTAMIT-O-PAS, P.; GOYAL, M. Long short-term memory recurrent neural network for stroke prediction. In: SPRINGER. *International Conference on Machine Learning and Data Mining in Pattern Recognition*. [S.l.], 2018. p. 312–323.

CHIAPPA, K. H.; HILL, R. A. Evaluation and prognostication in coma. *Electroencephalography and clinical neurophysiology*, v. 106, p. 149–155, 1998.

CHOWDHURY, A.; ANDREU-PEREZ, J. Clinical brain–computer interface challenge 2020 (cbcic at wcci2020): Overview, methods and results. *IEEE Transactions on Medical Robotics and Bionics*, v. 3, n. 3, p. 661–670, 2021.

COSTA, A. A.; TINÓS, R. Investigation of rat exploratory behavior via evolving artificial neural networks. *Journal of Neuroscience Methods*, v. 270, p. 102–110, 2016.

DAVI RAMOS, C.; DESTRO-FILHO, J.-B. Measurements of coherence in eeg signal in brazilian people: a comparison of different consciousness states. *Bioscience Journal*, v. 37, p. e37065, Oct. 2021. Disponível em: <<https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/49454>>.

- DEL-LAMA, R. S.; CÂNDIDO, R. M.; CHIARI-CORREA, N. S.; NOGUEIRA-BARBOSA, M. H.; AZEVEDO-MARQUES, P. M.; TINÓS, R. Computer-aided diagnosis of vertebral compression fractures using convolutional neural networks and radiomics. *Journal of digital imaging*, 2022.
- DELORME, A.; SEJNOWSKI, T.; MAKEIG, S. Enhanced detection of artifacts in eeg data using higher-order statistics and independent component analysis. *NeuroImage*, v. 34, n. 4, p. 1443–1449, 2007.
- DIMYAN, M. A.; COHEN, L. G. Neuroplasticity in the context of motor rehabilitation after stroke. *Nature reviews. Neurology*, n. 2, p. 76–85, 2011.
- DJAMAL, E. C.; RAMADHAN, R. I.; MANDASARI, M. I.; DJAJASASMITA, D. Identification of post-stroke eeg signal using wavelet and convolutional neural networks. *Bulletin of Electrical Engineering and Informatics*, v. 9, n. 5, p. 1890–1898, 2020.
- DONDELINGER, R. M. Electroencephalographs. *Biomedical instrumentation & technology*, v. 43, n. 5, p. 388–391, 2009.
- DURSTEWITZ, D.; KOPPE, G.; MEYER-LINDENBERG, A. A. deep neural networks in psychiatry. *Mol Psychiatry*, v. 24, p. 1583–1598, 2019.
- EIBEN, A. E.; SMITH, J. E. *Introduction to Evolutionary Computation*. [S.l.]: Springer, 2003.
- FRAIWAN, L.; ALKHODARI, M. Neonatal sleep stage identification using long short-term memory learning system. *Med Biol Eng Comput*, v. 58, n. 6, p. 1383–1391, 2020.
- GÉRON, A. *Hands-On Machine Learning with Scikit-Learn, Keras, and TensorFlow: Concepts, Tools, and Techniques to Build Intelligent Systems*. [S.l.]: O'Reilly Media, 2019. ISBN 9781492032618.
- GEVINS, A. S.; YEAGER, C. L.; DIAMOND, S. L.; SPIRE, J.; ZEITLIN, G. M.; GEVINS, A. H. Automated analysis of the electrical activity of the human brain (eeg): A progress report. *Proceedings of the IEEE*, v. 63, n. 10, p. 1382–1399, 1975.
- GIRI, E. P.; FANANY, M. I.; ARYMURTHY, A. M.; WIJAYA, S. K. *Ischemic stroke identification based on EEG and EOG using ID convolutional neural network and batch normalization*. [S.l.: s.n.], 2016. 48–491 p.
- GUNTARI, E. W.; DJAMAL, E. C.; NUGRAHA, F.; LIEM, S. L. L. Classification of post-stroke eeg signal using genetic algorithm and recurrent neural networks. In: *2020 7th International Conference on Electrical Engineering, Computer Sciences and Informatics (EECSI)*. [S.l.: s.n.], 2020. p. 156–161.
- GUÉRIT, J. M. Medical technology assessment eeg and evoked potentials in the intensive care unit. *Neurophysiol Clin*, v. 29, n. 4, p. 301–317, 1999.
- GÜNEŞ, S.; POLAT, K.; YOSUNKAYA, . Efficient sleep stage recognition system based on eeg signal using k-means clustering based feature weighting. *Expert Systems with Applications*, v. 37, n. 12, p. 7922–7928, 2010.

HANCOCK, J.; KHOSHGOFTAAR, T. Survey on categorical data for neural networks. *Journal of Big Data*, v. 7, 04 2020.

HAYKIN, S. S. *Redes neurais: princípios e prática*. [S.l.]: 2nd Edition, Bookman, 2001.

HOCHREITER, S. The vanishing gradient problem during learning recurrent neural nets and problem solutions. *International Journal of Uncertainty, Fuzziness and Knowledge-Based Systems*, v. 6, n. 2, p. 107–116, 1998.

HOCHREITER, S.; SCHMIDHUBER, J. Long short-term memory. *Neural Comput*, v. 9, n. 8, p. 1735–1780, 1997.

JEONG, J. H.; SHIM, K. H.; KIM, D. J.; LEE, S. W. Brain-controlled robotic arm system based on multi-directional cnn-bilstm network using eeg signals. *IEEE Transactions on Neural Systems and Rehabilitation Engineering*, v. 28, n. 5, p. 1226–1238, 2020.

JORDAN, K. G. *Journal of clinical neurophysiology : official publication of the American Electroencephalographic Society*, v. 21, p. 341–352, 2004.

JOZEFOWICZ, R.; ZAREMBA, W.; SUTSKEVER, L. An empirical exploration of recurrent network architectures. In: The 32nd International Conference on Machine Learning (ICML-15). Lille, France, 2015.

KLASSEN, B. T.; HENTZ, J. G.; SHILL, H. A.; DRIVER-DUNCKLEY, E.; EVIDENTE, V. G.; SABBAGH, M. N.; ADLER, C. H.; CAVINESS, J. N. Quantitative eeg as a predictive biomarker for parkinson disease dementia. *Neurology*, v. 77, p. 118–124, 2011.

KLEM, G. H.; LÜDERS, H. O.; JASPER, H. H.; ELGER, C. The ten-twenty electrode system of the international federation. the international federation of clinical neurophysiology. *Electroencephalography and clinical neurophysiology*, v. 52, p. 3–6, 1999.

KUMAR, V. M. Sleep and sleep disorders. *The Indian journal of chest diseases & allied sciences*, v. 50, n. 1, p. 129–135, 2008.

LECUN, Y.; BENGIO, Y.; HINTON, G. Deep learning. *Nature*, v. 521, n. 7553, p. 436–444, 2015.

LEE, S.; HUSSEIN, R.; MCKEOWN, M. J. *A Deep Convolutional-Recurrent Neural Network Architecture for Parkinson's Disease EEG Classification*. [S.l.]: IEEE, 2019. 1–4 p.

LEHMANN, C.; KOENIG, T.; JELIC, V.; PRICHEP, L.; JOHN, R. E.; WAHLUND, L. O.; DODGE, Y.; DIERKS, T. Application and comparison of classification algorithms for recognition of alzheimer's disease in electrical brain activity (eeg). *Journal of neuroscience methods*, n. 2, p. 342–350, 2007.

LV, Q.-J.; CHEN, H.-Y.; ZHONG, W.-B.; WANG, Y.-Y.; SONG, J.-Y.; GUO, S.-D.; QI, L.-X.; CHEN, C. Y.-C. A multi-task group bi-lstm networks application on electrocardiogram classification. *IEEE Journal of Translational Engineering in Health and Medicine*, v. 8, p. 1–11, 2020.

- MAHESHWARI, S.; AGARWAL, A.; SHUKLA, A.; TIWARI, R. A comprehensive evaluation for the prediction of mortality in intensive care units with lstm networks: patients with cardiovascular disease. *Biomed Tech (Berl)*, v. 65, n. 4, p. 435–446, 2020.
- MELISSANT, C.; YPMA, A.; FRIETMAN, E.; STAM, C. A method for detection of alzheimer’s disease using ica-enhanced eeg measurements. *Artificial intelligence in medicine*, v. 33, p. 209–222, 2005.
- MITCHELL, M. *An introduction to genetic algorithms*. [S.l.]: MIT Press, 1996.
- MÜLLER-PUTZ, G. R. Electroencephalography. *Handbook of clinical neurology*, v. 168, p. 249–262, 2020.
- NIKBAKHT, S.; ANITESCU, C.; RABCZUK, T. Optimizing the neural network hyperparameters utilizing genetic algorithm. *Journal of Zhejiang University-SCIENCE A*, v. 22, n. 6, p. 407 – 426, 2021.
- NOACHTAR, S.; RÉMI, J. The role of eeg in epilepsy: a critical review. *Epilepsy Behav*, v. 15, n. 1, p. 22–33, 2009.
- OLIVEIRA, L. L. de; PERSINOTI, G. F.; GIULIATTI, S.; TINÓS, R. Feature selection via genetic algorithms in the classification of anti-snake venom medicinal plants. *Learning & Nonlinear Models*, SBRN, v. 8, n. 3, p. 125–134, 2010.
- PARK, H. D.; HAN, Y.; CHOI, J. H. *Frequency-Aware Attention based LSTM Networks for Cardiovascular Disease*. [S.l.]: 2018 International Conference on Information and Communication Technology Convergence (ICTC), 2018. 1503–1505 p.
- PHAM, S. D. T.; KEIJZER, H. M.; RUIJTER, B. J.; SEEBER, A. A.; SCHOLTEN, E.; DROST, G.; BERGH, W. M. van den; KORNIPS, F. H. M.; FOUORAINE, N. A.; BEISHUIZEN, A.; BLANS, M. J.; HOFMEIJER, J.; PUTTEN, M. J. A. M. van; TJEPKEMA-CLOOSTERMANS, M. C. Outcome prediction of postanoxic coma: A comparison of automated electroencephalography analysis methods. *Neurocritical care*, v. 37, n. Suppl 2, p. 248–258, 2022.
- QURESHI, A. A.; ZHANG, C.; ZHENG, R.; ELMELIGI, A. *Ischemic Stroke Detection Using EEG Signals*. USA: IBM Corp., 2018. 301–308 p.
- RAO, R. *Brain-Computer Interfacing: An Introduction*. [S.l.]: Cambridge: Cambridge University Press, 2013.
- REHMAN, A.; KHAN, M. A.; SABA, T.; MEHMOOD, Z.; TARIQ, U.; AYESHA, N. Microscopic brain tumor detection and classification using 3d cnn and feature selection architecture. *Microscopy Research and Technique*, v. 84, n. 1, p. 133–149, 2021.
- ROY, Y.; BANVILLE, H.; ALBUQUERQUE, I.; GRAMFORT, A.; FALK, T. H.; FAUBERT, J. Deep learning-based electroencephalography analysis: a systematic review. *Journal of neural engineering*, v. 16, n. 5, 2019.
- SAEEDI, A.; SAEEDI, M.; MAGHSOUDI, A.; SHALBAF, A. Major depressive disorder diagnosis based on effective connectivity in eeg signals: a convolutional neural network and long short-term memory approach. v. 15, p. 239–252, 2021.

- SANDRONI, C.; CARIOU, A.; CAVALLARO, F.; CRONBERG, T.; FRIBERG, H.; HOEDEMAEKERS, C.; HORN, J.; NOLAN, J. P.; ROSSETTI, A. O.; SOAR, J. Prognostication in comatose survivors of cardiac arrest: an advisory statement from the european resuscitation council and the european society of intensive care medicine. *Intensive care medicine*, v. 40, n. 12, p. 1816–1831, 2014.
- SHEN, D.; WU, G.; SUK, H. Deep learning in medical image analysis. *Annual review of biomedical engineering*, v. 19, p. 221–248, 2017.
- SHOEB, A. H.; GUTTAG, J. V. Application of machine learning to epileptic seizure detection. *International Conference on Machine Learning (ICML 2010)*, 2010.
- SIDDIQUI, M. M.; SRIVASTAVA, G.; SAEED, S. H. Diagnosis of insomnia sleep disorder using short time frequency analysis of psd approach applied on eeg signal using channel roc-loc. *Sleep science*, v. 9, p. 186–191, 2016.
- SOKOLOVA, M.; LAPALME, G. A systematic analysis of performance measures for classification tasks. *Information Processing & Management*, v. 45, n. 4, p. 427–437, 2009.
- SOUFINEYESTANI, M.; DOWLING, D.; KHAN, A. Electroencephalography (eeg) technology applications and available devices. *Applied Sciences*, v. 10, n. 21, p. 7453, 2020.
- THODUPARAMBIL, P. P.; DOMINIC, A.; VARGHESE, S. M. Eeg-based deep learning model for the automatic detection of clinical depression. *Phys. Eng. Sci. Med.*, v. 4, n. 43, p. 1349–1360, 2020.
- TINÓS, R.; ZHAO, L.; CHICANO, F.; WHITLEY, D. Nk hybrid genetic algorithm for clustering. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, v. 22, p. 748–761, 2018.
- TRAMBAIOLLI, L. R.; LORENA, A. C.; FRAGA, F. J.; KANDA, P. A. M.; ANGHINAH, R.; NITRINI, R. Improving alzheimer’s disease diagnosis with machine learning techniques. *Clinical EEG and Neuroscience*, v. 42, n. 3, p. 160–165, 2011.
- TRAUB, S. J.; WIJDICKS, E. F. Initial diagnosis and management of coma. *Emergency Medicine Clinics*, v. 34, n. 4, p. 777–793, 2016.
- VIRANI, S. S.; ALONSO, A.; APARICIO, H. J.; BENJAMIN, E. J.; BITTENCOURT, M. S.; CALLAWAY, C. W.; CARSON, A. P.; CHAMBERLAIN, A. M.; CHENG, S.; DELLING, F. N.; ELKIND, M.; EVENSON, K. R.; FERGUSON, J. F.; GUPTA, D. K.; KHAN, S. S.; KISSELA, B. M.; KNUTSON, K. L.; LEE, C. D.; LEWIS, T. T.; LIU, J. Heart disease and stroke statistics-2021 update: A report from the american heart association. *Circulation*, v. 143, n. 8, p. e254–e743, 2021.
- XU, G.; REN, T.; CHEN, Y.; CHE, W. A one-dimensional cnn-lstm model for epileptic seizure recognition using eeg signal analysis. *Frontiers in Neuroscience*, v. 14, 2020.
- XUE, B.; ZHANG, M.; BROWNE, W. N.; YAO, X. A survey on evolutionary computation approaches to feature selection. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, v. 20, n. 4, p. 606–626, 2016.
- YOUNG, G. B. Coma. *Annals of the New York Academy of Sciences*, v. 1, n. 1157, p. 32–47, 2009.

ZHENG, W. L.; AMORIM, E.; JING, J.; WU, O.; GHASSEMI, M.; LEE, J. W.; SIVARAJU, A.; PANG, T.; HERMAN, S. T.; GASPARD, N.; RUIJTER, B. J.; TJEPKEMA-CLOOSTERMANS, M. C.; HOFMEIJER, J.; PUTTEN, M. J. A. M. van; WESTOVER, M. B. Predicting neurological outcome from electroencephalogram dynamics in comatose patients after cardiac arrest with deep learning. *IEEE transactions on bio-medical engineering*, v. 69, n. 5, p. 1813–1825, 2022.

Apêndices

Características extraídas da base de dados de pacientes em Coma

A Tabela 17 apresenta o tipo, nome e quantidade de características extraídas da base de dados do Coma (Subseção 3.1.1).

Tabela 17 – Características extraídas da base de dados de pacientes em Coma.

Tipo	Nome da Característica	Total
Características Clínicas	Idade do paciente Sexo do paciente Etiologia do coma Desfecho do paciente	4
Time Domain Features	FP1_mean, FP1_std, FP1_max, FP1_min, FP1_var FP2_mean, FP2_std, FP2_max, FP2_min, FP2_var F7_mean, F7_std, F7_max, F7_min, F7_var F3_mean, F3_std, F3_max, F3_min, F3_var FZ_mean, FZ_std, FZ_max, FZ_min, FZ_var F4_mean, F4_std, F4_max, F4_min, F4_var F8_mean, F8_std, F8_max, F8_min, F8_var T3_mean, T3_std, T3_max, T3_min, T3_var C3_mean, C3_std, C3_max, C3_min, C3_var CZ_mean, CZ_std, CZ_max, CZ_min, CZ_var C4_mean, C4_std, C4_max, C4_min, C4_var T4_mean, T4_std, T4_max, T4_min, T4_var T5_mean, T5_std, T5_max, T5_min, T5_var P3_mean, P3_std, P3_max, P3_min, P3_var PZ_mean, PZ_std, PZ_max, PZ_min, PZ_var P4_mean, P4_std, P4_max, P4_min, P4_var T6_mean, T6_std, T6_max, T6_min, T6_var O1_mean, O1_std, O1_max, O1_min, O1_var OZ_mean, OZ_std, OZ_max, OZ_min, OZ_var O2_mean, O2_std, O2_max, O2_min, O2_var	100
		104

Características extraídas da base de dados de pacientes que sofreram Acidente Vascular Cerebral

A Tabela 18 apresenta o tipo, nome e quantidade de características extraídas da base de dados do Acidente Vascular Cerebral (Subseção 3.1.2).

Tabela 18 – Características extraídas da base de dados de pacientes que sofreram Acidente Vascular Cerebral.

Tipo	Nome da Característica	Total
Time Domain Features	F3_mean, F3_std, F3_max, F3_min, F3_var FC3_mean, FC3_std, FC3_max, FC3_min, FC3_var C3_mean, C3_std, C3_max, C3_min, C3_var CP3_mean, CP3_std, CP3_max, CP3_min, CP3_var P3_mean, P3_std, P3_max, P3_min, P3_var FCz_mean, FCz_std, FCz_max, FCz_min, FCz_var CPz_mean, CPz_std, CPz_max, CPz_min, CPz_var F4_mean, F4_std, F4_max, F4_min, F4_var FC4_mean, FC4_std, FC4_max, FC4_min, FC4_var C4_mean, C4_std, C4_max, C4_min, C4_var CP4_mean, CP4_std, CP4_max, CP4_min, CP4_var P4_mean, P4_std, P4_max, P4_min, P4_var	60
	PSD_0HZ, PSD_0.2HZ, PSD_0.4HZ, PSD_0.6HZ, PSD_0.8HZ, PSD_1.0HZ, PSD_1.2HZ, PSD_1.4HZ, PSD_1.6HZ, PSD_1.8HZ, PSD_2.0HZ, PSD_2.2HZ,	

Continua na próxima página

Tabela 18 – continuação da página anterior

Tipo	Nome da Característica	Total
Frequency Domain Features	PSD_2.4HZ, PSD_2.6HZ, PSD_2.8HZ, PSD_3.0HZ, PSD_3.2HZ, PSD_3.4HZ, PSD_3.6HZ, PSD_3.8HZ, PSD_4.0HZ, PSD_4.2HZ, PSD_4.4HZ, PSD_4.6HZ, PSD_4.8HZ, PSD_5.0HZ, PSD_5.2HZ, PSD_5.4HZ, PSD_5.6HZ, PSD_5.8HZ, PSD_6.0HZ, PSD_6.2HZ, PSD_6.4HZ, PSD_6.6HZ, PSD_6.8HZ, PSD_7.0HZ, PSD_7.2HZ, PSD_7.4HZ, PSD_7.6HZ, PSD_7.8HZ, PSD_8.0HZ, PSD_8.2HZ, PSD_8.4HZ, PSD_8.6HZ, PSD_8.8HZ, PSD_9.0HZ, PSD_9.2HZ, PSD_9.4HZ, PSD_9.6HZ, PSD_9.8HZ, PSD_10.0HZ, PSD_10.2HZ, PSD_10.4HZ, PSD_10.6HZ, PSD_10.8HZ, PSD_11.0HZ, PSD_11.2HZ, PSD_11.4HZ, PSD_11.6HZ, PSD_11.8HZ, PSD_12.0HZ, PSD_12.2HZ, PSD_12.4HZ, PSD_12.6HZ, PSD_12.8HZ, PSD_13.0HZ, PSD_13.2HZ, PSD_13.4HZ, PSD_13.6HZ, PSD_13.8HZ, PSD_14.0HZ, PSD_14.2HZ, PSD_14.4HZ, PSD_14.6HZ, PSD_14.8HZ, PSD_15.0HZ, PSD_15.2HZ, PSD_15.4HZ, PSD_15.6HZ, PSD_15.8HZ, PSD_16.0HZ, PSD_16.2HZ, PSD_16.4HZ, PSD_16.6HZ, PSD_16.8HZ, PSD_17.0HZ, PSD_17.2HZ, PSD_17.4HZ, PSD_17.6HZ, PSD_17.8HZ, PSD_18.0HZ, PSD_18.2HZ, PSD_18.4HZ, PSD_18.6HZ, PSD_18.8HZ, PSD_19.0HZ, PSD_19.2HZ, PSD_19.4HZ, PSD_19.6HZ, PSD_19.8HZ, PSD_20.0HZ, PSD_20.2HZ, PSD_20.4HZ, PSD_20.6HZ, PSD_20.8HZ, PSD_21.0HZ, PSD_21.2HZ, PSD_21.4HZ, PSD_21.6HZ, PSD_21.8HZ, PSD_22.0HZ, PSD_22.2HZ, PSD_22.4HZ, PSD_22.6HZ, PSD_22.8HZ, PSD_23.0HZ, PSD_23.2HZ, PSD_23.4HZ, PSD_23.6HZ, PSD_23.8HZ, PSD_24.0HZ, PSD_24.2HZ, PSD_24.4HZ, PSD_24.6HZ, PSD_24.8HZ, PSD_25.0HZ, PSD_25.2HZ, PSD_25.4HZ, PSD_25.6HZ, PSD_25.8HZ, PSD_26.0HZ, PSD_26.2HZ, PSD_26.4HZ, PSD_26.6HZ, PSD_26.8HZ, PSD_27.0HZ,	150

Continua na próxima página

Tabela 18 – continuação da página anterior

Tipo	Nome da Característica	Total
	PSD_27.2HZ, PSD_27.4HZ, PSD_27.6HZ, PSD_27.8HZ, PSD_28.0HZ, PSD_28.2HZ, PSD_28.4HZ, PSD_28.6HZ, PSD_28.8HZ, PSD_29.0HZ, PSD_29.2HZ, PSD_29.4HZ, PSD_29.6HZ, PSD_29.8HZ	
		210

Arquitetura e hiper-parâmetros dos modelos propostos

A Tabela 19 apresenta a arquitetura do modelo híbrido CNN - LSTM proposto e descreve cada uma das 12 camadas. A mesma arquitetura foi utilizada no modelo CNN - LSTM que utiliza somente sinais de EEG como entrada para a camada CNN. Esta arquitetura e os respectivos hiper-parâmetros são baseados na arquitetura proposta por Ay et al. (2019) e também em experimentos iniciais.

A arquitetura do modelo CNN – LSTM utilizada para classificar os sinais de EEG da base de dados do Coma é composta por uma camada chamada Global Average Pooling. Essa camada é responsável por reduzir a dimensionalidade dos dados processados nas camadas anteriores, produzindo uma saída de tamanho fixo, independentemente do tamanho da entrada. Essa camada foi utilizada nesta base de dados devido ao fato dos sinais de EEG não serem todos do mesmo tamanho, pois, como mencionado na Subseção 3.1.1, a frequência de aquisição dos sinais variou de 100 a 600 Hz. A utilização dessa camada permitiu produzir uma saída de tamanho fixo para ser utilizada como entrada para as camadas totalmente conectadas.

A Tabela 20 apresenta a arquitetura do modelo *Multilayer Perceptron* (MLP) que utiliza características como entrada. Esta arquitetura e os respectivos hiper-parâmetros são baseados em experimentos iniciais.

Tabela 19 – Arquitetura do modelo CNN - LSTM proposto.

No.	Camada	Hiper-Parâmetros
0	Input	[tamanho do sinal, número de canais de EEG]
1	Conv1D	filters = 64, kernel_size = 5, activation = <i>ReLU</i>
2	Conv1D	filters = 128, kernel_size = 3, activation = <i>ReLU</i>
3	MaxPooling1D	pool_size = 2, strides = 2
4	Dropout	rate = 0.2
5	Conv1D	filters = 128, kernel_size = 13, activation = <i>ReLU</i>
6	Conv1D	filters = 32, kernel_size = 7, activation = <i>ReLU</i>
7	LSTM	units = 32, return_sequences = True
8	GlobalAverage Pooling1D***	-
9	Flatten	-
10	Dense	units = 64, , activation = <i>ReLU</i>
11	Dropout	rate = 0.2
12	Dense	units = 1* , activation = <i>Sigmoid</i> * units = 4** , activation = <i>SoftMax</i> **

* Utilizado quando o problema para a classificação é binário, isto é, existe somente duas classes

** Utilizado quando o problema para a classificação é multiclasse, isto é, tem mais de duas classes

*** Camada utilizada somente no modelo para classificar os sinais de EEG da base de dados do Coma

Tabela 20 – Arquitetura do modelo *Multilayer Perceptron*.

No.	Camada	Hiper-Parâmetros
0	Input	units = número de inputs (características)
1	Dense	units = n_a , onde n_a é o número de inputs (características), activation = <i>ReLU</i>
2	Dense	units = 1* , activation = <i>Sigmoid</i> * units = 4** , activation = <i>SoftMax</i> **

* Utilizado quando o problema para a classificação é binário, isto é, existe somente duas classes

** Utilizado quando o problema para a classificação é multiclasse, isto é, tem mais de duas classes

A Tabela 21 apresenta os parâmetros para o treinamento dos modelos quando utilizado a base de dados do Coma (Subseção 3.1.1). Dado que a frequência de aquisição dos sinais de EEG na base de dados do Coma variou de 100 a 600 Hz, é importante mencionar que não foi utilizado método para escalonar os sinais, bem como o *batch_size* igual a 1, porque cada sinal de EEG tem tamanho variado. Desse modo, o treinamento dos modelos foi realizado utilizando uma amostra por vez como entrada.

Tabela 21 – Parâmetros de treinamento dos modelos quando utilizado a base de dados do Coma.

Descrição do Parâmetro	Nome	Valor
Número de épocas pelo qual o modelo deve ser treinado	epochs	30
Otimizador utilizado no treinamento do modelo	optimizer	'adam'
<i>Learning rate</i> utilizada no treinamento do modelo	learning_rate	0.0001
Método para deixar os dados na mesma escala	scaler	'standard'*
Número de amostras processadas antes que os pesos do modelo sejam atualizados	batch_size	1

*Usado somente para normalizar as características

A Tabela 22 apresenta os parâmetros para o treinamento dos modelos quando utilizado a base de dados do Acidente Vascular Cerebral (Subseção 3.1.2).

Tabela 22 – Parâmetros de treinamento dos modelos quando utilizado a base de dados do Acidente Vascular Cerebral.

Descrição do Parâmetro	Nome	Valor
Número de épocas pelo qual o modelo deve ser treinado	epochs	100
Otimizador utilizado no treinamento do modelo	optimizer	'adam'
<i>Learning rate</i> utilizada no treinamento do modelo	learning_rate	0.0001
Método para deixar os dados na mesma escala	scaler	'standard'*
Número de amostras processadas antes que os pesos do modelo sejam atualizados	batch_size	16

*Usado para normalizar as características e os sinais de EEG

D

Resultados do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente

A Tabela [23](#) apresenta os resultados dos melhores indivíduos de cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando diferentes sementes pseudo-aleatórias na base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente.

Tabela 23 – Resultados dos melhores indivíduos de cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando diferentes sementes pseudo-aleatórias na base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente. Os resultados apresentados são para o conjunto de teste nos experimentos utilizando a divisão da base de dados em 80% para treinamento e 20% para teste, bem como a média e o desvio padrão dos resultados obtidos na validação cruzada do tipo 5-folds. A melhor execução está destacada em negrito e a pior execução em itálico.

Execução AG	Experimento Base de dados	Acurácia	F1 score (macro)	Precisão	Recall
1	80% Treino/20% Teste	0.833	0.833	0.833	0.833
	Validação Cruzada	0.867 ± 0.067	0.868 ± 0.056	0.905 ± 0.131	0.867 ± 0.125
2	80% Treino/20% Teste	0.833	0.833	0.833	0.833
	Validação Cruzada	0.867 ± 0.041	0.862 ± 0.051	0.876 ± 0.063	0.867 ± 0.125
3	80% Treino/20% Teste	0.833	0.833	0.833	0.833
	Validação Cruzada	0.833 ± 0.053	0.853 ± 0.049	0.764 ± 0.048	0.967 ± 0.067
4	80% Treino/20% Teste	0.833	0.833	0.833	0.833
	Validação Cruzada	0.850 ± 0.082	0.854 ± 0.077	0.865 ± 0.126	0.867 ± 0.125
5	<i>80% Treino/20% Teste</i>	<i>0.500</i>	<i>0.250</i>	<i>0.500</i>	<i>0.167</i>
	<i>Validação Cruzada</i>	<i>0.483 ± 0.033</i>	<i>0.133 ± 0.267</i>	<i>0.100 ± 0.200</i>	<i>0.200 ± 0.400</i>
6	80% Treino/20% Teste	0.833	0.833	0.833	0.833
	Validação Cruzada	0.883 ± 0.067	0.873 ± 0.075	0.950 ± 0.100	0.833 ± 0.149
7	80% Treino/20% Teste	0.917	0.923	0.857	1.000
	Validação Cruzada	0.833 ± 0.100	0.887 ± 0.093	0.900 ± 0.133	0.900 ± 0.133
8	80% Treino/20% Teste	0.833	0.833	0.833	0.833
	Validação Cruzada	0.817 ± 0.082	0.821 ± 0.057	0.858 ± 0.147	0.833 ± 0.149
9	80% Treino/20% Teste	0.833	0.833	0.833	0.833
	Validação Cruzada	0.850 ± 0.111	0.842 ± 0.111	0.900 ± 0.133	0.800 ± 0.125
10	80% Treino/20% Teste	0.833	0.833	0.833	0.833
	Validação Cruzada	0.933 ± 0.082	0.938 ± 0.076	0.917 ± 0.105	0.967 ± 0.067
Média	80% Treino/20% Teste	0.848 ± 0.123	0.824 ± 0.202	0.842 ± 0.120	0.823 ± 0.233
	Validação Cruzada	0.817 ± 0.122	0.793 ± 0.234	0.804 ± 0.252	0.810 ± 0.221

A Tabela 24 apresenta o tempo médio de execução de cada uma das 10 execuções do AG.

Tabela 24 – Tempo médio de execução de cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente.

Execução do AG	Tempo
1	10 horas e 34 minutos
2	10 horas e 35 minutos
3	10 horas e 16 minutos
4	09 horas e 43 minutos
5	09 horas e 05 minutos
6	09 horas e 48 minutos
7	09 horas e 36 minutos
8	09 horas e 58 minutos
9	10 horas e 18 minutos
10	09 horas e 57 minutos
Média	09 horas e 59 minutos

A Tabela 25 apresenta a arquitetura e descreve cada camada do modelo selecionado na melhor execução do AG, enquanto a Tabela 26 apresenta os parâmetros para o treinamento do modelo. Já a Figura 24 ilustra a arquitetura do modelo selecionado.

Tabela 25 – Arquitetura do modelo selecionado na melhor execução do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente.

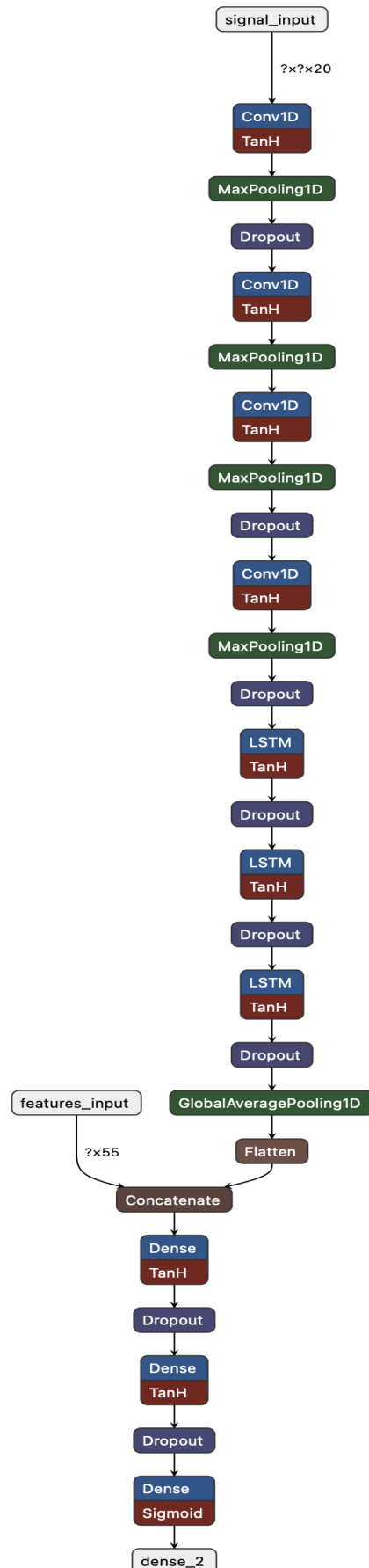
No.	Camada	Hiper-Parâmetros
0	Input	[tamanho do sinal, número de canais do EEG]
1	Conv1D	filters = 256, kernel_size = 13, activation = <i>Tanh</i> , padding= <i>causal</i>
2	MaxPooling1D	pool_size = 5
3	Dropout	rate = 0.3
4	Conv1D	filters = 64, kernel_size = 6, activation = <i>Tanh</i> , padding= <i>causal</i>
5	MaxPooling1D	pool_size = 2
6	Conv1D	filters = 64, kernel_size = 2, activation = <i>Tanh</i> , padding= <i>same</i>
7	MaxPooling1D	pool_size = 2
8	Dropout	rate = 0.2
9	Conv1D	filters = 32, kernel_size = 6, activation = <i>Tanh</i> , padding= <i>same</i>
10	MaxPooling1D	pool_size = 2
11	Dropout	rate = 0.2
12	LSTM	units = 32, return_sequences = True
13	Dropout	rate = 0.4
14	LSTM	units = 32, return_sequences = True
15	Dropout	rate = 0.3
16	LSTM	units = 32, return_sequences = True
17	Dropout	rate = 0.3
18	GlobalAverage Pooling1D	-
19	Flatten	-
20	Concatenate (Flatten + 55 Características)	-
21	Dense	units = 256, , activation = <i>Tanh</i>
22	Dropout	rate = 0.2
23	Dense	units = 128, , activation = <i>Tanh</i>
24	Dropout	rate = 0.5
25	Dense	units = 1, activation = <i>Sigmoid</i>

Tabela 26 – Parâmetros de treinamento do modelo selecionado na melhor execução do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente.

Descrição do Parâmetro	Nome	Valor
Número de épocas pelo qual o modelo deve ser treinado	epochs	10
Otimizador utilizado no treinamento do modelo	optimizer	'adam'
<i>Learning rate</i> utilizada no treinamento do modelo	learning_rate	0.001
Método para deixar os dados na mesma escala	scaler	'standard'*
Número de amostras processadas antes que os pesos do modelo sejam atualizados	batch_size	1

* Usado somente para normalizar as características

Figura 24 – Representação gráfica do modelo híbrido CNN - LSTM selecionado na melhor execução do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição do desfecho de cada paciente.



As Figuras 25, 26 e 27 apresentam as características selecionadas em cada uma das 10 execuções do AG, bem como a frequência de seleção.

Resultados do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma de cada paciente

A Tabela [27](#) apresenta os resultados dos melhores indivíduos de cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando diferentes sementes pseudo-aleatórias na base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma de cada paciente.

Tabela 27 – Resultados dos melhores indivíduos de cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando diferentes sementes pseudo-aleatórias na base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma. Os resultados são para o conjunto de teste nos experimentos com divisão da base em 80% para treinamento e 20% para teste, além da média e desvio padrão dos resultados obtidos na validação cruzada estratificada do tipo 5-folds. A melhor execução está destacada em negrito e a pior execução em itálico.

Execução AG	Experimento Base de dados	Acurácia	F1 score (macro)	F1 score (weighted)	Precisão	Recall
1	80% Treino/20% Teste	0.333	0.316	0.338	0.446	0.312
	Validação Cruzada	0.367 ± 0.125	0.274 ± 0.076	0.311 ± 0.097	0.268 ± 0.045	0.337 ± 0.114
2	80% Treino/20% Teste	0.500	0.428	0.487	0.482	0.438
	Validação Cruzada	0.400 ± 0.133	0.305 ± 0.108	0.360 ± 0.136	0.300 ± 0.134	0.337 ± 0.097
3	<i>80% Treino/20% Teste</i>	<i>0.333</i>	<i>0.125</i>	<i>0.167</i>	<i>0.083</i>	<i>0.250</i>
	<i>Validação Cruzada</i>	<i>0.400 ± 0.082</i>	<i>0.233 ± 0.091</i>	<i>0.305 ± 0.120</i>	<i>0.215 ± 0.114</i>	<i>0.304 ± 0.058</i>
4	80% Treino/20% Teste	0.583	0.481	0.575	0.483	0.500
	Validação Cruzada	0.500 ± 0.074	0.423 ± 0.039	0.481 ± 0.050	0.441 ± 0.059	0.438 ± 0.040
5	80% Treino/20% Teste	0.333	0.278	0.370	0.350	0.250
	Validação Cruzada	0.500 ± 0.118	0.374 ± 0.073	0.446 ± 0.091	0.387 ± 0.095	0.433 ± 0.086
6	80% Treino/20% Teste	0.500	0.405	0.492	0.450	0.438
	Validação Cruzada	0.367 ± 0.135	0.242 ± 0.098	0.306 ± 0.124	0.237 ± 0.121	0.288 ± 0.100
7	80% Treino/20% Teste	0.417	0.250	0.333	0.219	0.312
	Validação Cruzada	0.567 ± 0.123	0.445 ± 0.102	0.515 ± 0.120	0.419 ± 0.109	0.500 ± 0.103
8	80% Treino/20% Teste	0.583	0.506	0.591	0.525	0.500
	Validação Cruzada	0.517 ± 0.153	0.424 ± 0.118	0.482 ± 0.126	0.454 ± 0.127	0.450 ± 0.138
9	80% Treino/20% Teste	0.333	0.294	0.344	0.350	0.312
	Validação Cruzada	0.433 ± 0.110	0.302 ± 0.062	0.380 ± 0.101	0.278 ± 0.051	0.346 ± 0.063
10	80% Treino/20% Teste	0.417	0.292	0.389	0.344	0.312
	Validação Cruzada	0.500 ± 0.091	0.361 ± 0.063	0.447 ± 0.067	0.337 ± 0.066	0.404 ± 0.077
Média	80% Treino/20% Teste	0.433 ± 0.102	0.338 ± 0.117	0.409 ± 0.129	0.373 ± 0.137	0.362 ± 0.097
	Validação Cruzada	0.455 ± 0.070	0.338 ± 0.078	0.403 ± 0.081	0.334 ± 0.087	0.384 ± 0.071

A Tabela 28 apresenta o tempo médio de execução de cada uma das 10 execuções do AG.

Tabela 28 – Tempo médio de execução de cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma.

Execução do AG	Tempo
1	10 horas e 54 minutos
2	09 horas e 36 minutos
3	09 horas e 52 minutos
4	10 horas e 25 minutos
5	10 horas e 38 minutos
6	09 horas e 33 minutos
7	10 horas e 03 minutos
8	10 horas e 09 minutos
9	10 horas e 08 minutos
10	09 horas e 04 minutos
Média	10 horas e 02 minutos

A Tabela 29 apresenta a arquitetura e descreve cada camada do modelo selecionado na melhor execução do AG, enquanto a Tabela 30 apresenta os parâmetros para o treinamento do modelo. Já a Figura 28 ilustra a arquitetura do modelo selecionado.

Tabela 29 – Arquitetura do modelo selecionado na melhor execução do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma.

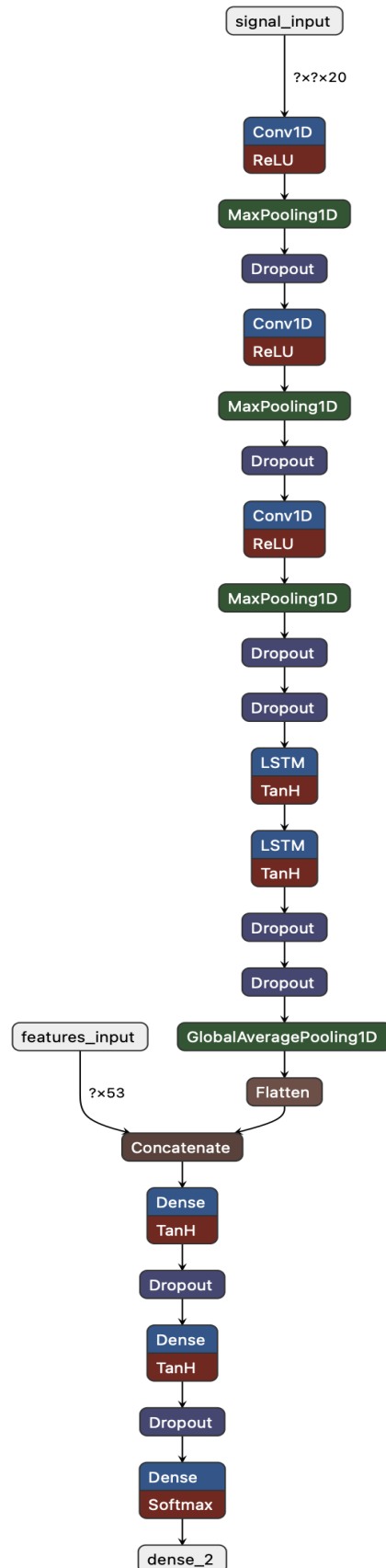
No.	Camada	Hiper-Parâmetros
0	Input	[tamanho do sinal, número de canais do EEG]
1	Conv1D	filters = 256, kernel_size = 6, activation = <i>ReLU</i> , padding= <i>causal</i>
2	MaxPooling1D	pool_size = 5
3	Dropout	rate = 0.5
4	Conv1D	filters = 128, kernel_size = 13, activation = <i>ReLU</i> , padding= <i>causal</i>
5	MaxPooling1D	pool_size = 5
6	Dropout	rate = 0.2
7	Conv1D	filters = 128, kernel_size = 13, activation = <i>ReLU</i> , padding= <i>same</i>
8	MaxPooling1D	pool_size = 4
9	Dropout	rate = 0.4
10	Dropout	rate = 0.3
11	LSTM	units = 16, return_sequences = True
12	LSTM	units = 32, return_sequences = True
13	Dropout	rate = 0.5
14	Dropout	rate = 0.2
15	GlobalAverage Pooling1D	-
16	Flatten	-
17	Concatenate (Flatten + 53 Características)	-
18	Dense	units = 64, , activation = <i>Tanh</i>
19	Dropout	rate = 0.2
20	Dense	units = 32, , activation = <i>Tanh</i>
21	Dropout	rate = 0.3
22	Dense	units = 4, activation = <i>Softmax</i>

Tabela 30 – Parâmetros de treinamento do modelo selecionado na melhor execução do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma.

Descrição do Parâmetro	Nome	Valor
Número de épocas pelo qual o modelo deve ser treinado	epochs	15
Otimizador utilizado no treinamento do modelo	optimizer	'sgd'
<i>Learning rate</i> utilizada no treinamento do modelo	learning_rate	0.01
Hiper-parâmetro para aumentar a velocidade do treinamento do modelo e reduzir o perigo de instabilidade	momentum	0.5
Método para deixar os dados na mesma escala	scaler	'standard'*
Número de amostras processadas antes que os pesos do modelo sejam atualizados	batch_size	1

* Usado somente para normalizar as características

Figura 28 – Representação gráfica do modelo híbrido CNN - LSTM selecionado na melhor execução do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma.



As Figuras 29, 30 e 31 apresentam as características selecionadas em cada uma das 10 execuções do AG, bem como a frequência de seleção.

Figura 29 – Características selecionadas em cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma. São apresentadas as características extraídas dos canais FP1, FP2, F7, F3, FZ, F4, F8, T3, C3 e CZ.

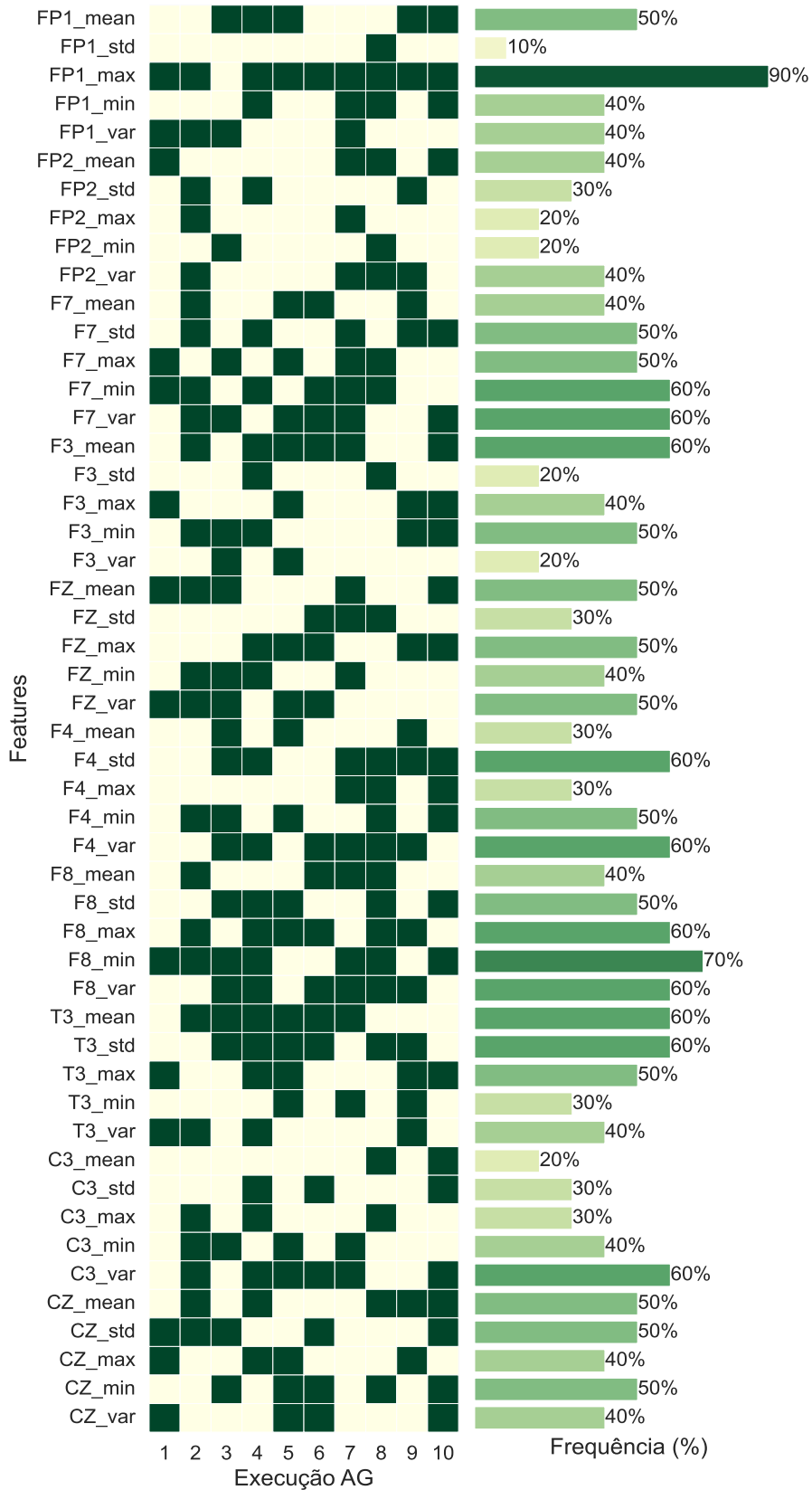
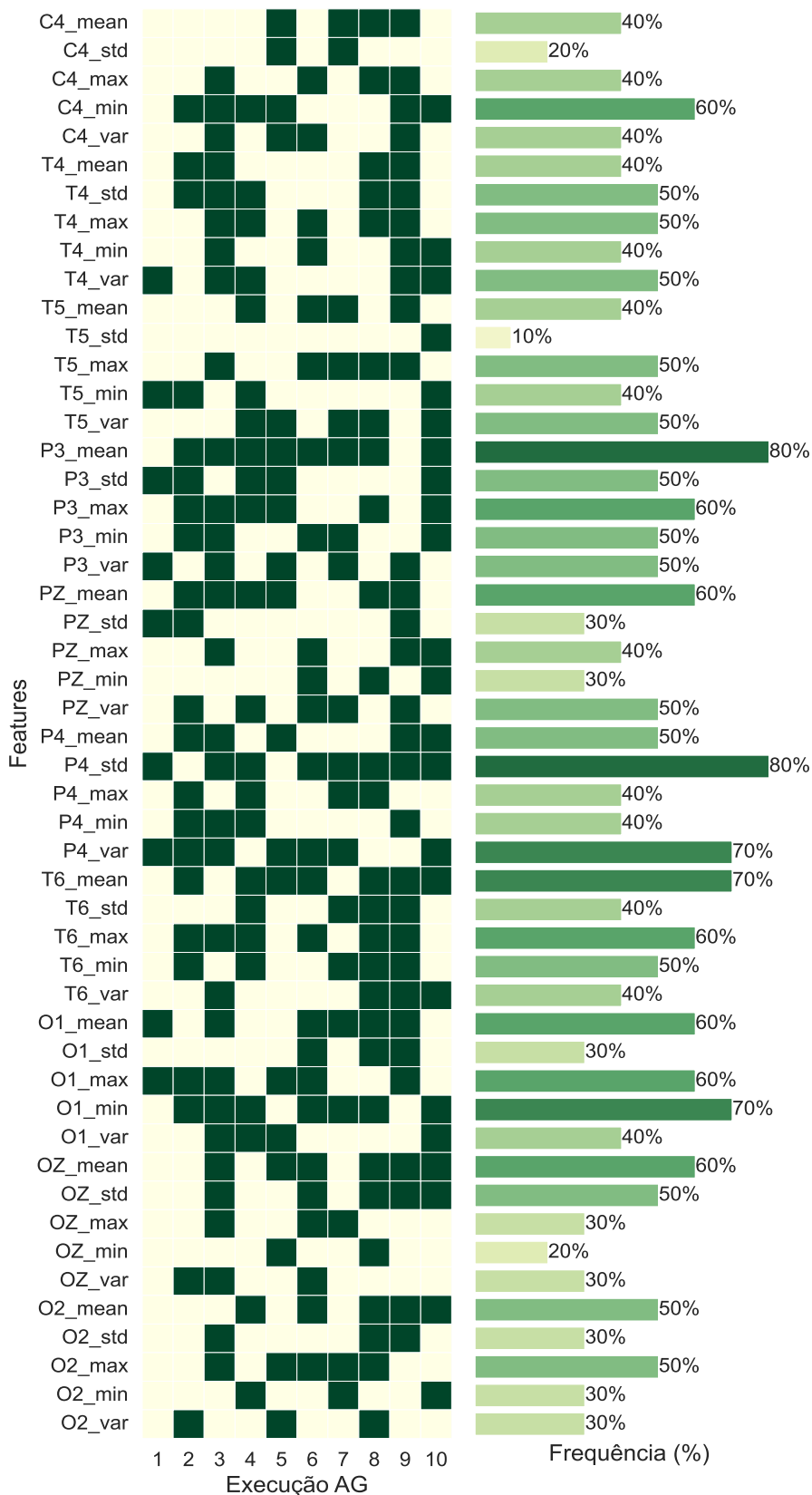


Figura 30 – Características selecionadas em cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Coma para a predição da etiologia do coma. São apresentadas as características extraídas dos canais C4, T4, T5, P3, PZ, P4, T6, O1, OZ e O2.



Resultados do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral

As Tabelas [31](#), [32](#) e [33](#) apresentam os resultados dos melhores indivíduos de cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando diferentes sementes pseudo-aleatórias para a base de dados do Acidente Vascular Cerebral.

Tabela 31 – Resultados dos melhores indivíduos das execuções 1, 2, 3 e 4 do Algoritmo Genético utilizando diferentes sementes pseudo-aleatórias para a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. Os resultados apresentados são para a validação cruzada do tipo 5-folds.

(Acc = Acurácia; F1 = F1 score (macro))

Folds	ID	Execução 1				Execução 2				Execução 3				Execução 4			
		Acc	F1	Especificidade	Recall	Acc	F1	Especificidade	Recall	Acc	F1	Especificidade	Recall	Acc	F1	Especificidade	Recall
Fold 1	P01	0.500	0.231	0.850	0.150	0.325	0.129	0.550	0.100	0.700	0.684	0.750	0.650	0.550	0.591	0.450	0.650
	P02	0.550	0.500	0.650	0.450	0.500	0.231	0.850	0.150	0.425	0.531	0.200	0.650	0.525	0.387	0.750	0.300
	Média	0.525	0.366	0.750	0.300	0.413	0.180	0.700	0.125	0.563	0.608	0.475	0.650	0.538	0.489	0.600	0.475
Fold 2	P03	0.600	0.429	0.900	0.300	0.450	0.577	0.150	0.750	0.600	0.704	0.250	0.950	0.650	0.667	0.600	0.700
	P04	0.550	0.400	0.800	0.300	0.450	0.522	0.300	0.600	0.450	0.593	0.100	0.800	0.375	0.468	0.200	0.550
	Média	0.575	0.415	0.850	0.300	0.450	0.550	0.225	0.675	0.525	0.649	0.175	0.875	0.513	0.568	0.400	0.625
Fold 3	P05	0.600	0.636	0.500	0.700	0.550	0.500	0.650	0.450	0.625	0.706	0.350	0.900	0.450	0.577	0.150	0.750
	P06	0.625	0.545	0.800	0.450	0.500	0.375	0.700	0.300	0.550	0.625	0.350	0.750	0.650	0.741	0.300	1.000
	Média	0.613	0.591	0.650	0.575	0.525	0.438	0.675	0.375	0.588	0.666	0.350	0.825	0.550	0.659	0.225	0.875
Fold 4	P07	0.575	0.679	0.250	0.900	0.625	0.516	0.850	0.400	0.400	0.478	0.250	0.550	0.375	0.242	0.550	0.200
	P08	0.425	0.582	0.050	0.800	0.500	0.444	0.600	0.400	0.425	0.549	0.150	0.700	0.550	0.400	0.800	0.300
	Média	0.500	0.631	0.150	0.850	0.563	0.480	0.725	0.400	0.413	0.514	0.200	0.625	0.463	0.321	0.675	0.250
Fold 5	P09	0.350	0.409	0.250	0.450	0.600	0.600	0.600	0.600	0.400	0.500	0.200	0.600	0.575	0.541	0.650	0.500
	P10	0.450	0.621	0.000	0.900	0.850	0.824	1.000	0.700	0.325	0.426	0.150	0.500	0.225	0.367	0.000	0.450
	Média	0.400	0.515	0.125	0.675	0.725	0.712	0.800	0.650	0.363	0.463	0.175	0.550	0.400	0.454	0.325	0.475
Média		0.523 ± 0.081	0.503 ± 0.113	0.505 ± 0.343	0.540 ± 0.240	0.535 ± 0.122	0.472 ± 0.194	0.625 ± 0.228	0.445 ± 0.226	0.490 ± 0.098	0.580 ± 0.088	0.275 ± 0.133	0.705 ± 0.139	0.493 ± 0.062	0.498 ± 0.127	0.445 ± 0.188	0.540 ± 0.230

Tabela 32 – Resultados dos melhores indivíduos das execuções 5, 6, 7 e 8 do Algoritmo Genético utilizando diferentes sementes pseudo-aleatórias para a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. Os resultados apresentados são para a validação cruzada do tipo 5-folds. A média dos resultados do pior modelo entre as 10 execuções estão destacados em itálico. (Acc = Acurácia; F1 = F1 score (macro))

Folds	ID	Execução 5				Execução 6				Execução 7				Execução 8			
		Acc	F1	Especificidade	Recall	Acc	F1	Especificidade	Recall	Acc	F1	Especificidade	Recall	Acc	F1	Especificidade	Recall
Fold 1	P01	0.500	0.000	1.000	0.000	0.400	0.500	0.200	0.600	0.775	0.757	0.850	0.700	0.375	0.444	0.250	0.500
	P02	0.500	0.000	1.000	0.000	0.475	0.400	0.600	0.350	0.350	0.458	0.150	0.550	0.575	0.679	0.250	0.900
	Média	0.500	0.000	1.000	0.000	0.438	0.450	0.400	0.475	0.563	0.608	0.500	0.625	0.475	0.562	0.250	0.700
Fold 2	P03	0.500	0.667	0.000	1.000	0.325	0.341	0.300	0.350	0.675	0.755	0.350	1.000	0.550	0.571	0.500	0.600
	P04	0.500	0.667	0.000	1.000	0.425	0.343	0.550	0.300	0.375	0.468	0.200	0.550	0.625	0.667	0.500	0.750
	Média	0.500	0.667	0.000	1.000	0.375	0.342	0.425	0.325	0.525	0.612	0.275	0.775	0.588	0.619	0.500	0.675
Fold 3	P05	0.500	0.000	1.000	0.000	0.500	0.444	0.600	0.400	0.625	0.400	1.000	0.250	0.475	0.553	0.300	0.650
	P06	0.500	0.000	1.000	0.000	0.325	0.372	0.250	0.400	0.475	0.364	0.650	0.300	0.400	0.429	0.350	0.450
	Média	0.500	0.000	1.000	0.000	0.413	0.408	0.425	0.400	0.550	0.382	0.825	0.275	0.438	0.491	0.325	0.550
Fold 4	P07	0.500	0.667	0.000	1.000	0.500	0.630	0.150	0.850	0.500	0.000	1.000	0.000	0.525	0.174	0.950	0.100
	P08	0.500	0.667	0.000	1.000	0.525	0.558	0.450	0.600	0.500	0.000	1.000	0.000	0.525	0.174	0.950	0.100
	Média	0.500	0.667	0.000	1.000	0.513	0.594	0.300	0.725	0.500	0.000	1.000	0.000	0.525	0.174	0.950	0.100
Fold 5	P09	0.500	0.000	1.000	0.000	0.550	0.526	0.600	0.500	0.625	0.681	0.450	0.800	0.600	0.467	0.850	0.350
	P10	0.500	0.000	1.000	0.000	0.900	0.889	1.000	0.800	0.300	0.462	0.000	0.600	0.500	0.000	1.000	0.000
	Média	0.500	0.000	1.000	0.000	0.725	0.708	0.800	0.650	0.463	0.572	0.225	0.700	0.550	0.234	0.925	0.175
Média		<i>0.500</i> ± 0.000	<i>0.267</i> ± 0.365	<i>0.600</i> ± 0.548	<i>0.400</i> ± 0.548	0.493 ± 0.139	0.500 ± 0.148	0.470 ± 0.192	0.515 ± 0.168	0.520 ± 0.040	0.435 ± 0.261	0.565 ± 0.339	0.475 ± 0.327	0.515 ± 0.060	0.416 ± 0.200	0.590 ± 0.330	0.440 ± 0.283

Tabela 33 – Resultados dos melhores indivíduos das execuções 9, 10 e a média de todas as execuções do Algoritmo Genético utilizando diferentes sementes pseudo-aleatórias para a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. Os resultados apresentados são para a validação cruzada do tipo 5-folds. A média dos resultados do melhor modelo entre as 10 execuções estão destacados em negrito.

(Acc = Acurácia; F1 = F1 score (macro))

Folds	ID	Execução 9				Execução 10				Média AG			
		Acc	F1	Precisão	Recall	Acc	F1	Precisão	Recall	Acc	F1	Precisão	Recall
Fold 1	P01	0.550	0.654	0.250	0.850	0.425	0.531	0.200	0.650	0.510 ± 0.142	0.452 ± 0.252	0.535 ± 0.308	0.485 ± 0.293
	P02	0.525	0.678	0.050	1.000	0.500	0.524	0.450	0.550	0.493 ± 0.065	0.439 ± 0.204	0.495 ± 0.324	0.490 ± 0.312
	Média	0.538	0.666	0.150	0.925	0.463	0.528	0.325	0.600	0.501 ± 0.053	0.445 ± 0.210	0.515 ± 0.255	0.488 ± 0.279
Fold 2	P03	0.575	0.261	1.000	0.150	0.500	0.231	0.850	0.150	0.543 ± 0.103	0.520 ± 0.191	0.490 ± 0.340	0.595 ± 0.339
	P04	0.500	0.000	1.000	0.000	0.500	0.333	0.750	0.250	0.475 ± 0.077	0.446 ± 0.197	0.440 ± 0.333	0.510 ± 0.300
	Média	0.538	0.131	1.000	0.075	0.500	0.282	0.800	0.200	0.509 ± 0.061	0.483 ± 0.182	0.465 ± 0.325	0.553 ± 0.309
Fold 3	P05	0.625	0.717	0.300	0.950	0.550	0.609	0.400	0.700	0.550 ± 0.067	0.514 ± 0.208	0.525 ± 0.291	0.575 ± 0.297
	P06	0.675	0.745	0.400	0.950	0.625	0.681	0.450	0.800	0.533 ± 0.114	0.488 ± 0.229	0.525 ± 0.249	0.540 ± 0.322
	Média	0.650	0.731	0.350	0.950	0.588	0.645	0.425	0.750	0.541 ± 0.075	0.501 ± 0.214	0.525 ± 0.251	0.558 ± 0.300
Fold 4	P07	0.500	0.000	1.000	0.000	0.525	0.678	0.050	1.000	0.503 ± 0.073	0.406 ± 0.278	0.505 ± 0.412	0.500 ± 0.414
	P08	0.500	0.000	1.000	0.000	0.400	0.571	0.000	0.800	0.485 ± 0.050	0.395 ± 0.248	0.500 ± 0.426	0.470 ± 0.362
	Média	0.500	0.000	1.000	0.000	0.463	0.625	0.025	0.900	0.494 ± 0.041	0.400 ± 0.260	0.503 ± 0.410	0.485 ± 0.384
Fold 5	P09	0.500	0.000	1.000	0.000	0.675	0.649	0.750	0.600	0.538 ± 0.102	0.437 ± 0.244	0.635 ± 0.279	0.440 ± 0.260
	P10	0.500	0.000	1.000	0.000	0.850	0.842	0.900	0.800	0.540 ± 0.244	0.443 ± 0.354	0.605 ± 0.491	0.475 ± 0.355
	Média	0.500	0.000	1.000	0.000	0.763	0.746	0.825	0.700	0.539 ± 0.148	0.440 ± 0.277	0.620 ± 0.361	0.458 ± 0.288
Média		0.545 ± 0.062	0.306 ± 0.363	0.700 ± 0.417	0.390 ± 0.501	0.555 ± 0.127	0.565 ± 0.176	0.480 ± 0.337	0.630 ± 0.264	0.517 ± 0.023	0.454 ± 0.102	0.526 ± 0.119	0.508 ± 0.101

A Tabela 34 apresenta o tempo médio de execução de cada uma das 10 execuções do AG.

Tabela 34 – Tempo médio de execução de cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral.

Execução do AG	Tempo
1	03 horas e 24 minutos
2	03 horas e 01 minuto
3	03 horas e 14 minutos
4	03 horas e 22 minutos
5	03 horas e 43 minutos
6	03 horas e 19 minutos
7	03 horas e 46 minutos
8	03 horas e 13 minutos
9	04 horas e 53 minutos
10	03 horas e 09 minutos
Média	03 horas e 30 minutos

A Tabela 35 apresenta a arquitetura e descreve cada camada do modelo selecionado na melhor execução do AG, enquanto a Tabela 36 apresenta os parâmetros para o treinamento do modelo. Já a Figura 32 ilustra a arquitetura do modelo selecionado.

Tabela 35 – Arquitetura do modelo selecionado na melhor execução do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral.

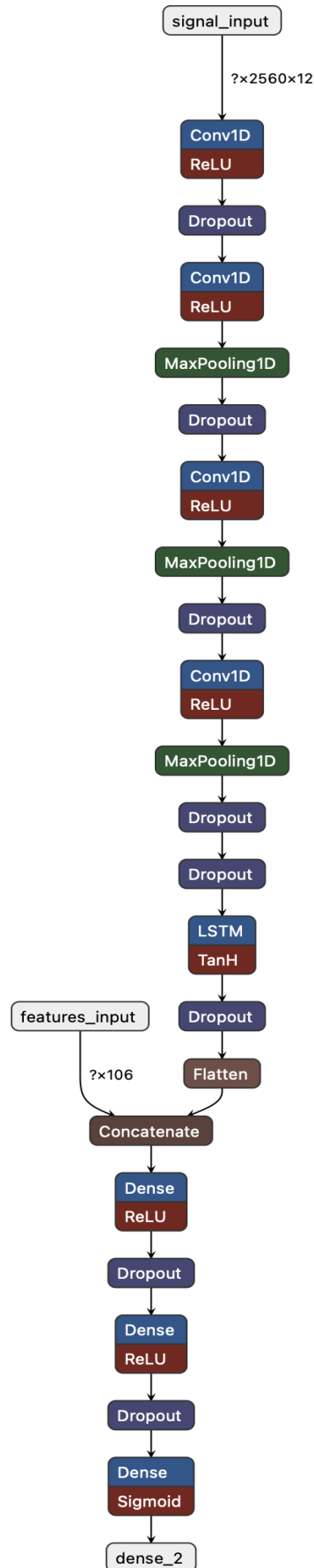
No.	Camada	Hiper-Parâmetros
0	Input	[tamanho do sinal, número de canais do EEG]
1	Conv1D	filters = 128, kernel_size = 9, activation = <i>ReLU</i> , padding= <i>same</i>
2	Dropout	rate = 0.3
3	Conv1D	filters = 64, kernel_size = 13, activation = <i>ReLU</i> , padding= <i>causal</i>
4	MaxPooling1D	pool_size = 3
5	Dropout	rate = 0.5
6	Conv1D	filters = 64, kernel_size = 6, activation = <i>ReLU</i> , padding= <i>causal</i>
7	MaxPooling1D	pool_size = 4
8	Dropout	rate = 0.2
9	Conv1D	filters = 128, kernel_size = 9, activation = <i>ReLU</i> , padding= <i>causal</i>
10	MaxPooling1D	pool_size = 2
11	Dropout	rate = 0.4
12	Dropout	rate = 0.4
13	LSTM	units = 16, return_sequences = True
14	Dropout	rate = 0.3
15	Flatten	-
16	Concatenate (Flatten + 106 Características)	-
17	Dense	units = 256, , activation = <i>ReLU</i>
18	Dropout	rate = 0.3
19	Dense	units = 32, , activation = <i>ReLU</i>
20	Dropout	rate = 0.3
21	Dense	units = 1, activation = <i>Sigmoid</i>

Tabela 36 – Parâmetros de treinamento do modelo selecionado na melhor execução do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral.

Descrição do Parâmetro	Nome	Valor
Número de épocas pelo qual o modelo deve ser treinado	epochs	40
Otimizador utilizado no treinamento do modelo	optimizer	'adam'
<i>Learning rate</i> utilizada no treinamento do modelo	learning_rate	0.001
Método para deixar os dados na mesma escala	scaler	'standard'*
Número de amostras processadas antes que os pesos do modelo sejam atualizados	batch_size	32

* Usado para normalizar as características e os sinais de EEG

Figura 32 – Representação gráfica do modelo híbrido CNN - LSTM selecionado na melhor execução do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral.



As Figuras 33, 34, 35 e 36 apresentam as características selecionadas em cada uma das 10 execuções do AG, bem como a frequência de seleção.

Figura 33 – Características selecionadas em cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. São apresentadas as características relacionadas a densidade espectral na faixa de frequência (0 Hz a 9.8 Hz) extraídas do somatório de todos os canais de EEG.

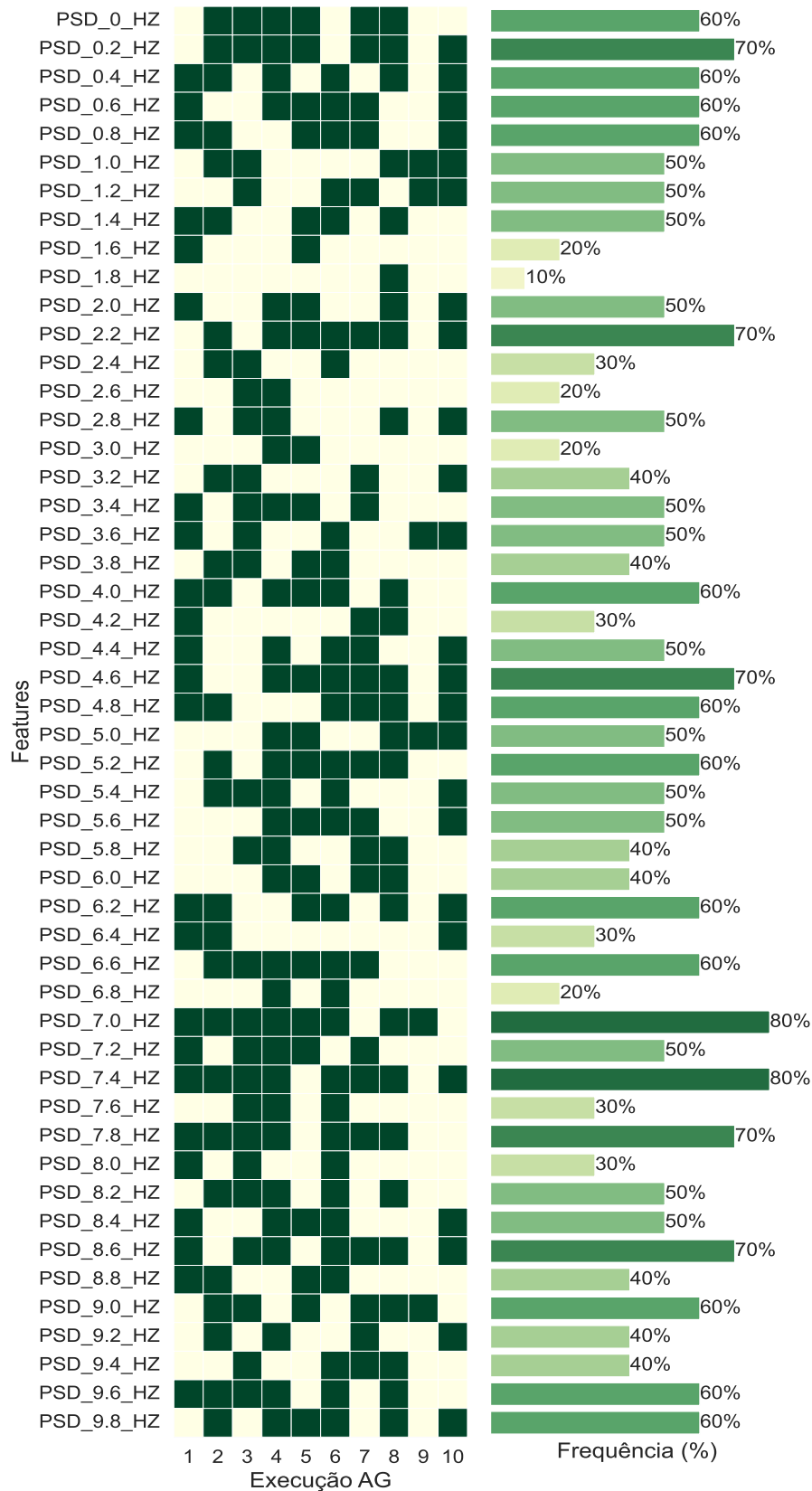


Figura 34 – Características selecionadas em cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. São apresentadas as características relacionadas a densidade espectral na faixa de frequência (10 Hz a 19.8 Hz) extraídas do somatório de todos os canais de EEG.

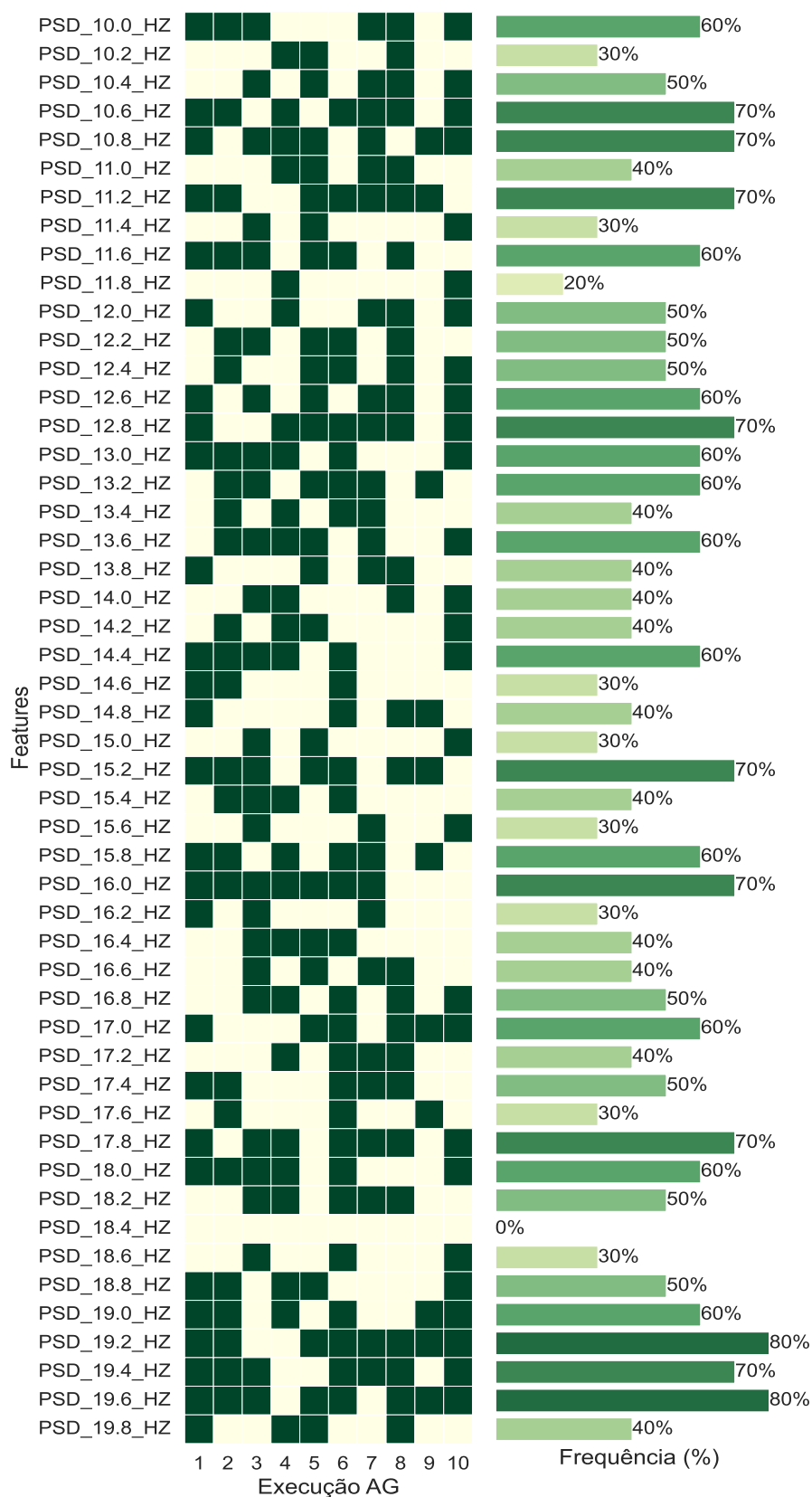


Figura 35 – Características selecionadas em cada uma das 10 execuções do Algoritmo Genético utilizando a base de dados do Acidente Vascular Cerebral. São apresentadas as características relacionadas a densidade espectral na faixa de frequência (20 Hz a 29.8 Hz) extraídas do somatório de todos os canais de EEG.

