

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL
ESCOLA DE ENGENHARIA
INSTITUTO DE INFORMÁTICA
CURSO DE ENGENHARIA DE COMPUTAÇÃO

LUCAS SCHONS

**Caracterização dos Sinais Mielétricos dos Movimentos do Segmento Mão
Braço Através De Redes
Neurais Artificiais e Algoritmos Genéticos**

Monografia apresentada como requisito parcial para
a obtenção do grau de Bacharel em Engenharia de
Computação.

Orientador: Prof. Dr. Alexandre Balbinot

Porto Alegre
2014

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL

Reitor: Prof. Carlos Alexandre Netto

Vice-Reitor: Prof. Rui Vicente Oppermann

Pró-Reitor de Graduação: Prof. Sérgio Roberto Kieling Franco

Chefe do Departamento de Engenharia Elétrica: Prof. Dr. Roberto Petry Homrich

Diretor do Instituto de Informática: Prof. Luís da Cunha Lamb

Coordenador do Curso de Engenharia de Computação: Prof. Marcelo Götz

Bibliotecária-Chefe do Instituto de Informática: Beatriz Regina Bastos Haro

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Ingrid Flesch Lopes por compartilhar comigo os sinais mioelétricos captados por ela.

RESUMO

O projeto tem como objetivo caracterizar sinais mioelétricos provenientes do segmento mão braço através de redes neurais e algoritmos genéticos. Os sinais mioelétricos usados no projeto são provenientes de uma base de dados. Nesses sinais são aplicadas etapas de pré-processamento e extração de características. Uma vez de posse das características do sinal mioelétrico, o algoritmo genético é usado para gerar um conjunto de parâmetros de entrada para a rede neural, esses parâmetros incluem a formatação dos dados de entrada, assim como a estrutura da rede neural usada. As redes neurais são usadas para classificar os sinais mioelétricos de acordo com o movimento que foi realizado. O algoritmo genético então avalia o resultado da rede neural e evolui seus parâmetros de entrada, afim de encontrar a configuração com o melhor desempenho. A média do melhor resultado dos voluntários foi de 77.7%. Entre todos os resultados, a maior taxa de acerto foi de 93.8%. O resultado é satisfatório, pois apresenta uma taxa de acerto regular quando comparado com outros trabalhos desse mesmo segmento.

Palavras-chave: Sinais mioelétricos. Rede Neural. Algoritmo genético.

Characterization of Myoelectric Signals of Movements of Hand and Arm Segment Through Neural Networks and Genetic Algorithm

ABSTRACT

The project aims to characterize myoelectric signals from the hand arm segment through neural networks and genetic algorithms. The myoelectric signals used in the project are from a database. Steps of preprocessing and feature extraction are applied to these signals. Once in possession of the myoelectric signal features, the genetic algorithm is used to generate a set of input parameters for the neural network, the parameters include formatting the input data as well as the structure of the neural network used. Neural networks are used to classify the myoelectrical signal according to the movement that has been performed. The genetic algorithm then evaluates the result of neural network and evolves its input parameters in order to find the configuration with the best performance. The mean score of the volunteer was 77.7%. Among all the results, the best score was 93.8%. The result is satisfactory, since it has a regular accuracy rate when compared with other works of the same branch.

Keywords: Myoelectric signal. Neural network. Genetic algorithm.

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1: ESQUEMA DE UM NEURÔNIO MOTOR.....	12
FIGURA 2: TRÊS CROMOSSOMOS.....	17
FIGURA 3: AVALIAÇÃO.....	17
FIGURA 4: ROLETA.....	17
FIGURA 5: CROSSOVER.....	18
FIGURA 6: NEURÔNIO ARTIFICIAL.....	20
FIGURA 7: SIGMÓIDE.....	21
FIGURA 8: ARQUITETURA FEEDFORWARD.....	22
FIGURA 9: COMPORTAMENTO GERAL DO SISTEMA.....	24
FIGURA 10: DISPOSIÇÃO DOS ARQUIVOS DA BASE DE DADOS.....	26
FIGURA 11: CINCO MOVIMENTOS SIMPLES.....	27
FIGURA 12: FLUXOGRAMA DO PREPROCESSAMENTO.....	30
FIGURA 13: SINAL BRUTO E SINAL NORMALIZADO.....	32
FIGURA 14: SINAL BRUTO E SINAL SEGMENTADO MA.....	33
FIGURA 15: SINAL BRUTO E SINAL SEGMENTADO.....	34
FIGURA 16: SINAL SEGMENTADO MVC E SINAL SEGMENTADO EM RELAÇÃO AO MOVIMENTO.....	36
FIGURA 17: FLUXOGRAMA DA EXTRAÇÃO DE CARACTERÍSTICA.....	37
FIGURA 18: CARACTERÍSTICAS EXTRAÍDAS.....	38

FIGURA 19: CLASSE MOVIMENTO.....	39
FIGURA 20: COMPOSIÇÕES DAS LISTAS.....	40
FIGURA 21: INDIVÍDUO.....	44
FIGURA 22: AVALIAÇÃO.....	45
FIGURA 23: RESUMO ALGORITMO GENÉTICO.....	49
FIGURA 24: DIAGRAMA SIMPLIFICADO DA REDE NEURAL.....	50
FIGURA 25: EXEMPLO DE TREINAMENTO DA REDE NEURAL.....	55
FIGURA 26: EXEMPLO DO DESEMPENHO DA FUNÇÃO MSE.....	56
FIGURA 27: MATRIZ DE CONFUSÃO VOLUNTÁRIO 1 COM 50% DOS MOVIMENTOS TREINADOS.....	61
FIGURA 28: EVOLUÇÃO DO FITNESS DOS CANAIS DO VOLUNTÁRIO 1 COM 50% DOS MOVIMENTOS TREINADOS.....	62
FIGURA 29: EVOLUÇÃO DAS CONFIGURAÇÕES DE ENTRADA E ESTRUTURA DA RN DO VOLUNTÁRIO 1 COM 50% DOS MOVIMENTOS TREINADOS.....	63
FIGURA 30: MATRIZ DE CONFUSÃO VOLUNTÁRIO 2 COM 50% DOS MOVIMENTOS TREINADOS.....	66
FIGURA 31: EVOLUÇÃO DO FITNESS DOS CANAIS DO VOLUNTÁRIO 2 COM 50% DOS MOVIMENTOS TREINADOS.....	67
FIGURA 32: EVOLUÇÃO DAS CONFIGURAÇÕES DE ENTRADA E ESTRUTURA DA RN DO VOLUNTÁRIO 2 COM 50% DOS MOVIMENTOS TREINADOS.....	68
FIGURA 33: MATRIZ DE CONFUSÃO VOLUNTÁRIO 3 COM 50% DOS MOVIMENTOS TREINADOS.....	71

FIGURA 34: EVOLUÇÃO DO FITNESS DOS CANAIS DO VOLUNTÁRIO 3 COM 50% DOS MOVIMENTOS TREINADOS.....	72
FIGURA 35: EVOLUÇÃO DAS CONFIGURAÇÕES DE ENTRADA E ESTRUTURA DA RN DO VOLUNTÁRIO 3 COM 50% DOS MOVIMENTOS TREINADOS.....	73
FIGURA 36: MATRIZ DE CONFUSÃO VOLUNTÁRIO 4 COM 50% DOS MOVIMENTOS TREINADOS.....	76
FIGURA 37: EVOLUÇÃO DO FITNESS DOS CANAIS DO VOLUNTÁRIO 4 COM 50% DOS MOVIMENTOS TREINADOS.....	77
FIGURA 38: EVOLUÇÃO DAS CONFIGURAÇÕES DE ENTRADA E ESTRUTURA DA RN DO VOLUNTÁRIO 4 COM 50% DOS MOVIMENTOS TREINADOS.....	78
FIGURA 39: MATRIZ DE CONFUSÃO VOLUNTÁRIO 5 COM 50% DOS MOVIMENTOS TREINADOS.....	81
FIGURA 40: EVOLUÇÃO DO FITNESS DOS CANAIS DO VOLUNTÁRIO 5 COM 50% DOS MOVIMENTOS TREINADOS.....	82
FIGURA 41: EVOLUÇÃO DAS CONFIGURAÇÕES DE ENTRADA E ESTRUTURA DA RN DO VOLUNTÁRIO 5 COM 50% DOS MOVIMENTOS TREINADOS.....	83

LISTA DE TABELAS

TABELA 1: RMS DURANTE RELAXAMENTO E MVC.....	25
TABELA 2: SME DE UMA SÉRIE DE MOVIMENTOS.....	26
TABELA 3: SEQUENCIA DE MOVIMENTOS.....	27
TABELA 4: MOVIMENTO E NÚMERO.....	28
TABELA 5: CANAL E MÚSCULO.....	28
TABELA 6: ARQUIVO ÍNDICE.....	35
TABELA 7: CROMOSSOMO.....	43
TABELA 8: EXEMPLO DE ROLETA.....	47
TABELA 9: EXEMPLO DE VETOR DE CROSSOVER.....	48
TABELA 10: EXEMPLO DO CROMOSSOMOS DOS PAIS.....	48
TABELA 11: EXEMPLO DO CROMOSSOMOS FILHO.....	48
TABELA 12: EXEMPLO DE DOIS CROMOSSOMOS.....	50
TABELA 13: EXEMPLO DA MATRIZ DE ENTRADA PARA RN.....	51
TABELA 14: EXEMPLO DA MATRIZ DE SAÍDA (TARGETS) PARA RN.....	52
TABELA 15: DIVISÃO DOS MOVIMENTOS DO VOLUNTÁRIO 1.....	59
TABELA 16: TAXA DE ACERTO PARA OS MOVIMENTOS DO VOLUNTÁRIO 1.....	59
TABELA 17: CROMOSSOMOS ENCONTRADOS PARA OS TRÊS CONJUNTOS DE TREINAMENTO DO VOLUNTÁRIO 1.....	60
TABELA 18: DIVISÃO DOS MOVIMENTOS DO VOLUNTÁRIO 2.....	64

TABELA 19: TAXA DE ACERTO PARA OS MOVIMENTOS DO VOLUNTÁRIO 2.....	64
TABELA 20: CROMOSSOMOS ENCONTRADOS PARA OS TRÊS CONJUNTOS DE TREINAMENTO DO VOLUNTÁRIO 2.....	65
TABELA 21: DIVISÃO DOS MOVIMENTOS DO VOLUNTÁRIO 3.....	69
TABELA 22: TAXA DE ACERTO PARA OS MOVIMENTOS DO VOLUNTÁRIO 3.....	69
TABELA 23: CROMOSSOMOS ENCONTRADOS PARA OS TRÊS CONJUNTOS DE TREINAMENTO DO VOLUNTÁRIO 3.....	70
TABELA 24: DIVISÃO DOS MOVIMENTOS DO VOLUNTÁRIO 4.....	74
TABELA 25: TAXA DE ACERTO PARA OS MOVIMENTOS DO VOLUNTÁRIO.....	74
TABELA 26: CROMOSSOMOS ENCONTRADOS PARA OS TRÊS CONJUNTOS DE TREINAMENTO DO VOLUNTÁRIO 4.....	75
TABELA 27: DIVISÃO DOS MOVIMENTOS DO VOLUNTÁRIO 5.....	79
TABELA 28: TAXA DE ACERTO PARA OS MOVIMENTOS DO VOLUNTÁRIO 5.....	79
TABELA 29: CROMOSSOMOS ENCONTRADOS PARA OS TRÊS CONJUNTOS DE TREINAMENTO DO VOLUNTÁRIO 5.....	80
TABELA 30: COMPARAÇÃO DO RESULTADOS.....	84

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AG	Algoritmos Genéticos
DC	Direct Current
EMG	Eletromiógrafo
LM	Levenberg-Marquardt
MA	Média Absoluta
MLP	Multilayer perceptron
MSE	Mean squared normalized error
MUAP	Motor Unit Action Potential
MVC	Maximum Voluntary Contraction (contração voluntária máxima)
RN	Rede Neural
RMS	Root Mean Square (raiz do valor quadrático médio)
SME	Sinais Mioelétricos
Th	Threshold (limiar)

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO.....	9
1.1 Objetivos.....	9
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	11
2.1 Sinal Mioelétrico.....	11
2.1.1 Neurônio Motor.....	11
2.1.2 Placa Motora.....	12
2.1.3 Unidade Motora.....	13
2.1.4 Potencial de Ação da Unidade Motora.....	13
2.2 Eletromiografia.....	14
2.2.1 Trabalhos Realizados com EMG.....	14
2.3 Algoritmos Genéticos.....	16
2.3.1	
Representação.....	16
2.3.2 Decodificação.....	16
2.3.3	
Avaliação.....	17
2.3.4	
Seleção.....	17
2.3.5 Crossover e Mutação.....	18
2.4 Redes Neurais.....	19
2.4.1 Neurônio Artificial.....	20
2.4.2 Arquitetura de Redes Neurais.....	21
2.4.3 Treinamento.....	22
3 METODOLOGIA EXPERIMENTAL.....	24
3.1 Base de Dados Utilizada.....	25
3.1.1 Disposição dos Arquivos da Base de Dados.....	26
3.1.2 Séries de Movimentos da Base de Dados.....	27
3.1.3 Taxa de Amostragem da Base de Dados.....	28
3.2 Preprocessamento e Armazenamento de Dados.....	29
3.2.1 Remoção do Componente DC.....	31
3.2.2 Normalização do Sinal.....	31
3.2.3 Segmentação por MA e MVC.....	32
3.2.3.1 Segmentação Pelo Método da Média Absoluta.....	32
3.2.3.2 Segmentação Pelo Método da Contração Voluntária Máxima.....	34
3.2.4 Segmentação em Relação ao Tempo de Execução dos Movimentos.....	35
3.2.5 Extração de Características: Variância e RMS.....	36
3.2.6 Estrutura dos Movimentos.....	39
3.2.7 Lista dos Movimentos.....	40
3.2.7.1 Divisão e embaralhamento da Lista.....	41
3.3 Algoritmo Genético da Metodologia Experimental.....	41
3.3.1 Estrutura do Cromossomo.....	41
3.3.2 Estrutura do Indivíduo.....	43
3.3.3 Criação.....	44
3.3.4 Avaliação.....	45
3.3.5 Seleção dos Reprodutores.....	46

3.3.5.1 Funcionamento da Roleta.....	46
3.3.6 Geração dos Filhos.....	47
3.3.6.1 Crossover.....	47
3.3.6.2 Mutação.....	48
3.3.7 Próxima População.....	48
3.3.8 Escolha da Melhor Configuração.....	49
3.4 Rede Neural da Metodologia Experimental.....	50
3.4.1 Estrutura da Rede Neural Através do Algoritmo Genético.....	50
3.4.2 Entrada e Saída da Rede Neural.....	51
3.4.3 Divisão dos arquivos da RN.....	52
3.4.4 Algoritmo de Treinamento e Critérios de Parada da RN.....	53
3.4.5 Procedimento de Treinamento da Rede Neural.....	54
3.4.6 Desempenho da Rede Neural.....	55
3.5 Avaliação da Solução Encontrada.....	57
4 RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	58
4.1 Voluntário 1.....	59
4.1.1 Matriz de Confusão do Voluntário 1 com 50% dos Movimentos Treinados.....	61
4.1.2 Evolução dos Genes do Voluntário 1 com 50% dos Movimentos Treinados.....	62
4.2 Voluntário 2.....	64
4.2.1 Matriz de Confusão do Voluntário 2 com 50% dos Movimentos Treinados.....	66
4.2.2 Evolução dos Genes do Voluntário 2 com 50% dos Movimentos Treinados.....	67
4.3 Voluntário 3.....	69
4.3.1 Matriz de Confusão do Voluntário 3 com 50% dos Movimentos Treinados.....	71
4.3.2 Evolução dos Genes do Voluntário 3 com 50% dos Movimentos Treinados.....	72
4.4 Voluntário 4.....	74
4.4.1 Matriz de Confusão do Voluntário 4 com 50% dos Movimentos Treinados.....	76
4.4.2 Evolução dos Genes do Voluntário 4 com 50% dos Movimentos Treinados.....	77
4.5 Voluntário 5.....	79
4.5.1 Matriz de Confusão do Voluntário 5 com 50% dos Movimentos Treinados.....	81
4.5.2 Evolução dos Genes do Voluntário 5 com 50% dos Movimentos Treinados.....	82
4.6 Comparação dos Resultados com Outros Estudos.....	84
5 CONCLUSÃO.....	85
6 PROPOSTAS PARA TRABALHOS FUTUROS.....	86
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	87

1 INTRODUÇÃO

Todos os dias, o ser humano vivencia tarefas que são consideradas simples, isso é diferente para pessoas portadoras de deficiência física, pois atividades rotineiras como pegar um copo, abrir uma porta e carregar compras. podem ser grandes desafios.

A bibliografia mostra que existem desenvolvimentos tecnológicos na área de reabilitação humana que visam auxiliar essas pessoas. No trabalho de (KIRBERD *et al*, 1995), por exemplo, é demonstrada a prótese de uma mão, com dois graus de liberdade, outro exemplo é o trabalho feito por (DaCUNHA, 2002) que cria uma prótese multifunção para membros superiores. Uma avaliação do estado da arte sobre o controle de próteses através de sinais mioelétricos é feito por (SCOTT & PARKER, 1988).

Pode-se utilizar diversos equipamentos para ajudar pessoas portadoras de deficiência física, tais como cadeira de rodas e próteses de mão. Uma maneira de controlar os equipamentos é através dos sinais elétricos provenientes dos músculos que são denominados sinais mioelétricos (SME). Segundo Favieiro (2012, p.13) “O sinal mioelétrico é o sinal de controle muscular do corpo humano que contém a informação da intenção do usuário contrair um músculo e, conseqüentemente, realizar um movimento”. Inicialmente, o sinal mioelétrico foi considerado como um processo puramente estocástico (KREIFELDT & YAO, 1974), no entanto posteriormente foram encontradas características determinísticas dentro dos primeiros 200ms de uma contração muscular (HUDGINS *et al.*, 1991). No trabalho de (ORTOLAN, 2002) é afirmado que uma prótese pode ser controlada pelos sinais provenientes dos músculos preservados acima de uma amputação.

1.1 Objetivos

Esse trabalho tem como objetivo principal caracterizar, isto é, distinguir quais movimentos foram feitos a partir dos sinais mioelétricos que esses movimentos geram.

Neste trabalho, foi utilizado a base de dados disponibilizada por (LOPES, 2014). Essa base de dados possui os sinais mioelétricos proveniente de um conjunto de sete músculos. Os sinais foram capturados durante a execução de uma série de movimentos aonde cada músculo gerava um canal de entrada.

Para alcançar um bom resultado, ou seja, a classificação correta dos movimentos foi feito o uso de redes neurais e algoritmos genéticos.

As características extraídas da base de dados (LOPES, 2014), foram o RMS e Variância que serviram de entrada para redes neurais (RN). Essa rede neural tem o papel de classificação, e irá relacionar o conjunto de características de entrada com um respectivo movimento. As redes neurais possuem diversas configurações possíveis, tais como número de camadas ocultas e número de neurônios em cada camada. A melhor configuração muitas vezes é encontrada através de testes, como por exemplo quando se escolhe um conjunto de números de camadas ocultas, então para cada número de camada oculta, uma rede neural é treinada e por fim, é escolhida a rede neural que apresenta o melhor resultado na classificação dos movimentos. Nesse trabalho o número de camadas ocultas e o número de neurônios nas camadas ocultas são encontrados através de um algoritmo genético .

Algoritmos genéticos (AG) funcionam para encontrar boas soluções, não necessariamente a melhor. Eles usam o princípio de seleção natural que cruza as características dos “pais” criando um “filho”, posteriormente, testa-se a qualidade dos “pais” e “filhos”, e por fim, se seleciona os melhores. As características do AG são as configurações de um sistema, nesse trabalho além de encontrar o número de camadas ocultas e o número de neurônios em cada camada, o AG procura evoluir, através da configuração do pré-processamento usado, quais características extraídas do sinal de entrada e quais canais são utilizados para entrada da RN.

Como objetivos secundários, é realizada a análise da evolução do AG, afim de se deduzir características que prevaleceram às outras, além de se observar quais movimentos apresentaram taxas de acerto abaixo da média e o impacto no acerto dos movimentos em relação ao tamanho da base de treinamento.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Sinal Mioelétrico

A contração muscular acontece através da despolarização de suas fibras, essa despolarização cria o sinal mioelétrico (SME) (GUYTON, 1988). A primeira pessoa a relacionar a contração muscular com eletricidade foi Luigi Galvani em 1791. Ele usou varas metálicas que despolarizavam as pernas dos sapos o que gerava uma contração nelas (FAVIEIRO, 2012). Em 1838, Carlos Matteucci utilizando um galvanômetro provou a existência de atividade elétrica durante a contração muscular (ORTOLAN, 2002). A detecção do SME no exato momento em que um ser humano realiza um movimento voluntário foi feita por Frenchman Dubois-Reymond em 1849 (FAVIEIRO, 2012).

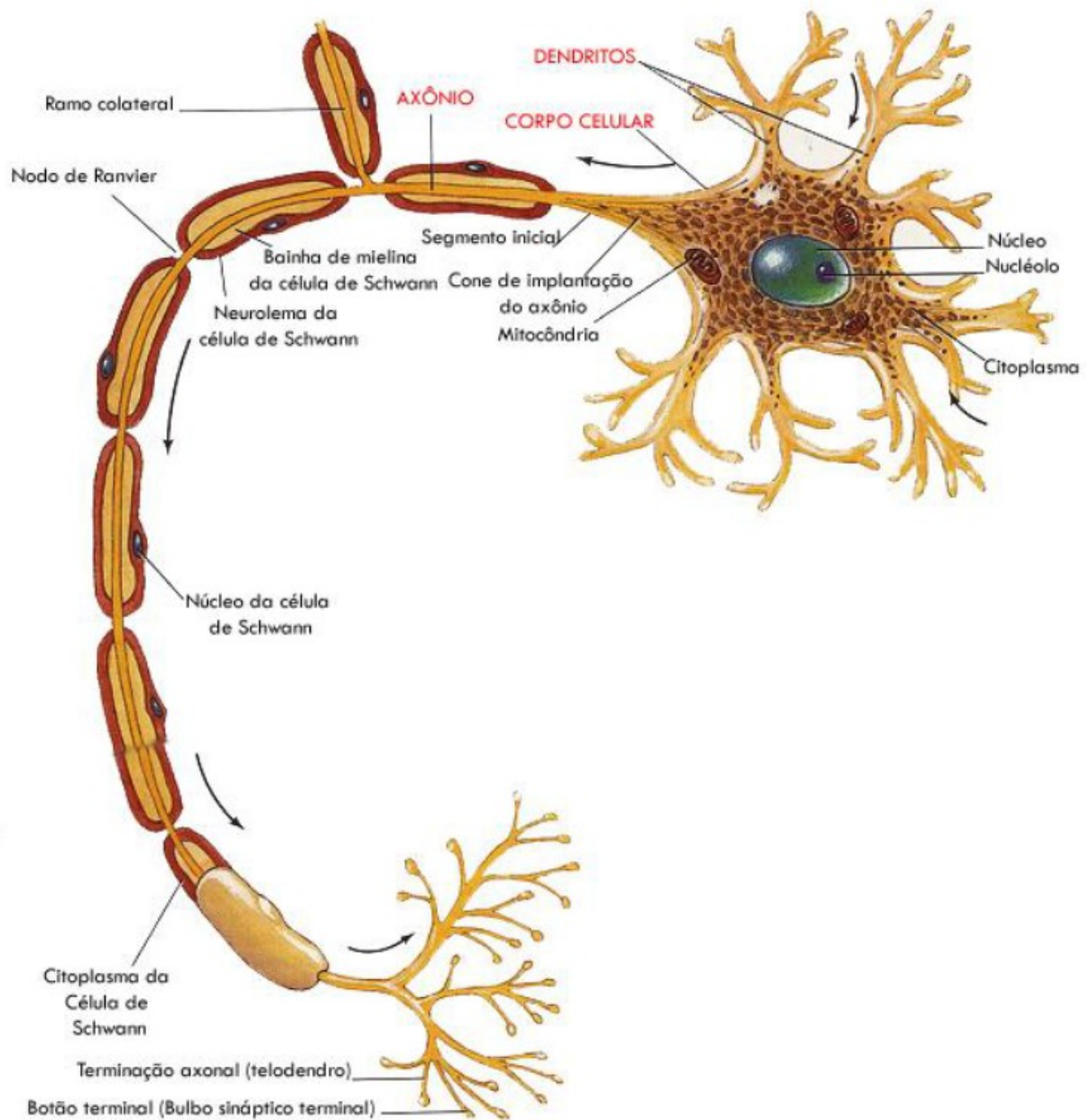
2.1.1 Neurônio Motor

O neurônio motor é o responsável por comandar a contração das fibras musculares. Eles possuem três partes distintas (Figura 1): corpo celular, dendritos e axônio.

O corpo celular contém um núcleo e um nucléolo bem definidos, circundados por um citoplasma granular. Os dendritos usualmente são extensões citoplasmáticas curtas, espessas e altamente ramificadas, funcionando para receber impulsos e conduzi-los em direção ao corpo celular (TORTORA, 2000). O axônio é chamado de fibra nervosa. Os axônios transmitem os sinais neurais para a célula nervosa seguinte ou para os músculos e glândulas. Os neurônios propagam o impulso nervoso através de reações eletroquímicas. Essa propagação é chamada de potencial de ação (GUYTON, 1988).

No terminal axônico existem muitas mitocôndrias que fornecem energia, principalmente para a síntese do transmissor excitatório, acetilcolina, que excita as fibras musculares (GUYTON, 1988).

Figura 1 – Esquema de um Neurônio Motor.



Fonte: adaptado de Tortora (2000).

2.1.2 Placa Motora

A placa motora é a região onde ocorre a conexão entre uma fibra muscular esquelética e os terminais do axônio. A fibra nervosa se ramifica nas proximidades do seu término para formar uma rede de terminais axônicos (GUYTON, 1988). Quando um impulso nervoso chega à placa motora, ocorre a liberação do transmissor acetilcolina nas fendas sinápticas. A

acetilcolina atua então sobre as pregas da membrana muscular aumentando sua permeabilidade aos íons de sódio (Na⁺). Ocorre, então, a passagem instantânea de sódio para o interior da fibra muscular, causando a despolarização da membrana muscular. Essa despolarização causa um potencial de ação que é propagado nas duas direções da fibra muscular, causando sua contração (GUYTON, 1988).

Pouco tempo após a liberação da acetilcolina, é liberada a enzima colinesterase, que se encontra nas pregas subneurais, que transforma a acetilcolina em ácido acético e colina. A destruição da acetilcolina permite que a membrana repolarize, diminuindo a permeabilidade ao sódio e fique pronta para receber um próximo estímulo (GUYTON, 1988).

2.1.3 Unidade Motora

Cada motoneurônio que emerge da medula espinhal inerva numerosas fibras musculares, sendo que esse número depende do tipo de músculo. Todas as fibras musculares inervadas por uma só fibra nervosa motora formam a chamada unidade motora (BELTRAMINI, 1999).

2.1.4 Potencial de Ação da Unidade Motora

Quando um neurônio envia um potencial de ação, todas as fibras musculares da sua unidade motora são estimuladas, com pequenos atrasos. Esses atrasos ocorrem devido a dois motivos: o primeiro é o tempo de propagação das ramificações da fibra nervosa e o segundo é a natureza aleatória das descargas de acetilcolina. A soma algébrica dos potenciais de ação nas “n” fibras de uma unidade motora é chamada potencial de ação da unidade motora, cuja sigla em inglês é MUAP (*Motor Unit Action Potential*) (ALMEIDA, 1997).

A ativação de uma MUAP dura de 2 a 10ms. Para que se possa ter contrações musculares de um período maior, deve-se ter uma sequência de MUAPs. Essa sequência denominada MUAPT (*Motor Unit Action Potential Train*) (ALMEIDA, 1997).

2.2 Eletromiografia

MUAPs formam um campo eletromagnético em suas proximidades. Um eletrodo, próximo ao músculo em estudo, é capaz de detectar o resultado da soma desses campos eletromagnéticos denominado de sinal mioelétrico (SME) (ORTOLAN, 2002).

Contrações musculares que requerem grande força são realizadas por grupos musculares. Portanto, o sinal eletromiográfico, quando captado com eletrodos de superfície, pode conter sinais de vários músculos (ORTOLAN, 2002).

A amplitude do SME captado através de eletrodos de superfície está na faixa de 5 μ V a 5mV (tensão elétrica pico a pico) (ALMEIDA, 1997) e a sua frequência varia na faixa de 0 a 500 Hz, sendo que a maior parte da energia se concentra entre 50 e 150 Hz (DELSYS INC, 1996). Esses valores variam de acordo com o tipo de músculo analisado, o nível de contração muscular e a posição dos eletrodos (ORTOLAN, 2002).

Para mais detalhes sobre o SME da base de dados utilizada nesse trabalho, consultar o trabalho de (LOPES, 2014).

2.2.1 Trabalhos Realizados com EMG

Os trabalhos a seguir usam eletromiografia e buscam formas de caracterizar os sinais encontrados.

No trabalho de (ORTOLAN, 2002) teve como objetivo avaliar técnicas de filtragem do sinal mioelétrico, para atenuar os principais ruídos que o corrompem e também analisar um método simples para reconhecimento dos padrões do sinal mioelétrico, tendo em vista as aplicações em sistemas de reabilitação. Os resultados obtidos mostram que *wavelet* (ferramenta de decomposição do sinal) é uma poderosa ferramenta de análise de sinal, mas que encontram problemas no momento de reconstruí-lo .

No trabalho de (FAVIEIRO, 2009) foi usado três canais de aquisição no braço dos voluntários. E a caracterização dos sinais do EMG foi feita através de uma rede neural, Obtiveram-se 60% de taxa de acerto para a versão offline e 88% para a online. Além disso o trabalho realimenta uma prótese robótica de acordo com a classificação da rede Neural.

No trabalho de (BERMUDEZ, 2013), apresenta um sistema para o processamento do sinal mioelétrico baseado em Redes Neurais e Wavelets. A Transformada Wavelets foi utilizada na etapa de segmentação do sinal e a rede neural artificial na caracterização do

movimento executado. Foi verificado que o movimento contração da mão e elevação do braço apresentou uma taxa de acerto média de 75%; o movimento flexão do antebraço obteve 81% de acerto médio; a contração da mão obteve 33% de acerto médio, o movimento contração da mão 76% de acerto médio; o movimento de flexão do punho 100 % de acerto médio, rotação e flexão do antebraço 66% de acerto médio, extensão e flexão do punho um 16% de acerto médio, extensão do punho 83,3% de acerto

No trabalho de (NILSON, 2014) tem a finalidade de desenvolver um sistema que utiliza Eletromiografia de Superfície e Máquina de Vetores de Suporte para a caracterização de determinados movimentos de um braço humano. Os sinais mioelétricos são obtidos nos músculos do braço de voluntários através de eletrodos de superfície ligados a um eletromiógrafo. Os sinais são então processados e suas características são extraídas. As características extraídas foram RMS, média, variância, desvio padrão, skewness e kurtosis. Essas características servem de entrada para a Máquina de Vetores de Suporte, que apresenta, como saída, o reconhecimento, ou não, do movimento previamente executado pelo voluntário. No trabalho observou-se que aumentando o número de canais elevou-se a taxa de acerto dos movimentos e, com a retirada de determinada característica, houve decréscimo na taxa de acerto do sistema. Nestes casos, os 9 movimentos distintos atingiram uma taxa de acerto média de 83,2%, para dois canais, e 91,3%, para oito canais, e, em ambos sistemas de canais, com as seis características.

Na dissertação de metrado de (FAVIEIRO, 2012) foi desenvolvido um sistema que utiliza sinais musculares e redes neuro-fuzzy para a caracterização de determinados movimentos de um braço humano. Afim de caracterizar movimentos mais complexos foi desenvolvido um sistema experimental que adquire o sinal mioelétrico com eletrodos de superfície posicionados em lugares estratégicos do braço. A distinção de movimentos simples de movimentos complexos foi feita com o uso de uma rede neuro-fuzzy. Os movimentos executados foram caracterizados em 12 movimentos distintos, previamente definidos, com uma taxa de acerto médio de 65%.

2.3 Algoritmos Genéticos

Algoritmos genéticos são inspirados no princípio Darwiniano da evolução das espécies e na genética (GOLDBERG, 1989). São algoritmos probabilísticos que fornecem um mecanismo de busca paralela e adaptativa baseado no princípio de sobrevivência dos mais aptos e na reprodução (PACHECO, 1999). Indivíduos que são melhor adaptados tendem a passar seus genes (uma característica do cromossomo), para a próxima geração. Os Algoritmos Genéticos foram criados por (HOLLAND, 1975) e são capazes de achar a solução ótima global para um problema de otimização em complexos espaços de busca multidimensionais.

2.3.1 Representação

A estrutura do cromossomo é a representação das possíveis soluções de um problema. As principais representações são binária, números reais, permutação de símbolos e símbolos repetidos (PACHECO, 1999). Dessa forma, o AG se mostra uma ferramenta versátil capaz de ser aplicada em diversos problemas.

O cromossomo pode ter diferentes formas para diferentes aplicações, uma vez que ele pode ser criado para resolver equações numéricas, onde cada gene é uma variável, ou como usado nesse trabalho, onde cada gene é responsável pela estrutura da rede neural e as configurações dos dados de entrada.

2.3.2 Decodificação

O processo de decodificação é a construção da solução real a partir do cromossomo. Precisa-se construir essa solução, para que o cromossomo seja avaliado para o problema. Em um primeiro momento os cromossomos são criados aleatoriamente, sempre respeitando um determinado padrão de criação, que muda de aplicação para aplicação. Esses padrões podem ser símbolos sem repetição, ou exigir que alguma combinação de números nunca aconteça, tudo isso afim de permitir que o indivíduo de fato exista como solução (PACHECO, 1999). A Figura 2 mostra um exemplo de três cromossomos com quatro genes cada um. Os cromossomos são os vetores 'A', 'B' e 'C'. Já os genes são os números dentro dos vetores, cada gene representa uma característica de um cromossomo. Esses valores, por exemplo, poderiam ser o x_0 , x_1 , x_2 e x_3 de uma equação.

Figura 2 – Três cromossomos.



2.3.3 Avaliação

A avaliação é feita através de uma função que fornece a medida de aptidão de cada indivíduo ao resolver o problema. Essas funções são específicas para cada problema, como no exemplo do resultado de uma equação matemática ao se aplicar um determinado cromossomo (PACHECO, 1999). Em geral se busca sempre minimizar o resultado, isso é, indivíduos mais aptos são os que apresentam um *fitness* mais baixa. A Figura 3 exemplifica a saída de uma função 'F' de avaliação que ao receber os cromossomos 'A', 'B' e 'C' gera uma saída numérica representando o *fitness* de cada um dos cromossomos.

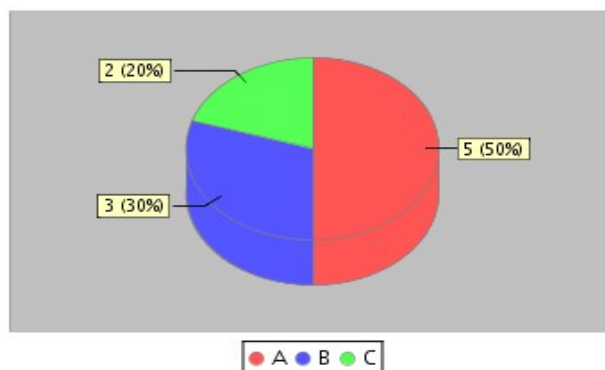
Figura 3 – Avaliação.

$$0.2 = F(A) \qquad 0.33 = F(B) \qquad 0.5 = F(C)$$

2.3.4 Seleção

A seleção é baseada na aptidão dos indivíduos. Os mais fortes têm maior chance de serem escolhidos na reprodução. Normalmente, essa seleção é implementada por uma roleta onde cada indivíduo é representado por uma fatia proporcional a sua aptidão relativa (PACHECO, 1999). Seguindo a demonstração com exemplos: Sabendo-se que um indivíduo com *fitness* próximo a zero é um indivíduo melhor adaptado, é possível usar o inverso da saída da função de avaliação para distribuir as fatias da roleta, como mostrado na Figura 4. Onde o indivíduo 'A' tem maiores chances de reproduzir.

Figura 4 – Roleta.

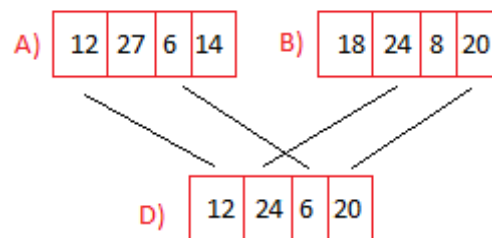


2.3.5 Crossover e Mutação

É através do crossover e da mutação (operadores genéticos) que a população, grupo de indivíduos evolui.

O *crossover* é basicamente a troca de material genético entre dois indivíduos, gerando assim os filhos (PACHECO, 1999). Por exemplo, caso os indivíduos 'A' e 'B' do exemplo anterior gerassem uma prole, ela poderia ter as características mostradas na Figura 5. Uma vez que os filhos são gerados por pais com boa aptidão, existe uma tendência que os filhos possuem *fitness* melhor do que se fossem gerados aleatoriamente.

Figura 5 – Crossover.



A mutação é uma mudança aleatória em um indivíduo e é muito útil quando uma população fica sem um determinado gene. Isso porque, independentemente de quantas vezes um *crossover* é realizado, o gene não irá aparecer se a população, em questão, não o possuir. A mutação em geral é mantida a uma taxa abaixo de 1% (PACHECO, 1999).

No exemplo, o indivíduo 'D' poderia sofrer uma mutação, alterando um dos seus genes e assim ficando diferente do que seus pais poderiam ter criado no *crossover*.

Segue um exemplo de algoritmo genético (adaptado de LUGER, 2008) :

começa

configura tempo $t := 0$;

inicializa a população $P(t)$;

enquanto não encontrar condição de fim faça

 começo

 avalia aptidão de cada membro da população $P(t)$;

 seleciona membros da população $P(t)$ baseada na aptidão;

 produz prole desses pares usando operadores genéticos;

 substitua, baseada em aptidão, candidatos de $P(t)$, com sua prole;

 tempo = tempo + 1;

 fim

fim.

O algoritmo acima inicializa o tempo 't', pois ele marca a época, uma época se passa quando um ciclo inteiro de reprodução se completa. A população, grupo de cromossomos, é inicializada no tempo 0, ou seja, primeira população. Enquanto não é encontrada uma situação predefinida de fim, como por exemplo, um tempo limite ou um determinado resultado, o algoritmo continua a evoluir. Os melhores indivíduos de cada população são testados e usados para produzir a prole. Os indivíduos da nova prole, junto com os indivíduos da população atual são avaliados, e apenas os melhores continuam na próxima população.

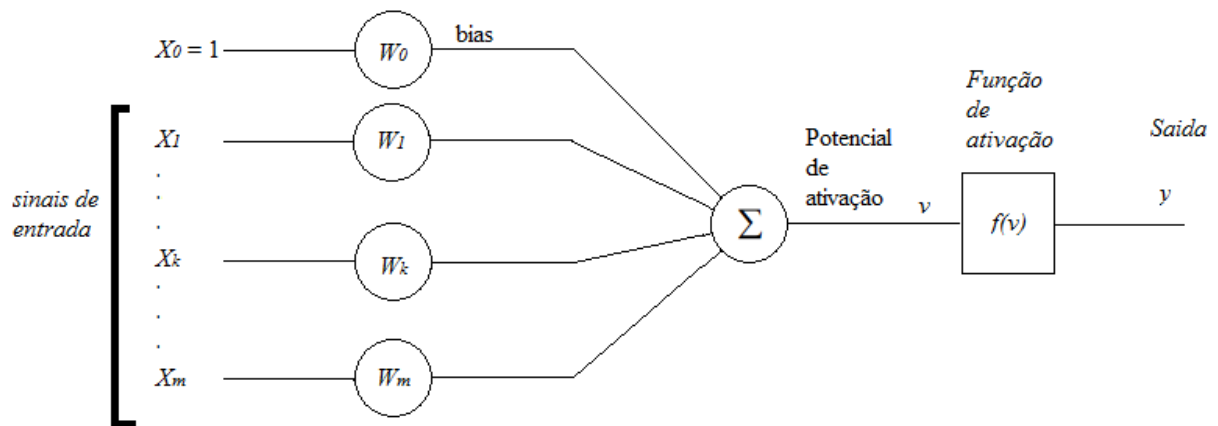
2.4 Redes Neurais

As redes neurais artificiais, RNA , buscam a solução dos problemas através do aprendizado, para tanto as redes neurais ajustam seus parâmetros a partir de um conjunto de treinamento. O conhecimento está incorporado numa rede de processadores simples, neurônios artificiais, interligados por elos que possuem parâmetros ajustáveis, os pesos sinápticos, que controlam a intensidade das conexões (HAYKIN, 2001).

2.4.1 Neurônio Artificial

O elemento básico que forma uma rede neural artificial é o neurônio (representado na Figura 6) baseado no funcionamento de um neurônio natural.

Figura 6 – Neurônio Artificial.



Fonte: adaptado de Haykin (2001)

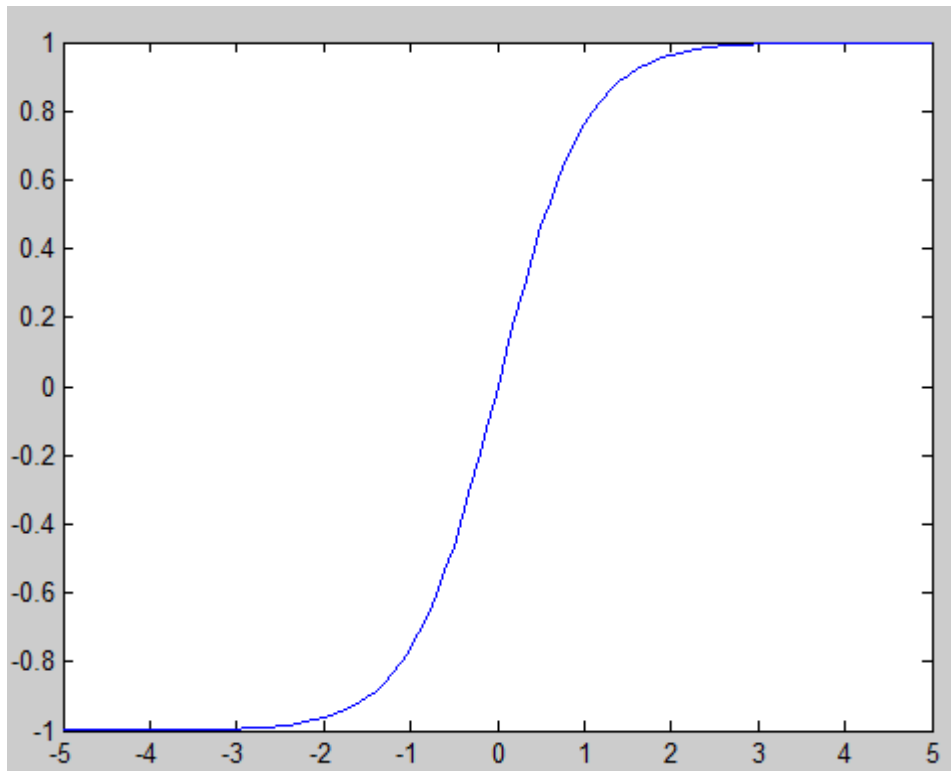
O modelo se comporta da seguinte forma: Um vetor de entrada ' x ' é colocado na entrada do neurônio (posição ' x_0 ' sempre igual a '1'). Cada valor na entrada é multiplicado por um respectivo peso ' w ', e a soma total das entradas é conhecida como potencial de ativação e é representada na Equação (1), esse potencial é então passado por uma função de ativação, gerando uma saída ' y ' Equação (2). Uma das funções de ativação utilizada é a tangente hiperbólica, essa função é do tipo sigmóide, essa função pode ser visualizada na Figura 7 e foi gerada pela Equação (3). Nas Equações, ' v ' é o potencial de ativação, ' w ' é o peso de cada entrada e ' x ' é o valor de entrada e ' e ' é o número de Euler (HAYKIN, 2001).

$$v = \sum_{k=0}^m x_k * w_k \quad (1)$$

$$y = f(v) \quad (2)$$

$$f(v) = \frac{1}{1 + e^{(-v)}} \quad (3)$$

Figura 7 – Sigmóide.



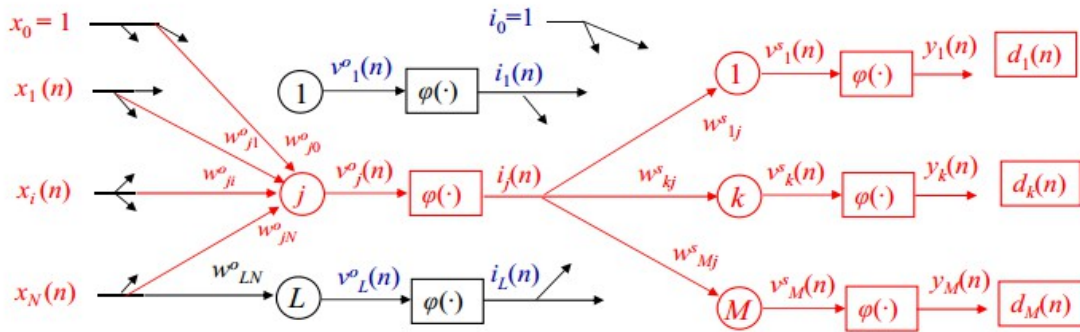
2.4.2 Arquitetura de Redes Neurais

Um neurônio apenas tem soluções limitadas, para se conseguir respostas de problemas mais complexos pode-se agrupá-los através de determinadas arquiteturas.

O tipo de problema que se procura resolver vai determinar o tipo de estrutura da rede escolhida. Os problemas com dinâmica finita são aqueles que a duração da resposta do sistema, após uma entrada, dura um tempo finito. Estes problemas podem ser resolvidos por rede direta (*feedforward*) com neurônios dinâmicos (BARRETO, 2002). Redes recorrentes, por sua vez, são mais apropriadas para resolver problemas que envolvam processamento temporal (HAYKIN, 2001).

A rede escolhida para esse trabalho será a *feedforward*, uma vez que o trabalho tem uma dinâmica finita. A rede *feedforward* se caracteriza pela disposição dos neurônios em camadas, sendo elas uma camada de entrada, camadas ocultas e uma camada de saída. As camadas ocultas são necessárias, pois sem elas a rede apenas resolveria problemas linearmente separáveis. A estrutura de uma rede *feedforward* é representada na Figura 8 onde todos os neurônios da camada anterior se conectam a todos os neurônios da próxima camada.

Figura 8 – Arquitetura feedforward.



Fonte: adaptado de Haykin (2001)

2.4.3 Treinamento

Redes neurais podem ser do tipo *supervised learning*, nessa arquitetura a rede recebe um vetor de entrada, gerando a *saída*. A saída obtida é então comparada com a saída desejada. O treino é considerado supervisionado pois temos a saída da rede neural e saída desejada como resultado. Para esse tipo de proposta, um método comum de treinamento é o *backward propagation of errors*, mais conhecido como *backpropagation*, que consiste em arrumar os pesos da saída para a entrada (HAYKIN, 2001).

Segue agora um exemplo do *backpropagation* pela regra delta de aprendizado. Esse aprendizado é composto de duas fases. A primeira fase é a propagação, onde se coloca os valores na entrada, esses valores então se propagam para a saída, onde ela será comparada com um valor desejado. Cada neurônio tem um erro determinado pela Equação (4).

Na segunda ocorre o ajuste dos pesos na rede. As diferenças entre os valores de saída da rede e os valores desejados causam parcelas individuais de erro para cada neurônio, que são usadas para corrigir os pesos. A variação dos pesos é dada pela Equação (5), onde $E(n)$ é a soma instantânea do quadrados dos erros Equação (6) (HAYKIN, 2001).

$$e_k(n) = d_k - y_k \quad (4)$$

$$\Delta w(n) = -\mu \nabla E(n) \quad (5)$$

$$E(n) = 1/2 \sum_{k=1}^M e_k(n) \quad (6)$$

Onde na Equação (4): ' d_k ' é a saída desejada no neurônio ' k '; ' y_k ' é a saída propagada no neurônio ' k '; ' e_k ' é o erro no neurônio ' k '. Na Equação (5) ' w ' é o vetor de pesos e ' μ ' é um coeficiente de aprendizado, pode-se notar que o ' w ' varia na direção contrária ao gradiente do erro. Na Equação (6) ' $E(n)$ ' é a função custo a ser minimizada, conhecida como erro quadrático instantâneo (HAYKIN, 2001). O *backpropagation* é resumido a seguir, os passos de B até G, executados para todo o padrão de treinamento, significam uma época:

- A. Inicializa os pesos com valores aleatórios não nulos;
- B. Apresenta uma entrada $x(n)$ e propaga a saída da rede;
- C. Calcula os erros instantâneos na saída da rede, $e_k(n)$;
- D. Calcular os gradientes locais dos neurônios da camada de saída, Equação (7);

$$\sigma_k(n) = (e_k(n)) \cdot (1 - y_k(n))^2 \quad (7)$$

E. Ajustar os pesos da camada de saída pela Equação (8), Onde: ' w_{kj} ' é o peso que conecta os neurônios ' k ' e ' j '; ' i_j ' é a entrada vinda do neurônio ' j ';

$$w_{kj}(n+1) = w_{kj}(n) + \mu \sigma_k \cdot i_j(n) \quad (8)$$

F. Calcular os gradientes locais dos neurônios da camada oculta, Equação (9) . Notar como a Equação (9) utiliza os gradientes locais da camada da frente para calcular seu próprio gradiente. Por isso a computação do resultado é de trás para frente.

$$\sigma_j(n) = \left(\sum_{k=1}^M \sigma_k(n) w_{kj}(n) \right) \cdot (1 - i_k(n))^2 \quad (9)$$

G. Ajustar os pesos da camada oculta pela Equação (10):

$$w_{ji}(n+1) = w_{ji}(n) + \mu \sigma_j \cdot x_i(n) \quad (10)$$

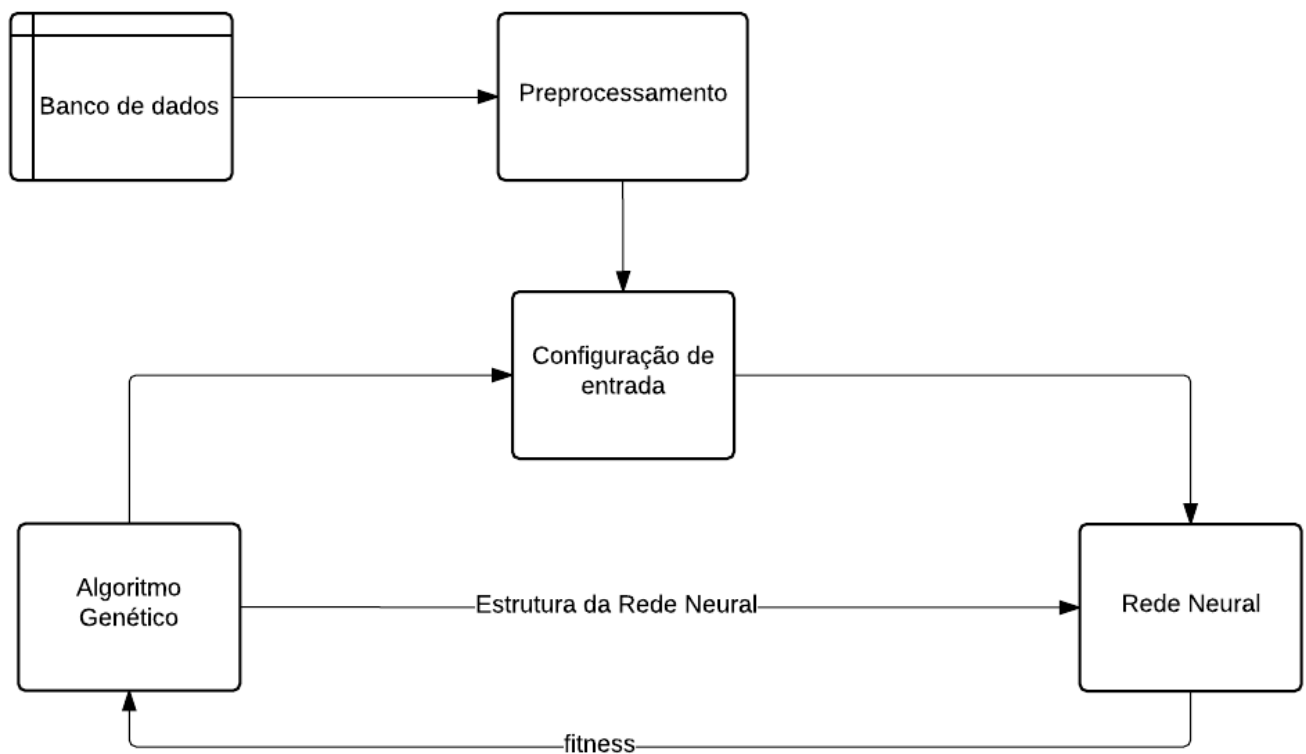
- H. Repetir os passos de 'B' a 'G' para todos os padrões de treinamento (1 época);
- I. Calcular o erro médio quadrado (EMQ) para o arquivo de treinamento;
- J. Se o EMQ for maior que o valor desejado, repetir o passo 'H'.

3 METODOLOGIA EXPERIMENTAL

O modelo experimental busca a melhor forma de classificar os movimentos do segmento mão braço, a partir dos sinais mioelétricos, para isso foi feito o uso do banco de dados de (LOPES, 2014), algoritmo genético e redes neurais.

A Figura 9 exemplifica o comportamento geral do programa, nele os sinais mioelétricos proveniente do banco de dados recebem o pré-processamento que inclui a segmentação e extração de características, RMS e variância. O AG possui duas funções, a primeira consiste em definir qual a estrutura da rede neural será usada. A segunda função é determinar quais características extraídas do sinal mioelétrico servirão de entrada para a RN, essas duas funções estão descritas no cromossomo de cada indivíduo. A rede neural por sua vez, ao receber os dados de entrada e as configurações de sua estrutura, realiza o treinamento e o teste, afim de avaliar se o sistema tem um bom desempenho. O resultado obtido da RN servem de *fitness* para o AG, que vai executar o processo de evolução para buscar uma melhor configuração. Esse procedimento, se repetira até que um determinado número de épocas, ciclos de evolução do AG, seja alcançado.

Figura 9 – Comportamento geral do sistema.



Na seção 3.1 é descrito o banco de dados disponibilizados por (LOPES, 2014), assim como os movimentos que foram usados e os músculos que forneceram o SME.

Na seção 3.2 é descrita a metodologia para pré-processamento, extração de características do SME, e armazenamento dos dados.

A estrutura e funcionamento do AG é explicado na seção 3.3 e o funcionamento da RN na seção 3.4.

Por fim, na seção 3.5, é mostrado o procedimento da verificação da qualidade do resultado obtido.

3.1 Base de Dados Utilizada

A base de dados de (LOPES, 2014) possui os SME proveniente de sete canais de aquisição, os canais são numerados de zero a sete e o quinto canal não é usado. A base de dados é composta de dois tipos de arquivos.

O primeiro arquivo, *RMS_relaxed_MVC*, guarda o RMS durante o relaxamento e MVC (contração voluntária máxima) dos canais utilizados em um determinado ensaio. A Tabela 1 exemplifica o primeiro tipo de arquivo, nela é possível notar que o RMS durante a MVC é sempre maior do que durante o relaxamento.

Tabela 1 – RMS durante relaxamento e MVC.

	MVC	Relaxamento
Canal 0	0.16092	0.02960
Canal 1	0.2108	0.01677
Canal 2	0.33809	0.05576
Canal 3	0.26167	0.04761
Canal 4	0.26454	0.01259
Canal 5	0	0
Canal 6	0.20732	0.01736
Canal 7	0.43007	0.10874

O segundo tipo de arquivo guarda o SME durante a execução de uma série. A disposição dos dados é demonstrada com o exemplo da Tabela 2, onde na primeira coluna é salvo o tempo em que os sinais foram gravados, e nas próximas colunas são salvos os valores dos SME de cada canal adquirido no tempo determinado pela coluna um.

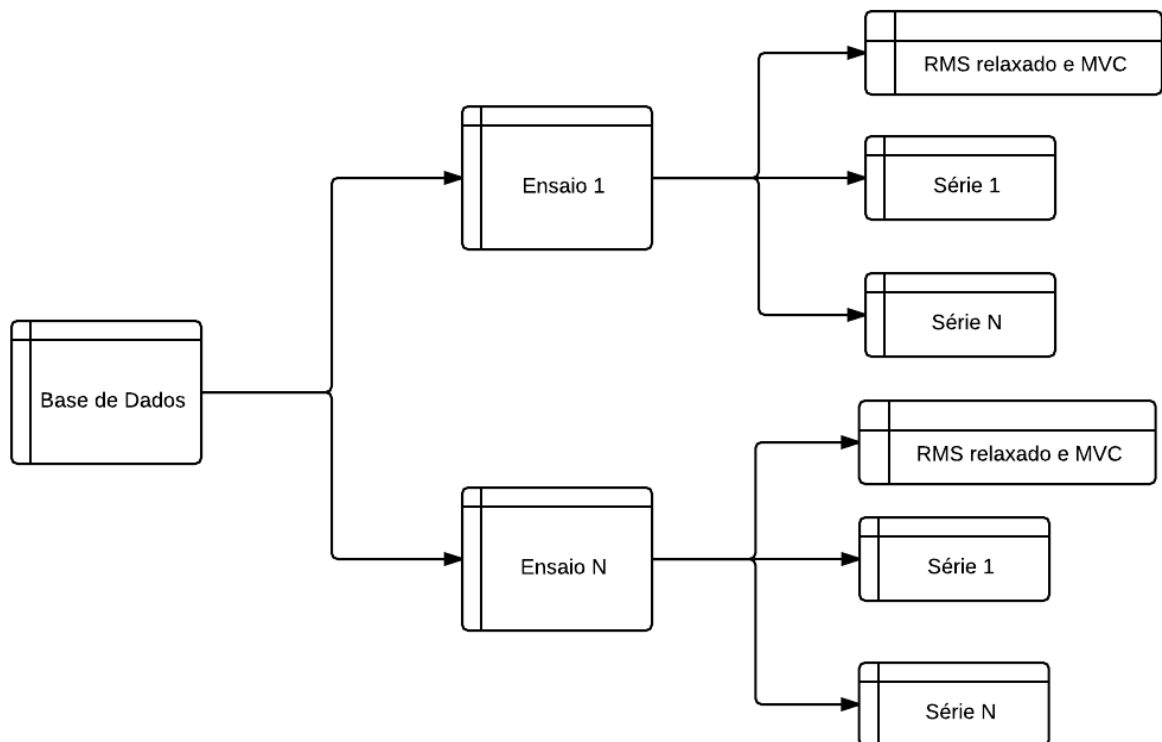
Tabela 2 – SME de uma série de movimentos.

Tempo	Canal 0	Canal 1	...	Canal 7
0	-0.002259	-0.020999	...	-0.03633
0.001	0.002837	-0.013353	...	-0.033782
0.002	0.010482	-0.005706	...	-0.023586
...
240.279686	-0.017548	0.014685	...	-0.094954

3.1.1 Disposição dos Arquivos da Base de Dados

Os arquivos da base de dados encontram-se separados pelos ensaios, cada ensaio foi realizado por um voluntário e possui um arquivo com o RMS do relaxamento e MVC assim como diversos arquivos do SME das séries de movimentos. A Figura 10 mostra a forma de armazenamento dos arquivos.

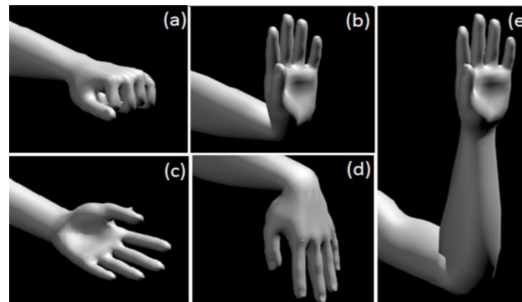
Figura 10 – Disposição dos Arquivos da Base de Dados.



3.1.2 Séries de Movimentos da Base de Dados

A base de dados de (LOPES, 2014) usou nove movimentos, sendo cinco movimentos simples, Figura 11, e mais quatro movimentos compostos.

Figura 11 – Cinco movimentos simples.



Fonte: Favieiro(2012)

Os movimento simples são:(a) contração da mão, (b) extensão do punho, (c) Rotação do antebraço, (d) flexão do punho, (e) flexão do antebraço. Os movimentos compostos são rotação do antebraço com flexão do antebraço, rotação do antebraço com contração da mão, extensão e flexão do punho, contração da mão e flexão do antebraço.

Os nove movimentos são executados em séries e cada série é constituída de dezoito movimentos, a sequência de cada série que é gravada na base de dados e esta expressa na Tabela 3.

Tabela 3 – Sequencia de Movimentos.

	Movimentos																	
Serie 1	5	8	3	6	8	3	1	4	1	9	6	7	5	2	4	7	2	9
Serie 2	2	8	7	3	5	3	5	9	4	2	6	9	7	1	1	4	6	8
Serie 3	9	3	1	5	5	1	3	2	9	6	7	4	4	6	8	2	8	7
Serie 4	4	2	5	7	5	7	3	4	3	1	1	9	8	9	2	6	8	6
Serie 5	1	9	7	5	9	2	6	8	3	5	7	3	4	2	1	4	8	6
Serie 6	9	8	3	2	3	5	2	9	7	1	8	7	4	5	6	4	6	1

Fonte: adaptado de Bermudez (2013)

A Tabela 4 serve de índice para o significado de cada número.

Tabela 4 – Movimento e número.

Movimento	Número
Contração da Mão	1
Extensão do Punho	2
Flexão do Antebraço	3
Flexão do Punho	4
Rotação do Antebraço	5
Rotação/Flexão do Antebraço	6
Rotação do Antebraço e Contração da Mão	7
Extensão e Flexão do Punho	8
Contração da Mão e Flexão do Antebraço	9

3.1.2 Canais Utilizados na Base de Dados

Os sete canais que a base de dados disponibiliza, são referentes ao SME dos músculos da Tabela 5.

Tabela 5 – Canal e músculo.

Canal	Músculo
0	Bíceps Braquial
1	Flexor Radial do Carpo
2	Flexor Ulnar do Carpo
3	Extensor dos Dedos
4	Pronador Redondo
6	Palmar Longo da Mão
7	Extensor Ulnar do Carpo

3.1.3 Taxa de Amostragem da Base de Dados

A base de dados tem uma taxa de amostragem de 1000 Hz, pois o SME fica abaixo de 500 Hz e segundo o *Teorema de Nyquist* a frequência de amostragem de um sinal analógico, para que possa posteriormente ser reconstituído com o mínimo de perda de informação, deve ser igual ou maior a duas vezes a maior frequência do espectro deste sinal.

3.2 Preprocessamento e Armazenamento de Dados

O preprocessamento e armazenamento de dados é feito em quatro etapas, o fluxo desse processo é demonstrado na Figura 12.

Na etapa um, toda a série passa pela retirada do componente DC. O SME sem a componente DC é segmentado através de MVC e também sofre Normalização. Os dados que receberam a Normalização passam pela segmentação MA. Isso termina a etapa um.

A etapa dois divide a série inteira, gerando dezoito movimentos, através de um arquivo de índices. Esse processo é feito pela segmentação em relação ao tempo de execução dos movimentos, seção 3.2.4. A etapa dois é aplicada para os dados segmentados, MVC e MA, assim como para os dados apenas Normalizados.

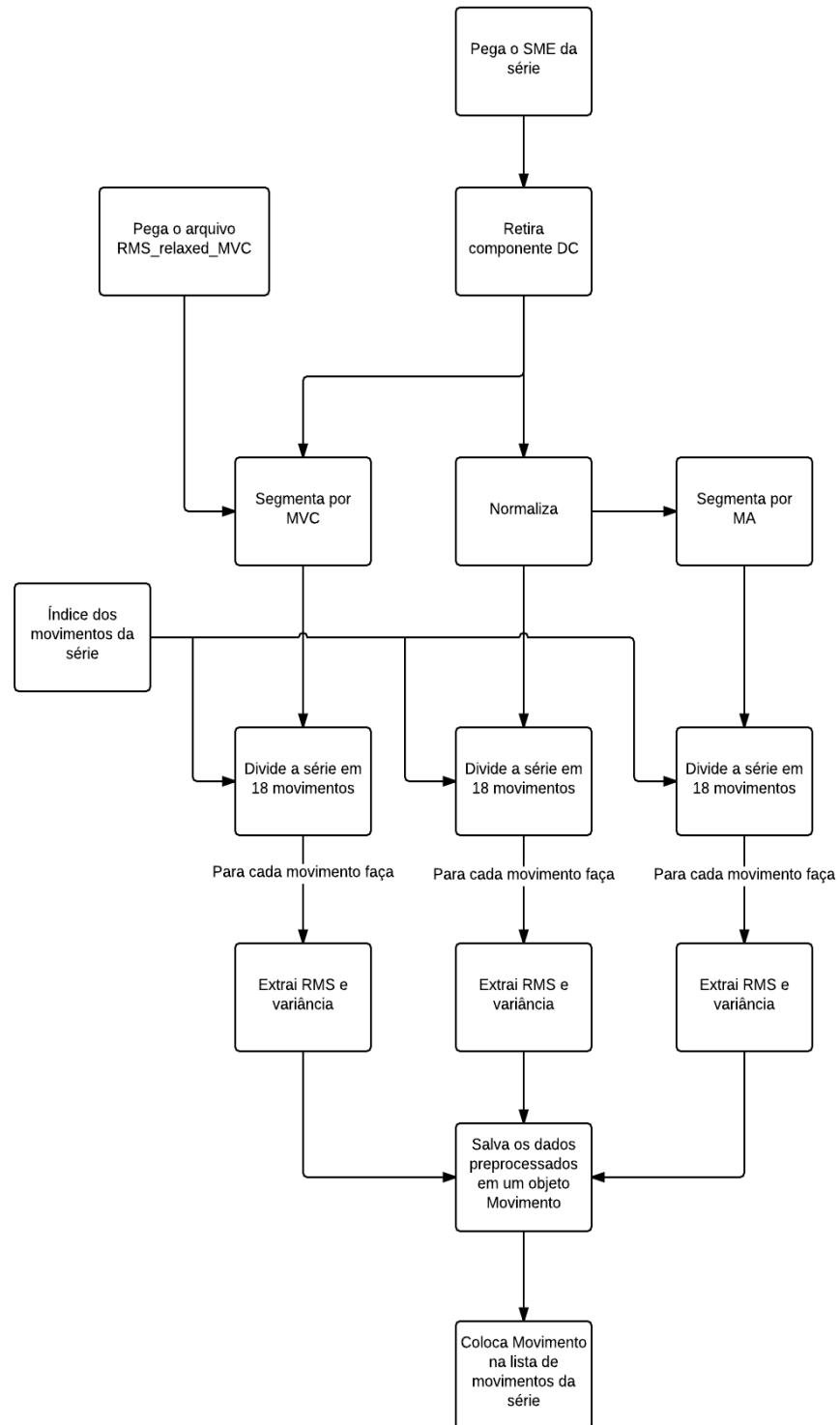
A etapa três extrai as características de variância e RMS para cada movimento da etapa dois. Os valores obtidos pelo uso da variância e RMS serão usados como entrada da RN. O RMS foi escolhido por ser amplamente usado na classificação do SME, exemplos de pesquisas que aplicam o valor RMS são os trabalhos de (BERMUDEZ, 2013) e (FAVIEIRO, 2009). Foi observado no trabalho de (NILSON, 2014) que o uso da variância ajuda a aumentar a taxa de acertos na classificação dos movimentos, portanto, a variância também foi escolhida como característica extraída.

Na última etapa os movimentos são salvos em um objeto chamado Movimento, onde eles são colocados em uma lista de movimentos da série.

Esses quatro passos são repetidos para cada SME das séries que compõe o ensaio. Todas as listas de movimentos, relativos às séries, formam uma lista de movimentos do ensaio. Caso existe mais de um ensaio, as listas de ensaios serão concatenadas.

Nas próximas seções são detalhados os passos que o fluxograma indica.

Figura 12 – Fluxograma do pré-processamento.



3.2.1 Remoção do Componente DC

O componente DC pode ser adicionado ao SME no momento da aquisição do sinal, portanto independente da técnica de pré-processamento utilizada, todas elas receberam o ajuste no *offset*, remoção do componente DC. A Equação (11) mostra a forma de aquisição do componente *DC*, onde EMG_{dc} é o SME de um canal, ainda como o componente *DC*. O EMG_{dc} está em função do tempo ' t ', que varia de zero até ' N '.

$$DC = \frac{\sum_{t=1}^N EMG_{dc}(t)}{N} \quad (11)$$

Na Equação (12), EMG significa o SME já sem a componente *DC*.

$$EMG = EMG_{dc} - DC \quad (12)$$

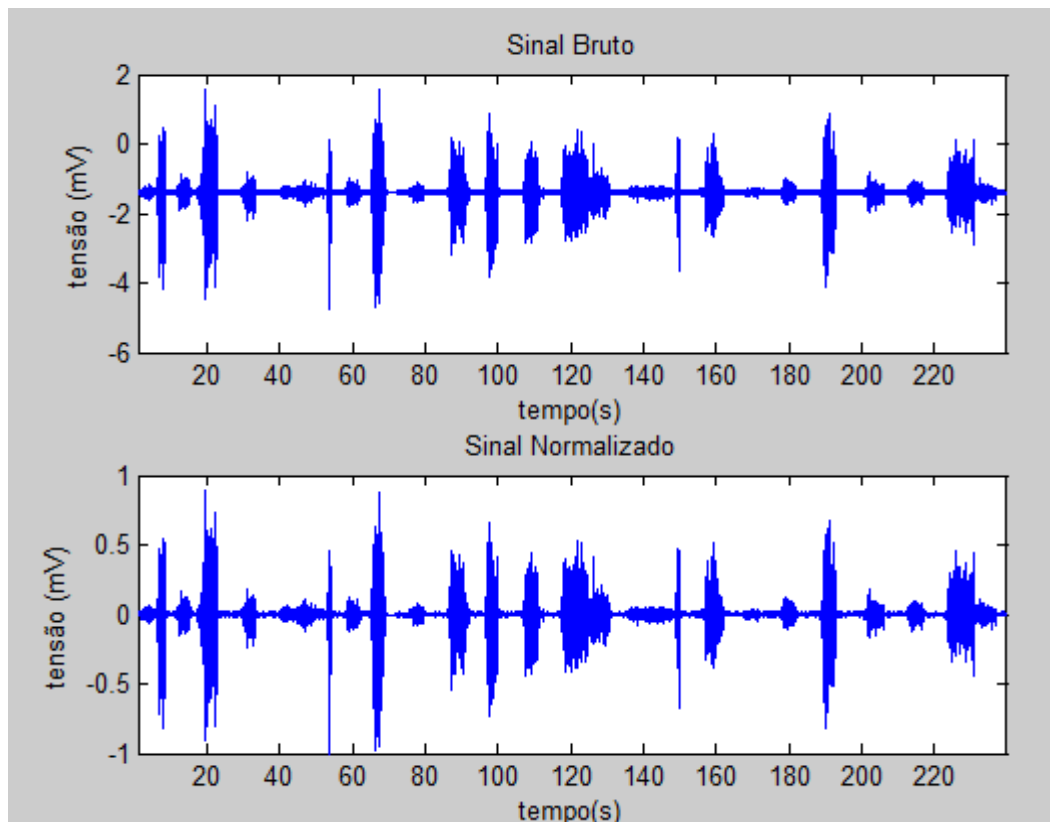
3.2.2 Normalização do Sinal

Estudos revelam que dados, submetidos a normalização antes do treinamento, apresentam melhores resultados finais (HSU, CHANG & LIN, 2004). Para tal, todos os pontos do sinal foram divididos pelo valor máximo absoluto desse sinal ($\max|EMG|$). Como representado na Equação (13):

$$EMG = \frac{EMG}{(\max|EMG|)} \quad (13)$$

A Figura 13 compara o sinal bruto, com os sinal normalizado do canal 1

Figura 13 – Sinal bruto e sinal normalizado.



3.2.3 Segmentação por MA e MVC

O sinal do EMG pode ser segmentado em regiões que apresentam valores mais altos de amplitude, pois esse sinal está relacionado com as MUAPs. A segmentação descarta regiões de baixa atividade muscular. Portanto segmentar é detectar quando um movimento começa e quando termina (NILSON, 2014). As segmentações das seções 3.2.3.1 e seção 3.2.3.2 indicam duas formas de se obter o limiar do movimento.

3.2.3.1 Segmentação Pelo Método da Média Absoluta

O procedimento de segmentação constitui em dividir o Sinal Mioelétrico em janelas de 200ms sempre buscando atividade do EMG . O tempo de segmentação foi determinado com base na duração de cada movimento e no repouso (NILSON, 2014), neste método foi usado como entrada o sinal já normalizado.

Sempre que na janela de tempo processada (200ms) ocorrer picos sobre um limiar

calculado, esses picos serão parte dos sinais dos movimentos a serem processados. Esse limiar (*threshold*) é calculado em função do valor máximo (*max*) e da média absoluta (*MA*) de todo o sinal de EMG. A *MA* é calculado segundo a Equação (14).

$$MA = \frac{\sum_{t=1}^N |EMG(t)|}{N} \quad (14)$$

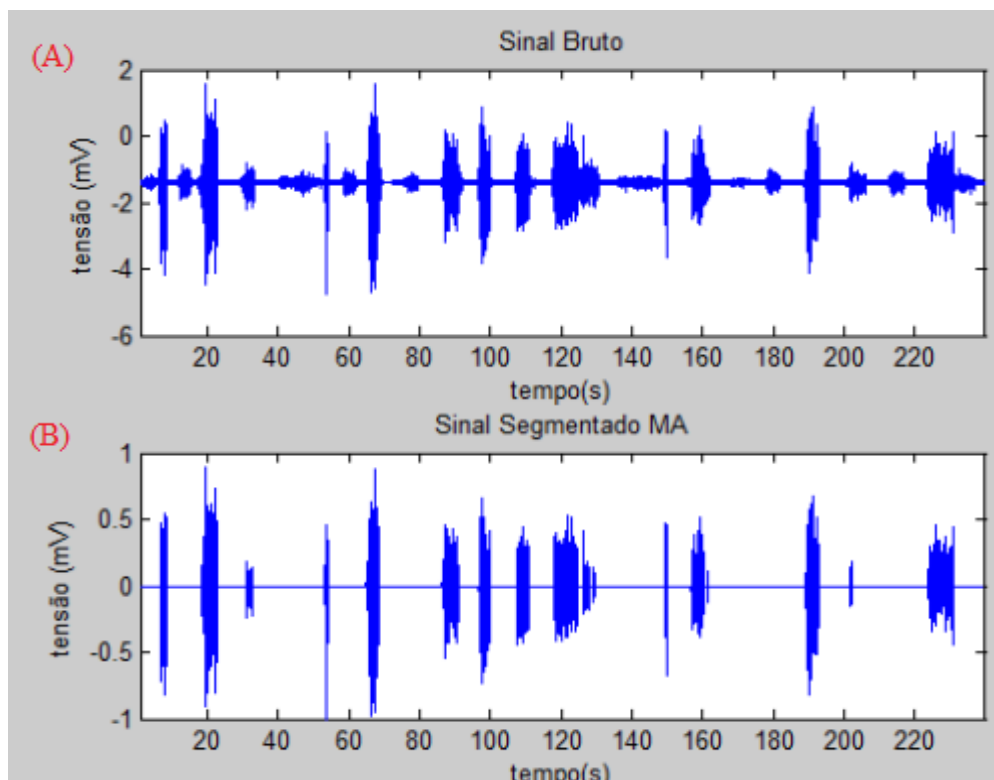
Caso o valor máximo (*max*) seja maior que do 30 vezes a *MA*, então o *threshold* (*Th*) é dado pela Equação (15), caso contrário (*Th*) é dado pela Equação (16). (CHRISTODOULOU; PATTICHIS, 1995) e (KAUR; ARORA; JAIN, 2009).

$$Th = 5 * MA \quad (15)$$

$$Th = \frac{\max(EMG(t))}{5} \quad (16)$$

A Figura 14 ilustra o sinal bruto e o sinal segmentado através do MA.

Figura 14 – Sinal bruto e sinal segmentado MA.



3.2.3.2 Segmentação Pelo Método da Contração Voluntária Máxima

Outra forma de segmentação abordada faz uso da *Maximum Voluntary Contraction* (MVC), obtida do trabalho de (LOPES,2014).

Os procedimentos adotados para a segmentação foram os seguintes:

a) O sinal do *EMG* sofreu uma retificação de onda completa, representada na Equação (17):

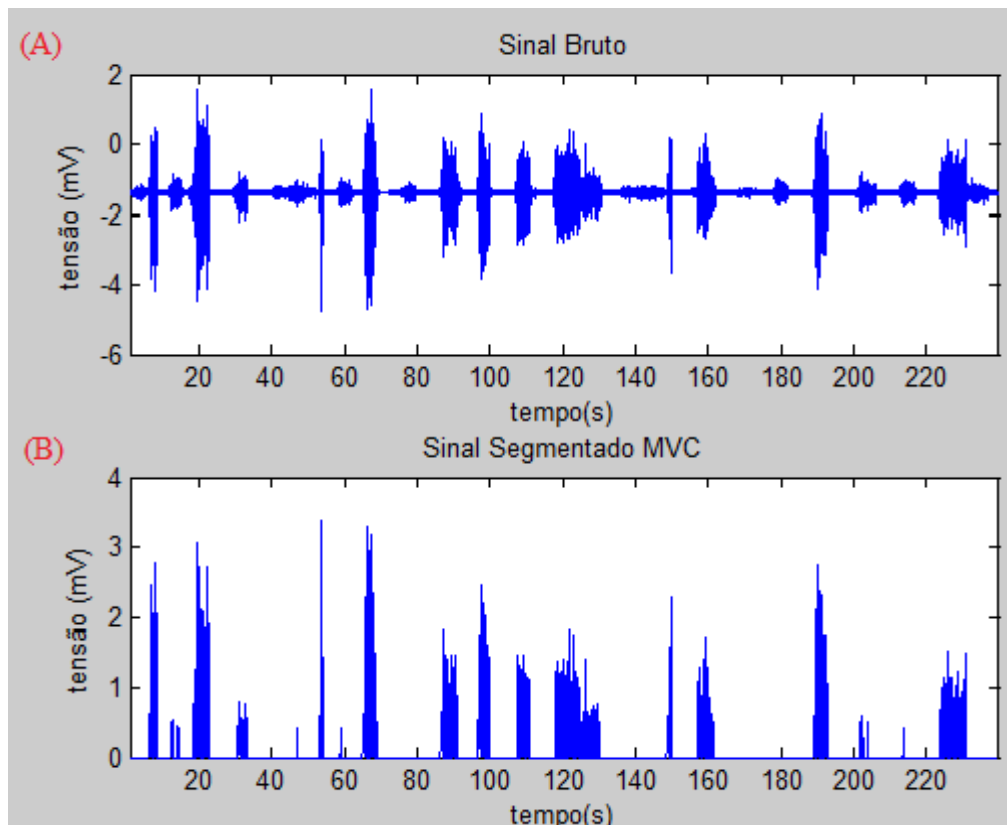
$$EMG_{ret} = |EMG| \quad (17)$$

b) Uma janela de 50ms é usada para analisar cada canal individualmente;

c) Uma porcentagem do MVC, de 15% a 30%, é usado como *threshold* (*Th*) individualmente em cada canal. Em cada uma das janelas é obtido o máximo valor, caso esse valor não ultrapasse o *Th* determinado para o canal, essa faixa recebe zeros (FAVIEIRO, 2009);

A Figura 15 mostra o sinal bruto na curva (A) e na curva (B) o sinal segmentado através do MVC.

Figura 15 – Sinal bruto e sinal segmentado MVC.



3.2.4 Segmentação em Relação ao Tempo de Execução dos Movimentos

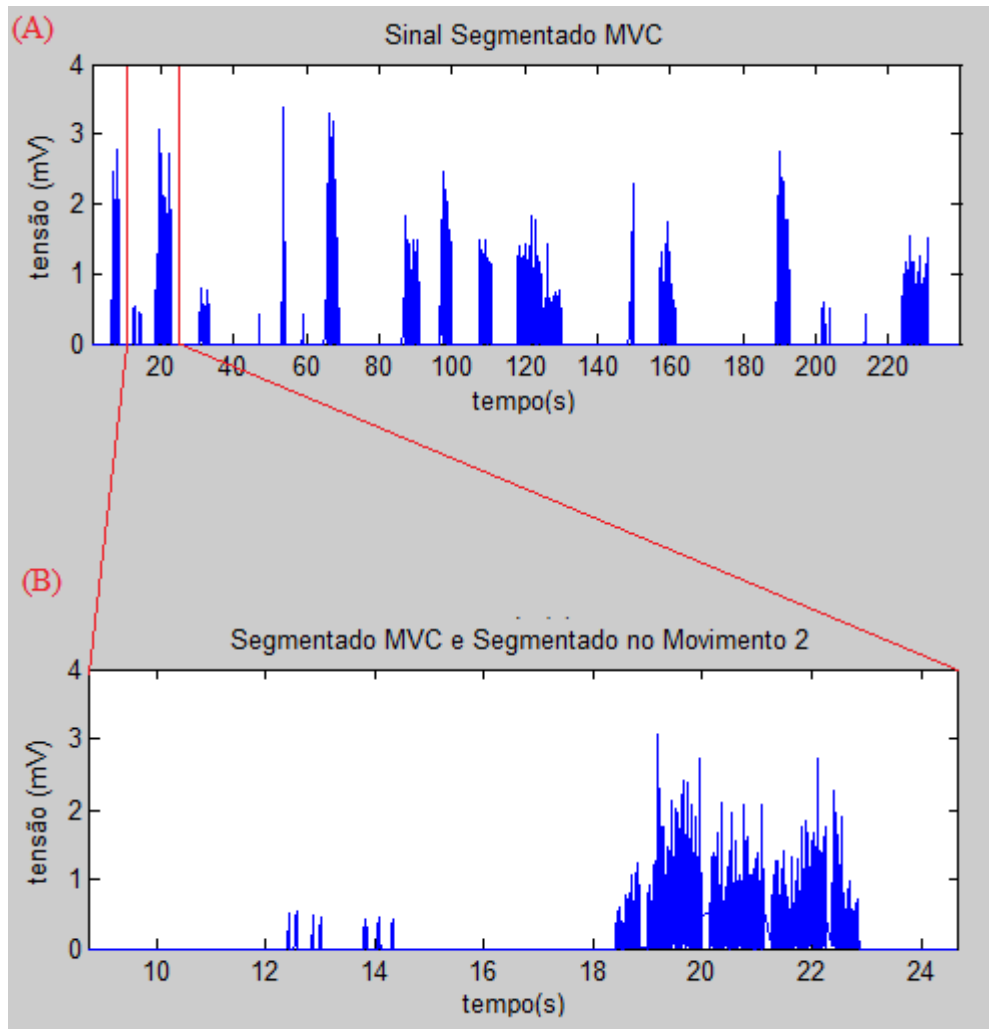
Foram usadas seis séries de movimentos, composta de dezoito movimentos cada, Tabela 3. O tempo de começo e fim da execução dos movimentos de cada série, foi observado e armazenado em seis arquivos, respectivos à cada série. Esses arquivos funcionam como índices, determinando quando um movimento começa e quando ele acaba. Esses índices foram usados para segmentar cada série em dezoito movimentos. Na Tabela 6 é ilustrado como exemplo, parte do arquivo índice da série um.

Tabela 6 – Arquivo Índice.

Sequência	Tipo	Começo(tempo(s))	Fim(tempo(s))
1	5	0	7
2	8	9	25
...
18	9	219	236

Na curva (A) da Figura 16 é mostrado o resultado da segmentação do SME por MVC. Quando (A) é segmentada em função do tempo de execução dos movimentos, o sinal selecionado toma a forma da curva (B). A curva (B) diz respeito ao segundo movimento da série da curva (A), extensão e flexão do punho.

Figura 16 – Sinal segmentado MVC e sinal segmentado em relação ao movimento.



3.2.5 Extração de Características: Variância e RMS

Para que os dados possam servir de entrada para as RN, eles precisam que suas características sejam extraídas. As características escolhidas foram a Variância e o RMS.

A variância indica o grau de dispersão, isso é, o quanto longe seus valores estão, de um valor esperado. A *Variância* é encontrada através da Equação (18), onde o símbolo ' X ' representa a média da amostra, e ' x_i ' representa o valor do sinal no índice ' i '.

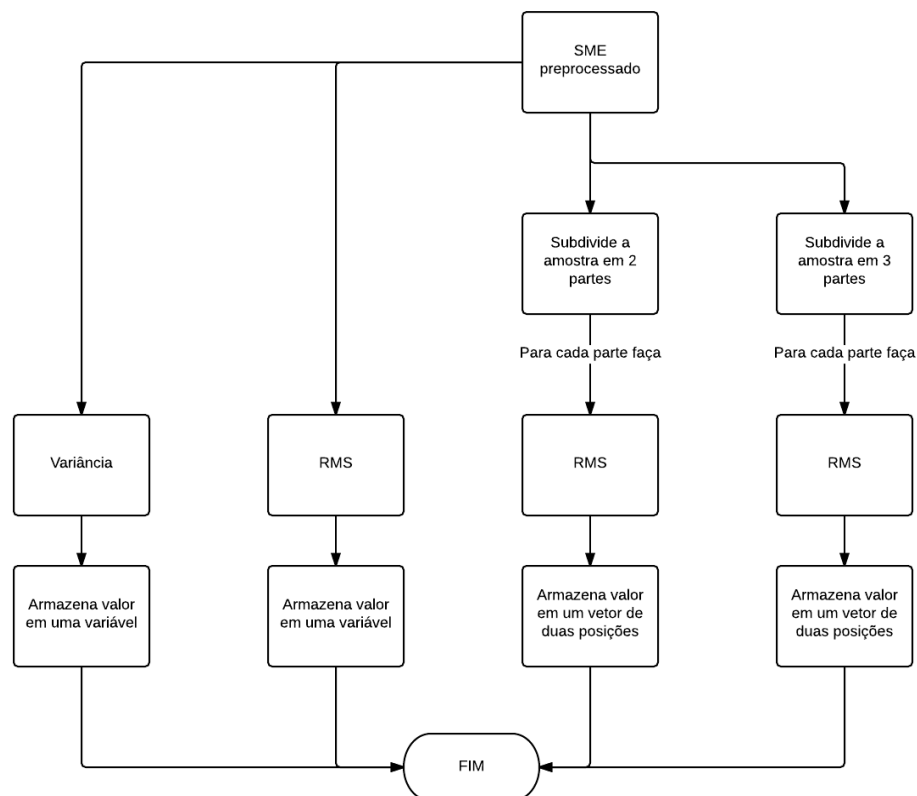
$$Variância = \frac{\sum_{i=1}^N (x_i - X)^2}{N - 1} \quad (18)$$

O valor RMS é uma medida de magnitude do sinal, ele é muitas vezes usado quando se tem sinais negativos e positivos. O valor RMS é encontrado pela Equação (19), onde ' x_i ' é um valor do sinal que vai de 1 até ' N '.

$$RMS = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^N x_i^2}{N}} \quad (19)$$

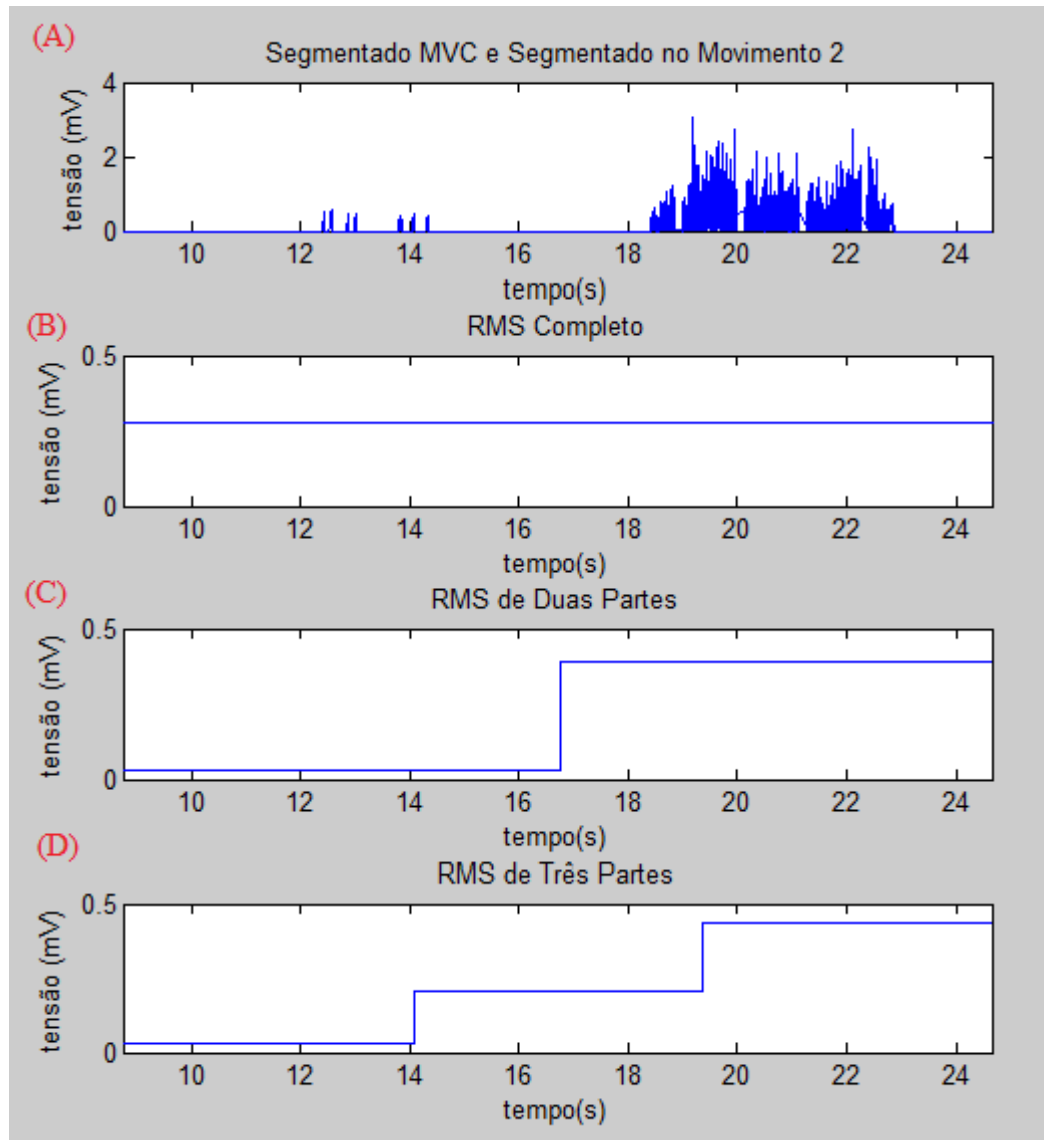
Devido ao fato que o conjunto de movimentos da base de dados envolve movimentos simples e compostos e, portanto, possui movimentos que excitam os mesmos músculos em diferentes tempos, foi criada uma subdivisão do RMS , em duas e três partes. Essa subdivisão atua sobre a amostra do sinal, dividindo-a em duas e três partes, o ' RMS ' é, então, calculado individualmente para cada uma dessas partes. O fluxograma da Figura 17, mostra como são armazenadas as características extraídas.

Figura 17 – Fluxograma da extração de característica.



A Figura 18 mostra quatro curvas do mesmo sinal. Na curva (A) o sinal foi apenas segmentado com MVC e segmentado em relação ao tempo da execução do movimento. A curva (B) foi criada ao se calcular o valor RMS do sinal da curva (A). As curvas (C) e (D) são respectivas aos valores RMS provenientes das subdivisões do sinal em duas e três partes. O objetivo da ilustração é mostrar a diferença de informação, quando cada estilo é usado.

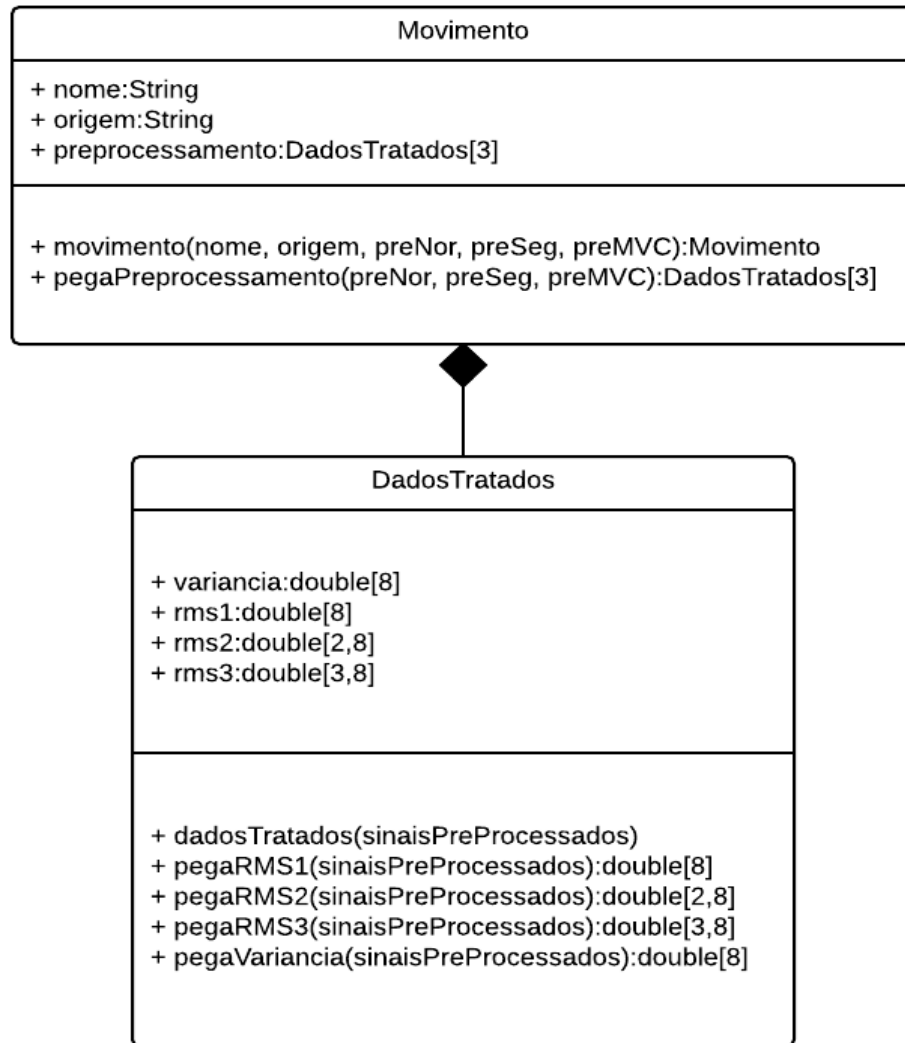
Figura 18 – Características extraídas.



3.2.6 Estrutura dos Movimentos

As características extraídas dos movimentos são armazenadas em uma classe chamada 'Movimento', essa classe é descrita na Figura 19.

Figura 19 – Classe Movimento.



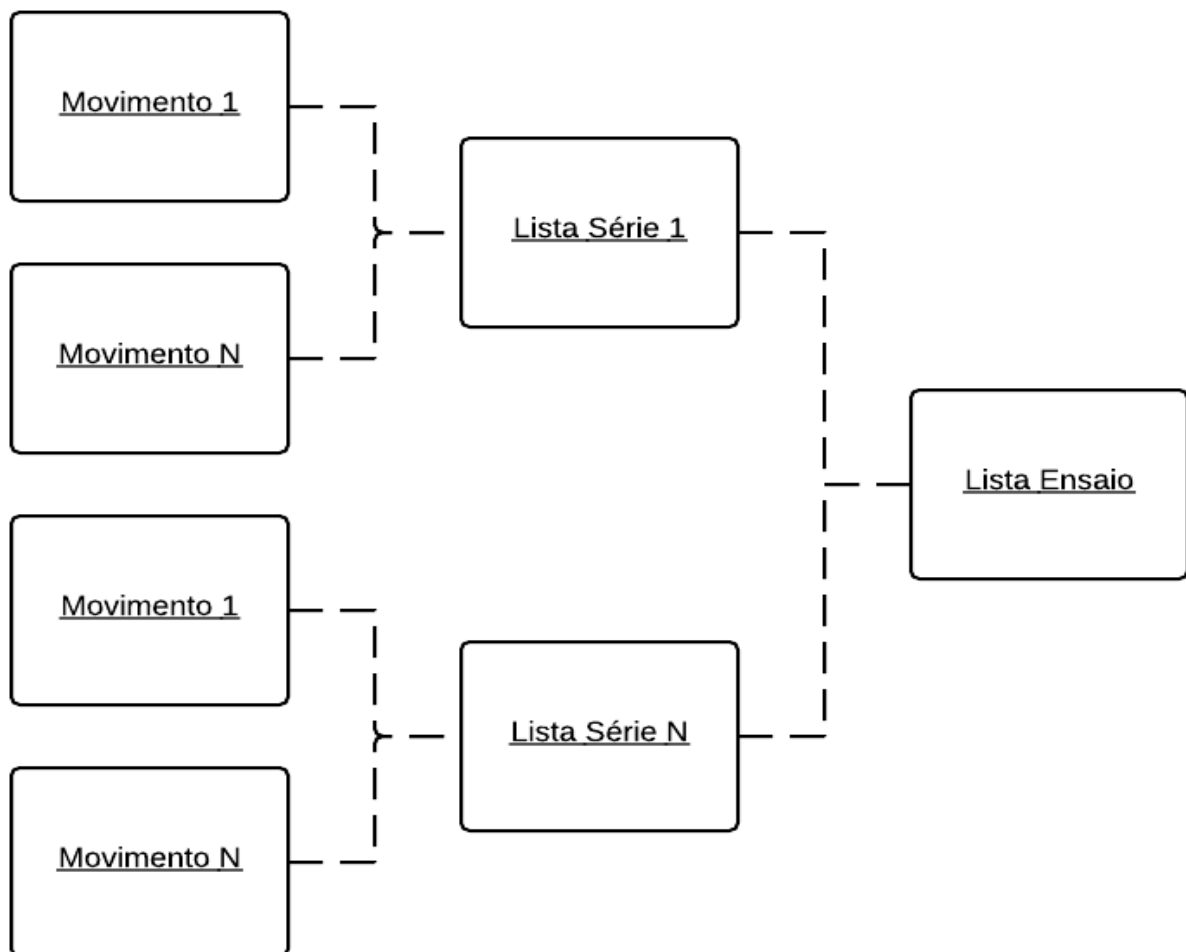
Na classe 'Movimento', o atributo 'nome' é responsável por armazenar o tipo de movimento executado, os tipos de movimento estão expressos na Tabela 4. Cada movimento foi criado a partir de uma série que pertencia a um ensaio, o atributo 'origem' guarda a procedência do movimento. Por fim, 'preprocessamento' é uma lista de três posições do tipo 'DadosTratados' e cada posição é responsável por um tipo de preprocessamento aplicado: Normalização, segmentação MA e segmentação MVC.

A classe DadosTratados serve para guardar as características extraídas de cada movimento. Como pode ser observado na Figura 19, todos seus atributos internos tem no mínimo oito posições, isso acontece porque DadosTratados armazena os valores de cada canal dos movimentos. A base de dados fornece sete canais, mas foi deixado uma posição extra caso o 'Canal 5' seja utilizado.

3.2.7 Lista dos Movimentos

Assim que cada movimento é criado, ele é colocado em uma lista, essa lista primeiramente é composta de todos os movimentos de um série. Para cada série em um ensaio é criada uma lista de movimentos. As listas provenientes das series são concatenadas afim de se formar uma lista de movimentos do ensaio. Caso seja desejado as listas de ensaios podem ser concatenadas criando uma lista com mais de um ensaio. A Figura 20 exemplifica as composições das listas.

Figura 20 – Composições das listas.



3.2.7.1 Divisão e embaralhamento da Lista

Uma vez que a lista de movimento está completa, ela deve ser dividida em duas listas, 'listaTreino' e 'listaTeste'. A lista treino é usada para o treinamento da RN e evolução do AG. Já a 'listaTeste' é usada para a avaliação da configuração encontrada. A divisão dos movimentos entre as listas ocorre de acordo com a porcentagem desejada.

A divisão foi feita de tal modo, que os tipos de movimentos, Tabela 4, ficam distribuídos o mais igualmente possível. Para se realizar essa tarefa, foram realizados os seguintes passos:

- A) A lista completa foi dividida em nove listas, uma para cada tipo movimento;
- B) Cada uma das nove listas teve seus movimentos internos embaralhados, para que não exista dependência na ordem em que os movimentos foram adicionados às listas;
- C) Cada uma das nove listas foi dividida em duas partes, a primeira parte de cada uma das nove listas é concatenada para formar a lista 'listaTreino' e a segunda parte de cada uma das nove listas é concatenada para formar a 'listaTeste';
- D) A 'listaTreino' e a 'listaTeste' são embaralhadas para que seus movimentos sejam independentes da ordem de inserção.

3.3 Algoritmo Genético da Metodologia Experimental

O Algoritmo Genético se baseia principalmente em dois atributos: o cromossomo e o *fitness*. O cromossomo do algoritmo genético nesse trabalho tem duas funções, a primeira é definir a estrutura da rede neural, e a segunda característica é definir como os dados preprocessados entrarão na rede neural. Essas funções estão descritas na estrutura do cromossomo. O *fitness*, sendo a média de aptidão de cada indivíduo é o atributo que direciona a evolução da população do AG, ao indicar quais indivíduos tem melhores características. O *fitness* é obtido como o resultado do treinamento e teste da rede neural.

3.3.1 Estrutura do Cromossomo

A estrutura do cromossomo é um vetor de 15 posições (Tabela 7).

A primeira posição indica qual das linhas de preprocessamento foi usada, 1 para Normalizado, 2 para Segmentação por MA e 3 para Segmentação por MVC. Essas linhas

estão descritas na Figura 12.

Uma rede *feedforward* de duas camadas pode potencialmente aprender qualquer relação entrada/saída e redes *feedforward* com mais camadas podem aprender relações complexas mais rapidamente. A segunda posição do gene diz respeito ao número de camadas ocultas utilizadas na rede neural, embora o cromossomo tenha estrutura para avaliar três camadas ocultas, foi escolhido que as possibilidades ficariam entre uma ou duas camadas.

O número de neurônios em cada camada oculta é dada por heurísticas relacionadas ao número de neurônios nas camadas de entrada e de saída. O número de neurônios na saída sempre será nove, um para cada tipo de movimento. O número máximo de neurônios na entrada é alcançado quando os sete canais estão ativos e usando o RMS dividido em três partes e a variância. Portanto o número máximo de entrada é dado por “ $7 * (3 + 1) = 28$ ”.

As heurísticas abordadas para o número de neurônios nas camadas ocultas são mostradas nos próximos itens (KARSOLIYA, 2012):

- Um número intermediário entre o número de neurônios na camada de entrada e o número de neurônios na camada de saída (BLUM, 1996), número entre 9 e 28;
- 2/3 do número de neurônios na entrada mais o número de neurônios na saída (BOGER, 1997), “ $(2 * 28 / 3) + 9 \approx 27$ ”;
- Um número menor que o dobro de neurônios na camada de entrada (por exemplo, $2n - 1$, onde n é o número de neurônios na entrada) (BERRY, 1997), “ $(28*2) - 1 = 55$ ”;

Através dessas heurísticas foi escolhido para as duas camadas ocultas, uma variação entre 10 e 55 neurônios. A configuração dos neurônios nas camadas ocultas, ficaram nas posições três e quatro, a quinta posição seria usada caso fosse feito o uso de uma terceira camada oculta.

As posições seis até treze, representam cada um dos canais de aquisição, sendo que eles podem ser ligados 1 ou desligados 0. Com exceção do canal cinco que está sempre em zero, pois não é usado.

A posição quatorze varia de 0 a 3 para especificar o RMS, onde zero significa o não uso dessa característica e 1 até 3 são os RMS onde 1 é o RMS completo 2 o RMS com a amostra dividida em duas partes e 3 o RMS com a amostra dividida em 3 partes .

Na última posição a variância pode ser usada, 1, ou desligada 0.

A Tabela 7 resume a estrutura do cromossomo.

Tabela 7 – Cromossomo.

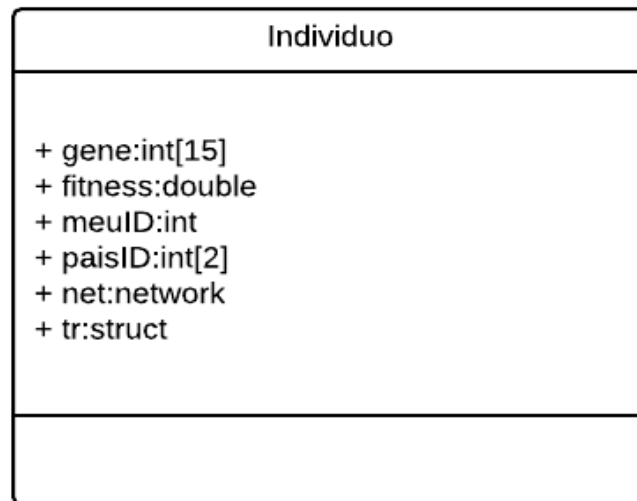
Índice	Função	Limite Inferior	Limite Superior
1	Preprocessamento	1	3
2	Número de Camadas	1	2
3	Número de Neurônios na Camada 1	10	55
4	Número de Neurônios na Camada 2	10	55
5	Número de Neurônios na Camada 3 (não usado)	10	55
6	Canal 0	0	1
7	Canal 1	0	1
8	Canal 2	0	1
9	Canal 3	0	1
10	Canal 4	0	1
11	Canal 5 (não usado)	0	0
12	Canal 6	0	1
13	Canal 7	0	1
14	RMS	0	3
15	Variância	0	1

3.3.2 Estrutura do Indivíduo

Para representar cada componente da população do algoritmo genético, foi criada a classe *Individuo*. Essa classe serve para facilitar a manipulação do AG. Ela salva os seguintes atributos: 'gene' é um vetor de quinze posições que guarda cada gene, característica, do cromossomo, Tabela 7. O 'fitness' serve para guardar o retorno da rede neural, e mede a qualidade do indivíduo. O atributo 'meuID', serve para identificar quem é o indivíduo na

população. Esse atributo é único. Para indicar qual a origem do indivíduo a identificação dos pais é dada em 'paisID'. Além do '*fitness*' a rede neural também retorna a 'net', que é a rede neural já treinada e 'tr' que é o registro de treinamento. A classe 'Individuo' esta ilustrada na Figura 21.

Figura 21 – Individuo.



3.3.3 Criação

Para criar os indivíduos da primeira geração, é necessário, primeiramente, criar os seus cromossomos. A criação dos cromossomos tem como objetivo preencher o vetor de quinze posições 'gene'. Esse preenchimento é feito de forma aleatória, respeitados os limites inferiores e superiores que cada posição pode assumir. Os limites são mostrados na Tabela 7.

Além disso, para cada indivíduo criado são testadas mais duas condições de existência. Caso ele não cumpra essas condições, o indivíduo é descartado. Essas duas condições garantem que existirá ao menos uma entrada de valores para a RN, pois ele garante o uso de um canal de entrada, com uma característica extraída. As duas condições são:

1) deve existir ao menos um canal sendo usado, ou seja, a soma das posições de seis a treze deve ser maior que zero;

2) no mínimo um sinal de RMS ou variância deve existir, portanto a soma das posições quatorze e quinze deve ser maior que zero.

Depois que o cromossomo do indivíduo foi criado, o indivíduo é colocado numa lista, ou seja, a população.

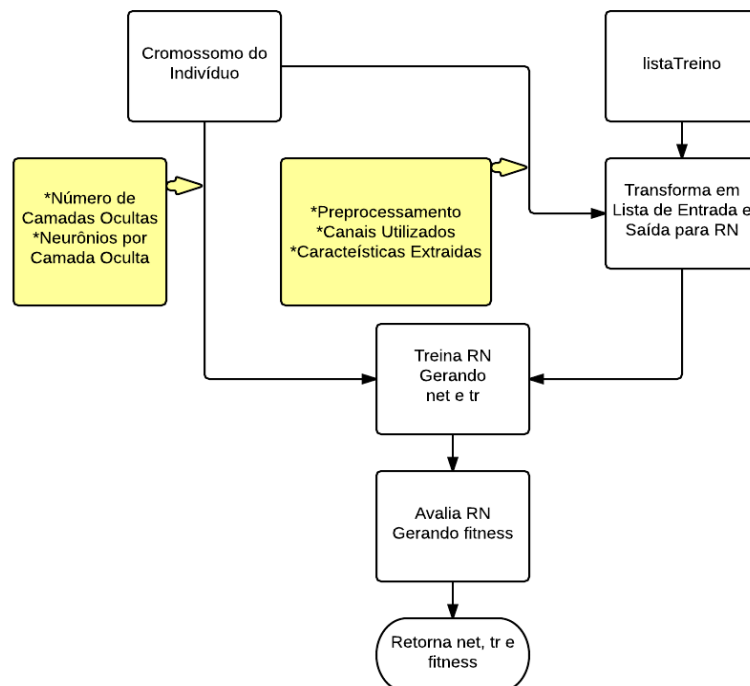
Serão criados indivíduos até que eles preencham a população. No trabalho foi usado 25 indivíduos para a população, esse número foi escolhido de forma empírica.. Além do cromossomo, o indivíduo recebe no atributo 'meuID' um valor único referente a ordem de criação, e no atributo 'paisID', é colocado zeros, pois ele foi gerado aleatoriamente.

3.3.4 Avaliação

O cromossomo do indivíduo é usado como parâmetro para duas funções: criar a estrutura da rede neural e parametrizar os dados de entrada e saída usados na rede neural. O fluxograma da Figura 22, exemplifica esse funcionamento. A transformação das 'listaTreino' para as listas de entrada e saída da rede é explicado na seção das redes neurais.

Como retorno da avaliação é recebido o *fitness* do indivíduo, além da rede neural treinada, 'net', e o arquivo de treinamento, 'tr'. Os processos envolvendo as redes neurais ocorrem na etapa 'Avalia RN Gerando fitness' da figura 22.

Figura 22 – Avaliação.



3.3.5 Seleção dos Reprodutores

A seleção de quais indivíduos vão reproduzir é feita por sorteio através do uso da roleta, seção 3.6.5.1. Para todos os indivíduos da população é dado a chance de reproduzir. A taxa de reprodução, quantos indivíduos são reproduzidos por geração, é igual ao número da população. É tomado cuidado para que um indivíduo nunca reproduza consigo mesmo, assim evitando um clone.

3.3.5.1 Funcionamento da Roleta

O parâmetro, '*fitness*', retornado da rede neural, indica a porcentagem de erros para 'listaTreino'. Portanto, o tamanho da fatia de cada indivíduo na roleta é dada pela Equação (20), onde a '*Fatia_i*' é a fatia do indivíduo '*i*', e o '*fitness_i*' é o seu *fitness*. Fica claro observando a Equação (20), que quanto menor o *fitness*, maior a fatia na roleta. O tamanho da roleta para o sorteio é dado pela Equação (21), onde '*N*' é o número total de indivíduos reproduzindo.

$$Fatia_i = 1 - fitness_i \quad (20)$$

$$tamanhoRoleta = \sum_{i=1}^N Fatia_i \quad (21)$$

A estrutura da roleta é um vetor de '*double*' de '*N*' posições e armazena as fatias de cada indivíduo reprodutor. A armazenagem é feita de forma incremental conforme as Equações (22), onde '*k*' é o *k*-ésimo melhor indivíduo.

$$Roleta[k] = \sum_{i=1}^k Fatia_i \quad (22)$$

Por fim um número é sorteado de zero até '*tamanhoRoleta*', onde esse número é procurado dentro da '*Roleta*' para a primeira posição que seja maior que esse número, o índice onde esse número foi encontrado é o índice do indivíduo escolhido pela roleta. Segue um exemplo para melhor compreensão:

Para três indivíduos, 'A' 'B' e 'C', com o *fitness* igual a: $fitness_a = 0.4$, $fitness_b = 0.7$ e $fitness_c = 0.9$. Suas fatias na roleta são encontradas pela Equação (20) gerando os seguintes resultados: $fatia_a = 0.6$, $fatia_b = 0.3$ e $fatia_c = 0.1$.

O '*tamanhoRoleta*' é dado pela Equação (21) resultando em um tamanho igual a '1'. A estrutura da '*Roleta*' foi criada com a Equação (22) e é mostrada na Tabela 8.

Tabela 8 – Exemplo de roleta.

Índice	1	2	3
Valor	0.6	0.9	1

Dois números são sorteados de zero a um, pois '1' é o '*tamanhoRoleta*'. Supondo que esses dois números são 0.5 e 0.7, então os indivíduos escolhidos para a reprodução são os indivíduos 'A' e 'B' respectivamente, pois 0.5 é menor que 0.6 e 0.7 esta entre 0.6 e 0.9.

3.3.6 Geração dos Filhos

Os cromossomos dos filhos são criados a partir do *crossover* e mutação da geração anterior, além disso eles recebem o '*meuID*' conforme ordem de criação e o '*paisID*' recebe os '*meuID*' dos dois pais de cada indivíduo, a capacidade de existência do novo indivíduo é avaliada da mesma forma que na seção de criação, (3.3.3), e caso não possa existir o indivíduo é descartado e o processo de criação é repetido para esses pais. Todos os novos indivíduos são colocados numa nova população. Essa nova população é avaliada da mesma forma que a população anterior foi avaliada.

3.3.6.1 Crossover

O *crossover* recebe os cromossomos de dois indivíduos sorteados na roleta, esses indivíduos são os pais. A seleção dos genes dos pais que serão transmitidos ao filho é feita de forma aleatória, pois foi desejado que a ordem de como os genes são dispostos não influencie no resultado. Para executar essa seleção de genes, foi criado um vetor de inteiros do tamanho do cromossomo, neste caso 15 posições. Em cada posição foi feito um sorteio em que o resultado pode ser um ou dois esses números indicam a procedência do gene. A Tabela 9 mostra um exemplo do vetor de *crossover*.

Tabela 9 – Exemplo de vetor de crossover.

1	1	2	1	2	2	1	2	1	2	2	1	1	1	2
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

Seguindo o exemplo, supõem-se que os pais possuem os cromossomos da Tabela 10.

Tabela 10 – Exemplo do cromossomos dos pais.

Pais	Cromossomo														
Primeiro Pai	3	2	55	55	55	1	1	1	1	1	0	1	1	3	1
Segundo Pai	1	1	10	10	10	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0

O filho resultante desse exemplo de *crossover* é expresso na Tabela 11.

Tabela 11 – Exemplo do cromossomos filho.

Filho	3	2	10	55	10	0	1	0	1	1	0	1	1	3	0
-------	---	---	----	----	----	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

3.3.6.2 Mutação

A mutação ocorre a uma taxa de 1%. Depois que cada *crossover* é realizado, um número de 0 até 100 é sorteado, caso esse número seja abaixo de 1% a mutação é realizada. O gene escolhido para realizar a mutação também é sorteado. O novo valor desse gene é dado pelos limites inferiores e superiores conforme Tabela 7.

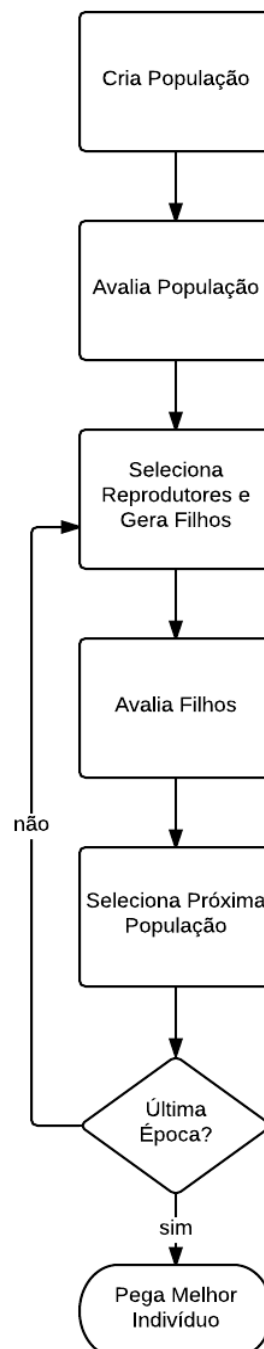
3.3.7 Próxima População

A população e a nova população são colocadas em uma só população total. Ali elas são ordenadas, do melhor indivíduo até o pior. Por fim os melhores indivíduos da população total formam a próxima população, essa próxima população possui o mesmo número de indivíduos.

3.3.8 Escolha da Melhor Configuração

O ciclo de reprodução do AG, ou seja as épocas, repete-se por um determinado número de vezes. Neste trabalho se usou dez épocas, número escolhido empiricamente. Por fim, o melhor indivíduo da última época é escolhido como resultado final do programa. A Figura 23 resume o Algoritmo Genético.

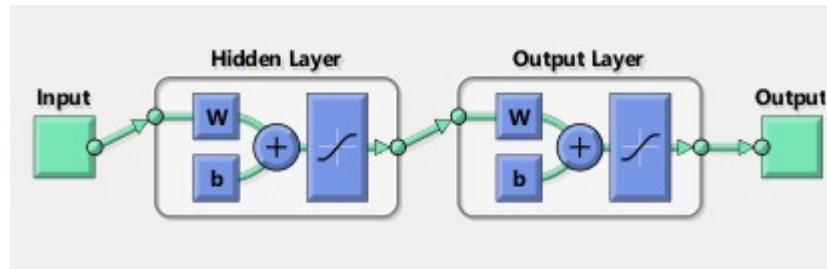
Figura 23 – Resumo algoritmo genético.



3.4 Rede Neural da Metodologia Experimental

Através da rede neural o SME é caracterizado. A estrutura da rede neural, Figura 24, tem como entrada os valores extraídos dos sinais preprocessados. A configuração de quais valores serão usados como entrada vem do AG, como é mostrado na Figura 22. A saída da rede é a representação dos movimentos.

Figura 24 – Diagrama simplificado da rede neural.



A topologia é a rede de *perceptrons de múltiplas camadas feedforward* (MLP), ou seja, todos os neurônios de uma camada, conectam-se a todos os neurônios da próxima camada. A propagação do sinal é feita da entrada para a saída. A rede neural é criada através da função *patternnet*.

3.4.1 Estrutura da Rede Neural Através do Algoritmo Genético

A função *patternnet* recebe como parâmetros um vetor de inteiros, onde cada número no vetor, significa a quantidade de neurônios em cada camada oculta.

Os parâmetros de configuração são dados pelo AG. Como exemplo, o primeiro cromossomo da Tabela 12 gera um vetor de uma posição, pois ele configura a RN para apenas uma camada (gene número dois), e configura essa camada com '40' neurônios (gene número três). O segundo cromossomo da Tabela 12, gera um vetor [30, 12], pois ele configura a RN para duas camadas (gene número dois), e configura a primeira camada com 30 neurônios (gene número três) e a segunda camada com 12 neurônios (gene número quatro).

Tabela 12 – Exemplo de dois cromossomos.

Índice dos genes	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
Primeiro Cromossomo	3	1	40	10	40	1	0	1	0	0	0	0	0	2	1
Segundo Cromossomo	3	2	30	12	40	1	1	1	1	1	0	1	1	3	1

3.4.2 Entrada e Saída da Rede Neural

A Rede Neural recebe como entrada a 'listaTreino', e as configurações de entrada vindas do AG. Para o treinamento da rede neural os dados de entrada e saída devem ser adaptados. A entrada da RN é uma matriz, onde cada posição da linha é um tipo de entrada, como o RMS e a variância dos canais e cada coluna dessa matriz é uma amostra dos canais.

A matriz de saída funciona de uma forma parecida com a matriz de entrada. Na matriz de saída o movimento desejado que foi ativado recebe o valor '1' (apenas um movimento é ativado em cada amostra), as demais posições recebem zero. Cada coluna é uma amostra da saída. Foram usadas duas funções, *criaEntradasNeurais* e *criaSaidasNeurais* para transformar a lista de movimentos nas matrizes de entrada e saída.

A configuração da matriz de entrada, *inputs*, é dada pelo algoritmo genético. Tomando como exemplo o primeiro cromossomo da Tabela 12, a linha de pré-processamento escolhida é a da segmentação por MVC (gene número um). Foram usados dois canais, o canal zero (gene número seis) e o canal dois (gene número oito). Além disso o cromossomo também indica quais características extraídas foram usadas, nesse caso o RMS dividido em duas partes (gene número quatorze) e a variância (gene número quinze). O resultado desse exemplo é mostrado na Tabela 13 para quatro amostras.

Tabela 13 – Exemplo da matriz de entrada para RN.

Canais	Característica Extraída	Amostra 1	Amostra 2	Amostra 3	Amostra 4
Canal Zero	RMS	0.01002	0	0.18258	0.07262
		0.02099	0.04368	0.16148	0.23742
	Variância	0.15442	0.25544	0.21835	0.08617
Canal Dois	RMS	0.24517	0.14882	0.23032	0.17861
		0.00021	0.00084	0.01886	0.02520
	Variância	0.02669	0.02759	0.03033	0.01372

A matriz das saídas desejadas, *targets*, é feita pelos movimentos 1,8,3 e 5. E ficam no formato da Tabela 14.

Tabela 14 – Exemplo da matriz de saída (targets) para RN.

Tipo de Movimento	Amostra 1	Amostra 2	Amostra 3	Amostra 4
1	1	0	0	0
2	0	0	0	0
3	0	0	1	0
4	0	0	0	0
5	0	0	0	1
6	0	0	0	0
7	0	0	0	0
8	0	1	0	0
9	0	0	0	0

3.4.3 Divisão dos arquivos da RN

A Rede Neural recebe as matrizes de entrada e saída, porem apenas parte delas é usada para o treinamento. As matrizes são subdivididas em três partes, 70% delas são usadas para o arquivo de treino (*Train*), 15% é separado para o arquivo de validação (*Validation*) e os outros 15% são usados no arquivo de teste (*Test*). A divisão dos arquivos se dá de forma aleatória, para que o posicionamento dos movimentos não influencie no resultado final.

O arquivo de treinamento é usado para o ajuste dos pesos sinápticos da rede neural (os pesos).

O arquivo de validação é usado no processo *early stop*, que será tratado na seção 3.4.4. Esse arquivo, uma vez que não é usado no treinamento para a rede neural, faz dele um indicador da generalização da RN, ou seja a capacidade da RN de acertar os movimentos, sem que tenha treinado para a amostra em específico.

Uma vez que a rede neural tem uma tendência maior de acertar os dados do arquivo de treinamento, pois foi treinada a partir dele, ou seja, os pesos da RN são ajustados para acertar o arquivo de treinamento. Além do fato que arquivo de validação influencia na RN, pois ele foi usado como critério de parada, afim de garantir a generalização. O arquivo de teste acaba sendo usado para fazer uma avaliação final da generalização, pois não influenciou durante o treinamento ou avaliação.

3.4.4 Algoritmo de Treinamento e Critérios de Parada da RN

A rede neural utiliza a mesma função, citada na seção 2.4.1, a tangente hiperbólica como função de ativação para as camadas ocultas e de saída. O algoritmo de treinamento escolhido foi o Levenberg-Marquardt (LM). O LM é um algoritmo estável e de rápida convergência.

Este algoritmo usa uma combinação do *descentgradient descent* e o método de Gauss-Newton, conseguindo usar a velocidade do Gauss-Newton mais a estabilidade do *gradient descentgradient descent*, uma vez que ele pode convergir bem mesmo em superfícies complexas (Y.Hao; B.Wilamowski, 2010). Na Equação (23) segue o algoritmo de atualização:

$$x_{k+1} = x_k - [J^T J + \mu I]^{-1} J^T e \quad (23)$$

onde ' J ' é a matriz Jacobiana que contém as primeiras derivadas do erro da rede, relacionados com os pesos e os bias (x_0) e ' e ' é o vetor de erros da rede. A matriz jacobiana pode ser calculada através do *backpropagation*. Quando ' μ ' for zero, significa que o método de Newton está sendo usado. Quanto maior o valor de ' μ ', mais o LM se torna o *descentgradient descent* com pequenos passos. A cada sucesso ' μ ' é decrementado, uma vez que isso leva ao método de Gauss-newton, que é mais rápido. Se, caso o próximo passo aumentasse o erro, ' μ ' é seria incrementado e o algoritmo se tornaria *descentgradient descent*. Dessa forma o erro é sempre diminuído. (MARQUARDT, 63).

Os pesos iniciais da RN começam aleatoriamente e se ajustam através do aprendizado. O aprendizado da RN é realizado pelo método *batch*. Neste modo os pesos são ajustados somente depois da apresentação de todos os padrões de treinamento, ou seja, cada padrão é avaliado com a mesma configuração de pesos. O modo *batch* fornece uma estimativa mais precisa do gradiente.

Para as condições de parada foram definidos os seguintes parâmetros, o primeiro parâmetro que for alcançado encerra o treinamento, os valores das condições de parada são valores padrões do aplicativo do Matlab:

A) Épocas (*Epoch*): uma época ocorre quando todos os dados de uma amostragem são apresentados. Para este trabalho se usou 100 épocas como limite ou seja, 100 ciclos de apresentação.

B) Desempenho (*Performance*): ele é o resultado de uma função. A função usada aqui foi *Mean squared normalized error (MSE)*. Ela é definida na Equação (24) onde x_d é o valor desejado na saída e x_m o valor encontrado na saída para ' N ' amostras. O desempenho limite foi selecionada como zero:

$$mse = \frac{\sqrt{\frac{\sum_{n=1}^N (x_{d,n} - x_{m,n})^2}{N}}}{(x_{d,max} - x_{d,min})} \quad (24)$$

C) Gradiente (*Gradient*): o gradiente é um indicativo da taxa de aprendizagem. Quando for menor que 10^{-7} , a rede para de treinar.

D) μ (Mu): é o parâmetro ' μ ' da Equação (23), que é configurado para interromper o treinamento quando seu número chegar a 10^{10} .

E) Validação (*Validation Checks*): a técnica usada é o *early stop*. O *early stop* consiste em avaliar o desempenho da rede, item 'B', para o arquivo de validação. Se o desempenho da rede para o arquivo de validação diminuir seis vezes consecutivas, o treinamento é encerrado. O *early stop* é usado para garantir a generalização do aprendizado evitando o *overfitting*. Onde generalizar a rede significa fazer com que ele tenha capacidade preditiva, caracterizando corretamente os movimentos que não foram usados como treino.

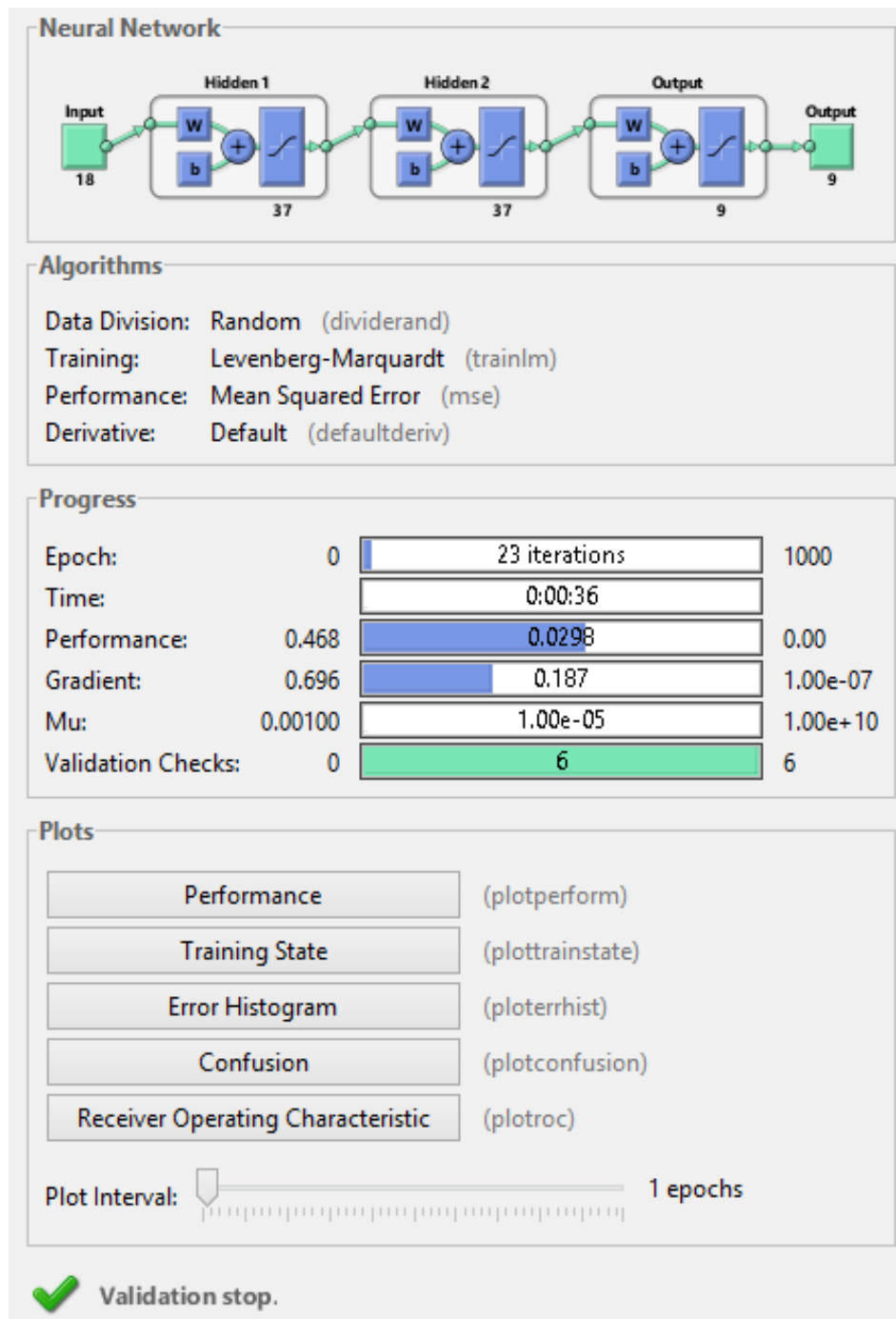
3.4.5 Procedimento de Treinamento da Rede Neural

Para o treinamento a Rede Neural são entregues as matriz das entradas, *inputs* e a matriz das saídas desejadas, *targets*, já devidamente separadas em arquivos de treinamento, arquivos de validação e arquivos de teste.

O exemplo da Figura 25 mostra a estrutura da rede neural, com dezoito entradas, trinta e sete neurônios em cada uma das duas camadas ocultas e, por fim, a camada de saída com nove neurônios, um para cada tipo de movimento. É possível notar através da Figura 25 o uso da função sigmóide como função de ativação. O critério de parada, que interrompeu o treinamento foi o *early stop (Validation Checks)*, após o arquivo de validação diminuir o desempenho seis vezes consecutivas.

O retorno da função de treinamento é a rede neural já treinada, isto é, com seus pesos ajustados.

Figura 25 – Exemplo de treinamento da rede neural.

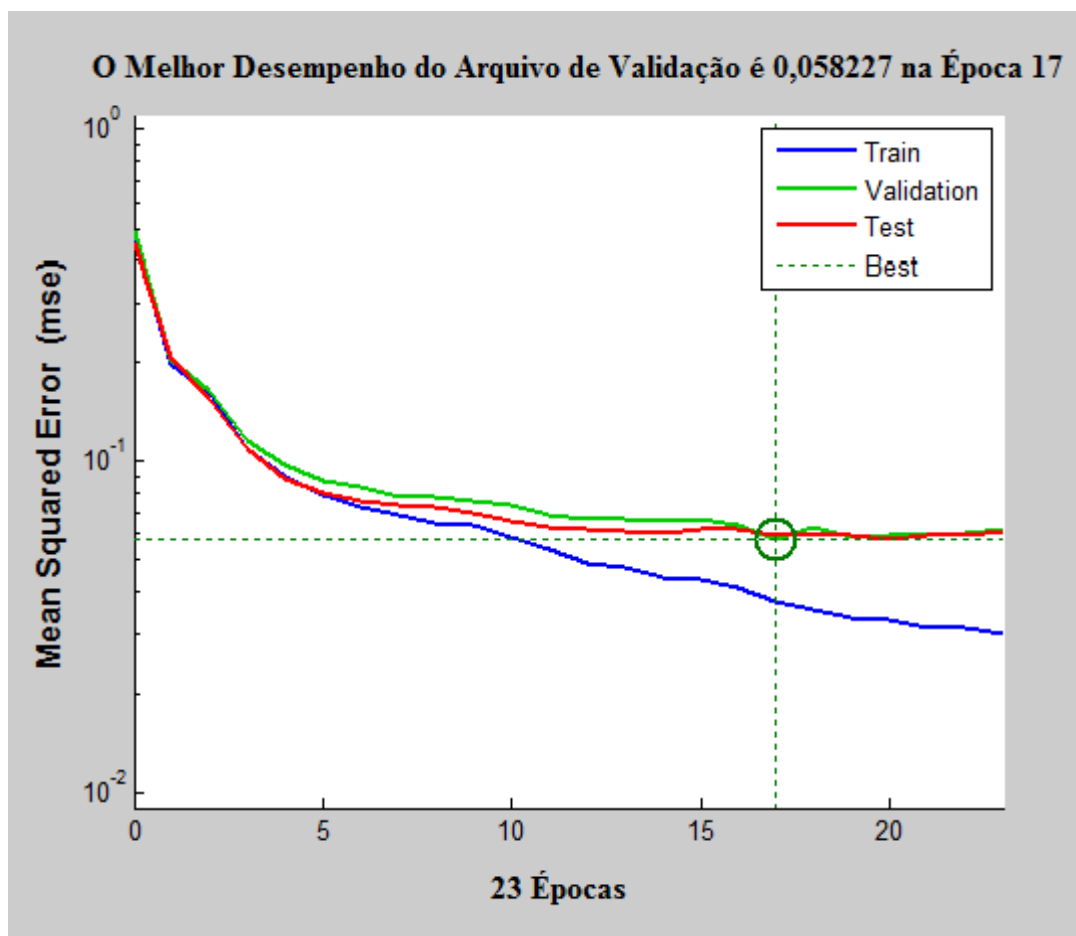


3.4.6 Desempenho da Rede Neural

Através do exemplo da rede neural da Figura 25, é possível acompanhar o seu desempenho em função das épocas de treinamento, para os arquivos de treino (*Train*), validação (*Validation*) e teste (*Test*). O desempenho da rede neural é avaliado de acordo com a função *Mean squared normalized*, Equação (24).

A Figura 26 mostra a curva do desempenho. Onde, assim como esperado, o melhor desempenho foi o do arquivo de treino. Como foi visto na Figura 25 o critério de parada foi o *Validation Check*, por isso que a rede neural é treinada para vinte e três épocas, mas retorna o a rede neural treinada na décima sétima época (seis passos antes). O melhor desempenho (*Best*) para o arquivo de validação foi 0.058227. É um fato positivo que o desempenho do arquivo teste acompanha o desempenho do arquivo de validação, pois isso mostra uma boa generalização.

Figura 26 – Exemplo do desempenho da função MSE.



Embora o desempenho medido a partir da função MSE seja bom para treinar a RN, ele não é tão bom para avaliação da rede treinada. Ao invés de usar o MSE para avaliação, foi usado um método mais indicado para determinar a qualidade da RN para classificadores.

O procedimento consiste em pegar a matriz de entrada completa, *inputs*, e testá-la na RN treinada. Isso gera um arquivo de saída, *outputs*. O *outputs* é o arquivo que prediz quais movimentos foram executados dado uma entrada, *inputs*. A saída, *outputs*, é comparada com a saída desejada, *targets*, ou seja, com os movimentos que de fato ocorreram. O desempenho

então é dado pelo número de acertos do *outputs* em relação ao *targets*, dividido pelo número total de amostras usadas conforme Equação (25), onde '*A*' é o número de acertos '*N*' é o número de amostras e '*D*' é o desempenho.

$$D = \frac{A}{N} \quad (25)$$

Devido ao fato que, por padrão, tanto a RN quanto o AG buscam minimizar o resultado, o valor retornado da RN para o AG é o erro, que segue a Equação (26), onde '*Er*' é o erro retornado para o AG usar como *fitness*.

$$Er = 1 - D \quad (26)$$

Como a RN tem as divisões dos arquivos vindos da 'listaTreino' de forma aleatória e a inicialização dos pesos da RN também é feita de forma aleatória, a mesma configuração vinda do AG para uma mesma 'listaTreino' pode ter resultados diferentes.

3.5 Avaliação da Solução Encontrada

No fim da última época do AG, o indivíduo com o melhor *fitness* é considerado a melhor solução.

De alguma forma, todos os movimentos da 'listaTreino' influenciaram para encontrar a melhor solução, pois suas frações de arquivo de treino e arquivo de validação influenciaram no treinamento da RN, enquanto que a fração do arquivo teste influenciou na geração do *fitness* do AG, como é possível notar na seção 3.4.6. Portanto a avaliação do indivíduo é feita através da 'listaTeste'.

A 'listaTeste', assim como o cromossomo do melhor indivíduo são usados para gerar a matriz de entrada, *inputs*, e a matriz de saída desejada, *targets*. A RN já esta treinada e faz parte do indivíduo (net), portanto através da RN e dos *inputs* é criado o arquivo de saídas, *outputs*. A avaliação é feita ao se comparar movimentos do *targets* com os do *outputs*. Quanto maior o número de acertos, tanto melhor será a solução encontrada.

4 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Serão apresentados os resultados dos 5 voluntários da base de dados de (LOPES, 2014). O sistema foi avaliado para a divisão da 'listaTreino' em 25%, 50% e 75%. As seções que se seguem são referentes aos ensaios de cada voluntário. Primeiramente, para cada voluntário é mostrado o resultado da avaliação sistema, com base na taxa de acerto sobre os movimentos da 'listaTeste', em seguida é mostrado o cromossomo do melhor indivíduo encontrado para cada divisão. Uma avaliação mais profunda foi feita nos treinamentos com 50% da base de dados. Na avaliação do treinamento com 50% da base de dados são mostrados as curvas da evolução dos genes em relação às gerações, também é mostrada a matriz de confusão dos resultados.

A matriz de confusão funciona da seguinte forma: as linhas indicam os movimentos previstos pela RN, ou seja o *output*. As colunas, *target*, mostram qual movimento de fato ocorreu. Sendo assim, os números na diagonal principal (verde) são os movimentos que foram corretamente classificados, pois *output* e *target* são iguais. Em vermelho estão os erros, onde por exemplo, o *output* pode indicar linha 2 enquanto o *target* indica coluna 3. Na coluna cinza, justaposta à matriz de confusão, está expressa a porcentagem de vezes que um número foi indicado pelo *output* corretamente, enquanto a linha cinza, justaposta à matriz de confusão, indica quantas vezes um movimento que ocorreu, foi classificado corretamente. Por fim, em azul, é dada a taxa total de acertos.

4.1 Voluntário 1

O voluntário 1 realizou três ensaios, totalizando 576 movimentos. A caracterização dos movimentos foi feita três vezes para os ensaios do voluntário, cada uma das caracterizações com uma divisão para as listas 'listaTreino' e 'listaTeste'. Essa divisão se encontra na Tabela 15, onde a porcentagem indica a quantidade de movimentos para a 'listaTreino'. Os nove tipos de movimentos são distribuídos igualmente entre as listas.

Tabela 15 – Divisão dos movimentos do voluntário 1.

	Movimentos para 25%	Movimentos para 50%	Movimentos para 75%
'listaTreino'	144	288	432
'listaTeste'	432	288	144

A taxa de acerto para cada caracterização se encontram na Tabela 16.

Tabela 16 – Taxa de acerto para os movimentos do voluntário 1.

Movimento	Treino 25%	Treino 50%	Treino 75%	Média
Contração da Mão	97.9%	93.8%	100%	97.2%
Extensão do Punho	87.5%	100%	100%	95.8%
Flexão do Antebraço	83.3%	87.5%	81.3%	84%
Flexão do Punho	91.7%	90.6%	93.8%	92%
Rotação do Antebraço	72.9%	96.9%	100%	89.9%
Rotação/Flexão do Antebraço	72.9%	87.5%	100%	86.8%
Rotação do Antebraço e Contração da Mão	52.5%	78.1%	87.5%	72.7%
Extensão e Flexão do Punho	87.5%	96.9%	87.5%	90.6%
Contração da Mão e Flexão do Antebraço	100%	96.9%	93.8%	96.9%
Média	84%	92.0%	93.8%	89.9%

Na média, as piores taxas de acerto dos movimentos foram, a 'Flexão do Antebraço' e a 'Rotação do Antebraço e Contração da Mão'.

Os cromossomos do melhor indivíduo de cada divisão de treinamento são mostrados na Tabela 17. Onde cada linha significa uma posição do cromossomo. Os itens 'não usados'

são, a terceira camada oculta e o canal de aquisição 5. Os itens tracejados não foram usados no cromossomo em particular.

Tabela 17 – Cromossomos encontrados para os três conjuntos de treinamento do voluntário 1.

	Treino 25%	Treino 50%	Treino 75%
Linha de Preprocessamento	Segmentação MVC	Segmentação MVC	Segmentação MVC
Camadas	Duas Camadas	Uma Camada	Duas Camadas
Neurônios na Camada 1	37	26	55
Neurônios na Camada 2	43	_____	53
(não usado)	(não usado)	(não usado)	(não usado)
Bíceps Braquial	Canal 0	Canal 0	Canal 0
Flexor Radial do Carpo	_____	Canal 1	_____
Flexor Ulnar do Carpo	Canal 2	_____	Canal 2
Extensor dos Dedos	Canal 3	Canal 3	Canal 3
Pronador Redondo	Canal 4	Canal 4	Canal 4
(não usado)	(não usado)	(não usado)	(não usado)
Palmar Longo da Mão	_____	Canal 6	Canal 6
Extensor Ulnar do Carpo	Canal 7	Canal 7	Canal 7
Divisão do RMS	Duas Partes	Três Partes	Três Partes
Variância	Variância	Variância	_____

A linha de pré-processamento usada por todos os cromossomos foi a segmentação por MVC. Nas duas configurações que foram usadas duas camadas ocultas, a quantidade de neurônios foi alta também.

Nos cromossomos, ou o Canal 1 foi usado ou o Canal 2 nunca os dois ao mesmo tempo. Os indivíduos da primeira população tinham em média 50% dos canais utilizados, já os indivíduos que melhor caracterizaram os movimentos, tiveram de cinco a seis canais, indicando que mais canais caracterizaram melhor os movimentos. Os cromossomos com maior taxa de acerto tem o Canal 6 em comum.

O RMS forneceu bastante informação, pois ele foi usado pelos três cromossomos. A taxa de acerto foi maior onde o RMS é dividido em três partes.

4.1.1 Matriz de Confusão do Voluntário 1 com 50% dos Movimentos Treinados

As taxas de acerto para 'listaTeste' são mostradas na Figura 27. A taxa de acerto dos movimentos pode ser visto na ultima linha, sendo que os piores resultados foram o movimento 7 com 78.1% de acerto e os movimentos , 3 e 6 com 87.5% de acerto cada. O movimento 7, Rotação do Antebraço e Contração da Mão, se destaca, pois foi classificado como movimento 5, Rotação do Antebraço, cinco vezes.

Foi pensado, como hipótese, em adicionar o Canal 2, Flexor Ulnar do Carpo, ao cromossomo, afim de melhorar o resultado. Quando adicionado o Canal 2, a taxa de acerto geral caiu para 85.8%, indicando que a solução do AG era melhor.

Figura 27 – Matriz de confusão voluntário 1 com 50% dos movimentos treinados.

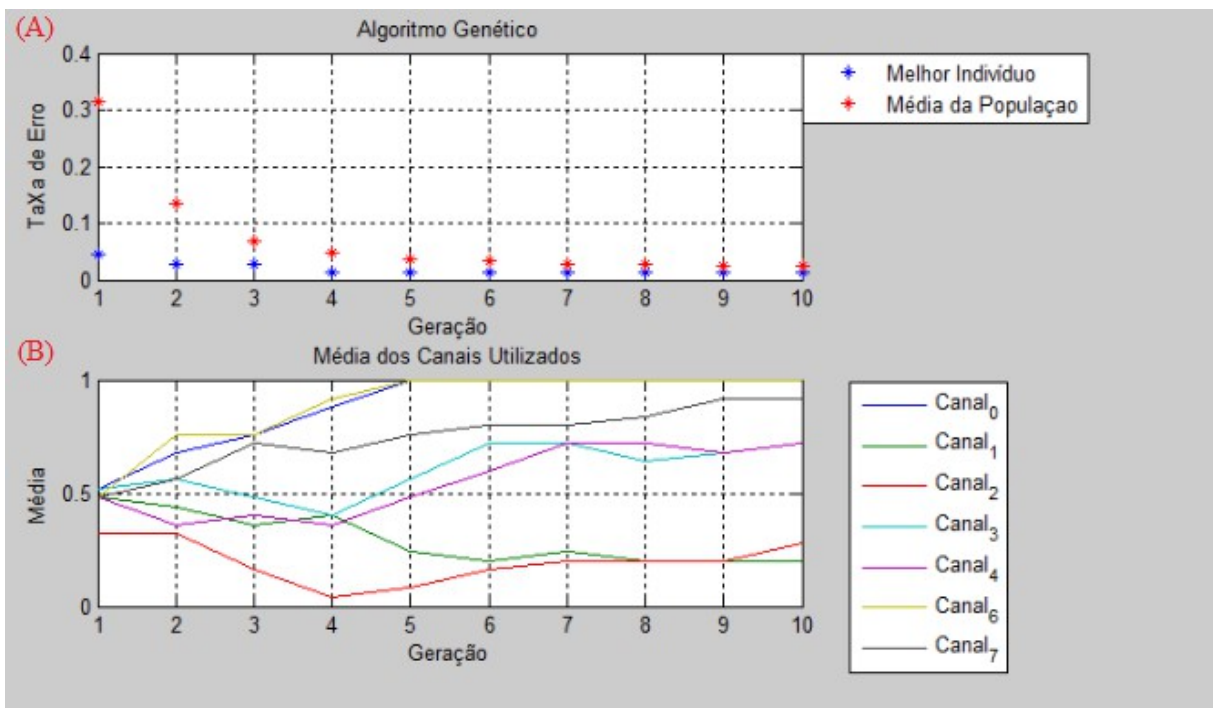
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
1	30 10.4%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	100% 0.0%
2	0 0.0%	32 11.1%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	1 0.3%	0 0.0%	97.0% 3.0%
3	1 0.3%	0 0.0%	28 9.7%	0 0.0%	0 0.0%	1 0.3%	2 0.7%	0 0.0%	0 0.0%	87.5% 12.5%
4	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	29 10.1%	0 0.0%	1 0.3%	0 0.0%	0 0.0%	1 0.3%	93.5% 6.5%
5	0 0.0%	0 0.0%	2 0.7%	0 0.0%	31 10.8%	1 0.3%	5 1.7%	0 0.0%	0 0.0%	79.5% 20.5%
6	0 0.0%	0 0.0%	1 0.3%	0 0.0%	0 0.0%	28 9.7%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	96.6% 3.4%
7	0 0.0%	0 0.0%	1 0.3%	0 0.0%	1 0.3%	1 0.3%	25 8.7%	0 0.0%	0 0.0%	89.3% 10.7%
8	1 0.3%	0 0.0%	0 0.0%	3 1.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	31 10.8%	0 0.0%	88.6% 11.4%
9	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	31 10.8%	100% 0.0%
	93.8% 6.3%	100% 0.0%	87.5% 12.5%	90.6% 9.4%	96.9% 3.1%	87.5% 12.5%	78.1% 21.9%	96.9% 3.1%	96.9% 3.1%	92.0% 8.0%
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
	Target Class									

4.1.2 Evolução dos Genes do Voluntário 1 com 50% dos Movimentos Treinados

Nas curvas (A) da Figura 28 são mostrados o *fitness* do melhor indivíduo e a média da população de cada geração. O AG começou com baixa taxa de erro para o melhor indivíduo e acaba tendo uma pequena evolução. A média da população começa com uma taxa de erros acima de 30%, porém nas primeiras 5 gerações ela melhora significativamente.

Nas curvas (B) da Figura 28 é notável a importância dos Canais 0 e Canal 6, onde todos os indivíduos a partir da quinta geração os usam para caracterizar os movimentos. O canal 7 também aparece em destaque.

Figura 28 – Evolução do fitness dos canais do voluntário 1 com 50% dos movimentos treinados.

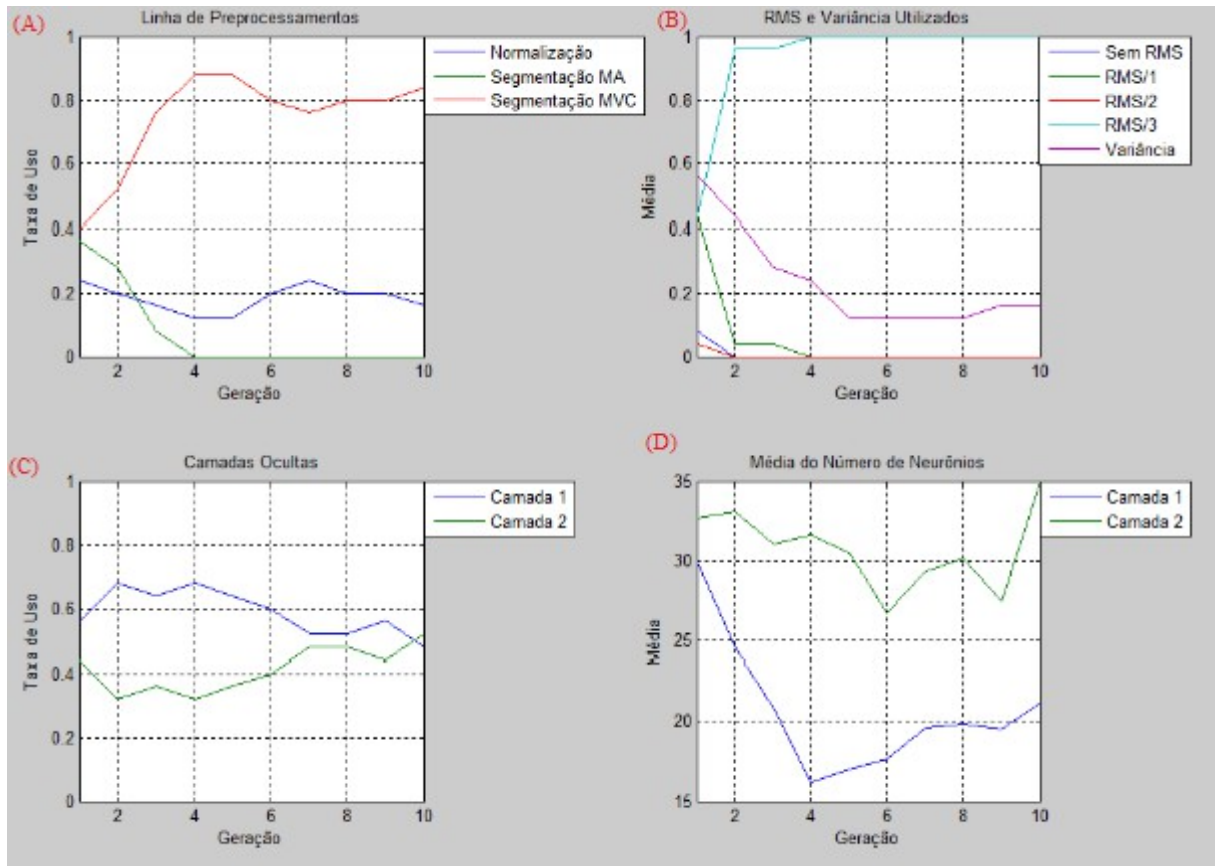


Na Figura 29, as curvas em (A) mostram que a Segmentação por MVC atribui grande capacidade de caracterização dos movimentos.

O RMS dividido em três partes é usado em 100% dos casos a partir da geração 4, embora a variância tenha uma taxa de uso abaixo de 20% ela parece se estabilizar na quinta geração e também contribuiu para o cromossomo do melhor indivíduo.

O cromossomo para essa divisão dos movimentos usou apenas uma camada, mas observando as curvas das camadas ocultas, é possível notar um aumento na taxa dos indivíduos que usam duas camadas, além disso, a média do número de neurônios na segunda camada aumentou nas últimas gerações.

Figura 29 – Evolução das configurações de entrada e estrutura da RN do voluntário 1 com 50% dos movimentos treinados.



4.2 Voluntário 2

O voluntário 2 realizou um ensaio, totalizando 180 movimentos. A caracterização dos movimentos foi feita três vezes para o ensaio desse voluntário, cada uma das caracterizações com uma divisão para as listas 'listaTreino' e 'listaTeste'. Essa divisão se encontra na Tabela 18, onde a porcentagem indica a quantidade de movimentos para a 'listaTreino'. Os nove tipos de movimentos são distribuídos igualmente entre as listas.

Tabela 18 – Divisão dos movimentos do voluntário 2.

	Movimentos para 25%	Movimentos para 50%	Movimentos para 75%
'listaTreino'	45	90	135
'listaTeste'	135	90	45

A taxa de acerto para cada caracterização se encontram na Tabela 19.

Tabela 19 – Taxa de acerto para os movimentos do voluntário 2.

Movimento	Treino 25%	Treino 50%	Treino 75%	Média
Contração da Mão	80%	80%	80%	80%
Extensão do Punho	80%	80%	80%	80%
Flexão do Antebraço	73%	80%	100%	84.3%
Flexão do Punho	86.7%	50%	100%	78.9%
Rotação do Antebraço	80%	100%	80%	86.6%
Rotação/Flexão do Antebraço	93.3%	90%	100%	94.4%
Rotação do Antebraço e Contração da Mão	66.7%	60%	80%	68.9%
Extensão e Flexão do Punho	80%	70%	80%	76.6%
Contração da Mão e Flexão do Antebraço	93.3%	90%	100%	94.4%
Média	81.5%	77.8%	88.9%	82.7%

Na média, as piores taxas de acerto dos movimentos foram, a 'Rotação do Antebraço e Contração da Mão', a 'Extensão e Flexão do Punho'. A Flexão do Punho também teve uma baixa taxa de acerto devido ao treinamento com 50%.

Os cromossomos do melhor indivíduo de cada divisão de treinamento são mostrados

na Tabela 20. Onde cada linha significa uma posição do cromossomo. Os itens 'não usados' são, a terceira camada oculta e o canal de aquisição 5. Os itens tracejados não foram usados no cromossomo em particular.

Tabela 20 – Cromossomos encontrados para os três conjuntos de treinamento do voluntário 2.

	Treino 25%	Treino 50%	Treino 75%
Linha de Preprocessamento	Segmentação MVC	Segmentação MVC	Segmentação MVC
Camadas	Duas Camadas	Uma Camada	Duas Camadas
Neurônios na Camada 1	22	17	53
Neurônios na Camada 2	14	_____	18
(não usado)	(não usado)	(não usado)	(não usado)
Bíceps Braquial	Canal 0	Canal 0	Canal 0
Flexor Radial do Carpo	Canal 1	_____	Canal 1
Flexor Ulnar do Carpo	Canal 2	Canal 2	Canal 2
Extensor dos Dedos	_____	_____	_____
Pronador Redondo	Canal 4	_____	Canal 4
(não usado)	(não usado)	(não usado)	(não usado)
Palmar Longo da Mão	Canal 6	Canal 6	Canal 6
Extensor Ulnar do Carpo	Canal 7	Canal 7	_____
Divisão do RMS	Três Partes	Três Partes	Três Partes
Variância	_____	Variância	_____

A linha de pré-processamento usada por todos os cromossomos foi a segmentação por MVC.

Nas duas configurações que foram usadas duas camadas ocultas, tiveram uma taxa de acerto maior e também não usaram a variância.

O Canal 3 não foi usado pelos cromossomos. Os indivíduos usaram de quatro a seis canais, sendo que o melhor desempenho foi obtido usando cinco canais. Além da quantidade de neurônios nas camadas ocultas, o que diferencia o treino de 25% com o de 75% é o uso do

Canal 7.

O RMS forneceu bastante informação, onde todos usaram a divisão por três partes.

4.2.1 Matriz de Confusão do Voluntário 2 com 50% dos Movimentos Treinados

As taxas de acerto para 'listaTeste' são mostradas na Figura 30. Os movimentos com os piores resultados foram, o movimento 4 com 50% de acerto, o movimento 7 com 60% de acerto e o movimento 8 com 70% de acerto. Os movimentos foram confundidos com diferentes tipos de movimentos, ou seja, nenhum deles foi confundido mais de duas vezes com outro mesmo movimento.

Analisando os movimentos 4 e 5 é possível notar que a taxa de acerto deles esta relacionada com a quantidade de vezes que foram indicados, pois o movimento 4 que possui apenas 50% de acerto não foi indicado erroneamente nenhuma vez (ultima coluna do movimento 4) e o movimento 5 que possui uma taxa de acerto de 100% foi indicado corretamente apenas 66.7% das vezes.

Figura 30 – Matriz de confusão voluntário 2 com 50% dos movimentos treinados.

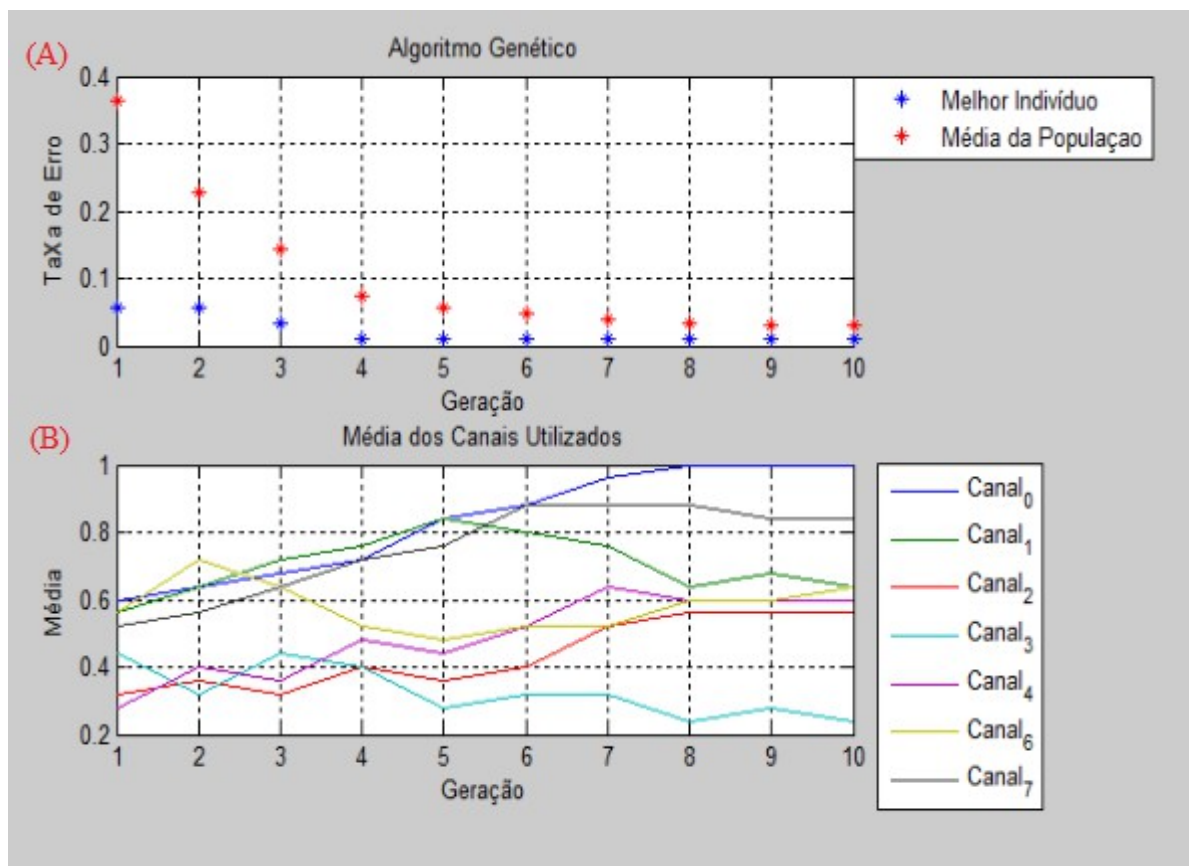
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
1	8 8.9%	0 0.0%	1 1.1%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	2 2.2%	0 0.0%	1 1.1%	66.7% 33.3%
2	0 0.0%	8 8.9%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	100% 0.0%
3	0 0.0%	0 0.0%	8 8.9%	2 2.2%	0 0.0%	0 0.0%	2 2.2%	0 0.0%	0 0.0%	66.7% 33.3%
4	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	5 5.6%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	100% 0.0%
5	1 1.1%	0 0.0%	1 1.1%	1 1.1%	10 11.1%	1 1.1%	0 0.0%	1 1.1%	0 0.0%	66.7% 33.3%
6	0 0.0%	1 1.1%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	9 10.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	90.0% 10.0%
7	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	1 1.1%	0 0.0%	0 0.0%	6 6.7%	0 0.0%	0 0.0%	85.7% 14.3%
8	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	7 7.8%	0 0.0%	100% 0.0%
9	1 1.1%	1 1.1%	0 0.0%	1 1.1%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	2 2.2%	9 10.0%	64.3% 35.7%
	80.0% 20.0%	80.0% 20.0%	80.0% 20.0%	50.0% 50.0%	100% 0.0%	90.0% 10.0%	60.0% 40.0%	70.0% 30.0%	90.0% 10.0%	77.8% 22.2%
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
	Target Class									

4.2.2 Evolução dos Genes do Voluntário 2 com 50% dos Movimentos Treinados

Nas curvas (A) da Figura 31 são mostrados o *fitness* do melhor indivíduo e a média da população de cada geração. O AG começou com uma taxa de erro abaixo de 10% para o melhor indivíduo e continuou melhorando o desempenho, enquanto a média da população apresentou uma taxa acima de 30% e melhorou muito o desempenho nas primeiras quatro gerações.

Nas curvas (B) da Figura 31, notável a importância dos Canais 0 e Canal 7. Esse voluntário apresentou uma média de uso dos canais inferior ao voluntário 1. Apenas o Canal 0 chegou em 100% de uso.

Figura 31 – Evolução do fitness dos canais do voluntário 2 com 50% dos movimentos treinados.

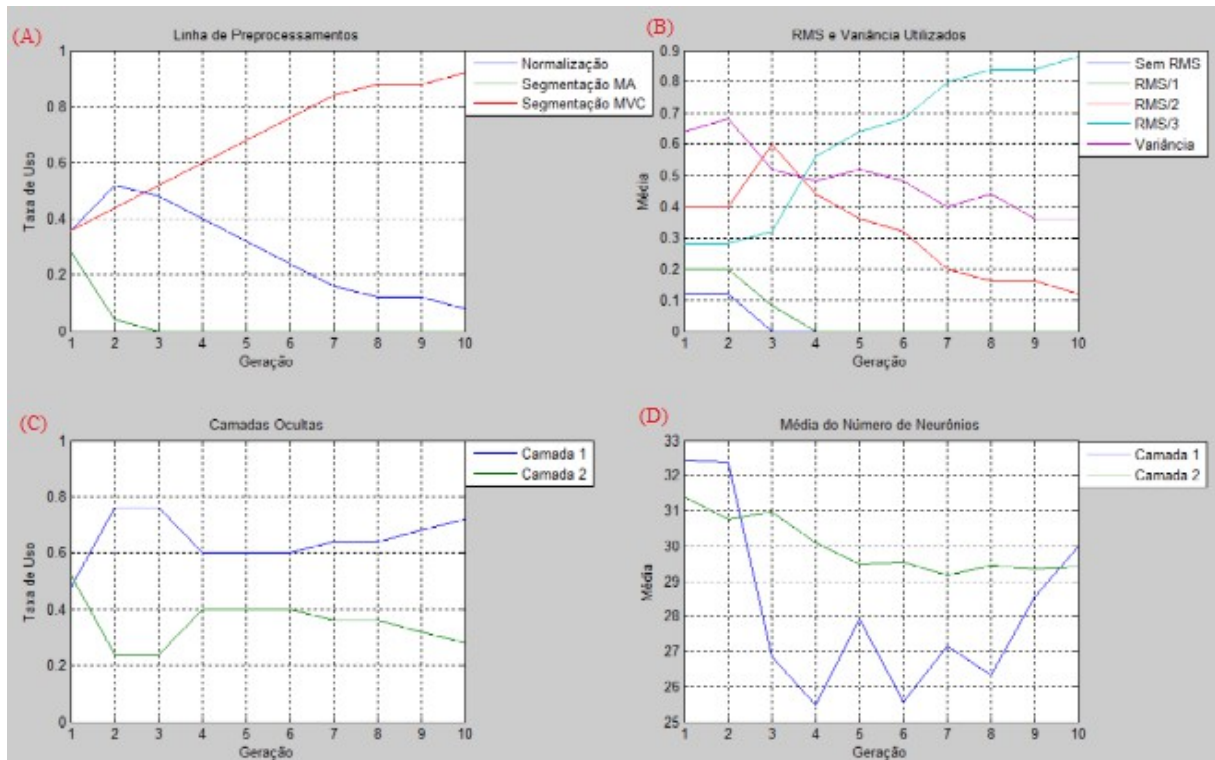


Na Figura 32, as curvas (A) mostram que a Segmentação por MVC atribui grande capacidade de caracterização dos movimentos, com quase 100% de uso. O RMS dividido em três partes teve uma taxa de uso acima de 80%. Embora a variância tenha ficado abaixo de 50% ela se estabilizou na geração sete e fez parte do cromossomo do melhor indivíduo.

A estrutura da RN aparenta boa resposta para uma ou duas camadas ocultas. O número

de camadas ocultas ficou estável, onde, por volta de 2/3 dos indivíduos usaram uma camada oculta. O número de neurônios na primeira camada oculta tem variações maiores que a de duas camadas. A primeira camada oculta termina com um média próxima de 30 neurônios.

Figura 32 – Evolução das configurações de entrada e estrutura da RN do voluntário 2 com 50% dos movimentos treinados.



4.3 Voluntário 3

O voluntário 3 realizou dois ensaios, totalizando 252 movimentos. A caracterização dos movimentos foi feita três vezes para os ensaios do voluntário, cada uma das caracterizações com uma divisão para as listas 'listaTreino' e 'listaTeste'. Essa divisão se encontra na Tabela 21, onde a porcentagem indica a quantidade de movimentos para a 'listaTreino'. Os nove tipos de movimentos são distribuídos igualmente entre as listas.

Tabela 21 – Divisão dos movimentos do voluntário 3.

	Movimentos para 25%	Movimentos para 50%	Movimentos para 75%
'listaTreino'	63	126	189
'listaTeste'	189	126	63

A taxa de acerto para cada caracterização se encontram na Tabela 22.

Tabela 22 – Taxa de acerto para os movimentos do voluntário 3.

Movimento	Treino 25%	Treino 50%	Treino 75%	Média
Contração da Mão	28.8%	35.7%	42.9%	35.8%
Extensão do Punho	47.6%	35.7%	57.1%	46.8%
Flexão do Antebraço	42.9%	50%	42.9%	45.2%
Flexão do Punho	52.4%	57.1%	14.3%	41.2%
Rotação do Antebraço	42.9%	64.3%	42.9%	50%
Rotação/Flexão do Antebraço	33.3%	71.4%	42.9%	49.2%
Rotação do Antebraço e Contração da Mão	23.8%	42.9%	42.9%	36.5%
Extensão e Flexão do Punho	47.6%	78.6%	71.4%	65.8%
Contração da Mão e Flexão do Antebraço	47.6%	64.3%	71.4%	61.6%
Média	40.7%	55.6%	47.6%	47.9%

A caracterização para esse voluntário apresentou uma baixa taxa de acerto geral, os movimentos com a menor taxa são 'Contração da Mão', 'Rotação do Antebraço e Contração da Mão' e a 'Flexão do Punho'.

Os cromossomos do melhor indivíduo de cada divisão de treinamento são mostrados

na Tabela 23. Onde cada linha significa uma posição do cromossomo. Os itens 'não usados' são, a terceira camada oculta e o canal de aquisição 5. Os itens tracejados não foram usados no cromossomo em particular.

Tabela 23 – Cromossomos encontrados para os três conjuntos de treinamento do voluntário 3.

	Treino 25%	Treino 50%	Treino 75%
Linha de Preprocessamento	Segmentação MVC	Segmentação MVC	Segmentação MVC
Camadas	Duas Camadas	Uma Camada	Duas Camadas
Neurônios na Camada 1	22	48	19
Neurônios na Camada 2	24	_____	48
(não usado)	(não usado)	(não usado)	(não usado)
Bíceps Braquial	_____	Canal 0	Canal 0
Flexor Radial do Carpo	Canal 1	Canal 1	Canal 1
Flexor Ulnar do Carpo	Canal 2	Canal 2	Canal 2
Extensor dos Dedos	_____	_____	Canal 3
Pronador Redondo	Canal 4	_____	Canal 4
(não usado)	(não usado)	(não usado)	(não usado)
Palmar Longo da Mão	Canal 6	Canal 6	Canal 6
Extensor Ulnar do Carpo	_____	_____	Canal 7
Divisão do RMS	Três Partes	Três Partes	Duas Partes
Variância	_____	Variância	_____

A linha de pré-processamento usado por todos os cromossomos foi a segmentação por MVC.

A configuração que usou uma camada oculta obteve o melhor resultado, essa camada oculta usa uma grande quantidade de neurônios.

A solução com melhor resultado usou apenas quatro canais. Foi a primeira vez que um cromossomo usou todos os canais disponíveis, ainda assim ficou com uma taxa de acerto inferior ao treinamento de 50% .

A variância e o RMS dividido em três partes foram usados na solução que apresentou o melhor resultado.

4.3.1 Matriz de Confusão do Voluntário 3 com 50% dos Movimentos Treinados

As taxas de acerto para 'listaTeste' são mostradas na Figura 33, onde foi alcançado uma média de 55.6% de acertos. Os movimentos com os piores resultados foram, os movimentos 1 e 2 com 37.5% de acerto cada e o movimento 7 com 42.9% de acerto. Esses movimentos foram confundidos com diferentes tipos de movimentos. Com exceção do movimento 2, Extensão do Punho, que foi confundido três vezes com o movimento 1, Contração da Mão.

Figura 33 – Matriz de confusão voluntário 3 com 50% dos movimentos treinados.

Output Class	1	2	3	4	5	6	7	8	9	Accuracy
1	5 4.0%	3 2.4%	0 0.0%	0 0.0%	1 0.8%	1 0.8%	1 0.8%	0 0.0%	1 0.8%	41.7% 58.3%
2	0 0.0%	5 4.0%	1 0.8%	0 0.0%	0 0.0%	1 0.8%	0 0.0%	0 0.0%	1 0.8%	62.5% 37.5%
3	1 0.8%	2 1.6%	7 5.6%	1 0.8%	1 0.8%	0 0.0%	0 0.0%	1 0.8%	0 0.0%	53.8% 46.2%
4	2 1.6%	2 1.6%	1 0.8%	8 6.3%	2 1.6%	0 0.0%	2 1.6%	1 0.8%	0 0.0%	44.4% 55.6%
5	1 0.8%	0 0.0%	1 0.8%	3 2.4%	9 7.1%	0 0.0%	1 0.8%	1 0.8%	1 0.8%	52.9% 47.1%
6	1 0.8%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	10 7.9%	1 0.8%	0 0.0%	1 0.8%	76.9% 23.1%
7	1 0.8%	1 0.8%	2 1.6%	0 0.0%	1 0.8%	0 0.0%	6 4.8%	0 0.0%	1 0.8%	50.0% 50.0%
8	2 1.6%	1 0.8%	2 1.6%	1 0.8%	0 0.0%	1 0.8%	1 0.8%	11 8.7%	0 0.0%	57.9% 42.1%
9	1 0.8%	0 0.0%	0 0.0%	1 0.8%	0 0.0%	1 0.8%	2 1.6%	0 0.0%	9 7.1%	64.3% 35.7%
	35.7% 64.3%	35.7% 64.3%	50.0% 50.0%	57.1% 42.9%	64.3% 35.7%	71.4% 28.6%	42.9% 57.1%	78.6% 21.4%	64.3% 35.7%	55.6% 44.4%
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
	Target Class									

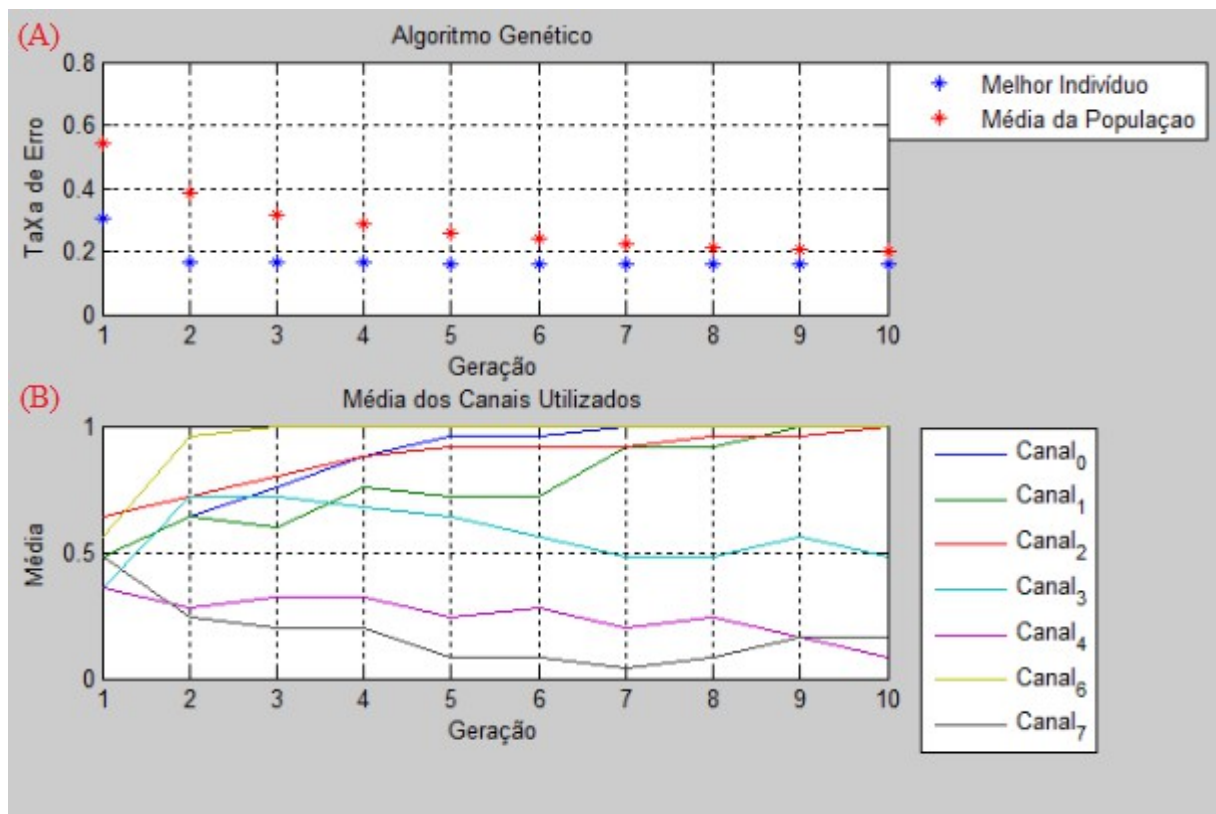
Embora esse cromossomo tenha usado características parecidas com o voluntário 1, como a linha de pré-processamento, as características extraídas, e a estrutura da RN, esse voluntário

apresento baixa taxa de acerto. É possível notar que todos os testes dos voluntários anteriores apresentaram uma boa taxa de acerto para os movimentos 1 e 2.

4.3.2 Evolução dos Genes do Voluntário 3 com 50% dos Movimentos Treinados

Nas curvas (A) da Figura 34 são mostrados o *fitness* do melhor indivíduo e a média da população de cada geração. O AG começa com alta taxa de erro para o melhor indivíduo, cerca de 30%, e teve apenas um decaimento na segunda geração, onde se manteve durante as 10 gerações. A média da população apresentou uma taxa de erro acima de 50%, no início.

Figura 34 – Evolução do *fitness* dos canais do voluntário 3 com 50% dos movimentos treinados.



Embora não haja grande mudança no *fitness*, as curvas (B) da Figura 34, mostram que os canais 0, 1, 2, e 6 tiveram sua taxa de uso aumentada nas primeiras gerações. Outro dado que deve ser avaliado com atenção é o fato que o Canal 7 teve baixo uso, o que não aconteceu com os outros voluntários. Essa diferença entre o resultados dos voluntários pode ter vindo da segunda geração do AG em que o melhor indivíduo, que possui canais 0, 1, 2 e 6, teve maior

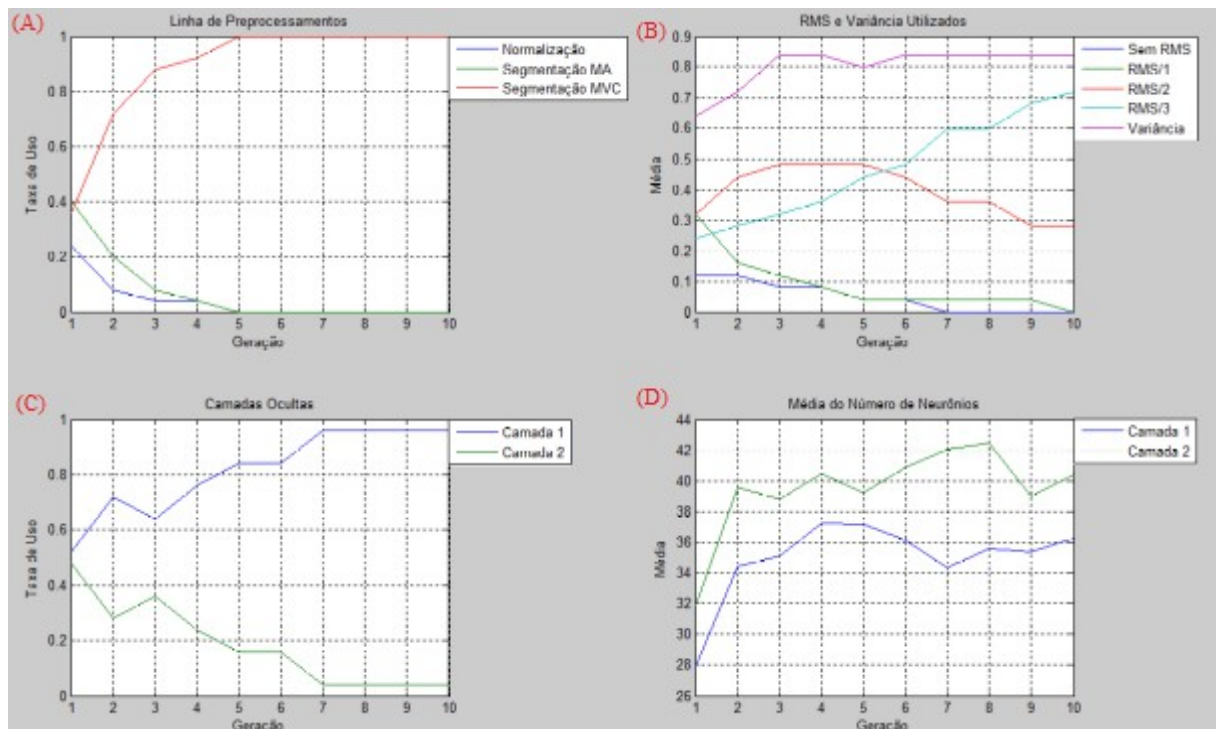
chance de passar seus genes, devido a roleta. Para testar a hipótese que o Canal 7 influencia positivamente, o gene responsável pelo Canal 7 foi ativado e testado.

Foi repetido três vezes o treinamento com o Canal 7 ativado no cromossomo, e todos os resultados foram piores que o cromossomo determinado pelo AG. Se conclui que esse canal, que possui informação valiosa para a caracterização do SME, teve problemas para esse voluntário.

Na Figura 35, as curvas (A) mostram que a Segmentação por MVC atribui grande capacidade de caracterização dos movimentos, com 100% de uso. O RMS dividido em três partes tem alta taxa de uso assim como a variância que ficou acima de 80%. Todos esses dados estão presentes no cromossomo do melhor indivíduo.

A estrutura da RN mostra uma boa resposta apenas para a RN de uma camada oculta, com uma média próxima de 36 neurônios nessa camada.

Figura 35 – Evolução das configurações de entrada e estrutura da RN do voluntário 3 com 50% dos movimentos treinados.



4.4 Voluntário 4

O voluntário 4 realizou um ensaio, totalizando 216 movimentos. A caracterização dos movimentos foi feita três vezes para o ensaio do voluntário, cada uma das caracterizações com uma divisão para as listas 'listaTreino' e 'listaTeste'. Essa divisão se encontra na Tabela 24, onde a porcentagem indica a quantidade de movimentos para a 'listaTreino'. Os nove tipos de movimentos são distribuídos igualmente entre as listas.

Tabela 24 – Divisão dos movimentos do voluntário 4.

	Movimentos para 25%	Movimentos para 50%	Movimentos para 75%
'listaTreino'	54	108	162
'listaTeste'	162	108	54

A taxa de acerto para cada caracterização se encontram na Tabela 25.

Tabela 25 – Taxa de acerto para os movimentos do voluntário.

Movimento	Treino 25%	Treino 50%	Treino 75%	Média
Contração da Mão	83.3%	75%	66.7%	75%
Extensão do Punho	72.2%	66.7%	66.7%	68.5%
Flexão do Antebraço	61.1%	75%	33.3%	56.4%
Flexão do Punho	61.1%	91.7%	100%	84.2%
Rotação do Antebraço	66.7%	41.7%	50%	52.8%
Rotação/Flexão do Antebraço	33.3%	58.3%	50%	47.2%
Rotação do Antebraço e Contração da Mão	50%	75%	66.7%	63.9%
Extensão e Flexão do Punho	66.7%	75%	83.3%	75%
Contração da Mão e Flexão do Antebraço	94.4%	91.7%	83.3%	89.8%
Média	65.4%	72.2%	66.7%	68.1%

Na média, as piores taxas de acerto dos movimentos foram, a 'Flexão do Antebraço' e a 'Rotação do Antebraço' e 'Rotação do Antebraço e Contração da Mão'.

Os cromossomos do melhor indivíduo de cada divisão de treinamento são mostrados na Tabela 26. Onde cada linha significa uma posição do cromossomo. Os itens 'não usados'

são, a terceira camada oculta e o canal de aquisição 5. Os itens tracejados não foram usados no cromossomo em particular.

Tabela 26 – Cromossomos encontrados para os três conjuntos de treinamento do voluntário 4.

	Treino 25%	Treino 50%	Treino 75%
Linha de Preprocessamento	Segmentação MVC	Normalização	Segmentação MVC
Camadas	Uma Camada	Duas Camadas	Duas Camadas
Neurônios na Camada 1	53	46	22
Neurônios na Camada 2	_____	48	18
(não usado)	(não usado)	(não usado)	(não usado)
Bíceps Braquial	Canal 0	Canal 0	Canal 0
Flexor Radial do Carpo	Canal 1	Canal 1	Canal 1
Flexor Ulnar do Carpo	Canal 2	_____	Canal 2
Extensor dos Dedos	Canal 3	Canal 3	Canal 3
Pronador Redondo	_____	_____	Canal 4
(não usado)	(não usado)	(não usado)	(não usado)
Palmar Longo da Mão	Canal 6	Canal 6	Canal 6
Extensor Ulnar do Carpo	Canal 7	Canal 7	Canal 7
Divisão do RMS	Três Partes	Três Partes	Três Partes
Variância	Variância	Variância	Variância

Pela primeira vez a Normalização foi usada como linha de pré-processamento, e teve resultado melhor do que o cromossomo que usa a linha de segmentação por MVC.

A melhor solução usou uma configuração com duas camadas. A primeira e a segunda camada oculta possuíram alta taxa de neurônios, com 46 e 48 respectivamente.

O cromossomo da melhor solução usou cinco canais e apresentou melhor solução que o indivíduo com os sete canais em uso.

O RMS dividido em três partes forneceu bastante informação, assim como a variância, pois estavam presentes em todos os três cromossomos.

4.4.1 Matriz de Confusão do Voluntário 4 com 50% dos Movimentos Treinados

As taxas de acerto para 'listaTeste' são mostradas na Figura 36, onde foi alcançado uma média de 72.2% de acertos. Os movimentos com os piores resultados foram, o movimento 5 com 41.7% de acerto, movimento 6 com 58.3% de acerto e movimento 2 com 66.7% de acerto. Esses movimentos foram confundidos com diferentes tipos de movimentos. Com exceção do movimento 5, Rotação do Antebraço, e o movimento 6, Rotação/Flexão do Antebraço, que foram confundidos um com o outro.

Foi testada a hipótese de usar uma camada oculta para caracterizar os movimentos, uma vez que isso evita o *overfitting*. A configuração com uma camada foi executada três vezes, onde o melhor resultado da RN da hipótese chegou a um desempenho igual ao encontrado pelo AG. Isso mostra que o AG realmente tem um bom direcionamento para uma boa solução.

Figura 36 – Matriz de confusão voluntário 4 com 50% dos movimentos treinados.

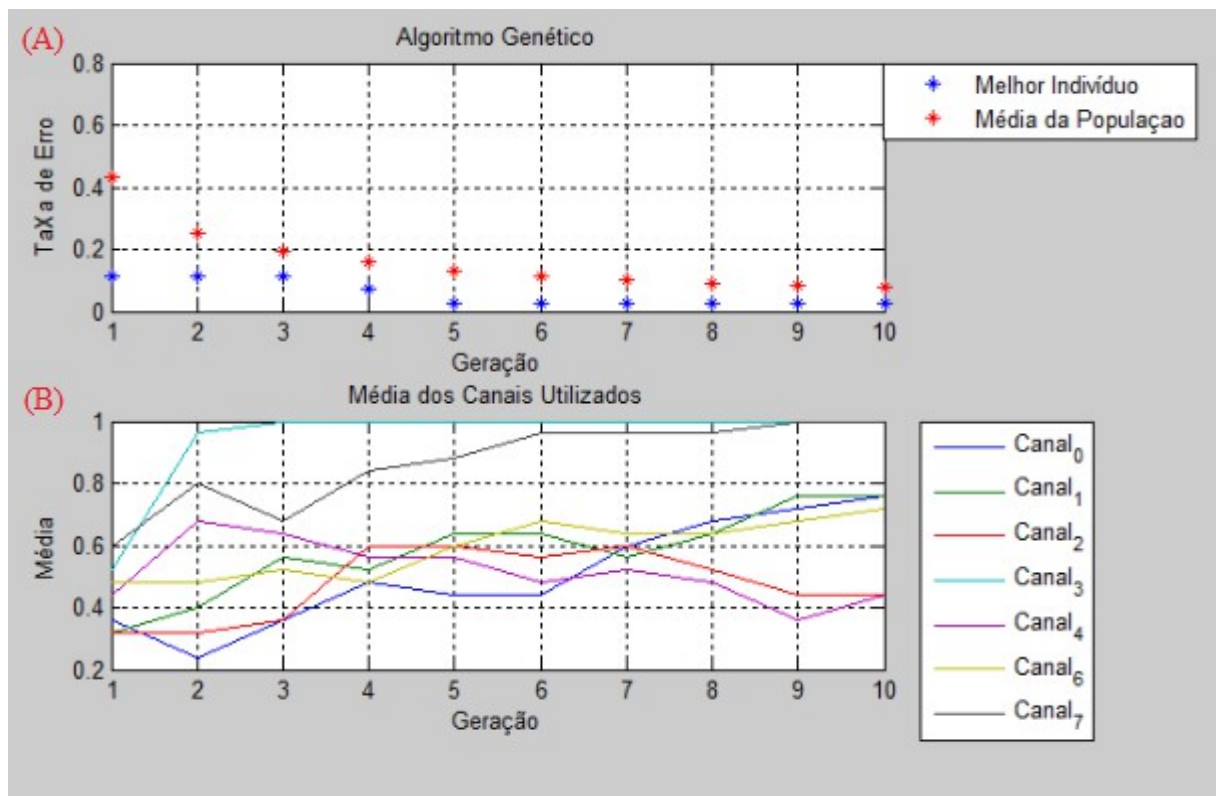
Confusion Matrix										
Output Class	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
1	9 8.3%	1 0.9%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	1 0.9%	0 0.0%	1 0.9%	75.0% 25.0%
2	0 0.0%	8 7.4%	0 0.0%	0 0.0%	1 0.9%	1 0.9%	0 0.0%	1 0.9%	0 0.0%	72.7% 27.3%
3	0 0.0%	1 0.9%	9 8.3%	1 0.9%	2 1.9%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	69.2% 30.8%
4	0 0.0%	1 0.9%	0 0.0%	11 10.2%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	2 1.9%	0 0.0%	78.6% 21.4%
5	0 0.0%	0 0.0%	3 2.8%	0 0.0%	5 4.6%	4 3.7%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	41.7% 58.3%
6	0 0.0%	1 0.9%	0 0.0%	0 0.0%	3 2.8%	7 6.5%	1 0.9%	0 0.0%	0 0.0%	58.3% 41.7%
7	2 1.9%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	1 0.9%	0 0.0%	9 8.3%	0 0.0%	0 0.0%	75.0% 25.0%
8	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	9 8.3%	0 0.0%	100% 0.0%
9	1 0.9%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	1 0.9%	0 0.0%	11 10.2%	84.6% 15.4%
	75.0% 25.0%	66.7% 33.3%	75.0% 25.0%	91.7% 8.3%	41.7% 58.3%	58.3% 41.7%	75.0% 25.0%	75.0% 25.0%	91.7% 8.3%	72.2% 27.8%
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
	Target Class									

4.4.2 Evolução dos Genes do Voluntário 4 com 50% dos Movimentos Treinados

Nas curvas (A) da Figura 37 são mostrados o *fitness* do melhor indivíduo e a média da população de cada geração. O AG começa com uma pequena taxa de erro e diminui ainda mais na quinta geração, para o melhor indivíduo. A média da população apresentou uma taxa de erro inicial acima de 40%.

Nas curvas (B) da Figura 37, é notável a diferença dessa solução, em comparação com as soluções dos voluntários anteriores, pois a curva do Canal 3 apresenta um rápido crescimento que, a partir da terceira geração, alcança o 100% de uso. O Canal 0, foi usado para o melhor indivíduo e apresentou um uso acima de 60%, ainda assim esse canal costuma ter uma taxa maior de uso.

Figura 37 – Evolução do fitness dos canais do voluntário 4 com 50% dos movimentos treinados.

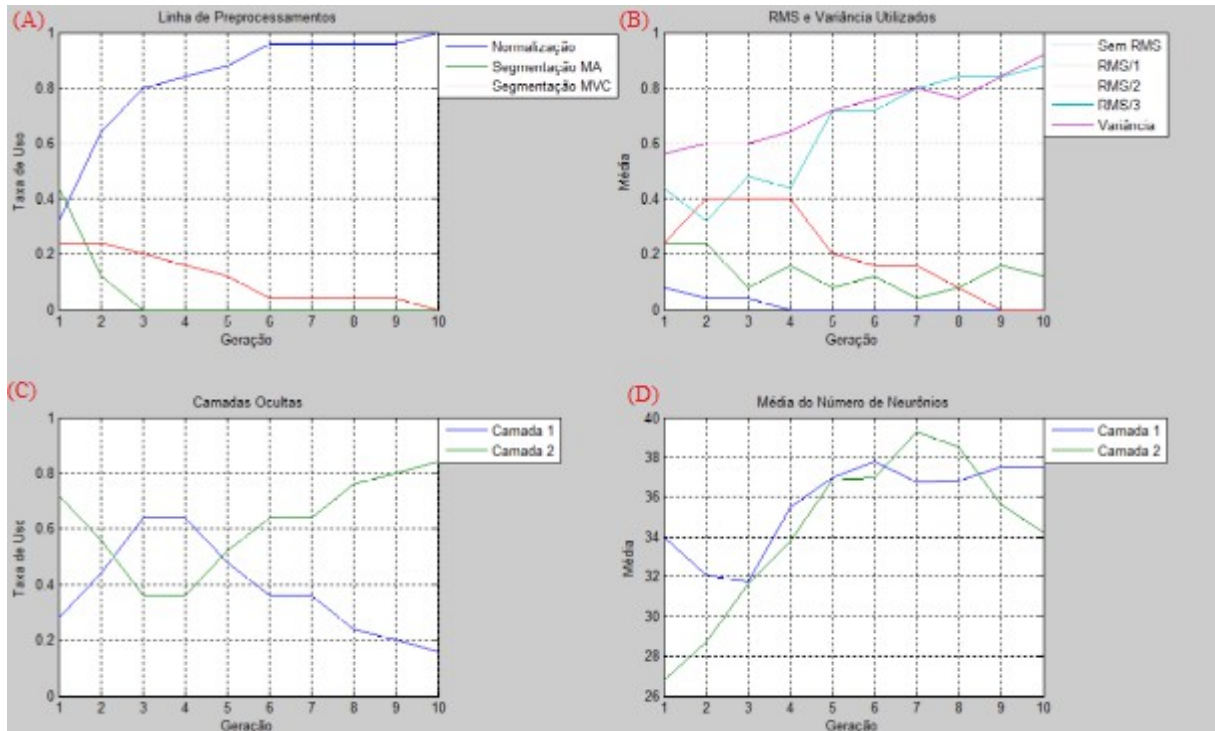


Na Figura 38, as curvas (A) mostram que a linha de Normalização atribui grande capacidade de caracterização dos movimentos, com 100% de uso na última geração. O RMS dividido em três partes tem alta taxa de uso assim como a variância que ficou acima de 80%. Todos esses dados estão presentes no cromossomo do melhor indivíduo.

A estrutura da RN mostra uma boa resposta apenas para a RN de duas camadas

ocultas, e as curvas (D) também apontam para uma alta taxa de neurônios em cada camada, com uma média próxima a 37 na primeira camada e 34 na segunda camada oculta.

Figura 38 – Evolução das configurações de entrada e estrutura da RN do voluntário 4 com 50% dos movimentos treinados.



4.5 Voluntário 5

O voluntário 5 realizou um ensaio, totalizando 126 movimentos. A caracterização dos movimentos foi feita três vezes para o ensaio do voluntário, cada uma das caracterizações com uma divisão para as listas 'listaTreino' e 'listaTeste'. Essa divisão se encontra na Tabela 27, onde a porcentagem indica a quantidade de movimentos para a 'listaTreino'. Os nove tipos de movimentos são distribuídos igualmente entre as listas. A divisão de 75% e 25% foi aproximada para que houvesse o mesmo número de cada tipo de movimento .

Tabela 27 – Divisão dos movimentos do voluntário 5.

	Movimentos para 25%	Movimentos para 50%	Movimentos para 75%
'listaTreino'	36	63	99
'listaTeste'	90	63	27

A taxa de acerto para cada caracterização se encontram na Tabela 28.

Tabela 28 – Taxa de acerto para os movimentos do voluntário 5.

Movimento	Treino 25%	Treino 50%	Treino 75%	Média
Contração da Mão	50%	57.1%	66.7%	57.9%
Extensão do Punho	90%	85.7%	100%	91.9%
Flexão do Antebraço	70%	57.1%	33.3%	53.4%
Flexão do Punho	70%	71.4%	100%	80.4%
Rotação do Antebraço	50%	42.9%	66.7%	53.2%
Rotação/Flexão do Antebraço	50%	85.7%	66.7%	67.4%
Rotação do Antebraço e Contração da Mão	70%	57.1%	66.7%	64.6%
Extensão e Flexão do Punho	80%	71.4%	100%	83.8%
Contração da Mão e Flexão do Antebraço	60%	71.4%	100%	77.1%
Média	65.6%	66.7%	77.8%	70%

Na média, as piores taxas de acerto dos movimentos foram, a 'Rotação do Antebraço', a 'Flexão do Antebraço' e a 'Contração da Mão'.

Os cromossomos do melhor indivíduo de cada divisão de treinamento são mostrados na Tabela 29. Onde cada linha significa uma posição do cromossomo. Os itens 'não usados' são, a terceira camada oculta e o canal de aquisição 5. Os itens tracejados não foram usados no cromossomo em particular.

Tabela 29 – Cromossomos encontrados para os três conjuntos de treinamento do voluntário 5.

	Treino 25%	Treino 50%	Treino 75%
Linha de Preprocessamento	Segmentação MVC	Normalização	Normalização
Camadas	Uma Camada	Uma Camada	Duas Camadas
Neurônios na Camada 1	14	26	31
Neurônios na Camada 2	_____	_____	37
(não usado)	(não usado)	(não usado)	(não usado)
Bíceps Braquial	Canal 0	Canal 0	Canal 0
Flexor Radial do Carpo	_____	_____	_____
Flexor Ulnar do Carpo	Canal 2	Canal 2	Canal 2
Extensor dos Dedos	Canal 3	_____	Canal 3
Pronador Redondo	Canal 4	Canal 4	_____
(não usado)	(não usado)	(não usado)	(não usado)
Palmar Longo da Mão	Canal 6	_____	Canal 6
Extensor Ulnar do Carpo	Canal 7	Canal 7	_____
Divisão do RMS	Três Partes	Três Partes	Duas Partes
Variância	Variância	_____	_____

A linha de pré-processamento Normalização foi utilizado por dois cromossomos, os dois que obtiveram os melhores resultados.

O indivíduo que usou duas camadas ocultas teve melhor resultado. Além disso, o número de neurônios nas camadas ocultas desse indivíduo são maiores em comparação com os outros indivíduos. Os canais em comum para os três cromossomos foi o Canal 0 e o Canal 2. O Canal 7 não foi usado no indivíduo com o melhor desempenho.

O RMS forneceu bastante informação, pois foi usado em todos os casos. A divisão do RMS em duas partes obteve o melhor resultado. A variância foi presente apenas no cromossomo com o menor índice de acerto.

4.5.1 Matriz de Confusão do Voluntário 5 com 50% dos Movimentos Treinados

As taxas de acerto para 'listaTeste' são mostradas na Figura 39. A taxa de acerto dos movimentos pode ser visto na ultima linha, sendo que os piores resultados foram o movimento 5 com 42.9% de acerto e os movimentos 1, 3, e 7 com 57.1% de acerto cada. Os movimentos foram confundidos com outros movimentos, de uma até duas vezes, com exceção do movimento 5, 'Rotação do Antebraço', que foi confundido três vezes com o movimento 7, 'Rotação do Antebraço e Contração da Mão'.

O Canal 1, 'Flexor Radial do Carpo' não foi ativado em nenhum dos cromossomos, esse músculo é um dos responsáveis pela contração da mão. Como é possível notar na primeira linha e ultima coluna da matriz de confusão, a contração da mão foi muitas vezes indicada (36.4%) quando o movimento de fato não ocorreu.

Figura 39 – Matriz de confusão voluntário 5 com 50% dos movimentos treinados.

1	4 6.3%	1 1.6%	2 3.2%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	2 3.2%	0 0.0%	2 3.2%	36.4%
2	0 0.0%	6 9.5%	0 0.0%	1 1.6%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	85.7%
3	0 0.0%	0 0.0%	4 6.3%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	100%
4	1 1.6%	0 0.0%	0 0.0%	5 7.9%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	1 1.6%	0 0.0%	71.4%
5	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	1 1.6%	3 4.8%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	75.0%
6	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	1 1.6%	6 9.5%	0 0.0%	1 1.6%	0 0.0%	75.0%
7	0 0.0%	0 0.0%	1 1.6%	0 0.0%	3 4.8%	0 0.0%	4 6.3%	0 0.0%	0 0.0%	50.0%
8	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	1 1.6%	0 0.0%	5 7.9%	0 0.0%	83.3%
9	2 3.2%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	0 0.0%	1 1.6%	0 0.0%	5 7.9%	62.5%
	57.1%	85.7%	57.1%	71.4%	42.9%	85.7%	57.1%	71.4%	71.4%	66.7%
	42.9%	14.3%	42.9%	28.6%	57.1%	14.3%	42.9%	28.6%	28.6%	33.3%
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	

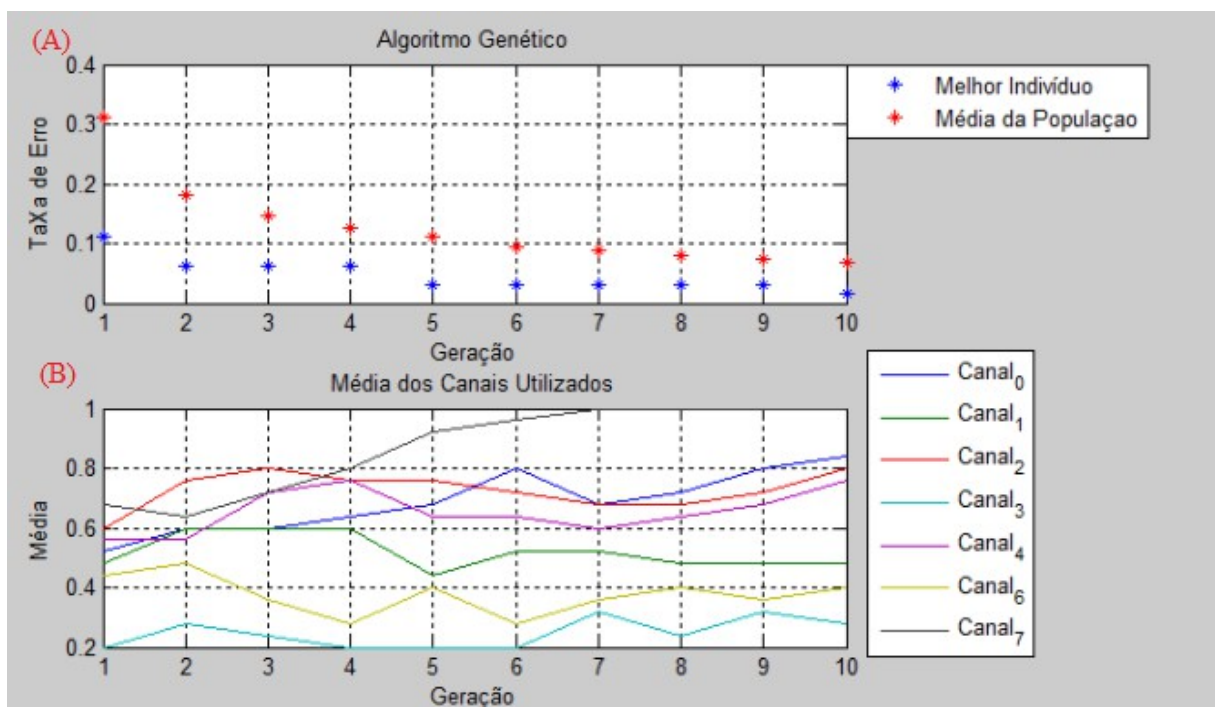
Foi pensado na ideia de ativar o Canal 1 para gerar uma informação melhor sobre o movimento. A RN foi treinada do mesmo jeito que o AG a treinou, exceto pela ativação do gene do Canal 1. O treino foi repetido quatro vezes, nas três primeiras vezes o resultado foi inferior, porém na quarta vez, o acerto médio foi de 74,6%. A RN treinada pelo AG possui um *fitness* de 0.0159 enquanto a RN com o Canal 1 ativado possui um *fitness* de 0.1111, ou seja, aparentemente a RN treinada pelo AG tem um desempenho melhor. A diferença foi que quando o treino foi feito manualmente, o resultado foi comparado com a 'listaTeste' todas as quatro vezes, o que não era possível para a RN treinada pelo AG. Se conclui que o número de movimentos usados na avaliação tem grande impacto e a amostragem deve ser grande.

4.5.2 Evolução dos Genes do Voluntário 5 com 50% dos Movimentos Treinados

Nas curvas (A) da Figura 40 são mostrados o *fitness* do melhor indivíduo e a média da população de cada geração. O AG começou com baixa taxa de erro para o melhor indivíduo e continua melhorando o desempenho conforme as gerações se sucedem. A média da população começa com uma taxa de erros acima de 30%, e continua melhorando até a última geração.

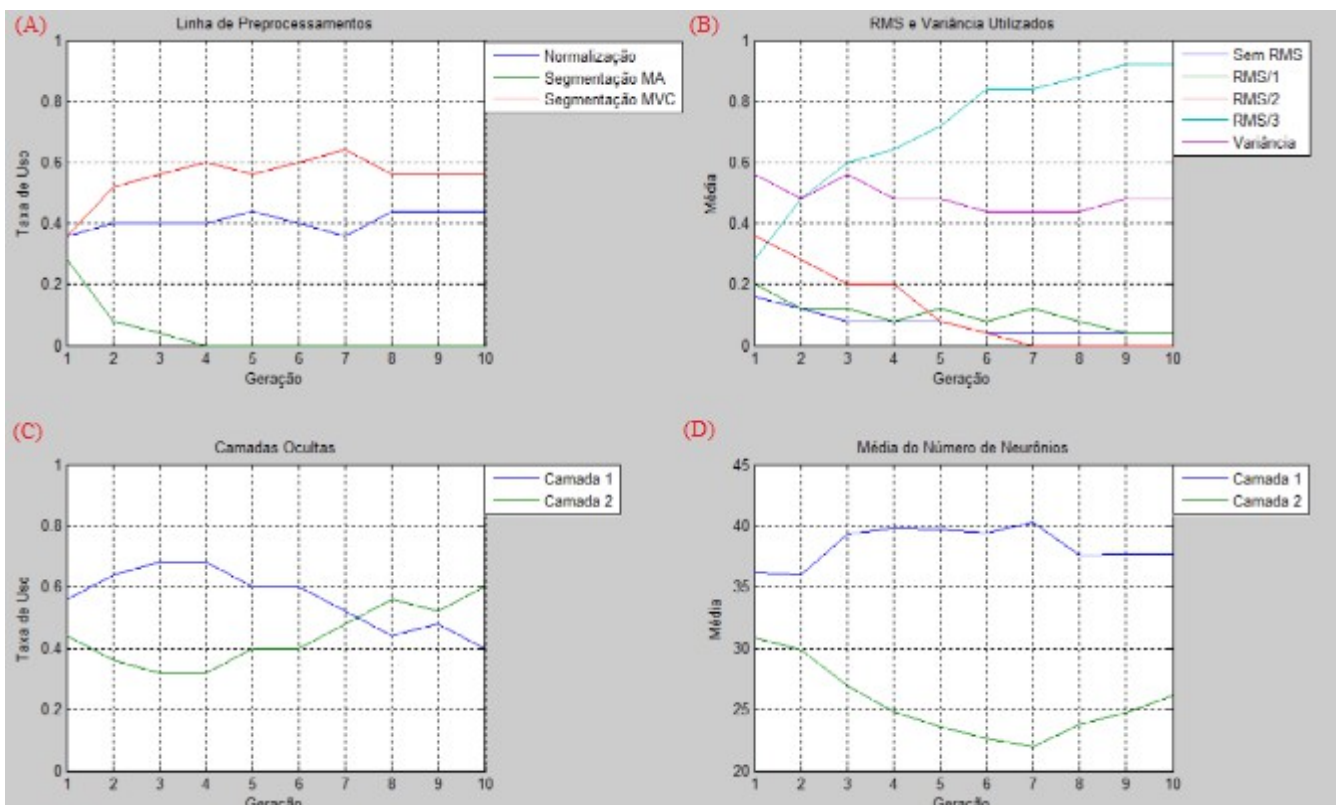
Nas curvas (B) da Figura 40 é notável a importância do Canal 7, pois todos os indivíduos da sétima geração o usa. O Canal 1 da hipótese fica com a média de uso por volta de 50%.

Figura 40 – Evolução do fitness dos canais do voluntário 5 com 50% dos movimentos treinados.



Na Figura 41, as curvas (A) das linhas de préprocessamento mostram que, embora a Normalização faça parte do melhor indivíduo, a linha de segmentação por MVC também fornece informação para a caracterização dos movimentos. O RMS dividido em três partes é usado acima de 90% dos casos. A variância tem um uso por volta de 50%, mas não faz parte do cromossomo do melhor indivíduo. O cromossomo do melhor indivíduo para o treino com 50% do movimentos usou apenas uma camada, porem a evolução mostra que a taxa de uso de duas camadas aumentou nas últimas gerações, assim como o número de neurônios na segunda camada.

Figura 41 – Evolução das configurações de entrada e estrutura da RN do voluntário 5 com 50% dos movimentos treinados.



4.6 Comparação dos Resultados com Outros Estudos

Afim de avaliar a qualidade do trabalho, foi buscado os resultados de trabalhos similares a esse. Através da seção de comparação de resultados do trabalho de (NILSON, 2014) foi criada a Tabela 30 que permite uma visão geral de cada trabalho e expõe a taxa de acertos.

Tabela 30 – Comparação do Resultados.

Autores	Favieiro (2012)	Bermudez (2013)	Nilson (2014)
Técnica de classificação	neuro-fuzzy	Rede Neural	SVM
Canais de entrada	8	8	2 e 8
Número de movimentos	12	9	9
Característica extraída	RMS	RMS, média, variância, desvio padrão, skewness e kurtosis	RMS, média, variância, desvio padrão, skewness e kurtosis
Taxa de acerto	65%	63%	83.2% (2 canais) e 91.3% (8 canais)

O estudo proposto nesse trabalho usou de forma híbrida RN e AG, para se classificar 9 movimentos distintos, utilizando variância e RMS como características extraídas do SME. O número de canais utilizados varia de um até sete canais. Foi feito um estudo da taxa de acerto em relação ao percentual dos movimentos utilizados no treinamento da RN e evolução do AG. A média de acerto dos voluntários com 25% dos movimentos treinados foi de 67.4%, para 50% dos movimentos treinados foi de 72.9% e para 75% dos movimentos treinados foi de 75%.

5 CONCLUSÃO

A caracterização dos sinais mioelétricos, provenientes do segmento mão/braço, através de redes neurais em conjunto com o algoritmo genético mostrou bons resultados com uma média de acerto de 71.7% para todos os testes sobre os voluntários. Considerando apenas o melhor resultado de cada voluntário, a média de acerto sobe para 77.7%. Entre todos os resultados, a maior taxa de acerto foi de 93.8% onde foi usado 75% dos dados para o treinamento da RN e evolução do AG.

Três dos cinco voluntários apresentaram o melhor resultado com o treinamento de 75% do movimentos, os outros dois melhores resultados foram para o treinamento de 50%. Fica claro que a quantidade de movimentos usados para o treinamento da RN e evolução AG tem grande impacto na qualidade da solução final, pois o resultado do treinamento da RN tem alta influência durante seleção dos melhores indivíduos do AG. Um exemplo disso foi visto na seção 4.5.1, onde a RN, mesmo sem generalizar corretamente, transmitiu um bom *fitness*, pois teve um bom resultado apenas para os movimentos disponíveis no treinamento.

O sistema além de se mostrar um bom caracterizador dos movimentos, também pode ser usado como um indicador dos parâmetros mais relevantes. E dessa forma dirigindo o pesquisador a adotar os melhores recursos para caracterizar os movimentos. Por exemplo usar a segmentação por MVC para caracterizar o SME.

Foi possível notar que, embora a média do uso dos canais na geração inicial seja por volta de 50%, as gerações seguintes tendem a aumentar essa taxa, porém na maioria das vezes, sem chegar ao 100% dos canais utilizados, indicando que não existe uma forte relação entre número de canais e a taxa de acerto.

O movimento simples, 'Rotação do Antebraço', foi confundido muitas vezes com os movimentos complexos 'Rotação/Flexão do Antebraço' e 'Rotação do Antebraço e Contração da Mão'. O que indica a necessidade de focar nos músculos que compõe a outra parte dos movimentos complexos.

A linha de pré-processamento mais presente nas melhores soluções de cada voluntário foi a segmentação com MVC, as melhores RN foram as que adotaram duas camadas ocultas, os canais mais presentes foram, o Canal 0, 'Bíceps Braquial', o Canal 2 'Flexor Ulnar do Carpo' e o Canal 6, 'Palmar Longo da Mão', e a característica extraída mais utilizada pelo programa foi o RMS dividido em três partes. Esses resultados podem ser usados para fixar alguns parâmetros dos cromossomos, como os canais 0, 2 e 6, e assim, diminuir o espaço de busca do AG, para uma próxima execução do sistema.

6 PROPOSTAS PARA TRABALHOS FUTUROS

Existem alguns seguimentos que podem ser tomados nos trabalhos futuros, dentre eles estão a geração da própria base de dados, caracterização do sinal mioelétrico de maneira online e caracterização da intensidade dos movimentos.

A geração do próprio banco de dados permite uma visão mais ampla do sistema. Além disso, fica mais fácil de identificar quais músculos devem ser analisados, pois o trabalho atual serve como indicador.

A maneira online de caracterizar o sinal, consiste de classificar esse sinal no mesmo momento em que o voluntário executa os movimentos. Esse procedimento tem algumas diferenças da maneira offline (usada no trabalho atual), principalmente no que diz respeito as técnicas de pré-processamento onde, por exemplo, não é possível predeterminar o começo e fim de cada movimento, como foi feito com a segmentação em relação ao tempo de execução dos movimentos.

Por último, ainda existe a proposta de avaliar a intensidade de cada movimento através da duração do SME quando ocorre um movimento.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA, M. F. **Filtragem Digital de Sinais Biomédicos**. 1997. 116p. Dissertação (Mestrado em Engenharia Elétrica) – Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis.

BARRETO, J. M. **Introdução às redes neurais artificiais**. 2002. 57p. Laboratório de Conexionismo e Ciências Cognitivas, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis.

BASMAJIAN, J.V.; DE LUCA, C.J. **Muscle Alive: Their Functions Revealed by Electromyography**. 5. ed. Baltimore: Williams & Wilkins, 1985.

BELTRAMINI, L. M . **Elementos de Histologia e Anatomo-Fisiologia Humana**. 1. ed. São Carlos: Serviço Gráfico do Instituto de Física de São Carlos - USP, 1997.

BERMUDEZ, R. **Proposta de um Sistema Baseado em Redes Neurais e Wavelets para Caracterização de Movimentos do Segmento Mão-Braço**. 2013. 113p. Dissertação (Mestrado em Engenharia Elétrica) – UFRGS, Porto Alegre.

BERRY, M.J.A; LINOFF, G.S. **Data Mining Techniques for Marketing, Sales and Customer Support**. John Wiley and Sons, 1997.

BLUM, A. **Neural Networks in C++: An Object-Oriented Framework for Building Connectionist Systems**. Wiley, 1992.

BOGER, Z; GUTERMAN, H. Knowledge extraction from artificial neural network models. **IEEE Systems, Man, and Cybernetics Conference**, Orlando, FL, USA, vol.4, p. 3030 – 3035. 1997.

CHRISTODOULOU, C. I. PATTICHIS, C. S. A new technique for the classification and decomposition of EMG signals. **IEEE Int. Conf. on Neural Networks**. v.5, p. 2303.2308. 1995.

DACUNHA, F. **Mão de São Carlos, um Prótese Multifunção para Membros Superiores**. 2002. 259p. Tese (Doutorado em Engenharia Elétrica)– Universidade de São Paulo, São Carlos.

DELSYS INC. **A discussion on Surface Electromyography**. 1996. [capturado:29/11/2014] https://www.delsys.com/Attachments_pdf/WP_SEMGintro.pdf.

FAVIEIRO, G. **Controle de uma Prótese Experimental do Segmento Mão-Braço por Sinais Mioelétricos e Redes Neurais Artificiais**. 2009. 111p. Trabalho de Conclusão – UFRGS, Porto Alegre.

FAVIEIRO, G. **Desenvolvimento de um Sistema neuro-fuzzy para Análise de Sinais Mioelétricos do Segmento Mão-Braço**. 2012. 147p. Dissertação (Mestrado em Engenharia Elétrica) – UFRGS, Porto Alegre.

GOLDBERG, D. **Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning**. Boston: Addison-Wesley Professional. 1. ed. 1989.

GUYTON, A. C. **Fisiologia humana**. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan. 6. ed. 1988.

HAYKIN, S. **Redes Neurais: Princípios e Prática**. Porto Alegre: Bookman. 2 ed. 2001.

HOLLAND, J. H. **Adaptation in Natural and Artificial Systems**. University of Michigan Press. 1.ed. 1975.

HSU, C.-W, CHANG, C.-C. e LIN, C.-J. A Practical Guide to Support Vector Classification. Available at [<http://www.csie.ntu.edu.tw/~cjlin/libsvm>]. 2004. KHATAEE, A. R.; BASIRI, M. B. Artificial neural networks modeling of contaminated water treatment processes by homogeneous and heterogeneous nanocatalysis. **Journal of Molecular Catalysis A: Chemical**, v. 331, n. 2, 2010, [s.n] p. 86-100.

HUDGINS, B.; PARKER, P.; SCOTT, R.N. A Neural Network Classifier for Multifunction Myoelectric Control. **Proc. 13th Inter. Conf. IEEE/EMBS**. Orlando, FL., v.13, p. 1454-1455. 1991.

KARSOLIYA, S. Approximating Number of Hidden layer neurons in Multiple Hidden Layer BPNN Architecture. **International Journal of Engineering Trends and Technology**. V.3. 2012.

KAUR, G.; ARORA, A. S.; JAIN, V. K. 2009. Comparison of the techniques used for segmentation of EMG signals. **In Proceedings of the 11th WSEAS international conference on Mathematical and computational methods in science and engineering**. USA, 124-129. 2009.

KREIFELDT, J.G; YAO, S. A signal-to-noise investigation of nonlinear electromyographic processors. **IEEE Engineering in Medicine and Biology Society**. Medford, v.21, p.298-308. 1974.

KYBERD, P.J. ET AL. A Two Degree of Freedom Hand Prosthesis with Hierarchical Grip Control. **IEEE Trans. Rehabilitation Engineering**. Headington, v.3, p.70-76. 1995.

LOPES, I.F. **Caracterização dos sinais mioelétricos dos movimentos do segmento mão-braço através de regressão logística**. 2014. Trabalho de Conclusão – UFRGS, Porto Alegre.

LUGER, G. **Artificial intelligence: structures and strategies for complex problem solving**. Boston: Pearson Education. 6.ed. 2008.

Marquardt, D. An Algorithm for Least-Squares Estimation of Nonlinear Parameters. **SIAM Journal on Applied Mathematics**. v.11, p. 431-441. 1963.

NILSON, C.P. **Aquisição, Processamento de Sinais Mioelétricos e Máquina de Vetores de Suporte para Caracterização de Movimentos do Segmento Mão-Braço**. 2014. 89p. Dissertação (Mestrado em Engenharia Elétrica) – UFRGS, Porto Alegre, 2014.

ORTOLAN, R. **Estudo e Avaliação de Técnicas de Processamento do Sinal Mioelétrico para o Controle de Sistemas de Reabilitação**. 2002. 133p. Dissertação (Mestrado em Engenharia Elétrica) – Universidade de São Paulo, São Carlos.

PACHECO, M.C. **Algoritmos Genéticos: Princípios e Aplicações**. Laboratório de Inteligência Computacional Aplicada. Pontifícia Universidade Católica do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro. 9p. 1999.

SCOTT, R.N.; PARKER, P.A. Myoelectric Protheses: State of the Art. **Journal of Medical Engineering & Technology**. United Kingdom, v.12, p.143-151. 1988.

TOTORA, G.J. **Corpo Humano: fundamentos de anatomia e fisiologia**. Porto Alegre: Artmed. 4.ed. 2000.

YU, H; WILAMOWSKI, B.M. Levenberg–Marquardt Training. **Neural Networks, IEEE Transactions on**. v.21,p.930-937. 2010.