

PARALELIZAÇÃO DE UM MODELO INTEGRADO DOS SISTEMAS TÉRMICO E RESPIRATÓRIO DO CORPO HUMANO

Alunos: Fernando Fernandes Chaves
 Leandro de Moraes
 Orientador: Prof. Dr. Marco Dimas Gubitoso

1. Introdução e Motivação

A modelagem matemática de sistemas biológicos vem cada vez mais sendo utilizada no estudo dos mecanismos complexos que formam o ser humano. Essa abordagem apresenta vantagens em relação aos métodos experimentais tradicionais, pois pode ser aplicada no estudo de situações onde há riscos à segurança do indivíduo, como despressurização de cabines de avião ou hipotermia em cirurgias cardíacas.

Desde meados do século XX, vários modelos foram desenvolvidos para contemplar os sistemas respiratório e térmico do corpo humano. O modelo de Albuquerque-Neto (2009), um dos poucos a integrar os dois sistemas, vem sendo desenvolvido como tese de doutorado junto à Escola Politécnica da USP.

Uma vez que a implementação original desse modelo visa atingir fidelidade na representação dos aspectos físico-químicos, mas não dá prioridade à eficiência computacional, julgou-se oportuno o desenvolvimento deste trabalho, cujo objetivo é reduzir o tempo da simulação numérica aplicando técnicas de paralelismo e otimização do código seqüencial.

2. O Modelo

O modelo divide o corpo humano em quinze segmentos (cabeça, pescoço, tronco, antebraços, braços, mãos, coxas, pernas e pés) que são constituídos de tecidos (pele, gordura, músculo, osso, cérebro, pulmão, coração e vísceras), estes representados por compartimentos teciduais utilizados no cálculo da transferência de massa, juntamente com compartimentos de transporte de sangue (artérias, veias e capilares). Equações diferenciais são obtidas aplicando balanços de calor e massa aos compartimentos, a discretização sendo feita por método de volumes finitos. No caso dos tecidos e pequenos vasos, a geometria de cada segmento é considerada.

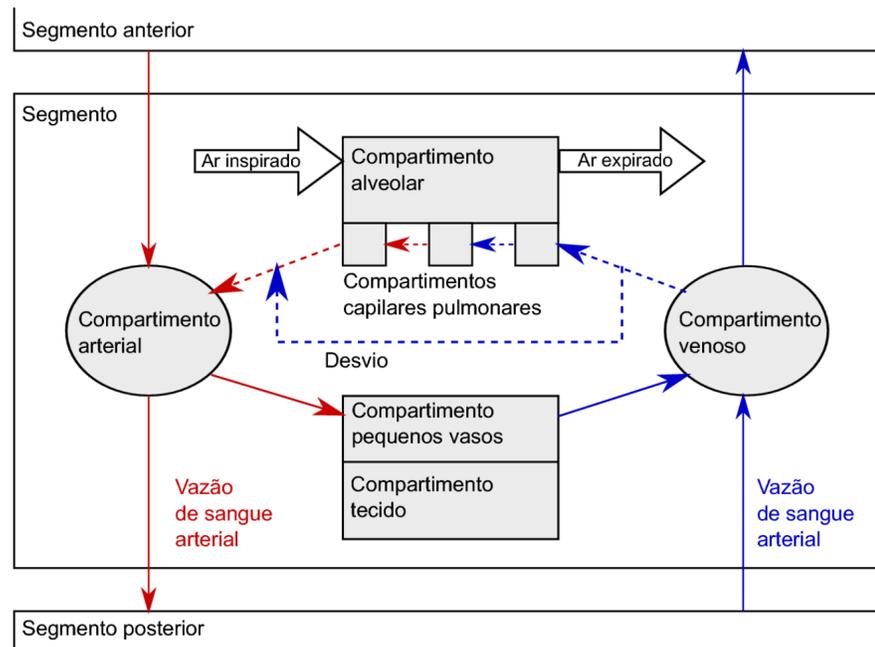


Figura 1: Representação geral de um segmento.

3. Abordagem

Foi realizado um *profiling* no código seqüencial para identificar os trechos de maior volume de cálculo. A partir desse mapeamento, foi possível identificar os segmentos com maior demanda por processamento:

- Tronco, onde acontece a aeração do sangue nos compartimentos alveolares. Foi possível paralelizar o cálculo das trocas de gases entre sangue, capilares e ambiente.
- Pés e mãos, que são segmentos de extremidade onde o cálculo da temperatura nas células converge para um resultado mais lentamente. Nesse caso, tomou-se proveito da geometria retangular dos segmentos na divisão do cálculo para execução em paralelo.

Num nível mais alto, foram criados agrupamentos de segmentos para distribuir de forma mais homogênea os cálculos entre os processadores, minimizando o tempo de sincronização.

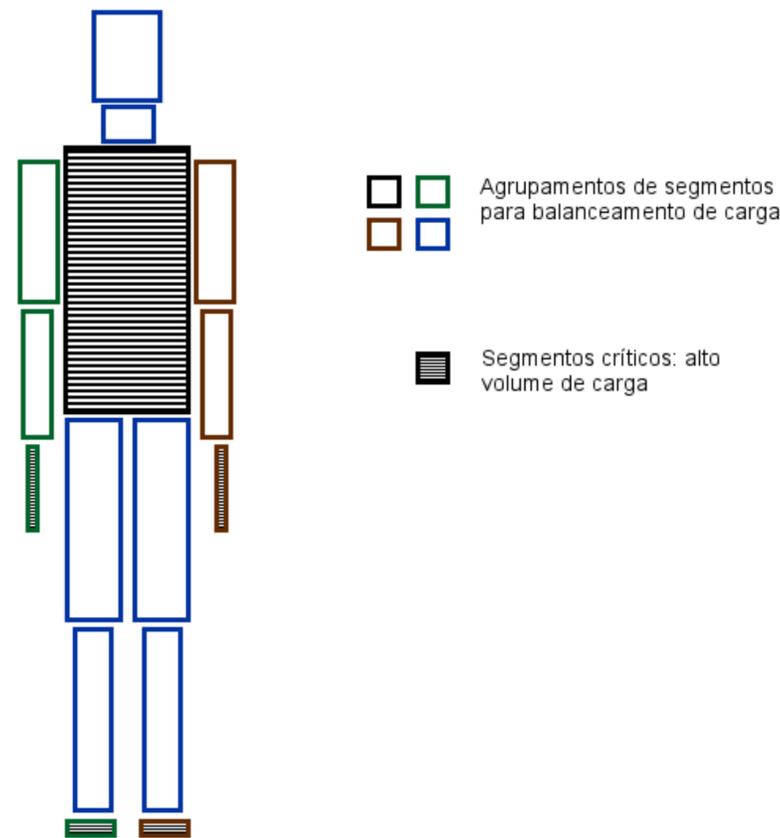


Figura 2: Segmentos críticos e balanceamento de carga.

- Outras otimizações em teste (ainda produzindo perturbações na saída):
 - Aceleração da convergência dos cálculos implícitos das iterações;
 - Diminuição na frequência de cálculos em segmentos cujos valores já convergiram.

4. Resultados

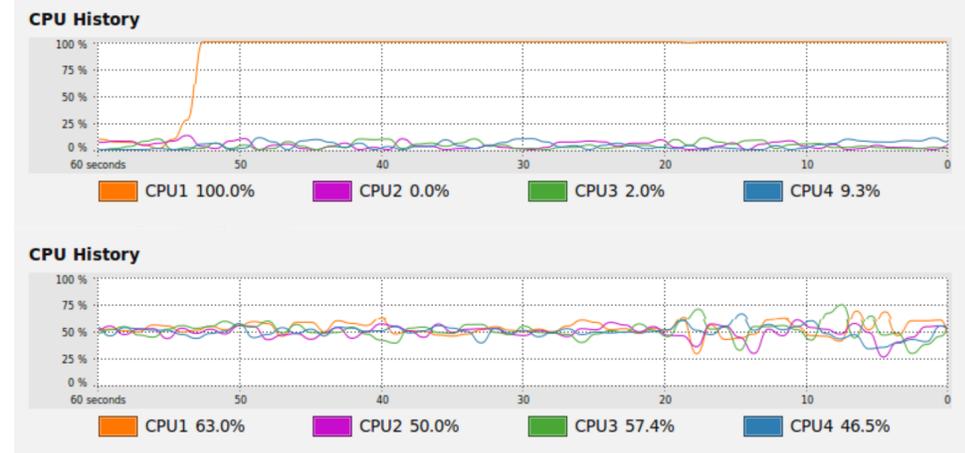


Figura 3: Uso dos processadores com execução seqüencial (em cima) e paralelizada (em baixo).

A paralelização do código da simulação possibilitou uma melhor utilização dos recursos computacionais disponíveis, permitindo assim que a demanda por cálculo fosse melhor distribuída entre os processadores, como pode ser visto na figura 3.

Até o momento, foi possível diminuir o tempo da simulação em 50%.

Outras otimizações estão sendo estudadas e implementadas para ganhar ainda mais performance. O objetivo agora é fazer com que suas implementações mantenham fidelidade à simulação original, não inserindo perturbações ao resultado.

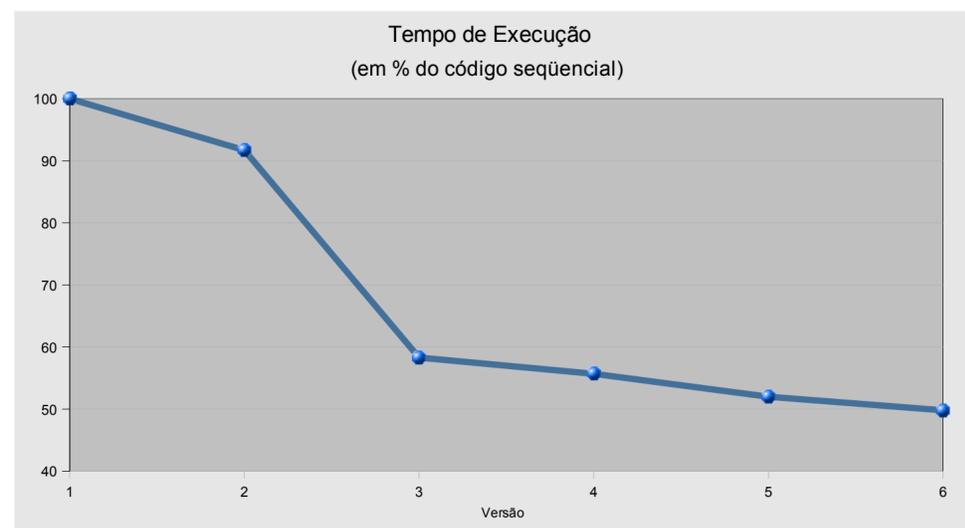


Gráfico 1: Diminuição do tempo de execução a cada nova versão do código.