



**Ernane Rosa Martins
(Organizador)**

Princípios e Aplicações da Computação no Brasil 3

Atena
Editora
Ano 2019

Ernane Rosa Martins
(Organizador)

Princípios e Aplicações da Computação no Brasil 3

Atena Editora
2019

2019 by Atena Editora
Copyright © Atena Editora
Copyright do Texto © 2019 Os Autores
Copyright da Edição © 2019 Atena Editora
Editora Chefe: Profª Drª Antonella Carvalho de Oliveira
Diagramação: Lorena Prestes
Edição de Arte: Lorena Prestes
Revisão: Os Autores



Todo o conteúdo deste livro está licenciado sob uma Licença de Atribuição Creative Commons. Atribuição 4.0 Internacional (CC BY 4.0).

O conteúdo dos artigos e seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva dos autores. Permitido o download da obra e o compartilhamento desde que sejam atribuídos créditos aos autores, mas sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

Conselho Editorial

Ciências Humanas e Sociais Aplicadas

Profª Drª Adriana Demite Stephani – Universidade Federal do Tocantins
Prof. Dr. Álvaro Augusto de Borba Barreto – Universidade Federal de Pelotas
Prof. Dr. Alexandre Jose Schumacher – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso
Prof. Dr. Antonio Carlos Frasson – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Antonio Isidro-Filho – Universidade de Brasília
Prof. Dr. Constantino Ribeiro de Oliveira Junior – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Cristina Gaio – Universidade de Lisboa
Prof. Dr. Deyvison de Lima Oliveira – Universidade Federal de Rondônia
Prof. Dr. Edvaldo Antunes de Faria – Universidade Estácio de Sá
Prof. Dr. Eloi Martins Senhora – Universidade Federal de Roraima
Prof. Dr. Fabiano Tadeu Grazioli – Universidade Regional Integrada do Alto Uruguai e das Missões
Prof. Dr. Gilmei Fleck – Universidade Estadual do Oeste do Paraná
Profª Drª Ivone Goulart Lopes – Istituto Internazionele delle Figlie di Maria Ausiliatrice
Prof. Dr. Julio Candido de Meirelles Junior – Universidade Federal Fluminense
Profª Drª Keyla Christina Almeida Portela – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso
Profª Drª Lina Maria Gonçalves – Universidade Federal do Tocantins
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Marcelo Pereira da Silva – Universidade Federal do Maranhão
Profª Drª Miranilde Oliveira Neves – Instituto de Educação, Ciência e Tecnologia do Pará
Profª Drª Paola Andressa Scortegagna – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Rita de Cássia da Silva Oliveira – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Sandra Regina Gardacho Pietrobon – Universidade Estadual do Centro-Oeste
Profª Drª Sheila Marta Carregosa Rocha – Universidade do Estado da Bahia
Prof. Dr. Rui Maia Diamantino – Universidade Salvador
Prof. Dr. Urandi João Rodrigues Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande
Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme – Universidade Federal do Tocantins

Ciências Agrárias e Multidisciplinar

Prof. Dr. Alan Mario Zuffo – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Alexandre Igor Azevedo Pereira – Instituto Federal Goiano
Profª Drª Daiane Garabeli Trojan – Universidade Norte do Paraná
Prof. Dr. Darllan Collins da Cunha e Silva – Universidade Estadual Paulista
Profª Drª Diocléa Almeida Seabra Silva – Universidade Federal Rural da Amazônia
Prof. Dr. Fábio Steiner – Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul
Profª Drª Girlene Santos de Souza – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia
Prof. Dr. Jorge González Aguilera – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Júlio César Ribeiro – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Profª Drª Raissa Rachel Salustriano da Silva Matos – Universidade Federal do Maranhão
Prof. Dr. Ronilson Freitas de Souza – Universidade do Estado do Pará
Prof. Dr. Valdemar Antonio Paffaro Junior – Universidade Federal de Alfenas

Ciências Biológicas e da Saúde

Prof. Dr. Benedito Rodrigues da Silva Neto – Universidade Federal de Goiás
Prof. Dr. Edson da Silva – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri
Profª Drª Elane Schwinden Prudêncio – Universidade Federal de Santa Catarina
Prof. Dr. Gianfábio Pimentel Franco – Universidade Federal de Santa Maria
Prof. Dr. José Max Barbosa de Oliveira Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará
Profª Drª Magnólia de Araújo Campos – Universidade Federal de Campina Grande
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Profª Drª Vanessa Lima Gonçalves – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande

Ciências Exatas e da Terra e Engenharias

Prof. Dr. Adélio Alcino Sampaio Castro Machado – Universidade do Porto
Prof. Dr. Alexandre Leite dos Santos Silva – Universidade Federal do Piauí
Profª Drª Carmen Lúcia Voigt – Universidade Norte do Paraná
Prof. Dr. Eloi Rufato Junior – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Fabrício Menezes Ramos – Instituto Federal do Pará
Prof. Dr. Juliano Carlo Rufino de Freitas – Universidade Federal de Campina Grande
Profª Drª Neiva Maria de Almeida – Universidade Federal da Paraíba
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Takeshy Tachizawa – Faculdade de Campo Limpo Paulista

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) (eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)	
P957	Princípios e aplicações da computação no Brasil 3 [recurso eletrônico] / Organizador Ernane Rosa Martins. – Ponta Grossa, PR: Atena Editora, 2019. – (Princípios e aplicações da computação no Brasil; v. 3) Formato: PDF Requisito de sistema: Adobe Acrobat Reader Modo de acesso: World Wide Web Inclui bibliografia ISBN 978-85-7247-702-4 DOI 10.22533/at.ed.024191510 1. Computação. 2. Informática. 3. Programação de computador. I. Martins, Ernane Rosa. II. Série. CDD 004
Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422	

Atena Editora
Ponta Grossa – Paraná - Brasil
www.atenaeditora.com.br
contato@atenaeditora.com.br

APRESENTAÇÃO

O volume 3 da referida obra “Princípios e Aplicações da Computação no Brasil” apresenta 15 novos capítulos, que abordam assuntos importantes sobre o panorama atual da computação no Brasil, tais como: desenvolvimento de aplicativos móveis, VoIP, modelagem computacional, simulação, recurso educacional aberto, projeto de banco de dados, mobile learning, robótica, avaliação automática de código-fonte e agrupamento difuso multivariado.

Deste modo, esta obra reúne debates e análises acerca de questões relevantes, tais como: desenvolvimento de uma aplicação móvel para realização de recargas, consultas e simulação de saldo na carteira de transporte público, usando o método Design Constructal para melhorar a configuração geométrica de um novo layout para TCSA com quatro dutos; análise dos benefícios da tecnologia VoIP como alternativa de baixo custo a um serviço de telefonia institucional gerenciado por minicomputadores Raspberry e adaptadores ATA; análise do comportamento mecânico de placas finas de materiais compósitos laminados reforçados por fibras submetidas a esforços de flexão, comparando-as com o de uma placa de aço, usando modelagem computacional utilizando o software Abaqus 2017 Student Version®; apresentação de uma arquitetura de sistemas de simulação para área de convergência; desenvolvimento de uma abordagem para auxiliar o docente na criação de atividades com REA's que quando executados pelos alunos gerem o registro de suas experiências; análise da gestão de recursos humanos na administração pública por meio de um projeto de banco de dados; análise dos recursos disponíveis no WhatsApp Messenger, que oferecem possibilidades de uso no ambiente escolar como recurso pedagógico que pode auxiliar o processo de ensino e aprendizagem; simulação de um agente robótico capaz de realizar busca e exploração visual num ambiente virtual; e o desenvolvimento de uma ferramenta de análise e avaliação automática de código-fonte como alternativa para a otimização do processo de ensino-aprendizagem de programação.

Nesse sentido, esta obra apresenta enorme potencial para contribuir com análises e discussões aprofundadas sobre assuntos relevantes da área da computação, podendo servir de referência para novas pesquisas e estudos nesta área. Agradecemos em especial aos autores dos capítulos apresentados, e desejamos aos leitores, inúmeras reflexões proveitosas sobre as temáticas abordadas nesta obra.

Ernane Rosa Martins

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1	1
WALLET BUS - TECNOLOGIA E TRANSPORTE PÚBLICO	
Carlos Adriano Carneiro Pestana Juan Castro Ribeiro Leonardo Carlos Balbino	
DOI 10.22533/at.ed.0241915101	
CAPÍTULO 2	16
UM PROJETO CONSTRUCTAL DE TROCADORES DE CALOR SOLO-AR COMPOSTOS POR QUATRO DUTOS	
Ruth da Silva Brum Liércio André Isoldi Jairo Valões de Alencar Ramalho Luiz Alberto Oliveira Rocha Michel Kepes Rodrigues Elizaldo Domingues dos Santos	
DOI 10.22533/at.ed.0241915102	
CAPÍTULO 3	30
TELEFONIA DIGITAL DE BAIXO CUSTO COM VOIP E RASPBERRY: UM ESTUDO DE CASO NO IFPI CAMPUS ANGICAL DO PIAUÍ	
Francisco Alysson da Silva Sousa Matheus Lopes Pereira	
DOI 10.22533/at.ed.0241915103	
CAPÍTULO 4	40
SIMULAÇÃO NUMÉRICA PARA ANÁLISE DE DEFLEXÕES E TENSÕES EM PLACAS FINAS DE AÇO E DE MATERIAI COMPÓSITOS SUBMETIDAS A ESFORÇOS DE FLEXÃO	
João Vítor de Azambuja Carvalho Daniel Helbig	
DOI 10.22533/at.ed.0241915104	
CAPÍTULO 5	49
SIMULAÇÃO DE ÁREA DE CONVERGÊNCIA NUVEM-HPC	
Alessandro Kraemer	
DOI 10.22533/at.ed.0241915105	
CAPÍTULO 6	63
RECREATE: RECOMENDAÇÃO DE REA'S POR MEIO DA DESCOBERTA DO ESTILO DE APRENDIZAGEM PELA EXPERIÊNCIA DO ESTUDANTE E EXPECTATIVA DO PROFESSOR	
Marco Antonio Colombo Da Silva Marilde Terezinha Prado Santos	
DOI 10.22533/at.ed.0241915106	
CAPÍTULO 7	76
PROJETO DE BANCO DE DADOS COM FOCO NA ALOCAÇÃO DEPARTAMENTAL DE SERVIDORES PÚBLICOS E SUAS ATRIBUIÇÕES FUNCIONAIS	
José Nazareno Alves Rodrigues	
DOI 10.22533/at.ed.0241915107	

CAPÍTULO 8	87
M-LEARNING ATRAVÉS DO WHATSAPP: UMA ANÁLISE DE RECURSOS	
Nilson Alves dos Santos Mayara Kaynne Fragoso Cabral Beatriz Francisco Coelho	
DOI 10.22533/at.ed.0241915108	
CAPÍTULO 9	98
EXPLORAÇÃO E BUSCA VISUAL ROBÓTICA EM AMBIENTE SIMULADO	
Felipe Duque Belfort de Oliveira Hansenclever de França Bassani Aluizio Fausto Ribeiro Araujo	
DOI 10.22533/at.ed.0241915109	
CAPÍTULO 10	112
ESTUDO SOBRE A ESPECTROSCOPIA NIR PARA DETECÇÃO DONÍVEL ALCOÓLICO NO SANGUE	
Luis Gustavo Longo da Silva Cláudio Luis D'Elia Machado Fabiano Sandrini Moraes Rafael Galli	
DOI 10.22533/at.ed.02419151010	
CAPÍTULO 11	125
ESTUDO COMPUTACIONAL DO COEFICIENTE DE IMPACTO VERTICAL EM LONGARINAS DE PONTES RODOVIÁRIAS BRASILEIRAS	
Vinícius Heidtmann Avila Mauro de Vasconcellos Real Márcio Wrague Moura	
DOI 10.22533/at.ed.02419151011	
CAPÍTULO 12	140
DESENVOLVIMENTO DE UMA ABORDAGEM DE CLASSIFICAÇÃO DE TRAÇOS DE PERSONALIDADE DO BIG-FIVE VIA ANÁLISE DE TEXTOS EM PORTUGUÊS DO BRASIL	
Angelo Travizan Neto Taís Borges Ferreira Márcia Aparecida Fernandes	
DOI 10.22533/at.ed.02419151012	
CAPÍTULO 13	148
CODETEACHER: UMA FERRAMENTA PARA CORREÇÃO AUTOMÁTICA DE TRABALHOS ACADÊMICOS DE PROGRAMAÇÃO EM JAVA	
Francisco Alan de Oliveira Santos Plácido Soares das Chagas Segundo Mardoqueu Sousa Telvina	
DOI 10.22533/at.ed.02419151013	
CAPÍTULO 14	158
CLASSIFICAÇÃO DE TENDÊNCIAS POLÍTICAS EM NOTÍCIAS VIA MINERAÇÃO DE TEXTO E REDES NEURAIS SEM PESO	
Rafael Dutra Cavalcanti	
DOI 10.22533/at.ed.02419151014	

CAPÍTULO 15	169
ANÁLISE DE DADOS DE EXPRESSÃO GÊNICA POR MEIO DE MÉTODOS DE AGRUPAMENTO DIFUSO MULTIVARIADO	
Bruno Almeida Pimentel	
Marcilio Carlos Pereira de Souto	
DOI 10.22533/at.ed.02419151015	
SOBRE O ORGANIZADOR	182
ÍNDICE REMISSIVO	183

ANÁLISE DE DADOS DE EXPRESSÃO GÊNICA POR MEIO DE MÉTODOS DE AGRUPAMENTO DIFUSO MULTIVARIADO

Bruno Almeida Pimentel

Universidade Federal de Alagoas, Instituto de
Computação (IC-UFAL)
Maceió – Alagoas

Marcilio Carlos Pereira de Souto

University of Orléans, Laboratoire d'Informatique
Fondamentale d'Orléans (LIFO)
Orléans, France

RESUMO: A prática de agrupar objetos de acordo com as similaridades e propriedades observadas é uma atividade importante para muitos ramos da ciência. A sua importância deve-se ao fato que a organização dos dados (objetos) em grupos (agrupamento de dados) é uma forma fundamental para entender e aprender sobre eles. Entre os diferentes métodos de agrupamento de dados existentes na literatura, esse trabalho se insere no contexto em que o agrupamento formado é difuso (*fuzzy*) – cada objeto tem graus diferentes pertinências com relação a cada grupo. Mais especificamente, o foco desse trabalho será sobre métodos de agrupamento difuso multivariado: não só o objeto tem um grau de pertinência a cada grupo, mas também cada variável representando um determinado objeto tem um grau de pertinência ao grupo. Esses tipos de métodos permitem analisar, por exemplo, qual variável foi mais importante para a formação de grupos. O

objetivo deste trabalho é propor uma aplicação desses métodos com dados biológicos.

PALAVRAS-CHAVE: Agrupamento, Difuso, Multivariado, Aplicação, Expressão Gênica.

GENE EXPRESSION DATA ANALYSIS
USING MULTIVARIATE FUZZY CLUSTERING
METHODS

ABSTRACT: The practice of grouping objects according to observed similarities and properties is an important activity for many branches of science. Its importance is due to the fact that the organization of data (objects) into groups (data clustering) is a fundamental way to understand and learn about them. Among the different clustering methods in the literature, this work fits into the context in which the clustering formed is fuzzy - each object has different degrees of relevance to each group. More specifically, the focus of this paper will be on fuzzy clustering multivariate methods: not only does the object have a membership to each group, but also each variable representing a particular object has a membership to the group. These types of methods allow us to analyze, for example, which variable was most important for group formation. The aim of this paper is to propose an application of these methods with biological data.

KEYWORDS: Clustering, Fuzzy, Multivariate,

1 | INTRODUÇÃO

Com o crescente interesse em entender, processar e resumir dados, muitos domínios de aplicações tais como Reconhecimento de Padrões, Aprendizado de Máquina, Mineração de Dados, Visão Computacional e Bioinformática têm desenvolvido técnicas e métodos buscando automatizar a extração de informação dos dados. No caso de Bioinformática, dados são essenciais para a pesquisa biológica. Uma metodologia bastante conhecida neste tipo de pesquisa é o *microarray*, o qual armazena grande quantidade de material biológico. Experimentos com *microarray* são capazes de monitorar milhares de expressões gênicas em um organismo (Bhaskar, 2006).

Inicialmente, aplicações de *microarray* foram feitas para estudar o comportamento de doenças humanas servindo como uma ferramenta para diagnóstico médico (Alizadeh et al., 2000). Recentemente, há um número crescente de banco de dados com informações complexas de expressões gênicas (Choi, 2003). Uma tarefa desafiadora para o especialista é como extrair, comparar e integrar informações a partir uma grande quantidade de dados (Choi, 2003). Uma forma de extrair informação destes dados é a utilização de técnicas e métodos de Aprendizado de Máquina (Bhaskar, 2006).

Atualmente, métodos de agrupamento do tipo particional são os mais frequentemente utilizados para obter informações biológicas por meio de grupos baseando-se na similaridade entre os dados (Witten et al., 2011). Mais especificamente, entre os métodos de agrupamento particional ditos rígido (*hard/crispy*), ou seja, aqueles em que um objeto pertence apenas a um único grupo, um dos mais utilizados é o *K-Means* (Ichikawa e Morishita, 2014). Por ser do tipo rígido, ele não é adequado em problemas em que os grupos são sobrepostos (um mesmo objeto pode pertencer a diferentes grupos). Uma vantagem do uso de métodos difusos é a possibilidade de interpretar o valor do grau de pertinência: quão semelhante um elemento é de um dado grupo. Entretanto, um ponto em aberto em Bioinformática é como identificar qual variável contribuiu para o grau de semelhança entre o elemento e o grupo. Desta forma, a proposta é utilizar a abordagem multivariada.

Um dos principais objetos de estudo da Bioinformática é o **genoma** dos organismos, o qual constitui o conjunto de suas informações genéticas. Desta forma, o genoma pode ser compreendido como uma coleção de fatores responsáveis pela hereditariedade de um organismo vivo. Esses fatores são denominados **genes** e são responsáveis por codificar toda a informação genética (Slack, 2014). Os **cromossomos** são estruturas biológicas com funções específicas presentes em todas as células de um organismo e contém vários genes, sendo assim seus portadores.

Estudos sobre cromossomos mostraram que eles são constituídos por sequências de moléculas de **Ácido Desoxirribonucléico** (do inglês, *Deoxyribonucleic Acid* – DNA) (Alberts et al., 2002).

Um DNA pode conter diversos genes, que por sua vez realizam uma importante função biológica: codificam proteínas. As **proteínas**, formadas por sequências de aminoácidos, são essenciais para um ser vivo porque exercem funções relevantes tais como estruturais, regulatórias ou catalizadoras. O processo pelo qual as sequências de nucleotídeos dos genes são interpretadas na produção de proteínas é denominado **expressão gênica** (Ji et al., 2014).

A análise de expressão gênica é importante para a Biologia porque pode ser uma fonte de informação a respeito do comportamento de células, já que alterações fisiológicas de um organismo estão normalmente relacionadas a alterações na expressão gênica (Alberts et al., 2002). Diversas técnicas podem ser utilizadas para fazer a análise de expressão gênica. Dentre estas técnicas, uma das mais utilizadas é a *microarray* onde medidas de níveis de expressões gênicas referentes a uma ampla variedade de genes podem ser armazenada em uma única superfície sólida.

Para fazer o armazenamento de expressões gênicas em *microarray*, amostras biológicas são dispostas em superfícies adequadamente preparadas, que são divididas em milhares de pontos. Cada ponto contém milhares de sondas de cDNA (DNA sintetizado a partir de uma molécula de RNA mensageiro) que foram projetadas para hibridizar com o mRNA (RNA mensageiro, responsável pela transferência de informação) de um certo gene. As moléculas de cDNA produzidas são, em geral, marcadas com rótulos fluorescentes verdes (Cy3), enquanto as moléculas de mRNA são marcadas com rótulos vermelhos (Cy5). Em seguida, a lâmina é escaneada utilizando-se lasers, produzindo como resultado uma imagem com as intensidades luminosas dos rótulos de todos os pontos. A partir dessa lâmina final, uma análise computacional é realizada para gerar dados, relacionando genes, amostras e variáveis quantitativas (Duggan et al., 1999). A Figura 1 mostra o processo de criação de um *microarray*.

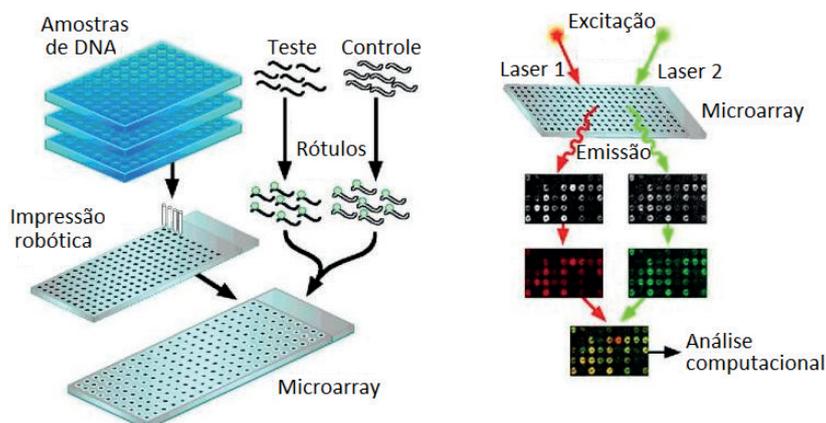


Figura 1 Constituição de um microarray a partir de amostras de DNA e utilização de lasers para a excitação dos rótulos fluorescentes (adaptação de Duggan et al., 1999).

2 | UMA ESTRATÉGIA PARA INTERPRETAR GRAUS DE PERTINÊNCIA MULTIVARIADO

A suposição subjacente à estratégia proposta neste trabalho é a seguinte. O grau de pertinência de uma dada variável para um determinado objeto deve ser maior no grupo em que tal variável é mais discriminativa. Ou seja, ele está mais perto do protótipo (elemento central de um grupo) em relação a uma variável. Neste contexto, também se assume que quanto maior o grau de pertinência de uma variável para um grupo, mais relevante esta variável é para caracterizá-lo. Com base nisto, propõe-se uma estratégia simples (Algoritmo 1), que consiste no cálculo da média (a_{ij}) do grau de pertinência multivariado levando em conta todos os objetos. O algoritmo a seguir explica como a relevância de uma determinada variável j em um grupo i é calculado:

Algoritmo 1 Relevância(i, j, U)

Requer: Grupo i , variável j e matriz de graus de pertinência multivariados U ,

1: Inicialize $a_{ij} = 0$,

2: **Para** cada objeto k do conjunto ($k = 1, \dots, n$) **Faça**

3: Pegue o grau de pertinência multivariado correspondente ao grupo C_i e variável j (u_{ijk}),

4: $a_{ij} = a_{ij} + u_{ijk}$.

5: **Fim Para**

6: $a_{ij} = a_{ij}/n$,

Retorne a_{ij} .

Para fins pedagógicos, considere um exemplo muito simples da utilização do Algoritmo 1. Suponha o conjunto de dados sintético ilustrada na Figura 2. Tal conjunto de dados consiste em quatro classes bem separadas, onde as classes C_1 e C_3 são mais bem descritas pela variável 2, enquanto as classes C_2 e C_4 são mais bem descritas pela variável 1. Cada classe é desenhada de acordo com uma distribuição normal bivariada, cujos componentes são variáveis independentes. Tabela 1 mostra os parâmetros das classes para este conjunto de dados sintético.

Classe	μ_1	μ_2	σ_1^2	σ_2^2	# Objetos
C1	40	7	100	4	100
C2	70	37	4	100	100
C3	40	70	100	4	100
C4	10	37	4	100	100

Tabela 1 Parâmetros para o conjunto de dados sintético.

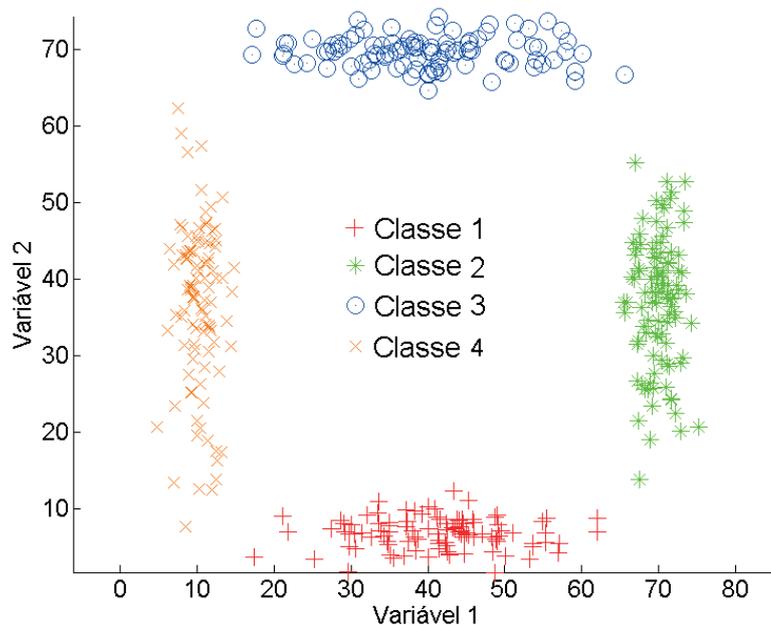


Figura 2 Dispersão do conjunto de dados sintético.

A fim de analisar os graus de pertinência multivariados, métodos multivariados MFCM (Pimentel e De Souza, 2013), MFCM-G (Pimentel e De Souza, 2014), MFCM-D (Pimentel e De Souza, 2016), MPFCM e MPFCM-D (Pimentel e De Souza, 2018) foram executados com este conjunto de dados utilizando-se o parâmetro $m = 2$. Em termos de metodologia, os experimentos foram realizados utilizando Monte Carlo. Mais especificamente, 100 replicações foram realizadas de acordo com os parâmetros na Tabela 1. Para cada replicação, cada método foi executado 50 vezes com diferentes inicializações até a sua convergência. O melhor resultado de acordo com a função objetivo foi selecionado. Para avaliar a qualidade das partições/agrupamentos difusa geradas com os métodos, por meio do índice FR (Hullermeier et al, 2011), uma comparação da similaridade entre essas partições e a “verdadeira” partição do conjunto de dados (Figura 2) é feita. Valores de FR próximos de 1 indicam uma perfeita correspondência entre a partição verdadeira e a gerada por um método.

Após a execução das 100 replicações, a média e o desvio padrão deste índice foram calculados. Estes valores são: 0,8213 e 0,0231 (MFCM), 0,8769 e 0,0134 (MFCM-G), 0,8430 e 0,0141 (MFCM-D), 0,8072 e 0,0134 (MPFCM), 0,8611 e 0,0141 (MPFCM-D). Assim, em média, os métodos conseguiram produzir partições próximas da verdadeira. A fim de verificar se a suposição de que maior o grau de pertinência, maior a relevância para caracterizar o grupo, o Algoritmo 1 foi executado para cada partição difusa. O resultado é a média de 100 valores de a_{ij} . Tabela 2 mostra a média e desvio padrão (entre parênteses) de a_{ij} obtido pelos métodos multivariados para o conjunto de dados sintético.

Método	Var.	C1	C2	C3	C4
MFCM	1	0,0652 (0,0152)	0,1793 (0,0102)	0,0732 (0,0093)	0,1775 (0,0112)
	2	0,1864 (0,0136)	0,0701 (0,0081)	0,1708 (0,0144)	0,0686 (0,0145)
MFCM-G	1	0,0387 (0,0111)	0,1996 (0,0084)	0,0376 (0,0123)	0,2084 (0,0164)
	2	0,2071 (0,0101)	0,0502 (0,0122)	0,2174 (0,0114)	0,0411 (0,0127)
MFCM-D	1	0,0000 (0,0000)	0,2136 (0,0128)	0,0000 (0,0000)	0,2546 (0,0102)
	2	0,2696 (0,0145)	0,0000 (0,0000)	0,2607 (0,0125)	0,0026 (0,0023)
MPFCM	1	0,0702 (0,0013)	0,2101 (0,0121)	0,0661 (0,0131)	0,1955 (0,0136)
	2	0,1814 (0,0151)	0,0446 (0,0014)	0,1783 (0,0131)	0,0535 (0,0112)
MPFCM-D	1	0,0378 (0,0013)	0,2033 (0,0121)	0,0413 (0,0131)	0,2162 (0,0142)
	2	0,2139 (0,0135)	0,0399 (0,0112)	0,2074 (0,0124)	0,0399 (0,0012)

Tabela 2 Média e desvio padrão (em parênteses) de a_{ij} dos métodos multivariados e conjunto de dados sintético.

De acordo os resultados dos métodos multivariados apresentados na Tabela 2, em relação à variável 2, a média de a_{ij} para os grupos 1 e 3 é maior do que para os grupos 2 e 4. Em contraste, a média de a_{ij} para os grupos 2 e 4 é maior do que para os grupos 1 e 3 com respeito à variável 1. Portanto, como esperado, os grupos 1 e 3 podem ser mais bem descritos pela variável 2, enquanto os grupos 2 e 4 podem ser mais bem descritos pela variável 1.

3 | APLICAÇÃO A DADOS DE EXPRESSÃO GÊNICA

Oito conjuntos de dados de expressões gênicas, que são referência em estudos presentes na literatura de bioinformática (ver De Souto et al. (2008)), foram utilizadas. A Tabela 3 mostra uma breve descrição desses conjuntos segundo o número de amostras, o número de classes, a quantidade de amostras em cada classe e o número de genes que descrevem cada amostra. Estes conjuntos de dados foram escolhidos de forma a ter representantes das tecnologias mais utilizadas para obtenção de dados de expressão: *chips Affymetrix* de único canal (ou simplesmente *Affymetrix*)

e cDNA de duplo canal (ou cDNA). Além disso, para ter alguma diversidade entre os conjuntos de dados escolhidos há alguns que, no estudo em De Souto et al. (2008), as partições geradas pelo *K-Means* apresentaram grande, médio e baixo valor de CR (índice de Rand Corrigido). Os conjuntos de dados analisados neste estudo estão disponíveis em <http://bioinformatics.rutgers.edu/Supplements/CompCancer/>.

	Conjunto	# Amostras	# Classes	Cardinalidade	# Genes
Affymetrix	Chowdary	104	2	62, 42	182
	Dryskjot	40	3	9, 21, 11	1203
	Gordon	181	2	31, 150	1626
	Nutt2	28	2	14, 14	1070
	Shipp	77	2	58, 19	798
cDN	Alizadeh1	42	2	21, 21	1095
	Chen	180	2	104, 76	85
	Khan	83	4	29, 11, 18, 25	1069

Tabela 3 Descrição de conjuntos de dados de expressão de genes.

Os experimentos foram realizados com os métodos usadas na Seção 2. Em termos de metodologia, no âmbito de um experimento de *Booststrap*, 50 reamostragens de cada conjunto de dados foram construídas. Para cada replicação, os métodos de agrupamento foram aplicados aos conjuntos de dados com 50 inicializações aleatórias e eles foram executados até a sua convergência. Em seguida, o melhor resultado de acordo com a função de objetivo foi selecionado e o índice FR foi calculado comparando a partição difusa obtida por cada método de agrupamento e a verdadeira partição. Após a execução das 50 reamostragens, a média e o desvio padrão do FR foram calculados.

Tabela 4 a média e desvio padrão (entre parênteses) do índice FR obtido pelos métodos para conjuntos de dados de genes. O maior valor médio da FR para cada conjunto de dados está em negrito.

Conjunto		MFCM	MFCM-G	MFCM-D	MPFCM	MPFCM-D
Affymetrix	Chowdary	0,556 (0,025)	0,358 (0,019)	0,185 (0,014)	0,484 (0,011)	0,488 (0,010)
	Dryskjot	0,243 (0,009)	0,080 (0,011)	0,225 (0,012)	0,177 (0,012)	0,216 (0,009)
	Gordon	0,359 (0,011)	0,458 (0,021)	0,537 (0,017)	0,248 (0,013)	0,475 (0,011)
	Nutt2	0,267 (0,014)	0,139 (0,021)	0,088 (0,003)	0,259 (0,008)	0,188 (0,009)
	Shipp	0,672 (0,022)	0,371 (0,012)	0,470 (0,031)	0,345 (0,013)	0,331 (0,011)
cDNA	Alizadeh1	0,848 (0,009)	0,973 (0,014)	0,045 (0,017)	0,649 (0,008)	0,780 (0,017)
	Chen	0,793 (0,027)	0,786 (0,019)	0,255 (0,023)	0,288 (0,022)	0,100 (0,012)
	Khan	0,503 (0,023)	0,710 (0,021)	0,421 (0,019)	0,455 (0,011)	0,495 (0,021)

Tabela 4 Média e desvio padrão (entre parênteses) do índice de FR (maiores valores em negrito) para os métodos de agrupamento e todos os conjuntos de dados.

A fim de fazer uma discussão sobre a relevância de variáveis/genes, foi selecionado um conjunto de dados de cada tecnologia. Esta seleção baseou-se no volume de informações disponíveis sobre os dados e o nível de dificuldade dos conjuntos. Portanto, para *Affymetrix*, escolhemos *Chowdary* e para *cDNA* escolhemos *Alizadeh1*.

Chowdary é um conjunto de dados que contém pares comparáveis de 104 snap congelados. Destes 104, 62 RNA foram conservados a partir de tecidos com tumores de mama (classe B) e outras 42 amostras foram de tumores de cólon do tipo Dukes' B (classe C). Todas as amostras são descritas por 182 genes (Chowdary et al., 2006). *Alizadeh1* consiste em amostras de expressões gênicas de linfomas doentes de adultos: *Diffuse Large B-Cell Lymphoma* (DLBCL). Tem duas formas distintas de DLBCL, contendo 21 amostras de DLBCL1 e 21 amostras de DLBCL2 deste conjunto de dados. Subgrupos de genes de DLBCL são distintos quando expresso durante a diferenciação de células B (DLBCL1) ou ativação (DLBCL2). Estas 42 amostras são descritas por 1095 genes (Alizadeh et al., 2000).

Para cada método multivariado e conjunto de dados, as médias dos graus de pertinência multivariados a_{ij} foram calculadas usando o Algoritmo 1. A partir dessas médias, foram selecionados os cinco maiores valores para cada grupo e foram identificadas as variáveis/genes correspondentes — ver Tabela 5 e 6.

Método		Grupo 1				
		1	2	3	4	5
Chowdary	MFCM	0,0762 ZG16	0,0599 CRIPTO3	0,0569 DEFA6	0,0443 CCL20	0,0424 AOC1
	MFCM-G	0,0646 ZG16	0,0594 CRIPTO3	0,0557 DEFA6	0,0520 CCL20	0,0512 AOC1
	MFCM-D	0,0166 RPS4Y1	0,0151 CRIPTO3	0,0147 LEFTY1	0,0144 ZG16	0,0141 KRT6B
	MPFCM	0,0867 ZG16	0,0709 CRIPTO3	0,0596 DEFA6	0,0487 CCL20	0,0462 AOC1
	MPFCM-D	0,2105 ZG16	0,1317 DEFA6	0,0833 NOX1	0,0798 CRIPTO3	0,0783 MEP1A
Alizadeh1	MFCM	0,1723 CD83	0,1723 CSNK1G2	0,1723 WHSC1	0,1723 XKR6	0,1723 MORC2-AS1
	MFCM-G	0,2251 CD83	0,215 CSNK1G2	0,2113 WHSC1	0,2041 XKR6	0,2002 MORC2-AS1
	MFCM-D	0,1723 CD83	0,1723 CSNK1G2	0,1723 WHSC1	0,1723 XKR6	0,1723 MORC2-AS1
	MPFCM	0,2477 LOC40137	0,1434 CD83	0,1434 CSNK1G2	0,1434 WHSC1	0,1434 XKR6
	MPFCM-D	0,1162 SNX14	0,1118 C10ORF46	0,1094 TIAL1	0,1070 TM4SF2	0,0994 BNIP3

Tabela 5 Valores selecionados de a_{ij} e correspondentes genes: Grupo 1.

Método		Grupo 2				
		1	2	3	4	5
Chowdary	MFCM	0,0937 KRT14	0,0884 KRT15	0,0799 SCGB1D2	0,0770 NPY1R	0,0763 HLA-DQA1
	MFCM-G	0,1542 KRT14	0,1421 KRT15	0,1179 SCGB1D2	0,1057 NPY1R	0,1005 HLA-DQA1
	MFCM-D	0,0212 KRT6B	0,0187 KRT14	0,0185 GABRP	0,0185 RPS4Y1	0,0184 PIP
	MPFCM	0,1128 KRT14	0,1079 KRT15	0,0988 SCGB1D2	0,0954 USH1C	0,0948 NPY1R
	MPFCM-D	0,4026 KRT14	0,3808 GATA3	0,1065 SCGB1D2	0,0698 SCGB2A2	0,0172 GCNT3
Alizadeh1	MFCM	0,1865 MEN1	0,0859 DNAH1	0,0859 WHSC1	0,0859 RNLS	0,0722 PRR3
	MFCM-G	0,8482 MEN1	0,0701 DNAH1	0,0489 WHSC1	0,0307 RNLS	0,0018 PRR3
	MFCM-D	0,1865 MEN1	0,0859 DNAH1	0,0859 WHSC1	0,0859 RNLS	0,0722 PRR3
	MPFCM	0,8170 HLA-E	0,1234 TINF2	0,0396 SHMT2	0,0042 CLC	0,0031 CD40
	MPFCM-D	0,1264 CHD3	0,1237 TMEM41B	0,0807 GPR160	0,0713 CRHBP	0,0654 LBD29

Tabela 6 Valores selecionados de a_{ij} e correspondentes genes: Grupo 2.

Inicialmente serão analisados os resultados a respeito do conjunto de dados *Chowdary* e depois de *Alizadeh1*. Para fazer a análise, o resultado do método

multivariado que obteve o maior valor de FR foi selecionado, para cada conjunto de dados (MFCM em *Chowdary* e MFCM-G em *Alizadeh1*). No caso do *Chowdary*, quando consideramos genes no grupo 1, de acordo com estudos sobre estrógeno e células de câncer de mama, ZG16 é reprimido por meio de sinalização do estrogênio em células de câncer da mama (Hsu et al., 2010). CRIPTO3 é expresso na maioria dos tipos de câncer e está ausente ou apenas fracamente expresso em células normais. Este gene foi encontrado em tecidos da mama e câncer do pulmão (Sun et al., 2008). DEFA6 pertence à família Alpha Defensin. Alpha Defensins em humanos aumentam a produção de citocinas e quimiocinas (a superfamília de pequenas proteínas do tipo citocina) e pode promover a metástase do câncer de mama (Muller et al., 2001). CCL20 (pertence à família *Chemokine Ligands*) pode ser um fator envolvido na ontogenia (toda a sequência de eventos envolvidos no desenvolvimento de um organismo individual) do carcinoma da mama (Marsigliante et al., 2013), uma vez que a metástase do câncer da mama são as fontes de *Ligands* mais abundantes (Muller et al., 2001). AOC1 (também chamado DAO) é influenciada pelo ciclo menstrual, assim, as mulheres têm uma mais alta concentração de DAO do que os homens. Além disso, níveis de DAO estão intimamente associados com as mulheres saudáveis na pré-menopausa (Hamada et al., 2013). Os resultados obtidos estão, portanto, de acordo com a descrição da classe de tecidos de **câncer da mama** (B) de *Chowdary*.

Para o grupo 2, KRT14 é expresso imunocitoquimicamente tanto em SP (*Side Population*) e células não-SP e um estudo demonstrou que cânceres do sistema gastrointestinal contêm células SP que mostram algumas características de células-tronco (Haraguchi et al., 2006). KRT15 pertence à mesma família de KRT14 e são reprimidos por Cdx2 (essencial para o desenvolvimento intestinal e desempenha um papel importante no câncer do cólon) (Liu et al., 2006). SCGB1D2 (ou *Lipophilin B*) é expresso no cólon (Zafrakas et al., 2006). O gene NPY1R pertence à família NPY onde níveis de NPY diferem entre os subgrupos de síndrome do intestino irritável (Simrén et al., 2003). HLA-DQA1 está fortemente associado com a doença celíaca, que é uma das mais frequentes doenças do intestino delgado (Rujner et al., 2001). Os resultados obtidos estão, portanto, de acordo com a descrição da classe de tecidos de **câncer do cólon** (C) de *Chowdary*. Em resumo, estes genes mostram ser relevantes para descrever os dois grupos de tecidos de *Chowdary*.

Passemos agora para a análise do conjunto de dados *Alizadeh1*. Quando se considera o grupo 1 (DLBCL1), CD83 é membro da família de genes CD, que pertence a uma grande família de genes chamada *Cluster of Differentiation* (ou Grupamento de Diferenciação). Genes CD permitem maturação e diferenciação de células em um subconjunto de DLBCL (Chang et al., 2007). CSNK1G2 é altamente expresso no Centro Germinativo (GC) de células normais do tipo B (Nishiu et al., 2004). XKR6 está relacionado com a diferenciação de células (Daniels et al., 2004). Portanto, estes genes estão em conformidade com a descrição da classe de tecidos

de **diferenciação de células B** (DLBCL1).

Os genes relacionados com o grupo 2 (DLBCL2) têm um comportamento diferente. O gene com o maior valor de a_{ij} deste grupo é MEN1 que codifica *menin*. Estudos recentes revelaram que *menin* interage com uma variedade de proteínas, incluindo JunD (uma proteína de factor de transcrição) e que reprime a transcrição de JunD- e NF-kB-ativado (Sowa et al.,2003), onde as ligações usadas por NF-kB é ativado em muitas grandes células do linfoma, especialmente aqueles do tipo ABC (Gatter e Pezzella, 2010). RNLS codifica a proteína *renalase* cujas funções são a sobrevivência e fator de crescimento (Xu et al., 2005). Além disso, *renalase* pode ativar ligações de proteínas quinase de uma forma que proteja as células contra a apoptose (morte celular programa) (Wang et al., 2014). Por isso, estes genes estão em conformidade com a descrição da classe de tecidos de **ativação das células B** (DLBCL2). Para este conjunto de dados, de acordo com a literatura, não foi possível concluir se os genes WHSC1 e MORC2-AS1 estão, de fato, associados a DLBCL1, nem se os genes DNAH1, WHSC1 e PRR3 tem relação com o grupo DLBCL2.

4 | CONCLUSÃO

Este trabalho propôs uma estratégia para interpretar os graus de pertinência multivariados. Para validar essa estratégia, uma metodologia experimental foi realizada utilizando dados sintéticos e reais. No contexto de conjunto de dados reais relativos a tecidos cancerígenos descritos por expressões gênicas e usando a estratégia proposta, foi possível mostrar que os genes selecionados eram relevantes para descrever cada grupo, em conformidade com a verdadeira partição (a estrutura real da classe na base de dados).

REFERÊNCIAS

ALERTS, Bruce et al. **Molecular Biology of the Cell**, Fourth Edition, 2002.

ALIZADEH, Ash A. et al. **Distinct types of diffuse large B-cell lymphoma identified by gene expression profiling**. Nature, v. 403, n. 6769, p. 503, 2000.

BHASKAR, Harish; HOYLE, David C.; SINGH, Sameer. **Machine learning in bioinformatics: A brief survey and recommendations for practitioners**. Computers in biology and medicine, v. 36, n. 10, p. 1104-1125, 2006.

CHANG, Kung-Chao et al. **Distribution patterns of dendritic cells and T cells in diffuse large B-cell lymphomas correlate with prognoses**. Clinical Cancer Research, v. 13, n. 22, p. 6666-6672, 2007.

CHOI, Jung Kyoong et al. **Combining multiple microarray studies and modeling interstudy variation**. Bioinformatics, v. 19, n. suppl_1, p. i84-i90, 2003.

CHOWDARY, Dondapati et al. **Prognostic gene expression signatures can be measured in tissues collected in RNAlater preservative**. The journal of molecular diagnostics, v. 8, n. 1, p. 31-39,

2006.

DANIELS, G. L. et al. **Blood group terminology 2004: from the International Society of Blood Transfusion committee on terminology for red cell surface antigens.** Vox sanguinis, v. 87, n. 4, p. 304-316, 2004.

DUGGAN, David J. et al. **Expression profiling using cDNA microarrays.** Nature genetics, v. 21, n. 1s, p. 10, 1999.

GATTER, Kevin; PEZZELLA, Francesco. **Diffuse large B-cell lymphoma.** Diagnostic Histopathology, v. 16, n. 2, p. 69-81, 2010.

HAMADA, Yasuhiro et al. **Effect of the menstrual cycle on serum diamine oxidase levels in healthy women.** Clinical biochemistry, v. 46, n. 1-2, p. 99-102, 2013.

HARAGUCHI, Naotsugu et al. **Cancer stem cells in human gastrointestinal cancers.** Human cell, v. 19, n. 1, p. 24-29, 2006.

HULLERMEIER, Eyke et al. **Comparing fuzzy partitions: A generalization of the rand index and related measures.** IEEE Transactions on Fuzzy Systems, v. 20, n. 3, p. 546-556, 2011.

HSU, Pei-Yin et al. **Estrogen-mediated epigenetic repression of large chromosomal regions through DNA looping.** Genome research, v. 20, n. 6, p. 733-744, 2010.

ICHIKAWA, Kazuki; MORISHITA, Shinichi. **A Simple but Powerful Heuristic Method for Accelerating k-Means Clustering of Large-Scale Data in Life Science.** IEEE/ACM transactions on computational biology and bioinformatics, v. 11, n. 4, p. 681-692, 2014.

Jl, Zexuan et al. **Interval-valued possibilistic fuzzy C-means clustering algorithm.** Fuzzy Sets and Systems, v. 253, p. 138-156, 2014.

LIU, Tong et al. **Regulation of Cdx2 expression by promoter methylation, and effects of Cdx2 transfection on morphology and gene expression of human esophageal epithelial cells.** Carcinogenesis, v. 28, n. 2, p. 488-496, 2007.

MARSIGLIANTE, Santo; VETRUGNO, Carla; MUSCELLA, Antonella. **CCL20 induces migration and proliferation on breast epithelial cells.** Journal of cellular physiology, v. 228, n. 9, p. 1873-1883, 2013.

MÜLLER, Anja et al. **Involvement of chemokine receptors in breast cancer metastasis.** Nature, v. 410, n. 6824, p. 50, 2001.

NISHIU, Mieko et al. **Distinct pattern of gene expression in pyothorax-associated lymphoma (PAL), a lymphoma developing in long-standing inflammation.** Cancer science, v. 95, n. 10, p. 828-834, 2004.

RUJNER, Jolanta et al. **Coeliac disease and HLA-DQ 2 (DQA1* 0501 and DQB1* 0201) in patients with Turner syndrome.** Journal of pediatric gastroenterology and nutrition, v. 32, n. 1, p. 114-115, 2001.

PIMENTEL, B. A.; DE SOUZA, R. M. C. R. **A multivariate fuzzy c-means method.** Applied Soft Computing, v. 13, n. 4, p. 1592-1607, 2013.

PIMENTEL, B. A.; DE SOUZA, R. M. C. R. **A weighted multivariate Fuzzy C-Means method in interval-valued scientific production data.** Expert Systems with Applications, v. 41, n. 7, p. 3223-3236, 2014.

PIMENTEL, B. A.; DE SOUZA, R. M. C. R. **Multivariate Fuzzy C-Means algorithms with weighting**. Neurocomputing, v. 174, p. 946-965, 2016.

PIMENTEL, B. A.; DE SOUZA, R. M. C. R. **A Generalized Multivariate Approach for Possibilistic Fuzzy C-Means Clustering**. Int. Journal of Uncertainty, Fuzz. and Know.-Based Systems, v. 26, n. 06, p. 893-916, 2018.

SIMRÉN, Magnus et al. **Abnormal levels of neuropeptide Y and peptide YY in the colon in irritable bowel syndrome**. European journal of gastroenterology & hepatology, v. 15, n. 1, p. 55-62, 2003.

SLACK, Jonathan. **Genes: a very short introduction**. OUP Oxford, 2014.

SOWA, Hideaki et al. **Inactivation of menin, the product of the multiple endocrine neoplasia type 1 gene, inhibits the commitment of multipotential mesenchymal stem cells into the osteoblast lineage**. Journal of Biological Chemistry, v. 278, n. 23, p. 21058-21069, 2003.

SUN, Chao et al. **CRIPTO3, a presumed pseudogene, is expressed in cancer**. Biochemical and biophysical research communications, v. 377, n. 1, p. 215-220, 2008.

WANG, Ling et al. **Renalase prevents AKI independent of amine oxidase activity**. Journal of the American Society of Nephrology, v. 25, n. 6, p. 1226-1235, 2014.

WITTEN, Ian H. et al. **Data Mining: Practical machine learning tools and techniques**. Morgan Kaufmann, 2016.

XU, Jianchao et al. **Renalase is a novel, soluble monoamine oxidase that regulates cardiac function and blood pressure**. The Journal of clinical investigation, v. 115, n. 5, p. 1275-1280, 2005.

ZAFRAKAS, Menelaos et al. **Expression analysis of mammaglobin A (SCGB2A2) and lipophilin B (SCGB1D2) in more than 300 human tumors and matching normal tissues reveals their co-expression in gynecologic malignancies**. BMC cancer, v. 6, n. 1, p. 88, 2006.

SOBRE O ORGANIZADOR

ERNANE ROSA MARTINS - Doutorado em andamento em Ciência da Informação com ênfase em Sistemas, Tecnologias e Gestão da Informação, na Universidade Fernando Pessoa, em Porto/Portugal. Mestre em Engenharia de Produção e Sistemas, possui Pós-Graduação em Tecnologia em Gestão da Informação, Graduação em Ciência da Computação e Graduação em Sistemas de Informação. Professor de Informática no Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Goiás - IFG (Câmpus Luziânia) ministrando disciplinas nas áreas de Engenharia de Software, Desenvolvimento de Sistemas, Linguagens de Programação, Banco de Dados e Gestão em Tecnologia da Informação. Pesquisador do Núcleo de Inovação, Tecnologia e Educação (NITE), certificado pelo IFG no CNPq. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1543-1108>.

ÍNDICE REMISSIVO

A

Abaqus 40, 41, 43, 46, 48
Agrupamento 81, 140, 169, 170, 175, 176
Aplicação 5, 6, 28, 31, 33, 34, 37, 49, 50, 51, 52, 53, 58, 59, 60, 61, 68, 70, 80, 83, 89, 129, 135, 148, 150, 152, 157, 169, 174
Aplicativo móvel 1, 7, 88
Aprendizado online 98, 100
Aprendizagem 63, 64, 65, 66, 67, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 87, 88, 89, 90, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 100, 101, 140, 147, 148, 149, 150, 154, 156
Aprendizagem colaborativa 89, 95, 140
Área de convergência 49, 50, 51, 52, 58, 60, 61, 62
Atenção visual 98, 101, 103, 106, 107, 110
Avaliação automática 148, 149

B

Banco de dados 8, 59, 66, 76, 77, 79, 81, 82, 84, 85, 86, 170, 182
Busca visual 98, 99, 100, 101, 102, 107, 110

C

Carteira estudantil 1
Celular 87, 88, 90, 91, 96, 179
Centrais de dados 49, 50, 54, 62
Coeficiente de impacto 125, 130, 138
Condicionamento de Ar 16
Custos 30, 31, 32, 36, 37

D

Design constructal 16, 18, 19, 28
Desvio funcional 76
Difuso 169

E

Efeitos dinâmicos 125, 126, 127, 130, 136, 137
Energias renováveis 16
Ensino 2, 34, 38, 63, 64, 74, 87, 88, 90, 93, 94, 95, 96, 97, 148, 149, 156
Espectroscopia 112, 114, 115, 116, 118, 121, 122
Etilômetro 112, 113, 114, 116
Exercícios de programação 148, 156
Expressão gênica 169, 171, 174

G

Gestão pública 76, 85

I

Infravermelho 112, 114, 115, 116, 117, 118, 121

J

Java 53, 148, 149, 150, 151, 156

L

LIWC 140, 143, 144, 146

M

Materiais compósitos 40, 41, 42, 43, 44, 46, 47

Mineração de textos 158, 166, 167

Mobile learning 87, 88, 89, 91, 93, 95, 96, 97

Modelagem computacional 16, 40, 42, 125, 138

Modelo de estilo de aprendizagem 63, 65, 69

Modelos de cargas móveis 125

Multivariado 169, 172, 176, 178

P

Pontes rodoviárias 125, 126, 138, 139

Processamento de linguagem natural 140, 159

Processo ensino-aprendizagem 63

R

Recomendação 63, 64, 67, 70, 71, 72, 73

Recurso educacional aberto 63, 64

Recursos humanos 76, 79, 86

Redes 7, 30, 31, 32, 33, 35, 37, 38, 39, 81, 97, 158, 161, 167

Redes neurais sem peso 158

Robótica 98, 99, 100, 101, 110

S

Simulação 5, 13, 14, 40, 41, 43, 49, 50, 52, 54, 57, 58, 60, 61, 62, 68, 102

Simulação numérica 40, 41, 43

Sistemas de informação 76, 77, 79, 80, 86, 182

T

Tecnologia 1, 30, 32, 33, 34, 38, 39, 63, 90, 97, 112, 176, 182

Telefonia 30, 31, 32, 33, 34, 35, 37, 38, 39

Transporte público 1, 2, 3, 5, 6, 7, 15

Trocadores de Calor Solo-Ar (TCSA) 16, 17

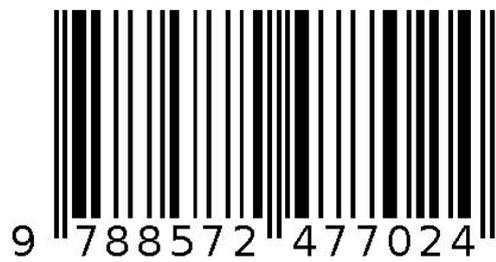
V

VoIP 30, 32, 33, 34, 38, 39

W

Whatsapp 87, 91, 96, 97

Agência Brasileira do ISBN
ISBN 978-85-7247-702-4



9 788572 477024