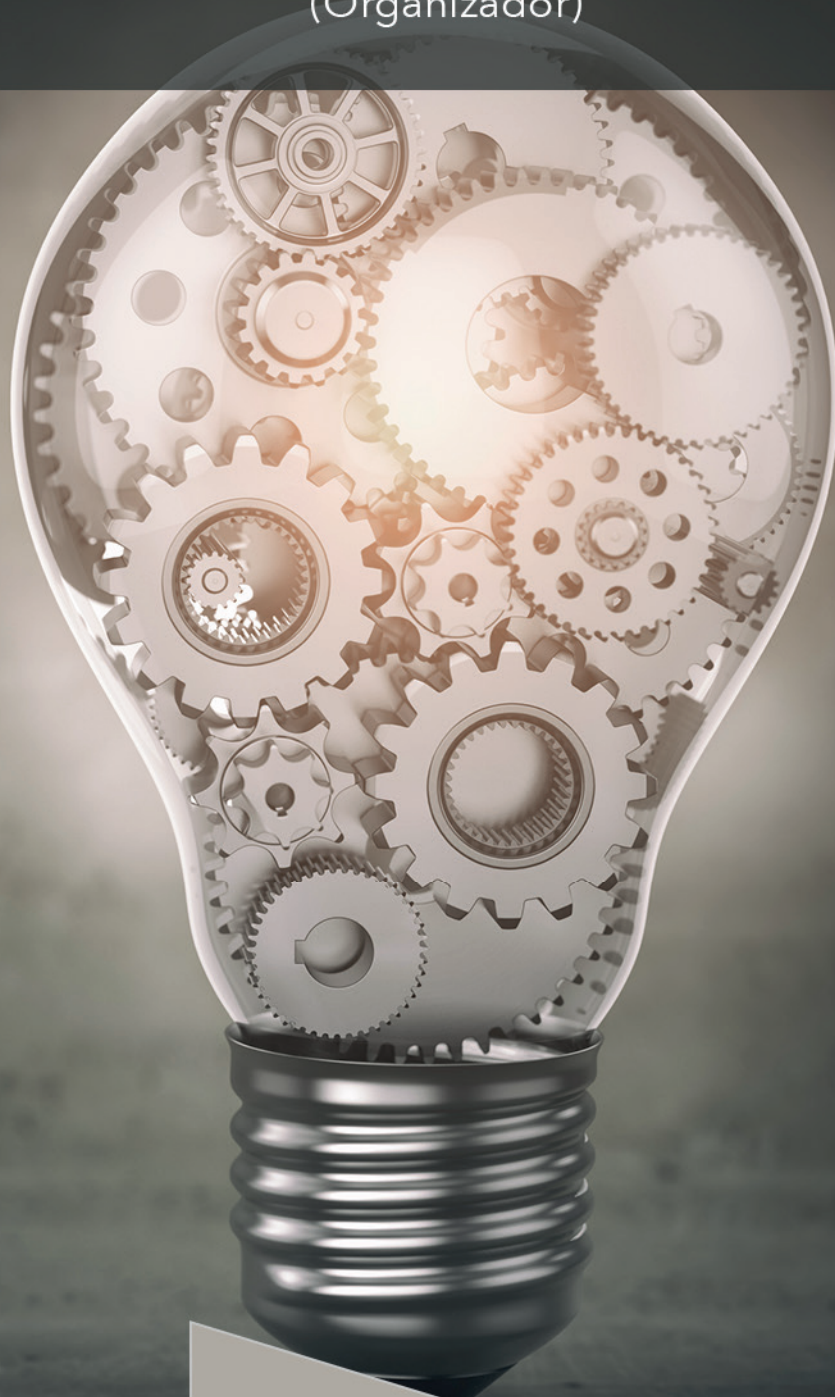


# A Engenharia de Produção na Contemporaneidade 3

Marcos William Kaspchak Machado  
(Organizador)



 **Atena**  
Editora

Ano 2018

Marcos William Kaspchak Machado  
(Organizador)

# A Engenharia de Produção na Contemporaneidade 3

Atena Editora  
2018

2018 by Atena Editora

Copyright © da Atena Editora

Editora Chefe: Profª Drª Antonella Carvalho de Oliveira

Diagramação e Edição de Arte: Geraldo Alves e Natália Sandrini

Revisão: Os autores

#### Conselho Editorial

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

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

Machado, Marcos William Kaspchak  
M149e A engenharia de produção na contemporaneidade 3 [recurso eletrônico] / Marcos William Kaspchak Machado. – Ponta Grossa (PR): Atena Editora, 2018. – (A Engenharia de Produção na Contemporaneidade; v. 3)

Formato: PDF

Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader.

Modo de acesso: World Wide Web.

Inclui bibliografia

ISBN 978-85-7247-000-1

DOI 10.22533/at.ed.001180912

1. Engenharia econômica. 2. Engenharia de produção.  
3. Pesquisa operacional. I. Título.

CDD 658.5

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

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

2018

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

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

## APRESENTAÇÃO

A obra “*A Engenharia de Produção na Contemporaneidade*” aborda uma série de livros de publicação da Atena Editora. O volume III apresenta, em seus 25 capítulos, os novos conhecimentos para a engenharia de produção nas áreas de engenharia econômica e pesquisa operacional na tomada de decisão.

As áreas temáticas de engenharia econômica e pesquisa operacional na tomada de decisão, tratam de temas relevantes para otimização dos recursos organizacionais. A constante mutação neste cenário torna necessária a inovação na forma de pensar e fazer gestão, planejar e controlar as organizações, para que estas tornem-se agentes de desenvolvimento técnico-científico, econômico e social.

Tanto as ferramentas da engenharia econômica, como os estudos da pesquisa operacional, auxiliam no processo de tomada de decisão, tornando-as mais assertivas e economicamente eficientes.

Este volume dedicado à aplicação da engenharia econômica e pesquisa operacional na tomada de decisão traz artigos que tratam de temas emergentes sobre a gestão de custos e informações econômicas, análise de viabilidade, gestão financeira e de desempenho, pesquisa operacional e aplicação de métodos multicritério na tomada de decisão.

Aos autores dos capítulos, ficam registrados os agradecimentos do Organizador e da Atena Editora, pela dedicação e empenho sem limites que tornaram realidade esta obra, que retrata os recentes avanços científicos do tema.

Por fim, espero que esta obra venha a corroborar no desenvolvimento de novos conhecimentos e inovações, e auxilie os estudantes e pesquisadores na imersão em novas reflexões acerca dos tópicos relevantes na área de engenharia de produção.

Boa leitura!

Marcos William Kaspchak Machado

## SUMÁRIO

### APLICAÇÃO DA ENGENHARIA ECONÔMICA E PESQUISA OPERACIONAL NA TOMADA DE DECISÃO

<b>CAPÍTULO 1</b> .....	<b>1</b>
GESTÃO DE CUSTOS DA PRODUÇÃO	
Ivisson de Souza Tasso	
Isabella Tamine Parra Miranda	
João Luiz Kovaleski	
<b>DOI 10.22533/at.ed.0011809121</b>	
<b>CAPÍTULO 2</b> .....	<b>13</b>
A RELEVÂNCIA DA INFORMAÇÃO CONTÁBIL PARA A TOMADA DE DECISÃO NAS EMPRESAS DE FRANCISCO BELTRÃO.	
Andressa Bender	
Robson Faria Silva	
<b>DOI 10.22533/at.ed.0011809122</b>	
<b>CAPÍTULO 3</b> .....	<b>24</b>
REDUÇÃO DOS CUSTOS DE MANUTENÇÃO – ESTUDO DE VIABILIDADE ECONÔMICA PARA IMPLANTAÇÃO/CERTIFICAÇÃO DE SPIE (SERVIÇO PRÓPRIO DE INSPEÇÃO DE EQUIPAMENTOS).	
Cleiciano Berlano Miranda de Oliveira	
Leonardo Gomes Machado	
<b>DOI 10.22533/at.ed.0011809123</b>	
<b>CAPÍTULO 4</b> .....	<b>36</b>
APLICAÇÃO DO CUSTO ANUAL UNIFORME EQUIVALENTE NA IDENTIFICAÇÃO DO MOMENTO ÓTIMO PARA A SUBSTITUIÇÃO DE UMA COLHEDORA DE CANA-DE-AÇÚCAR	
João Matheus Coimbra Stortte	
Márcio Jacometti	
<b>DOI 10.22533/at.ed.0011809124</b>	
<b>CAPÍTULO 5</b> .....	<b>50</b>
ANÁLISE DE VIABILIDADE PARA SUBSTITUIÇÃO DE EQUIPAMENTOS EM UMA PROPRIEDADE RURAL PRODUTORA DE CAFÉ NO INTERIOR DE MINAS GERAIS	
Gabriela Vilas Boas Pini	
Priscila Nayara Gonçalves	
Gabriela Azevedo Motta	
<b>DOI 10.22533/at.ed.0011809125</b>	
<b>CAPÍTULO 6</b> .....	<b>60</b>
AÇÕES ESTRATÉGICAS EM UMA IMPORTADORA DE ARTIGOS PARA ILUMINAÇÃO: UM ENFOQUE NA VARIAÇÃO CAMBIAL	
Guilherme Mendes Fernandes	
Eduardo Loewen	
Elisete Santos da Silva Zagheni	
Janaina Renata Garcia	
<b>DOI 10.22533/at.ed.0011809126</b>	
<b>CAPÍTULO 7</b> .....	<b>71</b>
CALIBRAÇÃO DO PARÂMETRO DE SUAVIZAÇÃO DO FILTRO L1 PARA UMA POSSÍVEL	

ESTRATÉGIA DE INVESTIMENTOS.

Maria Simone Alves da Silva  
Andrew de Jesus Freitas Silva  
Fernando Luiz Cyrino de Oliveira

**DOI 10.22533/at.ed.0011809127**

**CAPÍTULO 8 ..... 82**

ANÁLISE DO COMPORTAMENTO FUTURO DO PREÇO DO CIMENTO PORTLAND CP IV

Bianca Reichert  
Adriano Mendonça Souza

**DOI 10.22533/at.ed.0011809128**

**CAPÍTULO 9 ..... 92**

PERFORMANCE ECONÔMICO-FINANCEIRA DO SETOR DE PAPEL E CELULOSE BRASILEIRO:  
TESTANDO A INFLUÊNCIA DE VARIÁVEIS MACROECONÔMICAS VIA METODOLOGIA DE TODA  
E YAMAMOTO E REDES NEURAIS ARTIFICIAIS.

Pedro de Moraes Rocha  
Vitória Gomes da Costa  
Yasmin Leão Sodré Soares  
Daiane Rodrigues dos Santos

**DOI 10.22533/at.ed.0011809129**

**CAPÍTULO 10 ..... 115**

ANÁLISE DA RELAÇÃO ENTRE AS EXPECTATIVAS MACROECONÔMICAS BRASILEIRAS  
DIVULGADAS NO RELATÓRIO FOCUS E OS ÍNDICES SETORIAIS DA B3

Stéfan Thomassen Andrade  
Mirela Castro Santos Camargos  
Marcos Antônio de Camargos

**DOI 10.22533/at.ed.00118091210**

**CAPÍTULO 11 ..... 133**

MAPEAMENTO DE FERRAMENTAS ORIUNDAS DA CIÊNCIA DA COMPUTAÇÃO QUE BUSQUEM  
AUTOMATIZAR, APOIAR OU MODELAR PROBLEMAS DAS ORGANIZAÇÕES NO SEGMENTO  
FINANCEIRO

Wagner Igarashi  
Deisy Cristina Corrêa Igarashi

**DOI 10.22533/at.ed.00118091211**

**CAPÍTULO 12 ..... 149**

MAPEAMENTO DO PERFIL DE NOVOS INVESTIDORES DO MERCADO DE VALORES MOBILIÁRIOS  
BRASILEIRO

Estevão Cristian da Silva Leite

**DOI 10.22533/at.ed.00118091212**

**CAPÍTULO 13 ..... 165**

APLICAÇÃO DE PROGRAMAÇÃO LINEAR INTEIRA NA MAXIMIZAÇÃO DO LUCRO DE UMA  
EMPRESA DO SETOR DE BELEZA E ESTÉTICA

Weverton Silveira de Almeida  
Marilane Elias da Silva  
Nicolás Victor Martins dos Santos  
Lana Muriela Ribeiro  
Stella Jacyszyn Bachega

**DOI 10.22533/at.ed.00118091213**

<b>CAPÍTULO 14</b> .....	<b>178</b>
UM ESTUDO COMPUTACIONAL DO PROBLEMA DE AGRUPAMENTO COM SOMA MÍNIMA DE DISTÂNCIAS	
Augusto Pizano Vieira Beltrão José André de Moura Brito	
<b>DOI 10.22533/at.ed.00118091214</b>	
<b>CAPÍTULO 15</b> .....	<b>190</b>
APLICAÇÃO DA PROGRAMAÇÃO DINÂMICA NA ANÁLISE DO ESTOQUE DE UMA INDÚSTRIA MOVELEIRA	
Everton Ortiz Rocha Michell Eduardo Dallabrida	
<b>DOI 10.22533/at.ed.00118091215</b>	
<b>CAPÍTULO 16</b> .....	<b>199</b>
PROBLEMA DE PORTFÓLIO DE MÉDIO PRAZO PARA UM GERADOR HIDROELÉTRICO	
Tiago Forti da Silva Leonardo Nepomuceno	
<b>DOI 10.22533/at.ed.00118091216</b>	
<b>CAPÍTULO 17</b> .....	<b>212</b>
ESTUDO DA INFLUÊNCIA DO ERRO DE PREVISÃO DA TEMPERATURA SOBRE O ERRO DE PREVISÃO A CURTO PRAZO DA CARGA ELÉTRICA	
Anna Cláudia Mancini da Silva Carneiro Henrique Steinherz Hippert	
<b>DOI 10.22533/at.ed.00118091217</b>	
<b>CAPÍTULO 18</b> .....	<b>222</b>
APLICAÇÃO DO MÉTODO HÍBRIDO ARIMA-RNA PARA A PREDIÇÃO DOS CUSTOS DE INTERNAÇÃO PELO SISTEMA ÚNICO DE SAÚDE NA CIDADE DE SÃO PAULO	
Nayara Moreira Rosa João Chang Junior Cláudia Aparecida de Mattos	
<b>DOI 10.22533/at.ed.00118091218</b>	
<b>CAPÍTULO 19</b> .....	<b>234</b>
APLICAÇÃO DA TEORIA DAS FILAS: MELHORIA DO ATENDIMENTO DO HOSPITAL UNIVERSITÁRIO MARIA APARECIDA PEDROSSIAN	
Fernando Rocha Passos Júnior Lilian Milena Ramos Carvalho	
<b>DOI 10.22533/at.ed.00118091219</b>	
<b>CAPÍTULO 20</b> .....	<b>245</b>
A UTILIZAÇÃO DO MÉTODO AHP NA PRIORIZAÇÃO DE ORDENS DE SERVIÇO: O ESTUDO DE CASO NA PREFEITURA DA UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA	
Nathan Nogueira Freitas Marcos Vilarindo Paeslandim Rodrigues	
<b>DOI 10.22533/at.ed.00118091220</b>	
<b>CAPÍTULO 21</b> .....	<b>259</b>
ANALYTIC HIERARCHY PROCESS COMO FERRAMENTA DE APOIO A SERVITIZAÇÃO E POSICIONAMENTO ESTRATÉGICO DE RESTAURANTES	
Wellington Goncalves	

Rodrigo Randow de Freitas  
Fernando Nascimento Zatta  
Keydson Quaresma Gomes

**DOI 10.22533/at.ed.00118091221**

**CAPÍTULO 22 ..... 272**

UTILIZAÇÃO DO AMD NA ESCOLHA DE UM SISTEMA ERP VISANDO A EXPANSÃO DE UMA EMPRESA DO VAREJO PARA O ECOMMERCE

Ingrid Dantas Silva  
Marcos Santos  
Marcone Freitas Reis

**DOI 10.22533/at.ed.00118091222**

**CAPÍTULO 23 ..... 286**

REVISÃO BIBLIOMÉTRICA SOBRE A ANÁLISE DE DECISÃO MULTICRITÉRIO NA ÁREA DA SAÚDE

Deyse Gillyane Gomes Camilo  
Talita Dias Chagas Frazão  
Ricardo Pires de Souza  
Bruno Cesar Linhares  
Adeliane Marques Soares  
Amanda Gomes de Assis

**DOI 10.22533/at.ed.00118091223**

**CAPÍTULO 24 ..... 300**

ANÁLISE DO PROCESSO DE PREMIAÇÃO DAS ÁREAS INTEGRADAS DE SEGURANÇA NO RIO DE JANEIRO: UMA ABORDAGEM MULTICRITÉRIO

Marcio Pereira Basilio  
Valdecy Pereira

**DOI 10.22533/at.ed.00118091224**

**CAPÍTULO 25 ..... 321**

APLICAÇÃO DE MÉTODO MULTIPARAMÉTRICO COMO AUXÍLIO À AVALIAÇÃO DE NECESSIDADE DE SUBSTITUIÇÃO DE EQUIPAMENTOS MÉDICO-HOSPITALARES

Marcelo Antunes Marciano  
Eliezer Knob de Souza

**DOI 10.22533/at.ed.00118091225**

**SOBRE O ORGANIZADOR..... 329**



## UM ESTUDO COMPUTACIONAL DO PROBLEMA DE AGRUPAMENTO COM SOMA MÍNIMA DE DISTÂNCIAS

**Augusto Pizano Vieira Beltrão**

Universidade Federal Fluminense (UFF)

Niterói - Rio de Janeiro

**José André de Moura Brito**

Escola Nacional de Ciências Estatísticas (ENCE/  
IBGE)

Rio de Janeiro - Rio de Janeiro

**RESUMO:** Este artigo traz a proposta de um algoritmo que foi aplicado ao problema de agrupamento com soma mínima de distâncias (PASMD). Dada uma base de dados com  $n$  objetos e  $q$  variáveis, busca-se distribuir os objetos em  $k$  grupos, de modo que a soma total de distâncias entre todos os pares de objetos, dentro de cada um dos grupos, seja mínima. Este problema tem alta complexidade computacional, o que dificulta a aplicação de métodos de enumeração exaustiva ou implícita. Considerando esta questão, foi desenvolvido um algoritmo heurístico baseado nos algoritmos genéticos de chaves aleatórias viciadas (biased random-key genetic algorithm – BRKGA). De forma a avaliar este algoritmo, foram realizados experimentos computacionais, considerando a sua aplicação em um conjunto de 49 bases de dados. Os resultados obtidos indicam que esse algoritmo se constitui como uma boa alternativa à resolução do PASMD.

**PALAVRAS-CHAVES:** Análise de

Agrupamentos, Soma Mínima e BRKGA.

**ABSTRACT:** This article presents the proposal of an algorithm that was applied to the minimum sum of distances clustering problem with (MSDCP). Given a database with  $n$  objects and  $q$  variables, the objective is to distribute the objects in  $k$  groups, so that the total sum of distances between all pairs of objects, within each of the groups, is minimal. This problem has a high computational complexity, which makes it difficult to apply exhaustive or implicit enumeration methods. Considering this question, a heuristic algorithm based on the biased random-key genetic algorithms (BRKGA) was developed. In order to evaluate this algorithm, we perform computational experiments, considering its application in a set of 49 data bases. The results obtained indicate that this algorithm constitutes a good alternative to the resolution of MSDCP.

**KEYWORDS:** Clustering Analysis, Minimum Sum and BRKGA.

### 1 | INTRODUÇÃO

Com a disponibilidade de máquinas com processadores cada vez mais velozes, e com grande quantidade de memória, tem ocorrido, nos últimos tempos, um grande aumento quanto

à capacidade de processamento e de armazenamento de dados. Considerando, então, tantos dados disponíveis e, das mais variadas fontes e finalidades, surge a questão natural de como extrair informações úteis desses dados.

Uma forma de extrair informação relevante, a partir da análise dos dados, consiste na utilização da análise de agrupamentos, que tem um importante papel em diversas áreas do conhecimento. Há vários exemplos de aplicações da análise de agrupamentos, sejam eles: na Medicina (incidência de certos tipos de câncer), na Química (classificação de compostos), no Marketing (segmentação de clientes) etc.

A análise de agrupamentos é uma técnica de Análise Multivariada que agrega vários métodos que têm, como objetivo, a formação de grupos. Mais especificamente, busca-se dividir os  $n$  objetos de uma base de dados em grupos, de maneira que cada grupo seja composto por objetos similares entre si (homogêneos). Tanto a similaridade quanto a dissimilaridade são calculadas utilizando uma medida de distância escolhida (Euclidiana, Manhattan etc) que é função das  $q$  variáveis associadas aos  $n$  objetos da base de dados.

A importância do agrupamento de objetos em diversas ciências e o enorme acúmulo de observações em bancos de dados tem motivado, nas últimas décadas, o desenvolvimento de vários métodos de agrupamento. Esses métodos, por sua vez, estão diretamente associados à forma de definir os agrupamentos, à métrica (distância) e à função objetivo utilizada. Ou seja, de acordo com a função, define-se um problema de agrupamento associado.

Este artigo traz a proposta de um novo algoritmo heurístico para o PASMD, que corresponde a um problema de alta complexidade computacional (BRITO; BRITO, 2008). O algoritmo foi desenvolvido mediante o estudo da metaheurística Algoritmo Genético de Chaves Aleatórias Viciadas. Foi aplicado em um conjunto de 49 bases de dados, de diferentes tamanhos (número de objetos) e dimensões (quantidade de atributos).

O artigo está dividido da seguinte forma: Na seção dois são apresentados os conceitos básicos de análise de agrupamentos. A seção três traz uma descrição do problema que foi abordado neste artigo. A seção quatro traz uma descrição do BRKGA e uma descrição do algoritmo proposto para o PASMD. Na seção cinco são apresentados alguns resultados computacionais referentes à aplicação do algoritmo nas bases de dados, análises e conclusões.

## 2 | ANÁLISE DE AGRUPAMENTOS

Atualmente, existe um grande interesse, por parte de diversos pesquisadores, em analisar bases de dados dos mais variados tamanhos (em relação ao número de objetos ou registros) e dimensões (em relação ao número de atributos). Neste sentido, uma alternativa de análise diz respeito à aplicação de métodos análise de

agrupamentos para identificar grupos, mais especificamente, separar os objetos em grupos homogêneos. Desta forma, há a necessidade de se utilizar e desenvolver métodos que traduzam bases de dados em informação sobre a estrutura “natural” dos dados (HAIR et al., 2005). O advento da computação, e a crescente massa de dados disponibilizada nos últimos anos representam incentivos ao aprimoramento e desenvolvimento de métodos que sejam capazes de identificar grupos a partir das bases de dados para atingir este objetivo. Essas bases podem ser encontradas, por exemplo, em sites de órgãos públicos, universidades etc.

Os métodos de agrupamento operam através da utilização de medidas de distância que permitem a avaliação da dissimilaridade ou similaridade, sendo essas distâncias função das  $q$  variáveis associadas aos  $n$  objetos. Desta forma, a distância entre dois objetos quaisquer de uma base de dados é calculada a partir dos valores das variáveis dos dois objetos, através de uma fórmula matemática. Em geral, quanto menor a distância entre dois objetos, maior é a similaridade entre eles ou, equivalentemente, menor é a dissimilaridade.

Uma base de dados com  $n$  objetos, pode ser representada pelo conjunto  $X = \{x_1, x_2, \dots, x_n\}$ , onde cada elemento  $x_i$  (objeto da base) corresponde a um vetor com  $q$  atributos (variáveis), ou seja,  $x_i = (x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{iq})$ . Destarte, a base de dados  $X$  é representada em uma matriz  $A_{n \times q}$ , onde as linhas correspondem aos objetos (registros) a serem agrupados e as colunas correspondem aos atributos de cada objeto. Ainda neste sentido, muitos dos algoritmos de agrupamentos têm, como entrada, uma matriz de distâncias  $D_{n \times n}$ , sendo o valor de cada entrada  $d_{ij}$  da matriz correspondente à distância entre dois objetos  $x_i$  e  $x_j$ . Para fins da avaliação da dissimilaridade, neste trabalho foi utilizada a distância euclidiana.

## 2.1 Métodos de agrupamento

Testar todas as alocações possíveis dos  $n$  objetos em  $k$  grupos, a fim de obter a melhor solução possível (grupos mais homogêneos) é uma tarefa que, em geral, não é possível, mesmo com os melhores computadores disponíveis atualmente. Por conta dessa dificuldade, e das inúmeras aplicações da análise de agrupamentos, muitos algoritmos de agrupamento têm sido desenvolvidos nas últimas décadas. Esses algoritmos, em geral, produzem soluções “razoáveis” (ótimos local: melhor solução possível, para um conjunto de soluções vizinhas), sem a necessidade de explorar todas as soluções possíveis (JOHNSON et al., 2007), ou seja, aplicar uma enumeração exaustiva, que tem por objetivo produzir a solução ótima global (melhor solução possível), pode não ser viável dependendo do número de objetos. Pois, à medida que  $n$  cresce, o número de soluções a serem enumeradas para o problema de agrupamento aumenta substancialmente (FADEL, 2013). Mais especificamente, o número de soluções possíveis (a enumerar) para  $n$  objetos e  $k$  grupos é dada pela fórmula do número de *Stirling* de segundo tipo (JOHNSON et al., 2007, p.672). A Tabela

1 ilustra, a partir desta fórmula, o aumento de soluções de acordo com o número de objetos em determinada base de dados.

n \ k	2	3	4	5
20	$5,24 \cdot 10^5$	$5,81 \cdot 10^8$	$4,52 \cdot 10^{10}$	$7,49 \cdot 10^{11}$
30	$5,37 \cdot 10^8$	$3,43 \cdot 10^{13}$	$4,80 \cdot 10^{16}$	$7,71 \cdot 10^{18}$
40	$5,50 \cdot 10^{11}$	$2,03 \cdot 10^{18}$	$5,04 \cdot 10^{22}$	$7,57 \cdot 10^{25}$
50	$5,63 \cdot 10^{14}$	$1,19 \cdot 10^{23}$	$5,28 \cdot 10^{28}$	$7,40 \cdot 10^{32}$
60	$5,76 \cdot 10^{17}$	$7,07 \cdot 10^{27}$	$5,54 \cdot 10^{34}$	$7,23 \cdot 10^{39}$
70	$5,90 \cdot 10^{20}$	$4,17 \cdot 10^{32}$	$5,81 \cdot 10^{40}$	$7,06 \cdot 10^{46}$

Tabela 1- Quantidade de soluções possíveis para o problema de agrupamento

Fonte: Elaboração Própria

Uma possível alternativa à enumeração consiste na aplicação de métodos de agrupamento classificados em hierárquicos e não hierárquicos (HAIR et al., 2005, p.398).

### 2.1.1 Métodos hierárquicos

São caracterizados, em sua execução, pela formação de estruturas hierárquicas formadas por sucessivas fusões ou divisões de grupos. Os métodos hierárquicos são divididos em dois tipos, a saber: Hierárquicos aglomerativos - começam com número de grupos igual ao de objetos e, a cada passo, os objetos mais próximos (de menor distância) são agrupados. Então, grupos mais similares também são agrupados até que, finalmente, todos os objetos formem um único grupo. Hierárquicos divisivos - começam com todos os objetos em apenas um grupo, e, no primeiro passo, divide-se esse grupo em dois, segundo a dissimilaridade de seus objetos, e os grupos permanecem sendo divididos de acordo com as distâncias entre eles, calculadas passo a passo, até que cada grupo tenha um único objeto.

### 2.1.2 Métodos não hierárquicos

Estes métodos têm como peculiaridade a definição, a priori, do número de grupos. Uma vantagem dos métodos não hierárquicos é que eles podem ser aplicados a bases de dados maiores (mais objetos), pois não há a necessidade de se armazenar a priori, em uma estrutura de dados, a informação da matriz de distâncias e as várias soluções para diferentes quantidades de grupos como nos métodos hierárquicos. Dentre os métodos não hierárquicos destacamos o k-means (k-médias) (HAIR et al., 2005) e k-medoides (KAUFMAN; ROUSEEUW, 2009).

## 3 | PROBLEMA DE AGRUPAMENTO COM SOMA MÍNIMA DE DISTÂNCIAS

O tipo de distância considerada e a função objetivo escolhida (avalia a

homogeneidade dos grupos), determinam diferentes estruturas de agrupamento. Seja  $X$  o conjunto constituído por  $n$  objetos  $X = \{x_1, x_2, \dots, x_i, \dots, x_n\}$ , com  $q$  variáveis, tal que  $x_i = (x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{iq})$  e que a distância  $d_{ij}$  entre dois objetos  $x_i$  e  $x_j$  quaisquer seja definida, por exemplo, como a distância euclidiana e suponha que o número de grupos  $k$  seja fixado a priori. No problema de agrupamento com soma mínima de distâncias (PASMD), busca-se alocar os  $n$  objetos em  $k$  grupos, denotados por  $C_1, C_2, \dots, C_k$ , de forma que a soma total das distâncias  $d_{ij}$  entre todos os objetos, tomados dois a dois, dentro de cada um dos grupos, seja mínima. Ou seja, busca-se minimizar a seguinte função objetivo:

$$\min f = \sum_{g=1}^k \sum_{\forall x_i, x_j \in C_g} d_{ij}$$

Ressalta-se, que resolver o PASMD não é uma tarefa trivial, e que realizar um processo de busca exaustiva, levando em conta todas as possíveis soluções para o problema pode não ser viável, visto que a quantidade de soluções possíveis para o problema é limitada, também, pelo número de *Stirling* de segundo tipo. Ainda neste sentido, dentre as propostas mais recentes encontradas na literatura, para a resolução desse problema, temos o trabalho de Brito e Brito (2008) com duas metaheurísticas, um algoritmo genético e o VNS (Variable Neighborhood Search). Serpa D. R. (2009) agrupa dados biológicos utilizando a função objetivo do problema de soma mínima e utilizando as metaheurísticas VNS e GRASP. Nascimento et al. (2009) resolve o problema proposto através de um algoritmo baseado na metaheurística GRASP.

Os algoritmos de agrupamento produzem, em geral, soluções que correspondem a ótimos locais. Por sua vez, esses ótimos podem ser considerados de boa qualidade (satisfatórios) quando têm proximidade com o ótimo global. Um algoritmo de agrupamento pode produzir ótimos locais distantes da solução ótima. Fato esse que pode ser problemático, pois as estruturas formadas na solução final podem não corresponder à estrutura real dos dados. Considerando essa questão, as metaheurísticas têm sido aplicadas a diversos problemas de agrupamento. Em linhas gerais, as metaheurísticas são heurísticas de uso geral desenvolvidas para uso em diversos problemas de otimização.

#### 4 | ALGORITMO GENÉTICO DE CHAVES ALEATÓRIAS VICIADAS

Assim como no algoritmo genético clássico, os termos cromossomo, população, geração e os operadores genéticos também estão presentes no BRKGA (GONÇALVES; RESENDE, 2011). Cada cromossomo corresponde a um vetor  $u$  de  $n$  posições com valores reais gerados segundo uma distribuição uniforme  $[0,1]$ . Assim sendo, a população, em cada geração, é dada por um conjunto de  $p$  vetores  $u$ . Os operadores de seleção, cruzamento e mutação são aplicados nestes vetores.

Também há um procedimento específico no BRKGA denotado por decodificador. O decodificador é aplicado em cada um dos  $p$  vetores  $u$ , produzindo  $p$  vetores solução  $s$ , que correspondem às soluções viáveis para o problema de otimização em questão, sendo o decodificador particular de cada problema. Após a decodificação, calcula-se o valor da função objetivo do problema em questão para cada um dos vetores  $s$ .

1. Seleção – Calcula-se o valor da função objetivo para cada um dos  $p$  vetores  $s$  e, com estes valores, ordena-se os cromossomos  $u$  do melhor para o pior, considerando os valores da função objetivo. Neste caso, os melhores cromossomos são aqueles que apresentam o menor valor da função objetivo. Assim sendo, define-se um percentual  $P_e$ , e seleciona-se para um conjunto definido como Elite, um total  $T_E = p \cdot P_e$  associados às  $T_E$  soluções associadas aos melhores cromossomos (menor valor de função objetivo), compondo o conjunto elite (E). As soluções de E são copiadas para a próxima geração e o resto dos cromossomos ( $p - T_E$ ) são classificados como não-elite, definindo o conjunto NE. O objetivo deste operador é garantir que os vetores  $u$  que produzem as melhores soluções  $s$ , encontradas até o momento, não sejam perdidas.
2. Mutação – Gera-se um número de novos vetores  $u$  que formam o conjunto mutação M. O objetivo deste operador é evitar que as soluções fiquem presas a mínimos locais não satisfatórios e dar diversidade ao algoritmo, pois adiciona à população soluções completamente novas, geradas estocasticamente. O tamanho do conjunto mutante é dado por  $T_M = p \cdot P_m$ , sendo  $P_m$  um percentual definido a priori.
3. Cruzamento – Este operador cria novos cromossomos (vetores  $u$ ) para a nova população a partir de cromossomos já existentes na população atual, combinando vetores de chaves aleatórias (chamados de pais) da população atual repetidas vezes para formar um conjunto da nova população. Um dos pais é um cromossomo escolhido aleatoriamente do conjunto elite, enquanto o outro é um cromossomo escolhido aleatoriamente do conjunto NE. Um mesmo pai pode ter mais de um filho por geração, pois os cromossomos são escolhidos com reposição. Então, os dois cromossomos (pais) são combinados da seguinte maneira:
  - I. É criado um cromossomo filho igual ao cromossomo não-elite.
  - II. É gerado um vetor de dimensão  $1 \times n$ , suas entradas são números gerados estocasticamente no intervalo  $[0, 1]$ , sendo esse vetor chamado de vetor RNG.
  - III. Para cada entrada  $i$  do vetor RNG verifica-se se este valor é menor que  $Prob_e$  que corresponde à probabilidade de cruzamento. Caso seja, então a  $i$ -ésima entrada do cromossomo filho é substituída pela  $i$ -ésima entrada (característica) do cromossomo selecionado de E. Deste modo, quanto maior o valor de  $Prob_e$ , maiores as chances de um filho possuir muitas características do cromossomo (pai) do conjunto elite. Se  $RNG \geq Prob_e$  então a  $i$ -ésima entrada do cromossomo filho é substituída pela  $i$ -ésima entrada (característica) do cromossomo selecionado de NE.

RNG	0,28	0,32	0,83	0,24	0,97	0,28
Pai Conjunto Elite	<b>0,73</b>	<b>0,38</b>	0,96	<b>0,09</b>	0,15	<b>0,95</b>
Pai Conjunto Não-Elite	0,98	0,39	<b>0,08</b>	0,04	<b>0,70</b>	0,52
Filho	<b>0,73</b>	<b>0,38</b>	0,08	<b>0,09</b>	0,70	<b>0,95</b>

Figura 1 - Exemplo de um cruzamento entre dois vetores pais para gerar um vetor filho (o tamanho do vetor de chaves aleatórias é 6 (n=6) e Probe = 0,8)

Fonte: Elaboração Própria

IV. Depois destes três passos, o cromossomo filho é colocado no conjunto cruzamento que fará parte da próxima geração. Desta forma, tanto os cromossomos elite como os não-elite têm probabilidade de passar suas características para as próximas gerações. Então, outros dois cromossomos (pais) são escolhidos de igual modo (e com reposição) de maneira sucessiva até que se tenha gerado uma quantidade suficiente de cromossomos filho para a geração seguinte.

O tamanho do conjunto cruzamento é dado por:

$$POP_{cruza} = p - T_E - T_M$$

A Figura 2 ilustra a transição da geração atual para a próxima, através da aplicação dos operadores genéticos.

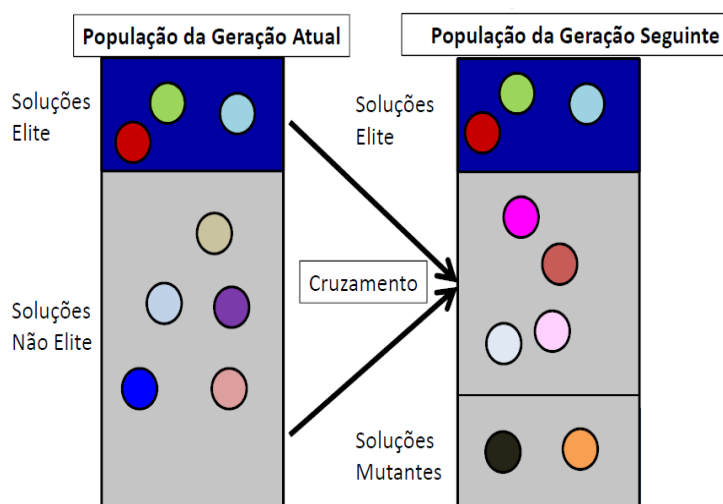


Figura 2 - Transição da geração atual para a nova geração.

Fonte: Figura baseada em figura apresentada em Gonçalves e Resende (2011).

Os três operadores genéticos são aplicados em todas as m gerações, em particular, da primeira para a segunda.

#### 4.1 Decodificador proposto para o pasmd

O decodificador implementado para o problema de soma mínima recebe um vetor u de chaves aleatórias de tamanho n (número de objetos) e retorna um vetor solução s de igual tamanho que será utilizado para o cálculo da função objetivo abaixo:

$$\min f = \sum_{g=1}^k \sum_{\forall x_i, x_j \in C_g} d_{ij}$$

Cada entrada  $s_i$  do vetor  $s$  corresponde a um inteiro positivo entre 1 e  $k$ . Esse vetor fornece a alocação dos objetos aos  $k$  grupos. A Figura 3 ilustra um agrupamento com  $n = 10$  e  $k = 3$ . A primeira linha representa o número de cada objeto, a segunda linha o vetor  $u$  e a terceira linha representa o número do grupo que cada objeto está alocado. Por exemplo, o grupo 1 é formado pelos objetos (7, 9), o grupo 2 pelos objetos (2, 3, 4, 5) e o grupo 3 é formado pelos objetos (1, 6, 8, 10).

objeto	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
u	0,89	0,51	0,45	0,64	0,62	0,75	0,13	0,77	0,06	0,75
s	3	2	2	2	2	3	1	3	1	3

Figura 3-Exemplo de agrupamento de 10 objetos em 3 grupos.

Fonte: Elaboração Própria

Cada vetor solução  $s$  para o PASMD é obtido a partir do vetor de chaves aleatórias  $u$  em dois passos, quais sejam: (1) Multiplica-se cada entrada do vetor  $u$  pelo número  $k$  de agrupamentos produzindo um vetor  $z$  e (2) Aplica-se uma função em cada entrada de  $z$ . Esta função recebe um número real  $Y$  (entre 0 e  $k$ ) e retorna o menor número inteiro maior que  $Y$  em cada posição de  $s$ . Em seguida, aplica-se a função objetivo em  $s$ , calculando as distâncias entre objetos, tomados dois a dois dentro de cada um dos grupos. Por exemplo, suponhamos que um grupo  $G$  seja formado por três objetos,  $\{x_1, x_2, x_3\}$ ; a soma de distâncias dentro deste grupo será dada por  $\text{dist}(x_1, x_2) + \text{dist}(x_1, x_3) + \text{dist}(x_2, x_3)$ .

## 5 | RESULTADOS COMPUTACIONAIS

O algoritmo BRKGA, que incorpora os operadores descritos na seção anterior, além do decodificador específico, foi aplicado em um conjunto de 49 bases de dados, de diferentes fontes, com o número de objetos variando de 16 a 900 e o número de variáveis de 2 a 60. Todas as bases de dados foram padronizadas (*z-score*) a fim de evitar que variáveis de magnitudes diferentes tivessem impacto no agrupamento formado.

O BRKGA proposto neste artigo recebe como parâmetros de entrada: o tamanho  $n$ , o número  $k$  de grupos, percentual  $P_e$  da população considerado elite (menor que 50%), percentual  $P_m$  de mutantes na população, probabilidade  $\text{Prob}_e$  de uma característica de um cromossomo elite estar presente em seu filho (maior que 50%) e o número  $m$  de gerações. Em consonância com Gonçalves e Resende (2011), o valor escolhido para o tamanho da população foi 100. O algoritmo foi programado em linguagem R e os



experimentos computacionais foram realizados em um computador com processador Intel(R) Core(TM) i5-6400 CPU @ 2.70 GHz e dotado de 16 GB de memória. Para definir os valores dos parâmetros  $P_e$ ,  $P_m$  e  $Prob_e$ , foram escolhidas 5 bases de dados de diferentes tamanhos e quantidades de variáveis (dentre as 49). Nessas bases, o algoritmo BRKGA denotado, doravante, BRKGASOMA, foi aplicado considerando diferentes combinações desses parâmetros, para verificar qual combinação produziria os melhores resultados em relação à função objetivo. Esse experimento foi realizado considerando  $k = 4$ .

O BRKGA evolui uma população de vetores de chaves aleatórias ao longo de  $m$  gerações, ou até que atinja uma quantidade de gerações sem que o valor da função objetivo da melhor solução encontrada diminua, ou seja, foram considerados dois critérios de parada. O número máximo de gerações foi 1.000 e o número máximo de gerações sem melhoria (redução) no valor da função objetivo foi 200.

A combinação de parâmetros escolhida como a melhor foi: 20%  $P_e$ , 20% para  $P_m$  e 80%  $Prob_e$ . Esta combinação foi considerada nos experimentos realizados com o algoritmo em todas as 49 bases. O BRKGASOMA foi aplicado nas 49 bases de dados, considerando  $k$  variando de 2 a 5, ou seja, foram feitas 196 (número de grupos x número de bases) execuções do algoritmo. Para cada uma destas execuções, foi registrado: o valor da função objetivo associado à melhor solução encontrada, o tempo de processamento (em segundos), o número de gerações necessárias até encontrar a melhor solução, o total de gerações até o fim do processamento e o vetor  $s$  resposta associado à melhor solução (agrupamento) encontrada.

A tabela 2 a seguir traz algumas estatísticas descritivas quanto ao número de gerações, além do tempo médio que algoritmo consumiu para cada uma das bases de dados, considerando o número de grupos entre 2 e 5. É possível observar que para um número de grupos acima de 2 foi necessário, em média, um número de gerações superior a 500. Ou seja, melhores soluções são obtidas às custas de um maior número de gerações do algoritmo.

<b>k \ Estatísticas</b>	<b>Min</b>	<b>Q1</b>	<b>Q2</b>	<b>Média</b>	<b>Q3</b>	<b>Máximo</b>	<b>CV</b>	<b>Tempo Médio (seg.)</b>
2	5	137	278	445,89	803	998	80%	2.122,62
3	15	328	846	668,86	987	1.000	52%	1.515,22
4	14	746	968	782,30	995	1.000	41%	1.241,00
5	27	889	980	837,84	998	1.000	33%	971,87

Tabela 2 - Estatísticas descritivas da distribuição dos valores das gerações e tempo médio.

Fonte: Elaboração Própria

Além desse experimento, de forma a avaliar a qualidade das soluções produzidas pelo BRKGASOMA, em função do tempo de processamento, foi realizado um segundo

experimento, utilizando sete bases dados. Este experimento consistiu em aplicar a formulação de programação inteira apresentada nos trabalhos de Brito e Brito (2008) e Nascimento et al (2009) para resolver o PASMD. Essa formulação foi implementada no software LINGO (versão 14.0).

Conforme comentado anteriormente, a aplicação de formulações para problemas de agrupamento só é factível, por conta do tempo computacional, para problemas de pequeno porte (n). Assim sendo, foi estipulado um tempo máximo de processamento para a execução dessa formulação, mais especificamente, 3.600 segundos (1 hora). Ao final desse tempo, foi registrado o ótimo local ou global. O Quadro 1 a seguir traz os resultados do BRKGASOMA e da formulação para as sete bases.

		k = 2					k = 3				
Base	n	BRKGASOMA	Tempo	Formulação	Tempo	Gap	BRKGASOMA	Tempo	Formulação	Tempo	Gap
IDH_AC	22	10,6	3	10,6	5	0,0%	5,3	3	5,3	132	0,0%
IDH_ES	78	78,8	24	89,6	3.600*	-12,0%	44,4	27	68,9	3.600*	-35,7%
IDH_RJ	92	106,7	28	144,0	3.600*	-25,9%	56,4	31	74,1	3.600*	-23,9%
Iris	150	9.063,5	136	10.006,5	3.600*	-9,4%	4.436,6	115	8.561,9	3.600*	-48,2%
Wine Data Set	178	28.567,9	164	34.185,7	3.600*	-16,4%	16.507,7	156	30.391,3	3.600*	-45,7%
Maronna	200	12.229,5	190	17.814,7	3.600*	-31,4%	6.690,4	354	16.208,7	3.600*	-58,7%
face	296	29.181,4	1.115	59.060,3	3.600*	-50,6%	13.709,7	767	34.021,2	3.600*	-59,7%
		k = 4					k = 5				
Base	n	BRKGASOMA	Tempo	Formulação	Tempo	Gap	BRKGASOMA	Tempo	Formulação	Tempo	Gap
IDH_AC	22	3,6	4	3,5	3.600*	1,2%	2,5	4	2,4	3.600*	1,2%
IDH_ES	78	30,8	20	47,7	3.600*	-35,5%	21,6	43	31,2	3.600*	-30,8%
IDH_RJ	92	37,5	42	60,9	3.600*	-38,3%	28,0	33	50,1	3.600*	-44,2%
Iris	150	3.112,4	98	4.724,5	3.600*	-34,1%	2.466,0	137	4.544,3	3.600*	-45,7%
Wine Data Set	178	11.999,3	196	17.845,8	3.600*	-32,8%	9.396,8	165	13.192,7	3.600*	-28,8%
Maronna	200	3.359,9	275	10.632,9	3.600*	-68,4%	2.625,7	233	4.840,7	3.600*	-45,8%
face	296	9.877,9	594	21.028,7	3.600*	-53,0%	7.052,5	489	17.568,8	3.600*	-59,9%

Quadro 1 - Resultados do BRKGASOMA e da Formulação

3600\* Melhor solução viável encontrada no tempo de 1 hora

Os valores da função objetivo em negrito correspondem à melhor solução encontrada e a coluna gap indica, em termos relativos, a diferença entre o valor da função objetivo do algoritmo BRKGASOMA e da formulação, sendo

$$\text{gap} = 100 \cdot (\text{FOBJ}_{\text{BRKGASOMA}} - \text{FOBJ}_{\text{formulação}}) / \text{FOBJ}_{\text{formulação}}$$

É possível observar que, em 23 dos 28 resultados (82%), ou seja, na maioria, o algoritmo BRKGASOMA produziu uma solução de qualidade superior à formulação em um tempo bem menor. A média dos gaps em que o BRKGASOMA apresentou resultados melhores que a formulação é de -38%, mostrando que os resultados do BRKGASOMA são de qualidade consideravelmente superior aos resultados da formulação. Em todos os casos, o BRKGASOMA apresentou os resultados em tempo menor que a formulação, sendo que, a formulação atingiu o limite de 1 hora em 26 dos 28 casos (92%). Nos dois únicos casos em que a formulação não atingiu o limite de 1 hora, a base de dados continha apenas 22 objetos, mostrando que a formulação se torna uma alternativa pouco viável conforme n aumenta.

Em dois casos a formulação atingiu ótimo global, ambos os casos na mesma base

IDH\_AC. Isto só foi possível por causa da pequena quantidade de objetos (apenas 22) nesta base. O BRKGASOMA também atingiu o ótimo global nestes dois casos.

Também, à medida que o número  $k$  de grupos aumenta, o tempo de processamento do BRKGASOMA diminui. Já em relação à formulação, o tempo de processamento aumenta substancialmente à medida que o tamanho da base ( $n$ ) aumenta. No caso do BRKGASOMA, o tempo de execução é bem impactado pelo cálculo da função objetivo. Mais especificamente, quando o número de grupos é muito pequeno, a quantidade de objetos em cada grupo é maior e, assim sendo, o número de combinações a serem geradas e utilizadas no cálculo da função objetivo torna-se demasiadamente grande, aumentando o tempo de processamento. O aumento do tempo de processamento da formulação está diretamente associado ao número de variáveis, que é da ordem de  $k.n^2+k.n$  (Brito e Brito, 2008). Considerando, por exemplo,  $n = 100$  e  $k = 2$ , temos 20.200 variáveis no problema. Já no caso de  $k = 3$  e  $n = 500$ , são 751.500 variáveis.

Os tempos médio e mediano de processamento para os 28 resultados apresentados do BRKGASOMA foram, respectivamente, de 195 segundos (3 minutos e 15 segundos) e 136 segundos (2 minutos e 16 segundos).

Os resultados apresentados na seção anterior indicam que o algoritmo proposto neste trabalho pode ser uma boa alternativa à solução do problema de agrupamento apresentado neste trabalho. Além disso, um novo estudo pode ser conduzido com diferentes bases de dados de tamanhos maiores a fim de se verificar o incremento no tempo de processamento de acordo com o tamanho das bases utilizadas.

Em um trabalho futuro pode-se analisar a eficácia e a eficiência do BRKGASOMA, considerando a utilização de outros decodificadores.

## REFERÊNCIAS

BRITO, J. A. M.; BRITO, L. R. **Algoritmos VNS e Genéticos Aplicados ao Problema de agrupamento com Soma Mínima de Distâncias**. SIMPÓSIO BRASILEIRO DE PESQUISA OPERACIONAL, João Pessoa, Paraíba, Anais, 2008.

FADEL, AUGUSTO. **Um Estudo da Aplicação de Técnicas de Combinação de Agrupamentos**. Rio de Janeiro: Monografia. Escola Nacional de Ciências Estatísticas, 2013.

GONÇALVES, José Fernando; RESENDE, Mauricio GC. **Biased random-key genetic algorithms for combinatorial optimization**. Journal of Heuristics, v. 17, n. 5, p. 487-525, 2011.

HAIR, Joseph F. et al. **Análise multivariada de dados**. Bookman Editora, 5ª edição, 2005.

JOHNSON, R. A.; DEAN W. WICHERN. **Applied multivariate statistical analysis**. Essex: Pearson Education Limited, 6th edition, 2007.

KAUFMAN, Leonard; ROUSSEEUW, Peter J. **Finding groups in data: an introduction to cluster analysis**. John Wiley & Sons, 2009.

NASCIMENTO, Mariá CV; TOLEDO, Franklina MB; DE CARVALHO, André CPLF. **Investigation of a new GRASP-based clustering algorithm applied to biological data**. Computers & Operations

Research, v. 37, n. 8, p. 1381-1388, 2010.

SERPA, Dalila Ribeiro et al. **META-HEURÍSTICA VNS APLICADA A PROBLEMAS DE AGRUPAMENTOS**. SIMPÓSIO BRASILEIRO DE PESQUISA OPERACIONAL, Bento Gonçalves, Rio Grande do Sul, Anais, 2009.

## **SOBRE O ORGANIZADOR**

**MARCOS WILLIAM KASPCHAK MACHADO** Professor na Unopar de Ponta Grossa (Paraná). Graduado em Administração- Habilitação Comércio Exterior pela Universidade Estadual de Ponta Grossa. Especializado em Gestão industrial na linha de pesquisa em Produção e Manutenção. Doutorando e Mestre em Engenharia de Produção pela Universidade Tecnológica Federal do Paraná, com linha de pesquisa em Redes de Empresas e Engenharia Organizacional. Possui experiência na área de Administração de Projetos e análise de custos em empresas da região de Ponta Grossa (Paraná). Fundador e consultor da MWM Soluções 3D, especializado na elaboração de estudos de viabilidade de projetos e inovação.

Agência Brasileira do ISBN  
ISBN 978-85-7247-000-1

