



UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS
DEPARTAMENTO DE ESTATÍSTICA E MATEMÁTICA APLICADA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM MODELAGEM E MÉTODOS
QUANTITATIVOS

RAUL SILVEIRA DE ARAÚJO FURTADO

**O PROBLEMA DE TRANSPLANTE DE RINS:
UMA ABORDAGEM NA COMPUTAÇÃO EVOLUCIONÁRIA**

FORTALEZA

2019

RAUL SILVEIRA DE ARAÚJO FURTADO

O PROBLEMA DE TRANSPLANTE DE RINS:
UMA ABORDAGEM NA COMPUTAÇÃO EVOLUCIONÁRIA

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Modelagem e Métodos Quantitativos da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do título de mestre em Modelagem e Métodos Quantitativos.

Área de concentração: Matemática Aplicada.

Orientador: Prof. Dr. José Lassance de Castro Silva.

FORTALEZA

2019

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal do Ceará
Biblioteca Universitária

Gerada automaticamente pelo módulo Catalog, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

- F989p Furtado, Raul Silveira de Araújo.
O problema do transplante de rins: uma abordagem na computação evolucionária. / Raul Silveira de Araújo Furtado. – 2019.
79 f. : il. color.
- Dissertação (mestrado) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências, Programa de Pós-Graduação em Modelagem e Métodos Quantitativos, Fortaleza, 2019.
Orientação: Prof. Dr. José Lassance de Castro Silva.
1. Pesquisa Operacional. 2. Algoritmo Genético. 3. Transplante de Rins. I. Título.

CDD 510

RAUL SILVEIRA DE ARAÚJO FURTADO

O PROBLEMA DE TRANSPLANTE DE RINS:
UMA ABORDAGEM NA COMPUTAÇÃO EVOLUCIONÁRIA

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Modelagem e Métodos Quantitativos da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do título de mestre em Modelagem e Métodos Quantitativos.

Área de concentração: Matemática Aplicada.

Orientador: Prof. Dr. José Lassance de Castro Silva.

Aprovada em: ___/___/_____.

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. José Lassance de Castro Silva (Orientador)
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Prof. Dr. Michael Ferreira de Souza
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Prof. Dr. Antonio Clécio Fontelles Thomaz
Universidade Estadual do Ceará (UECE)

A Deus.

Aos meus avós (*in memoriam*), Zuila e Isaac.

Aos meus pais, Isaíla e Williams.

À minha irmã, Zuila.

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal do Ceará pelos excelentes professores que tive em minha jornada nesse mestrado.

Ao Departamento de Estatística e Matemática Aplicada e ao Programa de Pós-graduação em Modelagem e Métodos Quantitativos, principalmente aos membros da secretaria e ao Wendell, pelo apoio em momentos que mais precisei. Pelas impressões que precisei para ler artigos e capítulos de livros importantes referentes à dissertação.

Ao Prof. Dr. José Lassance de Castro Silva, pela paciência inabalável, incentivo, pelas diversas contribuições com modelo matemático e com o algoritmo e, claro, por acreditar em mim.

Aos professores participantes da banca examinadora, Prof. Dr. Michael Ferreira de Souza e Prof. Dr. Antonio Clécio Fontelles Thomaz pelo tempo, pelas valiosas colaborações e sugestões.

Aos meus pais, Isaíla e Williams e minha irmã Zuila pela compreensão nesses momentos em que me isolei para a produção deste trabalho.

À minha namorada, Thais França, pelo suporte com alguns softwares gráficos e pela sua compreensão e paciência nesta minha jornada.

Ao Kennedy Araújo e ao Ricardo Alcântara pelas incontáveis contribuições na implementação e construção do algoritmo.

Ao meu amigo de infância, hoje médico, Dr. Jedson Vieira pelas diversas consultorias médicas para o presente trabalho.

Ao meu amigo doutorando, Msc. Yago Machado, pelos auxílios em algumas etapas do presente trabalho.

Aos colegas da turma de mestrado, pelas reflexões, críticas e sugestões recebidas.

Aos meus avós, Isaac e Zuila, pelos ensinamentos de nunca desistir.

“Se eu vi mais longe, foi por estar de pé sobre ombros de gigantes.” (ISAAC NEWTON)

RESUMO

Este trabalho aborda o problema de transplante de rins, com prioridade no atendimento dos pacientes receptores do órgão, e propõe uma metodologia de resolução para o problema com base em técnicas de pesquisa operacional. Neste caso, o principal objetivo é realizar a maior quantidade possível de transplantes com o menor custo cirúrgico e de mobilidade, levando-se em conta as posições georreferenciadas dos doadores, receptores e dos hospitais, assim também como os custos cirúrgicos dos hospitais credenciados para realizarem as cirurgias de transplante de rins. O problema atende as características impostas pelo Sistema Único de Saúde (SUS) do Ministério da Saúde da República Federativa do Brasil. Com isso, nosso trabalho pretende reduzir o tempo de espera dos pacientes que necessitam de um transplante de rins e dar um planejamento otimizado para realização desta tarefa pelos órgãos competentes. Uma revisão na literatura foi feita sobre o tema e encontrou-se um problema com características semelhantes do que tratamos neste trabalho, no caso o *Kidney Exchange Problem* (KEP), mas não com a abordagem aqui apresentada. Desenvolveu-se para o problema específico: um modelo matemático; um conjunto de instâncias; e uma metaheurística, baseada no algoritmo genético, aplicada na resolução do problema. Os resultados da aplicação da metaheurística foram apresentados com bastante satisfatoriedade.

Palavras-chave: Pesquisa Operacional. Algoritmo Genético. Transplante de Rins.

ABSTRACT

This work addresses the problem of kidney transplantation, with priority in the care of organ receptor patients, proposes find it a resolution methodology for the problem based on operational research techniques. In this case, the main objective is to perform as many transplants as possible with the lowest surgical and mobility costs, taking into account the georeferenced positions of donors, receptors and hospitals, as well as surgical costs accredited hospitals to perform kidney transplant surgeries. The problem meets the characteristics imposed by the Unified Health System (SUS) of the Ministry of Health of the Federative Republic of Brazil. Thus, our work aims to reduce the waiting time of the queue of these patients who need a kidney transplant and give an optimized planning to perform this task by the competent organs. A review in the literature was made on the subject and a problem was found with similar characteristics of what we treated in this work, in this case the Kidney Ex-change Problem (KEP), but not with the approach presented here. It developed for the specific problem: a mathematical model; a set of instances; and a metaheuristic, based on genetic algorithm, applies it to solving the problem. The results of the application of metaheuristics were presented with very satisfactoryness.

Keywords: Operational Research. Genetic Algorithm. Kidney Transplantation.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Dados brasileiros de 2017.....	12
Figura 2– Gráfico de transplantes com comparação entre China x Brasil.	13
Figura 3 - Transplantes realizados (Série Histórica)	14
Figura 4 - Sobrevida x Tempo, dias.	15
Figura 5 - Estimativa da população mundial.....	17
Figura 6 - Emparelhamento de ciclo simples	21
Figura 7 - Cadeia k de tamanho 3.....	21
Figura 8 - Tipagem ABO.....	23
Figura 9 - Modalidades de transplante	25
Figura 10 - Exemplo geográfico.....	27
Figura 11 - Fluxograma do funcionamento de um Algoritmo Genético	34
Figura 12 - Roleta com frequências (%).	37
Figura 13 - Exemplo de crossover retirado de [32].....	38
Figura 14 - Exemplo de uma mutação binária simples.	40
Figura 15 - Segunda etapa do <i>crossover</i> 2P	47
Figura 16 - Terceira etapa do <i>crossover</i> 2P.....	47
Figura 17 - Segunda etapa do PM <i>crossover</i>	48
Figura 18 - Terceira etapa do PM <i>crossover</i>	48
Figura 19 - Ilustração do crossover 2B.....	49
Figura 20 - Ilustração do procedimento aplicação de célula-tronco.....	51
Figura 21 - Gráfico de tempo de execução i1-i12	59
Figura 22 - Gráfico de tempo de execução i13-i24	59
Figura 23 - Gráfico de tempo de execução i25-i32	60
Figura 24 - Tempo de execução para NPOP=100.....	67
Figura 25 - Comparação entre o melhor valor encontrado em i1-i12 para NPOP=100.....	67
Figura 26 - Comparação entre o melhor valor encontrado em i13-i24 para NPOP=100.....	68
Figura 27 - Comparação entre o melhor valor encontrado em i25-i32 para NPOP=100.....	68
Figura 28 - Gráfico com o desvio das soluções dos operadores cruzamentos com NPOP=50 e 100.....	71
Figura 29 - Dados por região brasileira.....	79

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Tipagem AB0	22
Tabela 2 - Idade limite.....	26
Tabela 3 - Tempo de isquemia	26
Tabela 4 -Relação da terminologia do AG com a biologia.	32
Tabela 5 - Instâncias	53
Tabela 6 – NPOP=50 com operador 1P	55
Tabela 7 – NPOP=50 com operador 2P	56
Tabela 8 – NPOP=50 com operador PM.....	57
Tabela 9 – NPOP=50 com operador 2B	58
Tabela 10 – NPOP=100 com o operador 1P	63
Tabela 11 – NPOP=100 com o operador 2P	64
Tabela 12 – NPOP=100 com o operador PM.....	65
Tabela 13 - NPOP=100 com o operador 2B.....	66
Tabela 14 - Comparação de desempenho dos operadores de cruzamento com NPOP=100	69
Tabela 15 – Desempenho do AG para NPOP=50, 100 e cada operador cruzamento	71

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	12
1.1	Considerações iniciais.....	12
1.2	Justificativa	16
1.2.1	Problema de nível econômico global.....	17
1.3	Objetivos do trabalho	18
1.3.1	Objetivo Geral.....	18
1.4	Escopo do trabalho.....	19
2	DESCRIÇÃO DO PROBLEMA.....	20
2.1	O método convencional.....	20
2.2	Evoluções científicas	20
2.3	Dificuldades.....	22
2.3.1	Incompatibilidades.....	22
2.3.1.1	<i>Sanguínea.....</i>	22
2.3.1.2	<i>Tecido.....</i>	23
2.3.1.2.1	<i>Antígenos de Histocompatibilidade (HLA).....</i>	23
2.3.1.2.2	<i>Cross-match.....</i>	23
2.3.1.3	<i>PRA – Panel Reactive Antibodies.....</i>	24
2.3.2	Logística.....	24
2.3.3	Tempo de isquemia.....	26
2.3.4	Geográfica.....	26
2.3.5	Computacional.....	27
2.4	Revisão de problemas similares.....	28
2.5	Considerações finais.....	31
3	ALGORITMO GENÉTICO.....	32
3.1	Componentes de um algoritmo genético.....	32
3.2	Representação genética.....	34
3.3	Geração da população inicial.....	35
3.4	Função de avaliação.....	36
3.5	Métodos de seleção.....	36
3.5.1	Roleta simples ou seleção proporcional.....	37
3.5.2	Seleção por torneio.....	37

3.5.3	Seleção elitista.....	37
3.6	Operações genéticos.....	38
3.6.1	Cruzamento.....	38
3.6.2	Mutação.....	39
3.7	Critérios de parada.....	40
3.7.1	Parâmetros dos algoritmos genéticos.....	40
3.7.2	Tamanho da população.....	40
3.7.3	Número de gerações.....	41
3.8	Aplicações dos algoritmos genéticos.....	41
3.9	Consideração final.....	41
4	MÉTODO PROPOSTO.....	42
4.1	Caracterização do problema.....	42
4.1.1	Modelo matemático.....	43
4.2	Algoritmo genético proposto.....	44
5	EXPERIMENTOS COMPUTACIONAIS.....	53
5.1	Tamanho da população sendo 50.....	55
5.2	Tamanho da população sendo 100.....	63
6	CONCLUSÕES E RECOMENDAÇÕES.....	73
	REFERÊNCIAS.....	75
	ANEXO A - DADOS POR REGIÃO BRASILEIRA.....	79

1 INTRODUÇÃO

1.1 Considerações iniciais

Segundo o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE) [1], em 1º de julho de 2017, a população brasileira era de 207.660.929 habitantes das quais 10.565 pessoas ingressaram na lista de espera para transplante renal naquele ano. Infelizmente, 1.176 desses indivíduos morreram, seja por complicações ligadas diretamente ao órgão em questão ou por outras causas. O ano terminou contabilizando 21.059 pacientes ativos dentro da lista de espera por transplante do órgão em análise. Como pode ser visto na figura 1, foram realizados apenas 5.929 transplantes de rins naquele ano [2].

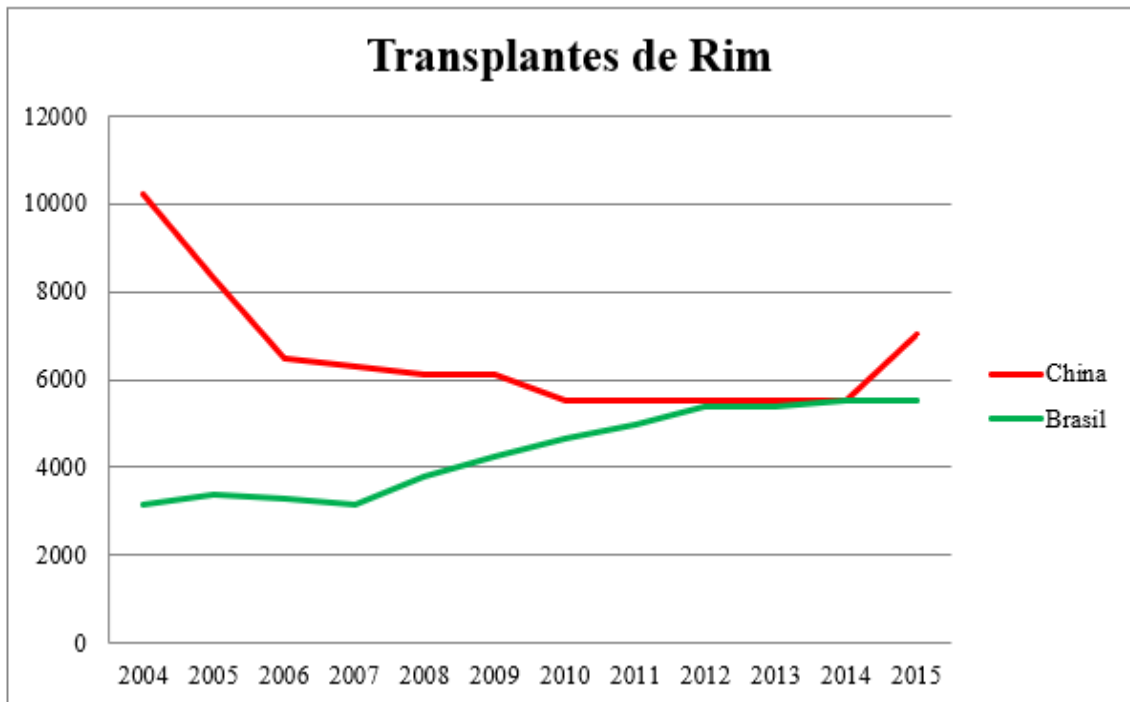
Figura 1 - Dados brasileiros de 2017

Necessidade anual estimada e nº de transplantes	Córnea	Rim	Fígado	Coração	Pulmão
Necessidade estimada	18.547	12.365	5.152	1.649	1.649
Transplantes realizados	15.212	5.929	2.109	380	112

Fonte: Associação Brasileira de Transplante de Órgãos (ABTO).

O baixo número de doadores em contraste com os de receptores pode ser considerado um indicador de tabu social entre os diversos países. Para fins ilustrativos, pode-se citar a China, que mesmo com as mais de 18% da população mundial, não está entre os primeiros da lista de países com maiores taxas de doações de órgãos como pode ser visto na figura 2, conforme [3,4,5].

Figura 2– Gráfico de transplantes com comparação entre China x Brasil.

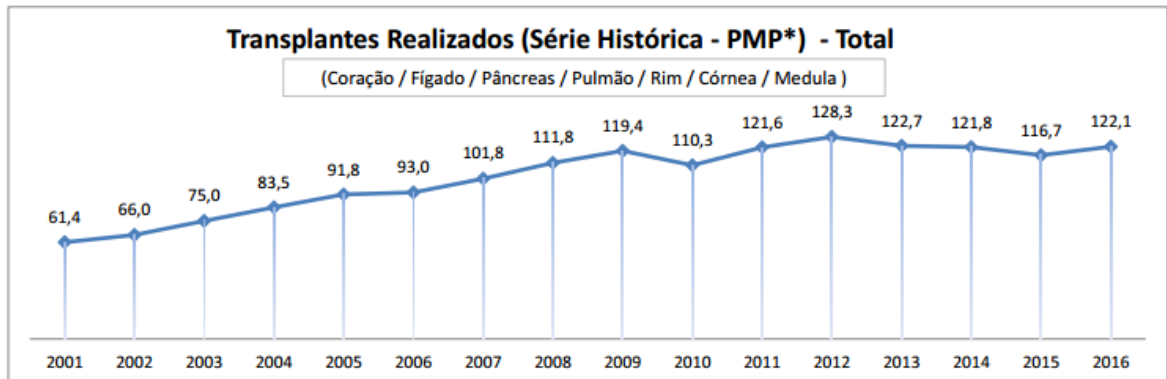


Elaborado pelo autor. Fonte: OMS.

Por outro lado, países como a França, Espanha, Bélgica e Portugal, após vivenciarem a morte de centenas de seus habitantes pela falta de doadores, perceberam o estado alarmante que é o cenário e a discrepância entre o elevado número de habitantes em contraste com ínfimo número de doadores efetivos. Para dirimir tal problema, novas leis surgiram, diferentemente do Brasil, indicando que toda pessoa passa a ser doadora de órgãos após seu falecimento por morte encefálica. Eximindo assim, a necessidade da pessoa informar à família sua vontade de se tornar um doador. Caso a pessoa não queira ser um doador, ela deveria deixar informado o não interesse na doação [6,7].

Sabe-se que no Brasil, várias pessoas morrem na fila de espera do Sistema Único de Saúde (SUS) devido à morosidade para a realização de transplante. O governo brasileiro percebeu que alguns transplantes não eram feitos em tempo hábil pela dificuldade logística geoespacial entre doadores e receptores compatíveis. Assim, ele sancionou uma lei que determina um suporte da Força Aérea Brasileira (FAB) na logística de transplantes interestaduais [8].

Figura 3 - Transplantes realizados (Série Histórica)



Fonte: Centrais de Notificação Captação e Distribuição de Órgãos e Tecidos (CNCDO) das Unidades Federativas.

*PMP: Partes por Milhão da População (De 2001 até 2009 foi considerada a população do censo IBGE de 2000, de 2010 até 2014 foi considerada a população do censo IBGE de 2010; a partir de 2015 está sendo considerada a população estimada pelo IBGE para o ano anterior).

Percebe-se que, apesar do número de doadores aumentar ao longo dos anos como mostrado na figura 3, a diferença entre o número de doadores efetivos e de receptores ainda torna o cenário alarmante.

Dessa forma, a comunidade científica tem estudado métodos para aumentar a qualidade de vida dos pacientes que estão em estágio final da doença e que necessitam da doação de órgãos. Contudo, um dos principais métodos de resolução deste problema ainda é o transplante. Dentre esses estudos podemos citar alguns casos como:

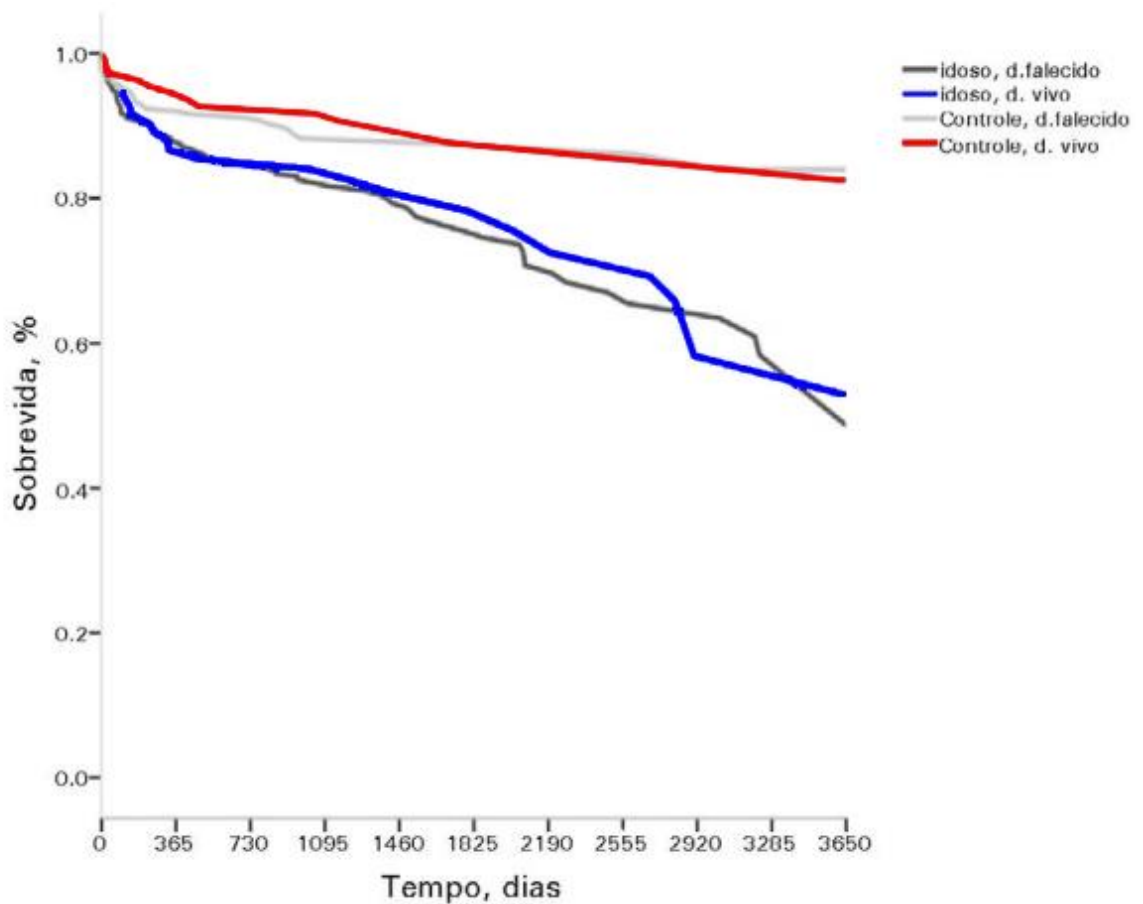
- a) Alterações nas drogas imunossupressoras [9];
- b) Utilização de métodos estatísticos para, através de Análise de Variância (ANOVA) [9], modelos de Regressão [10], Intervalos de confiança, p-valor e outros, inferir, por exemplo, sobre a evolução em longo prazo de um órgão pós-transplantado;
- c) Modelos matemáticos para procurar o doador mais compatível;
- d) Teoria dos grafos para encontrar possíveis combinações de doadores-receptores compatíveis [11,12,13];
- e) Metaheurísticas para localizar doador e receptor em potencial, como a que será abordada neste trabalho;
- f) Outras metodologias aplicadas ao problema tais como as usadas no *Kidney Exchange Problem* (KEP) [12,13,14], que também será apresentado no presente trabalho.

É importante enfatizar que graças aos avanços científicos, quando se compara as drogas utilizadas para pós transplantes de 1987 com as atuais, percebeu-se uma sobrevida de, em

média, 10 anos do órgão transplantado no paciente, como pode ser visto em [9]. Dessa forma, se antes o paciente transplantado vivia em média 5 anos com o mesmo enxerto, hoje, vive-se em média 15 anos [9].

O órgão retirado de um doador vivo proporciona uma sobrevida em longo prazo significativamente maior quando comparado ao órgão oriundo de um doador falecido, de acordo com [10]. Esses dados serão levados em consideração na resolução computacional do presente trabalho durante a escolha do melhor doador, conforme mostra o gráfico da figura 4.

Figura 4 - Sobrevida x Tempo, dias.



Modificado pelo autor. Fonte: [10]

Sobrevida atuarial do paciente segundo os subgrupos:

Idoso com doador falecido, idoso com doador vivo, controle com doador falecido, controle com doador vivo; pelo método de Kaplan Meier - A sobrevida do paciente idoso após 5 anos de evolução foi semelhante com doador falecido (75,3%) ou vivo (78,3%), porém, inferior à dos pacientes do grupo controle com doador falecido (87,6%) ou vivo (87,7%) ($p < 0.006$).

1.2 Justificativa

Uma das principais motivações para a resolução do problema é fazer o intercâmbio de pares doador-receptor e diminuir custos para os cofres públicos. Este problema específico, da forma que estamos propondo sua resolução, é pouco abordado no cenário nacional.

É interessante criar a percepção sobre como o processo de transplantação renal pode impactar os cofres públicos. Para isso, é importante destacar que o programa de transplantes brasileiro é um dos maiores no mundo, sendo 95% custeado pelo SUS e conta com uma logística de alocação de órgãos que não leva em consideração privilégios sociais, raciais, etc., conforme descrito em [9] [15].

Em Portugal, gasta-se em média 25.000 euros por ano por paciente [16]. Nos EUA, gasta-se 85.000,00 dólares por ano em diálise¹, enquanto gasta-se 120.000,00 dólares para transplante mais 20.000,00 dólares por ano em drogas imunossupressoras, segundo [17].

No Brasil, segundo [18],

O transplante renal de doador falecido gera uma economia, por paciente, de R\$ 37 mil e R\$ 74 mil em relação à hemodiálise e à diálise peritoneal, respectivamente. Quanto ao transplante renal de doador vivo, as economias são ainda maiores: R\$ 46 mil e R\$ 82 mil em relação à hemodiálise e à diálise peritoneal, respectivamente. Este resultado, aliado a análises de sobrevida e qualidade de vida, pode caracterizar o transplante renal como a melhor alternativa do ponto de vista financeiro e clínico, auxiliando na formulação de políticas públicas relacionadas com os transplantes de órgãos no Brasil.

É importante ressaltar que no Brasil, em caso de doença crônica ou falência de um ou mais órgãos, as leis brasileiras de nº 9.434 e 10.211 e o Art. 13 do Código Civil preveem a possibilidade de transplante de órgãos e tecidos.

Ainda se tratando de jurisprudência, é interessante saber que, para caso de afinidades familiar entre doador e receptor, somente poderá haver transplante em caso de parentesco consanguíneo até quarto grau, mesmo que o doador e o receptor sejam compatíveis. Entretanto, para haver esse procedimento, deve-se requisitar uma autorização judicial para haver prosseguimento com a cirurgia, pois a lei apenas prevê, para esse caso, a possibilidade do cônjuge. Dessa forma, será solicitada uma autorização do Comitê de Ética do hospital onde será realizada a cirurgia. Também é necessário que um juiz de direito e a Central de Transplantes do Estado liberem o procedimento.

¹ Segundo [23], é uma técnica que visa suplementar as falhas da função renal de certos indivíduos que não conseguem eliminar água e produtos de excreção do sangue, podendo ser realizada tanto sob a forma de hemodiálise quanto de diálise peritoneal.

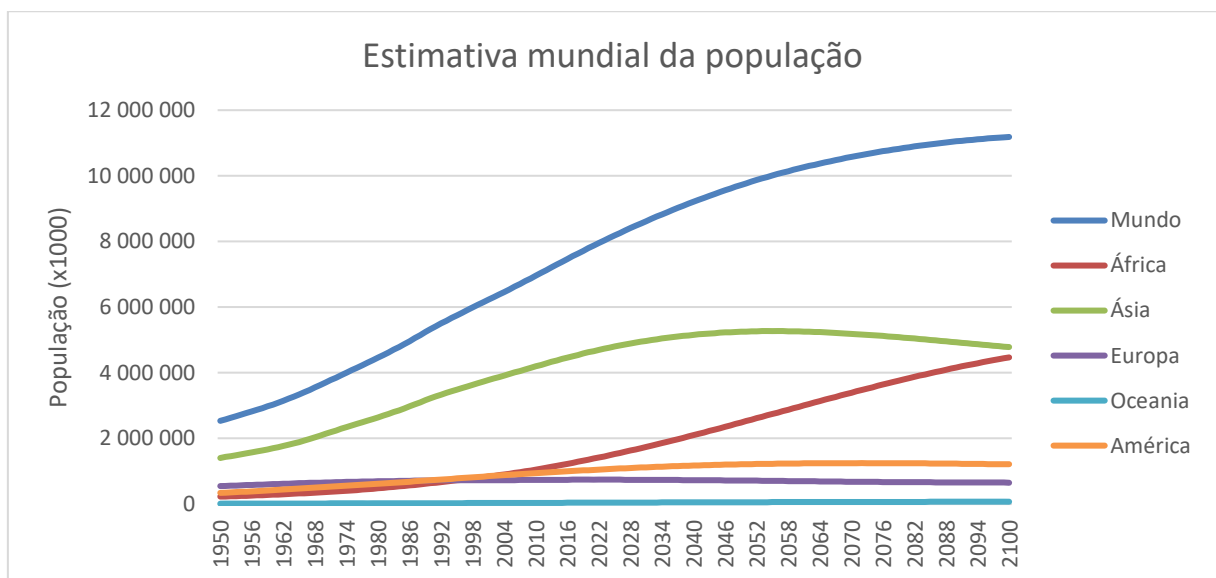
Essas são informações que, do ponto de vista analítico, tendem a aumentar o tempo de espera na fila de transplantes do Sistema Único de Saúde.

Dessa forma, para minimizar o tempo de espera e desafogar o SUS, propomos uma nova metodologia para a otimização da logística do transplante de rins no Brasil, onde, a priori, o presente trabalho também poderá ser aplicado a outros tipos de órgãos para transplantes.

1.2.1 Problema de nível econômico global

Conforme pode ser visto na figura 5, pode-se fazer afirmações sobre as consequências de tal estimativa populacional.

Figura 5 - Estimativa da população mundial



Elaborado pelo autor. Fonte: [19]

Como mostrado acima, percebe-se que o problema é de âmbito mundial não apenas em saúde, mas em nível econômico, também descrito em [17]. O crescimento populacional determinará um aumento na demanda por transplantes. Caso o país não possua políticas públicas que estimulem mais o transplante à diálise, isso impactará diretamente em sua economia tendo em vista os elevados gastos para manter uma pessoa em diálise em desfavor do transplante. Desta forma, com o aumento populacional ao longo do tempo, alguns países tenderão a necessitar mais de transplante. Alguns continentes, como a Europa, por ter maior facilidade de comunicação entre os países membros, poderão inclusive enviar um paciente ou doador para um país

membro para a transplantação, tendo como benefício a redução de custos dos cofres públicos. Assim, cria-se um problema logístico que poderá ser resolvido com conhecimentos claros e objetivos da área de pesquisa operacional.

As atuais formas de resolução do problema não atendem às grandes demandas. As atuais formulações matemáticas não conseguem encontrar o melhor doador para o paciente em cadeias muito longas em tempo hábil². Com o tempo de isquemia³ sendo uma constante para cada tipo de órgão e com o crescimento do número de pacientes seguindo a tendência de ser superior ao número de doadores, encontrar o melhor doador para o paciente em tempo hábil é um grande desafio e será um dos enfoques do presente trabalho.

Portanto, tendo em vista o exposto e as tratativas para dirimir as consequências do baixo número de doadores em uma determinada região, será desenvolvido, implementado, testado e validado um método de resolução para o problema específico de encontrar o melhor par doador-receptor levando em consideração sua localização espacial e custos operacionais cirúrgicos, baseado nas informações existentes e cadastradas em um banco de dados.

1.3 Objetivos do Trabalho

1.3.1 *Objetivo Geral*

Apresentar e caracterizar o problema de transplantes de rins específico com uma metodologia de resolução, onde pretende-se encontrar a melhor sequência de receptores compatíveis com os doadores disponíveis respeitando as restrições do problema, como proximidade geográfica atrelada ao custo, prioridades no atendimento e outras restrições. Para isso acontecer, uma simulação da localização de hospitais, doadores e receptores foi feita aleatoriamente em determinadas regiões do território brasileiro. Embora tenha sido solicitado sem êxito aos órgãos públicos os dados reais. Com esses dados, esperamos encontrar os melhores doadores para os receptores de rins em tempo hábil, verificando as menores distâncias, custos e tempos gastos a serem percorridos para a realização dos transplantes.

Apesar de já existirem métodos para a resolução do KEP, nenhum deles aborda o problema visando a integração de cidades, estados ou mesmo países. O presente trabalho tem esta

² Há modelos que resolvem o problema, mas existem restrições logísticas que serão abordadas posteriormente.

³ Tempo máximo entre a retirada do órgão e seu implante no doador.

finalidade, não apenas encontrar o doador mais compatível para o paciente, mas o que esteja mais próximo e gere o menor custo de mobilidade. Por exemplo, no continente europeu, um doador na Áustria pode atender um receptor na Alemanha. Na Comunidade Europeia, esta restrição de transplante entre países não deve existir. Dessa forma, o problema específico passa a ser abordado com restrições específicas inerentes aos transplantes mais o problema logístico. A metodologia de resolução apresentada para o problema específico é baseada na metaheurística Algoritmo Genético (AG) que teve bastante sucesso quando aplicada no problema de sequenciamento sem restrição de espera [20]. Uma modificação e adaptação foi feita no AG para ser usado no nosso problema específico.

1.4 Escopo do trabalho

No capítulo 1, as justificativas e os objetivos do trabalho são apresentados. O capítulo 2 aborda alguns problemas existentes na literatura que servem de base para a formulação deste problema específico. No capítulo 3, os principais conceitos do Algoritmo Genético são apresentados. No capítulo 4 é descrito o método proposto para a resolução do nosso problema. O capítulo 5 apresenta os resultados dos experimentos computacionais das diversas instâncias do problema específico e uma análise acurada destes resultados. Por fim, no capítulo 6 são feitas as conclusões e recomendações de trabalhos futuros. As referências bibliográficas são apresentadas no Capítulo 7 e um Anexo é apresentado.

2 DESCRIÇÃO DO PROBLEMA

2.1 O método convencional

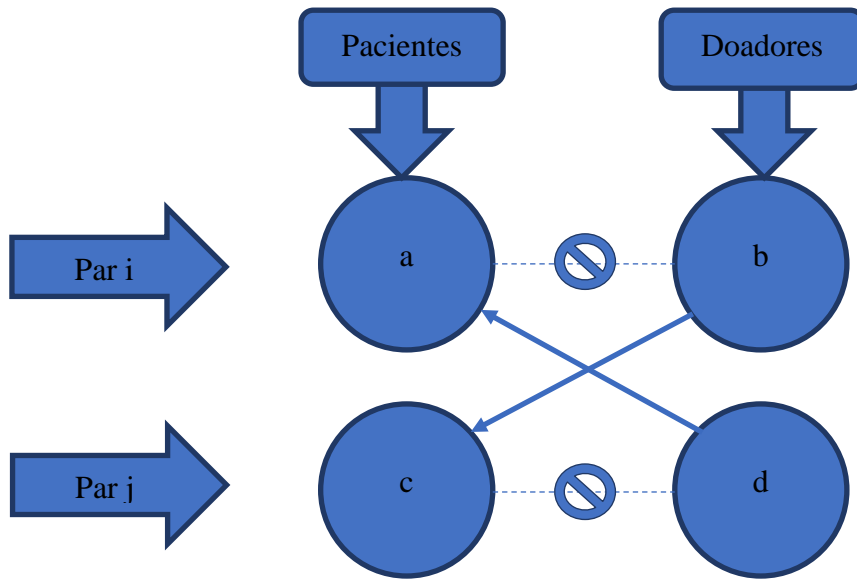
O Brasil, assim como outros países, possui leis que regulamentam o transplante de órgãos. Entretanto, só existem dois métodos de doação: doador falecido; ou doador vivo. Em caso de o enxerto ser oriundo de um doador falecido e que tenha a sua morte encefálica comprovada por pelo menos dois médicos diferentes e exames específicos, o doador falecido será posto na lista do SUS. Em caso de ser um doador vivo, o mesmo passará por exames que atestam a sua saúde pré e pós-transplante.

Em caso de doença renal em estágio final, o receptor deverá realizar um cadastro na lista oficial de espera por um transplante e, após encontrado o doador compatível, é feito o transplante.

2.2 Evoluções científicas

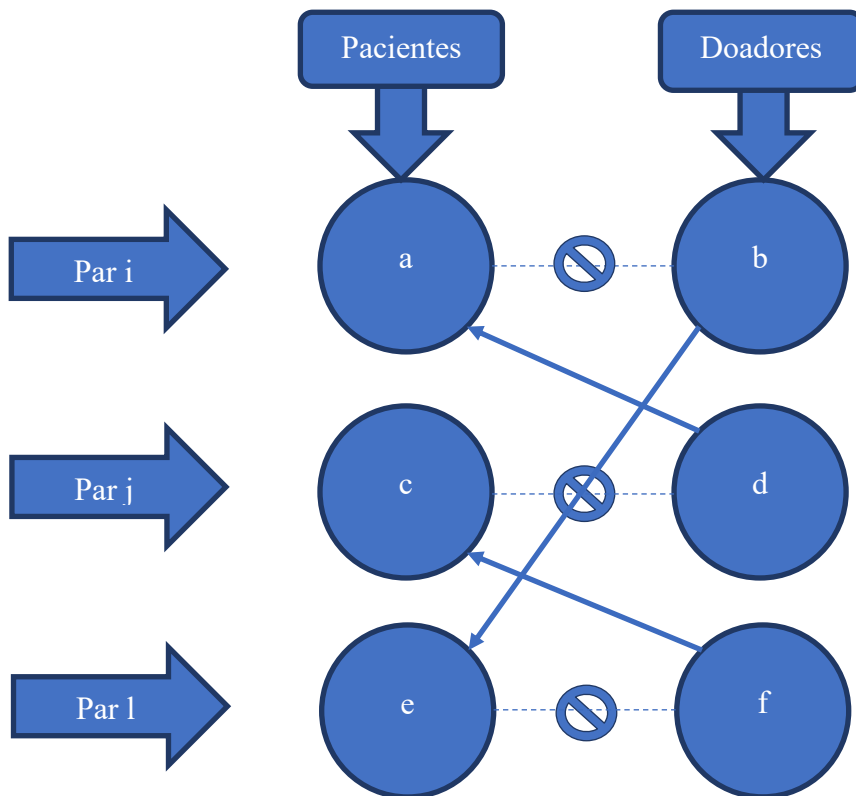
Tendo em vista a dificuldade em encontrar doador compatível, foi primeiramente sugerido, em 1986, por Felix Rapaport o *Kidney Paired Donation* (KPD) ou Doação de Rins Emparelhados que consiste em um paciente a que necessite de um rim e um familiar b ou amigo disposto a doar o seu rim para ele, mas que são incompatíveis, e um outro paciente c que também tem um doador d disposto a doar o seu rim, mas são incompatíveis. Entretanto, o paciente a e o doador d são compatíveis e o paciente c é compatível com o doador b viabilizando assim um transplante. Uma melhor visualização do exposto pode ser vista na figura 6. Para cadeias de maior tamanho, como por exemplo de tamanho 3, é indicado visualizar a figura 7

Figura 6 - Emparelhamento de ciclo simples



Elaborado pelo autor

Figura 7 - Cadeia k de tamanho 3



Elaborado pelo autor.

2.3 Dificuldades

O problema dos transplantes de rins apresenta diversas dificuldades que serão expostas a seguir.

2.3.1 Incompatibilidades

Além das dificuldades previstas na legislação brasileira como exposto anteriormente, existem incompatibilidades técnicas que serão abordadas a seguir.

2.3.1.1 Sanguínea

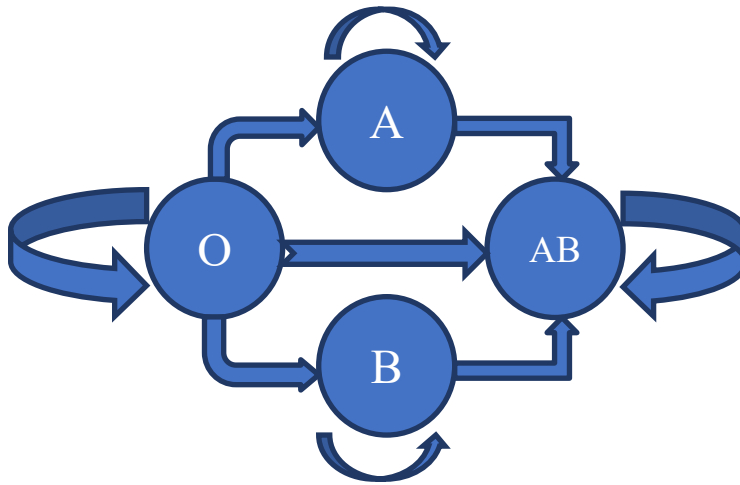
É importante perceber que existem três principais condições para haver um transplante de órgãos. Uma delas é a tipagem sanguínea. A tipagem sanguínea é um dos principais fatores que influenciam na compatibilização entre doador-receptor. Na tabela 1 e na figura 8 podem ser visualizadas para qual tipo sanguíneo cada doador pode doar e de quais os receptores pode receber. Por exemplo, uma pessoa do tipo sanguíneo “A”, pode receber sangue de pessoas do tipo “0” e “A” e pode doar para “A” e “AB”.

Tabela 1 - Tipagem AB0

GRUPOS SAGUÍNEOS PARA TRANSPLANTE		
Grupo sanguíneo	Pode receber órgão de pessoa do tipo	Pode doar para pessoa do tipo
0	0	0, A, B, AB
A	0, A	A, AB
B	0, B	B, AB
AB	0, A, B, AB	AB

Elaborado pelo autor.

Figura 8 - Tipagem ABO



Elaborado pelo autor

2.3.1.2 Tecido

2.3.1.2.1 Antígenos de Histocompatibilidade(HLA)

Outra condição é a tipagem de Antígenos Leucocitários Humanos (HLA) ou Antígenos de Histocompatibilidade. Esses antígenos, que ficam nos leucócitos, leem cada célula de nosso organismo para saber se aquela célula realmente é de nosso organismo ou não. Caso não seja, ela será atacada.

O sistema HLA de cada pessoa é uma combinação de seis antígenos: 2 antígenos HLA-A, 2 antígenos HLA-B e 2 antígenos HLA-DR.

2.3.1.2.2 *Cross-match*

A última condição primordial é a Prova-Cruzada de Linfócitos ou também chamada de *Cross-Match*. Nesse teste, mistura-se o sangue do doador e do receptor para verificar a possibilidade de uma possível rejeição do órgão a ser transplantado. Caso o teste dê positivo é porque existem anticorpos do receptor que agirão contra os antígenos do doador. Isso significa que o órgão será rejeitado após transplantado.

2.3.1.3 PRA – *Panel Reactive Antibodies*

Conforme [16], a incompatibilidade da Prova-Cruzada de Linfócitos mede-se em termos de PRA (*Panel Reactive Antibodies*), que retorna um resultado numa escala de 0 a 100, e representa a probabilidade de o paciente ter anticorpos contra tecido vindo de um doador. É significativamente mais difícil encontrar um rim compatível para um paciente com um PRA elevado e o seu tempo de espera pode ser significativamente maior.

2.3.2 *Logística*

O problema da transplantação renal emparelhada tem uma dificuldade logística, conforme descrito em [13], [21] e [22]. Embora não explicitado na figura 6, em uma cadeia simples, necessita-se de 4 salas de cirurgia. Uma para a retirada do órgão do doador do par i e outra para a implantação do enxerto no paciente do par j , enquanto que em outras duas salas são feitas, simultaneamente, os mesmos procedimentos com o outro grupo doador-receptor. As cirurgias têm que ser feitas simultaneamente.

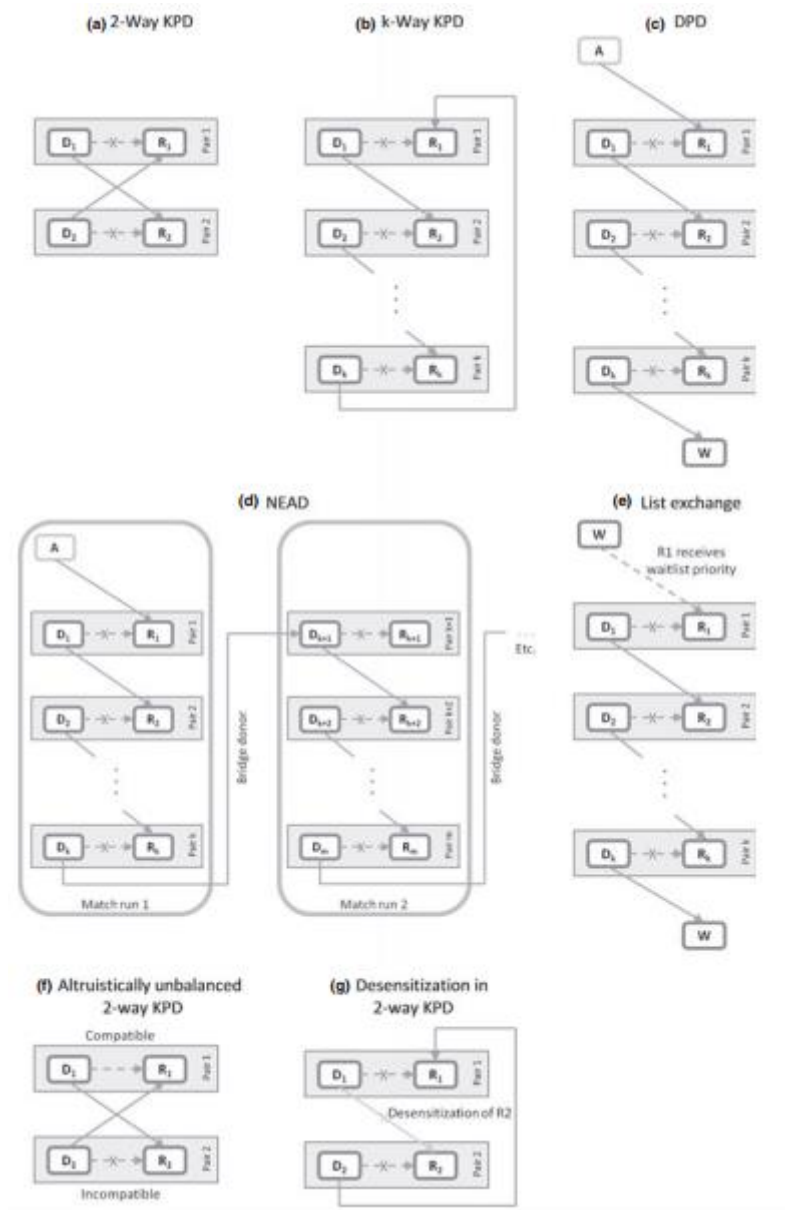
Esse procedimento é conhecido na literatura como *Kidney Paired Donation* (KPD) ou transplante cruzado de rins onde a simultaneidade de eventos é obrigatória. Um outro modelo existente é o NEAD (*Non-simultaneous Extended Altruistic Donor*) em que é eximida a obrigatoriedade do transplante simultâneo e com uma inclusão de um doador altruísta⁴ na cadeia. Esses modelos e outros poderão ser melhor visualizados na figura 9, onde são descritos os seguintes itens:

- a) Chamado de "2-way KPD", ou "Cadeia de ciclo simples", sugere que o doador 1 doa para receptor 2 e o doador 2 doa para o receptor 1;
- b) Chamado de "k-way KPD" ou "Cadeia de k ciclos", sugere o mesmo procedimento do item acima, mas, com maiores números de cadeias;
- c) Chamado de "DPD" ou "*Domino-Paired Donation*" que sugere a inclusão de um doador altruísta A no sistema e no penúltimo emparelhamento do ciclo proporcionar uma inclusão em um receptor W da lista de espera do SUS;
- d) Chamado de "NEAD" ou "*Nonsimultaneous extended altruistic donor*", sugere o início da cadeia proporcionada pela inserção de doador altruísta ao ciclo e, ao final dessa primeira rodada de combinações, o último doador inicia um novo ciclo. Esse último doador é chamado de "doador ponte" pois ele será a ligação entre a cadeia "n" com a cadeia "n+1";

⁴ Doador altruísta é aquele que deseja doar o seu rim apenas por boa vontade e/ou boa-fé, mas que não tem um familiar ou amigo específico para doar.

- e) Chamado de "*list exchange*", indica que o paciente no programa do KEP⁵ terá prioridade de receber o órgão. O órgão que iria inicialmente pra o receptor do SUS será utilizado para o início de uma nova cadeia com a obrigatoriedade de voltar ao SUS no final da cadeia. Dessa forma, tende a visar o bem comum em maior escala;
- f) Chamado de "*Altruistically callyun balanced 2-way KPD*", indica que o par 1 possui compatibilidade. O par 2 tem incompatibilidade. Entretanto, como o doador 1 é compatível com o receptor 2 e o doador 2 é compatível com o receptor 1, os transplantes poderão ser executados;
- g) Chamado de "*Desensitization in 2-way KPD*", sugere que o receptor 2 passará por um processo de dessensibilização para receber o órgão do doador 1 e, assim como uma "Cadeia de ciclo simples", o doador 2 doará para o receptor 1. Uma abordagem computacional sobre esse método pode ser melhor vista em [16];

Figura 9- Modalidades de transplante



⁵ KEP será melhor definido em 2.3.5.

Fonte: [12]

Di = doador i, Ri =receptor i, A = doador altruísta; W=Lista de espera.

2.3.3 Tempo de isquemia

De acordo com [23], o tempo de isquemia é a supressão da circulação do sangue, i.e., é o tempo máximo entre a retirada do órgão e seu implante no doador. Dessa forma, seguem abaixo a tabela 2 e a tabela 3, com os limites aceitos para a transplantação e tempo de isquemia dos órgãos [24].

Tabela 2 - Idade limite

Órgão	Idade limite (anos)
Pâncreas	50
Coração	55
Pulmão	55
Ossos	65
Válvulas Cardíacas	65
Pele	65
Fígado	70
Rim	75
Córneas	Sem limite

Elaborado pelo autor. Fonte: [24]

Tabela 3 - Tempo de isquemia

Órgão	Tempo de isquemia (horas)
Coração	4-6
Pulmão	4-6
Fígado	12-24
Pâncreas	12-24
Rim	28-48
Córneas	168

Elaborado pelo autor. Fonte: [24]

2.3.4 Geográfica

A figura 10 ilustra uma aproximação do cenário do problema, onde os pontos de cores verdes representam os receptores e em cores lilás os doadores compatíveis.

Figura 10 - Exemplo geográfico



Fonte: Elaborado pelo autor no QGIS com dados do [1].

Percebe-se, de acordo com dados de [2] que existem cidades com maior número de pacientes e poucos doadores, outras com maior número de doadores, mas poucos pacientes. Uma constatação real disso pode ser vista no ANEXO A.

Devido à grande extensão territorial do Brasil, existem órgãos que não encontram o receptor mais compatível. Para isso, o governo brasileiro promulgou a autorização de aeronaves para o transplante como descrito anteriormente na Seção 1.

2.3.5 Computacional

Para encontrar o doador compatível em transplante de doadores vivos em tempo hábil, faz-se uso da utilização de recursos tecnológicos. Entretanto, encontrar o par doador-receptor i compatível com o par doador-receptor j não é uma tarefa fácil de resolução, mesmo num ambiente computacional. O esforço computacional pode ser tão grande quanto for o tamanho do

ciclo. Um ciclo é definido como um conjunto de arcos A que começa em um vértice e passa por vários outros vértices antes de retornar ao vértice inicial. O comprimento do ciclo é o número de arcos que o conjunto tem. Para relembrar o exemplo de uma cadeia simples, pode-se visualizar a figura 6, dada anteriormente.

Após um estudo inicial, verificou-se que existem algoritmos capazes de resolver em tempo polinomial o problema de transplante renal de pequeno porte utilizando Programação Inteira/Mista (PIM). Esses problemas computacionais que envolvem o intercâmbio de rins são conhecidos na literatura principalmente por *Kidney Exchange Problem* (KEP). Em [25], algumas características são elencadas do problema para ciclos de pares de doador-receptor maiores ou igual a 3, e uma pequena variação nas instâncias do problema requer grande esforço computacional para sua resolução.

Uma boa ferramenta computacional para a visualização desse tipo de problema pode ser feita através da Teoria dos Grafos, onde um grafo orientado pode ser configurado facilmente por $G(V, A)$, com V sendo o conjunto de vértices composto pelos pares doador-receptor incompatíveis e A sendo o conjunto de arestas, que representarão as compatibilidades entre os diferentes pares. Ou seja, o doador do par i poderá doar um rim para o paciente do par j . Cada arco (i, j) estará atrelado a um peso w_{ij} que representará a compatibilidade entre o par.

Segundo, [13], [16] e [22], existem duas razões para limitar o tamanho dos ciclos, ou seja, limitar o número de arestas:

i. Antes de se proceder ao transplante, efetua-se um último teste (*cross-match*). Se para algum dos pacientes do ciclo, o resultado do teste for positivo, como citado na Seção 2.3.1.2.2, todos os transplantes do ciclo ficam inviabilizados.

ii. Os transplantes são, em geral, efetuados em simultâneo, para evitar que um doador desista após o seu par ter recebido um rim. Como já explicitado na Seção 2.3.2, isso representa um desafio logístico que aumenta com a dimensão do ciclo.

2.4 Revisão de problemas similares

De acordo com [26], em 2006 nos EUA, um doador altruísta⁶ foi inserido no *Alliance for Paired Donation* (APD), um programa estadunidense que juntamente com o *National*

⁶ Um doador altruísta é aquele que tem a intenção de doar, mas sem receber nada em troca.

Kidney Registry (NKR) visa o pareamento de doadores e receptores ([26,27]). Entretanto, apenas em abril de 2007 foi localizado o receptor compatível. Com essa atitude do doador altruísta, foi iniciado um “efeito dominó” em que após a primeira pessoa receber um rim, um familiar que tinha a intenção de ser o doador dessa pessoa, mas era incompatível com ela, entrou na lista do APD para encontrar outro receptor. Assim, foi sucessivamente até pelo menos março de 2008, onde haviam completado 10 transplantes [26]. Esse processo é chamado na literatura de NEAD e um exemplo gráfico pode ser melhor visualizado na figura 9.

Cadeias muito longas são muitas vezes planejadas em segmentos em que o doador do par final é o iniciador de um novo ciclo. Esse tipo de doador é chamado de “doador ponte” [12], [26] e [27].

A abordagem de fazer transplantes em não simultaneidade, mas com o compromisso de doação do doador vinculado ao transplantado, é uma opção que permite minimizar possíveis insucessos e diminuir problemas logísticos, mas também pode proporcionar injustiças ao destinatário seguinte. Uma visão mais aprofundada dessa perspectiva pode ser vista em [26] e através de uma abordagem econômica como “moeda de troca” em [11], [14] e [21].

Dentre alguns métodos, para a escolha de um doador compatível pode-se utilizar programação inteira. Em [25] foi melhorada a formulação de Programação Inteira (PI) apresentada em [14]. Com isso, os autores conseguiram resolver instâncias do KEP, mas sem a formação de cadeias.

Outras formulações de PI foram produzidas para encontrar o doador compatível no KEP, como a formulação ciclo e formulação aresta presente e melhor observado em [13], mas fruto de um trabalho iniciado em [14] e [25]. Outras formulações como a formulação de atribuição de arcos podem também serem vistas em [13]. Outra forma de encontrar doador para um receptor vem através de um algoritmo proposto em [22] que se utiliza de busca em árvore com uma abordagem em busca em profundidade e busca em largura. Dentre os métodos existentes, o que mais se destaca é a formulação ciclo [13], [16] e [22].

No entanto, não foram encontrados algoritmos capazes de resolver o problema da transplantação renal na visão e objetivo proposto por este trabalho, pois, além do pareamento ser um problema que requer grande esforço computacional para crescentes cadeias de pares de doador-receptor, sempre haverá outras incompatibilidades e/ou dificuldades, como logística, geográfica e biológica.

Criou-se um banco de dados em que foram colocados os receptores e doadores com suas referências geográficas e outros fatores importantes, como os apresentados na Seção 2.3. Após

a criação do banco de dados com essas informações, foi criado um Algoritmo Genético (AG) para encontrar o indivíduo mais compatível para iniciar uma cadeia de doadores não direcionados ou *Non-Directed Donors* (NDD), através das compatibilidades e geolocalizações. A ideia é para que através do AG, possa existir uma solução em que gere a maior cadeia possível de forma ininterrupta.

Vale ressaltar que o foco principal deste trabalho é a busca não somente do doador mais compatível, mas que ele seja também o doador mais próximo do hospital da cirurgia junto com seu receptor, e com o menor custo cirúrgico.

Para exemplificar um dos modelos expostos para a busca de doador compatível, cita-se a formulação ciclo, onde é necessário considerar todos os ciclos possíveis no grafo orientado $G(V, A)$. Atribui-se uma variável z_c para cada um desses ciclos $c \in C(k)$, sendo $C(k)$ o conjunto de todos os ciclos do grafo G de comprimento até k .

$$z_c = \begin{cases} 1, & \text{se } z_c \text{ for selecionado} \\ 0, & \text{caso contrário} \end{cases} \quad (2.1)$$

As variáveis z_c são variáveis de decisão. Elas indicam se um dado ciclo é selecionado para a solução ou não. Considere $V(c) \subset V$ o conjunto dos nós que pertencem ao ciclo c . O modelo matemático é descrito como sendo:

Maximizar:

$$\sum_{c \in C(k)} w_c z_c \quad (2.2)$$

Sujeito a:

$$\sum_{c: i \in V(c)} z_c \leq 1, \forall i \in V \quad (2.3)$$

$$z_c \in \{0,1\}, \forall c \in C(k) \quad (2.4)$$

As restrições 2.3 asseguram que cada nó só pode pertencer a no máximo um dos ciclos selecionados, ou seja, cada paciente pode receber no máximo um rim e cada doador pode doar no máximo um rim. As últimas restrições garantem que as variáveis z_c sejam binárias.

Encontrar soluções para instâncias utilizando esta formulação começa por gerar todos os ciclos possíveis no grafo que representam o conjunto de pares. Em seguida, gera-se soluções admissíveis do problema, ou seja, conjuntos de ciclos disjuntos. A solução ótima será aquela

que melhor satisfizer o objetivo proposto, ou seja, aquela cuja função objetivo assumir o maior valor.

2.5 Considerações finais

Com base nos métodos convencionais apresentados neste capítulo, percebeu-se um problema nunca antes abordado na literatura que é não apenas encontrar um par de doador-receptor compatível, mas impor graus de prioridades a eles e tornar o trabalho georreferenciado, ou seja, mais próximo da realidade. Além disso, também tem-se os custos cirúrgicos.

Dessa forma, diferente da literatura já existente, propomos um método inovador que visa a revolucionar o “*modus operandi*” do SUS e demos o nome de “*Kidney Transplantation Problem*” (KTP), onde uma instância desse problema leva em consideração: um conjunto D de doadores; um conjunto R de receptores; e um conjunto H de hospitais. Todos esses conjuntos com suas localizações georreferenciadas. O objetivo do problema específico é procurar a tríade receptor-doador-hospital que tenha o menor custo operacional (cirúrgico e mobilidade), e que gere o maior número de transplantes. Então, de maneira objetiva, pretende-se encontrar o doador compatível para um receptor cujo tem um grau de prioridade definido⁷ e ambos em localidade definida, em um hospital próximo.

Por fim, neste capítulo foram abordados alguns conceitos relevantes para a formação de um embasamento teórico capaz de permitir o desenvolvimento da pesquisa e a elaboração do algoritmo que atacará o problema aqui especificado.

⁷ De maneira prática, esse grau de prioridade pode ser definido quanto a idade ou quanto a pessoa ser um dependente do álcool ou fumo e diversas outras possibilidades que dariam prioridades à pessoa receber o transplante frente a outra.

3 ALGORITMO GENÉTICO

Este capítulo tem como objetivo principal abordar as características de um Algoritmo Genético. Este algoritmo foi inspirado na teoria da seleção natural de Darwin e nas Leis de Mendel, o “pai da genética.

3.1 Componentes de um algoritmo genético

Em [28], [29] e [30], o Algoritmo Genético foi criado por Holland ([31]) em 1975 e adota uma nomenclatura própria baseada nos conceitos da genética e seleção natural, onde um Cromossomo ou Indivíduo representa uma solução do problema a ser atacado. Geralmente estas soluções são permutações ou um conjunto de bits (zero ou um). Os indivíduos passam por processos de mutação e/ou cruzamentos para gerar novos indivíduos da população que serão avaliados segundo seu fitness (função objetivo do problema matemático). Os melhores indivíduos sobrevivem para gerar novas populações até que um critério de parada seja estabelecido. Pode-se utilizar o termo indivíduo⁸ e cromossomo indistintamente para o caso de um indivíduo ser representado por um único cromossomo. O autor também afirma que, pode-se denominar cromossomo de *string* e, em geral, são implementados como vetores, onde cada elemento do vetor é conhecido como um gene. Em [28], descreve-se que genótipo é a estrutura do indivíduo e fenótipo é a “aparência” ou modelo dos indivíduos dominantes. Para [32], o fenótipo determina como é o comportamento do indivíduo na população.

Tabela 4 -Relação da terminologia do AG com a biologia.

Biologia	Algoritmo Genético
Cromossomo	Um indivíduo da população, vetor, <i>string</i>
Gene	Característica
Alelo	Valor característico
Lócus	Posição no vetor, no cromossomo
Genótipo	Estrutura
Fenótipo	Especificidades de uma cadeia de genes
Indivíduo	Possível solução
Geração	Ciclo

Elaborado pelo autor.

⁸ É importante perceber a diferença e não confundir o termo indivíduo dos conceitos de Algoritmo Genético aqui apresentados, com indivíduo, ser humano portador de um tipo sanguíneo e localidade georreferenciada, bem como os deste presente trabalho.

Antes de explicar como esses componentes interagem entre si dentro de um algoritmo genético, é interessante destacar quatro características que separam os algoritmos genéticos de outros métodos de otimização convencional, conforme pode ser visto em [32], como:

1. Direta manipulação do código;
2. Procura feita na população, não em um ponto simples;
3. Uma pesquisa por amostragem;
4. Pesquisa usando operadores estocásticos, não regras determinísticas.

Pode-se também complementar essas características com o que pode ser visto em [28]:

- i. Usam técnica de randomização;
- ii. São robustos, abrangentes;
- iii. Trabalham unicamente com o valor da função objetivo.

Dessa forma, é fácil perceber que o Algoritmo Genético é um algoritmo de uso geral com grande aplicação e com tendência a encontrar máximos ou mínimos globais pela sua essência, tornando-o assim uma metaheurística.

Interessante notar que, Holland ao criar o Algoritmo Genético, como visto em [31], baseou-se nos conceitos de evolução natural de Darwin e na ideia de cruzamento de genes de Mendel. A ideia principal se baseia em selecionar os indivíduos mais aptos, ou, no caso, os melhores indivíduos passarem suas características para a próxima geração e assim sucessivamente de forma hereditária com a premissa que, depois de várias gerações, haverá indivíduos “melhores” que os primeiros.

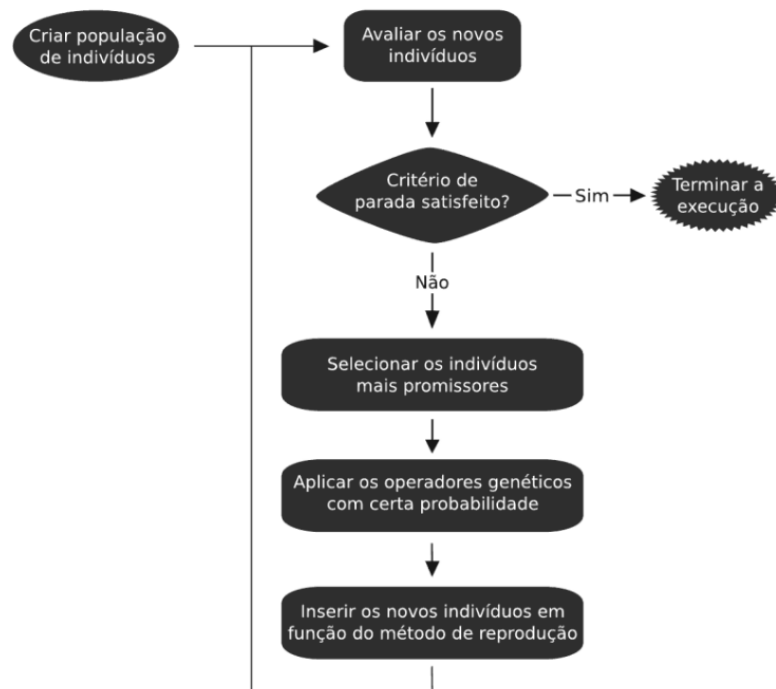
Com essa ideia, pode-se criar um algoritmo que começa iniciando com uma população de indivíduos gerados aleatoriamente, mas com uma configuração de um problema pré-estabelecido. Avalia cada um desses indivíduos conforme a função objetivo do problema. Seleciona os mais aptos, ou seja, os “melhores”, i.e., os que chegarem mais próximo da meta da função custo (se for problema de maximização, os melhores serão os maiores valores, mas se for de minimização, serão os menores valores) e faz as devidas manipulações genéticas, como o cruzamento e mutações a fim criar uma nova população cada vez melhor para retornar o ciclo, caso não tenha atingido um critério de parada ([28], [29], [30]).

O fluxograma da Figura 11 e o Algoritmo 1 servem para melhor visualização desse processo.

- 1: $t=0$
- 2: Gerar a população inicial $P(t)$
- 3: Avaliar os indivíduos de $P(t)$
- 4: repita
- 5: Selecionar progenitores de $P(t)$ e colocar em $P'(t)$
- 6: Aplicar operadores genéticos a $P'(t)$ obtendo a nova população $P(t+1)$
- 7: Avaliar $P(t+1)$
- 8: $t=t+1$
- 9: até (critério de parada ser atingido)
- 10: Retornar resultado final

Algoritmo 1 - Estrutura genérica de um Algoritmo Genético

Figura 11 - Fluxograma do funcionamento de um Algoritmo Genético



Fonte: [30]

3.2 Representação genética

É importante conseguir converter o problema para os moldes dos conceitos do algoritmo genético como explicado anteriormente, pois, segundo [29], a qualidade dos resultados obtidos depende diretamente da implementação do problema de tal forma que ele seja compreendido pelo computador.

Para explicar um pouco melhor, ainda segundo [29], quando se trata de representação, esse pode ser dividido em três formas, a codificação binária, como pode ser bastante visto em [31] e também é visto em [28], ou seja a forma clássica, a codificação real e a codificação inteira. Codificação binária é a forma clássica de representação de um algoritmo genético. É composta utilizando o alfabeto binário, i.e., 1 ou 0. Sua representação é fácil de utilizar e manipular, bem como é de fácil visualização para análise teórica. Entretanto, bem como afirmam [29] e [33], se um problema precisar trabalhar com uma boa precisão numérica, ele precisará armazenar indivíduos relativamente longos na memória do computador.

A codificação real apresenta vantagens perante a representação binária no que diz respeito a velocidade de processamento [33], uma vez que na representação binária, utiliza-se mais bits para fazer o mesmo cálculo. Também apresenta vantagens na consistência de resultados entre rodadas e precisão [29].

Codificação inteira segundo [29], é mais indicada para problemas que envolvam números inteiros, como análise combinatória, arranjos e permutação. Para o presente trabalho, adotar-se-á apenas a nomenclatura de binária e não-binária.

3.3 Geração da população inicial

A população inicial pode ser gerada tanto de forma aleatória quanto direcionada por meio de uma heurística [28]. Para [30], a criação da população visa formar uma amostragem representativa do espaço de soluções que seja preferencialmente bem distribuída e sem tendenciosidade a favor de configurações particulares. Entretanto, na prática, a criação dos indivíduos iniciais é realizada de maneira essencialmente aleatória. Já para [29], a população pode ser formada por meio de uma heurística relacionada com as características específicas do problema.

Segundo [34] relata, ao direcionar uma população inicial com o auxílio de alguma heurística, o AG pode chegar a soluções melhores e mais rapidamente quando comparado ao processo de geração aleatória. Em contrapartida, pode existir uma convergência prematura para pontos de máximo local, o que não é conveniente para a resolução de um problema. É importante lembrar que a população inicial deve cobrir a maior parte do espaço de busca da solução. [28] sugere utilizar uma população de tamanho $t=100$ como tamanho ótimo.

Dessa forma, deve-se ter o cuidado de escolher bem o tamanho da população com a premissa de que se escolher uma população pequena, poderá existir uma maior chance de haver

uma convergência prematura, enquanto populações muito grandes podem aumentar bastante o esforço computacional e consequentemente o tempo para se encontrar a melhor solução.

3.4 Função de avaliação

Segundo [30], a avaliação dos indivíduos mede o êxito com que o programa realiza a busca por soluções cada vez melhores, ou seja, define a aptidão. Tipicamente, cada programa da população é executado sobre conjuntos de argumentos, e então os valores de retorno são comparados com os valores esperados, que são conhecidos; quanto mais próximos os valores de retorno estão dos valores esperados, mais bem adaptado é o indivíduo em questão.

Já [29] define como sendo a função que retorna os valores que sofreram uma convergência por conta de uma condição imposta a ele. Tal função é a maneira utilizada pelo algoritmo genético para determinar a qualidade de um indivíduo como solução do problema em questão, ou seja, sua aptidão.

Dessa forma, percebe-se que a avaliação dos indivíduos é determinada pela função que mede o quão bem um cromossomo executa a tarefa do problema.

3.5 Métodos de seleção

Segundo [30], a seleção é o instrumento pelo qual os algoritmos evolucionários conduzem a busca para regiões mais promissoras do espaço. Ela tem como objetivo selecionar os indivíduos progenitores, ou seja, aqueles que passarão seus genes para a geração seguinte. Portanto, é fácil perceber que, uma vez bem estabelecido a função de avaliação, os indivíduos selecionados tenderão a ser selecionados aqueles mais bem adaptados, pois, a transmissão de um bom material genético potencializa o desenvolvimento de soluções aperfeiçoadas.

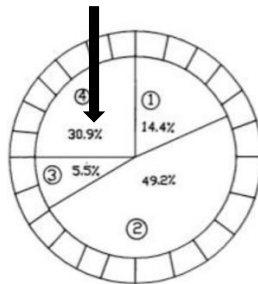
Ainda segundo [30], o critério de seleção determina a probabilidade de seleção dos melhores indivíduos e probabilidade da seleção dos piores. Dessa forma, é importante observar que quando essa seleção é baixa, indivíduos de menor qualidade terão mais chances de disseminar seus genes, enquanto, quando a pressão é alta, somente aqueles indivíduos muito bem avaliados, em média tem oportunidade de ser selecionado. Dessa forma, simplificada, percebe-se que os métodos de seleção definem como os indivíduos mais bem adaptados são favorecidos na disputa pela procriação.

3.5.1 *Roleta simples ou seleção proporcional*

Esse esquema foi inicialmente proposto por [31]. Em [28] há uma menção que nesse método, cada indivíduo tem seu valor da função objetivo representado em proporção ao valor total das aptidões na população.

Esse método consiste em colocar as frequências em um gráfico de pizza e rodá-lo. Para onde a roleta apontar, indica qual indivíduo será selecionado. De uma forma mais explicativa, simula-se o movimento de uma roleta, como por exemplo na Figura 12 .

Figura 12 - Roleta com frequências (%)



Fonte: [32]

3.5.2 *Seleção por torneio*

Segundo [32], a seleção visa escolher indivíduos de um espaço amostral seguindo uma determinada probabilidade, i.e., indivíduos são escolhidos aleatoriamente e formam grupos de tamanho fixo e, após escolhida a probabilidade, o indivíduo mais apto é escolhido para o cruzamento, senão qualquer outro poderá ser escolhido.

3.5.3 *Seleção elitista*

Para [30], a qualidade média dos cromossomos aumenta com o passar de gerações. Entretanto, é comum que a qualidade da melhor solução diminua de uma geração para a outra devido ao caráter probabilístico da seleção. Dessa forma, o elitismo pode ser implementado. Consiste em fazer a avaliação e eliminar as soluções com piores resultados.

3.6 Operadores genéticos

Os operadores genéticos tem como objetivo construir soluções derivadas de outros indivíduos [32]. Segundo [30] e [32], os dois principais operadores genéticos são cruzamento e mutação. O Cruzamento atua sobre dois indivíduos e a mutação sobre um único indivíduo.

3.6.1 Cruzamento

Conforme pode ser visto na Figura 13, um simples *crossover* deve proceder em duas etapas. A *string* 1, representando o cromossomo pai 1, e a *string* 2, representando o cromossomo pai 2, têm seus materiais genéticos trocados formando novas *strings*, ou seja, formando novos descendentes (filhos).

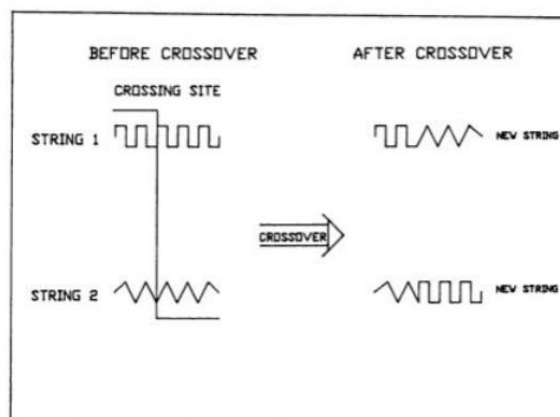


Figura 13 - Exemplo de crossover retirado de [32]

Uma forma ainda mais simples de visualizar isso é na forma binária, como no exemplo a seguir. Considere o vetor V_1 e V_2 . Suponha que um número de 1 a 4 tenha sido escolhido aleatoriamente e o número escolhido tenha sido o 4. Logo, haverá um corte (indicado pelo símbolo separador |). Como resultado, nós temos dois novos vetores com alelos diferentes.

$$V_1 = 0110|1 \longrightarrow V'_1 = 01100$$

$$V_2 = 1100|0 \longrightarrow V'_2 = 11001$$

Em [29], há menção para exemplificar bem os tipos de cruzamento e os classifica em cruzamento uniforme, de um ponto e em dois pontos. É interessante também observar que, conforme pode ser visto em ([20], [35]), também existe o cruzamento por blocos, tal como foi criado por nós e também utilizado neste trabalho. Este método será melhor explicado no capítulo seguinte.

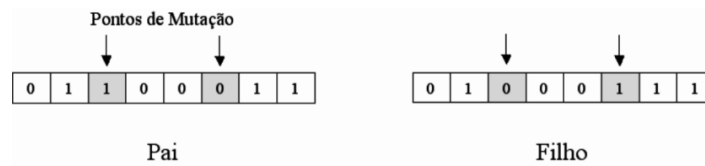
3.6.2 *Mutação*

O operador de mutação faz mudanças aleatórias de determinadas características dos indivíduos. Segundo [29], essas alterações são feitas ao nível do gene e por isso, os indivíduos produzidos por este operador não são muito diferentes dos originais. Entretanto, a mutação tem um papel importante que simboliza eventuais alterações que podem tornar o indivíduo mais apto⁹ e por consequência, auxilia o algoritmo a fugir dos máximos e mínimos locais.

Em [28], a operação de mutação tem como objetivo tentar regenerar algum indivíduo que, por causa da lei da probabilidade, foi eliminado de forma inesperada. Em [30], há uma menção que confirma a mutação serve para reparar que um fenótipo desaparecido possa retornar ou ser incluído no cromossomo. Dessa forma, a mutação tem como objetivo tentar manter um nível de diversidade na população. Como exemplo, pode-se verificar a codificação binária, conforme mostrado na Figura 14. Nesse exemplo, os genes correspondentes são invertidos, i.e., se o valor for 1 vira 0 e vice-versa.

⁹ Pode também tornar o indivíduo menos apto, mas, como todo o código roda ao redor da função objetivo, ela tende a selecionar os mais aptos. Logo, em caso de a mutação gerar um indivíduo menos apto, ele tenderá a ser descartado.

Figura 14 - Exemplo de uma mutação binária simples.



Fonte: [29]

A título de engrandecer este tópico, é interessante notar o que foi citado em [28] que, para que determinada população não sofra muitas mutações, esta operação é processada para um pequeno percentual de seus elementos, ou seja, em torno de 1% de todos os genes.

3.7 Critérios de parada

De acordo com [29], os critérios de parada servem para delimitar o número de buscas depois de uma quantidade de ciclos do algoritmo genético. Eles podem ser configurados por meio da diminuição da diversidade, quando uma população não melhora ao longo de gerações subsequentes ou através de um limite de tempo de execução.

3.7.1 Parâmetros dos algoritmos genéticos

Conforme, pôde-se perceber, os algoritmos genéticos são sensíveis aos seus principais parâmetros: tamanho da população, número de gerações, taxa de cruzamento e taxa de mutação. A determinação desses valores é ajustada com base em trabalhos previamente conduzidos e relatados.

3.7.2 Tamanho da população

Em [29], é comentado que o melhor tamanho de uma população está entre 50 e 100 indivíduos. Já, [28], utiliza como tamanho ótimo 100, enquanto [32] faz uma análise teórica do tamanho ótimo da população e sugere também utilizar em média uma população com 100 indivíduos. O tamanho da população é importante pois afeta o desempenho global e a eficiência do algoritmo genético [29].

3.7.3 *Número de gerações*

De maneira geral, como visto em [29], o número de gerações varia de problema para problema.

3.8 Aplicações dos Algoritmos Genéticos

Os Algoritmos Genéticos podem e são largamente utilizados. A fim de ilustrar e engrandecer o presente trabalho, pode-se citar aplicabilidade em otimização numérica, otimização combinatória, robótica evolutiva, simulação¹⁰, entre outras áreas do conhecimento.

3.9 Consideração final

É importante entender que o AG consiste em uma metaheurística que visa determinar os extremos (máximos ou mínimos) de funções, em determinados domínios.

As metaheurísticas são procedimentos que tratam de problemas de otimização sem dispor de garantias teóricas que a solução ótima exata seja obtida, e nem tampouco de garantias que a solução obtida tenha algum tipo de proximidade em relação a solução ótima exata, conforme mencionado em [36].

O preceito de uma metaheurística é de garantir que um conjunto muito de grande de soluções viáveis para o problema será gerado e avaliado podendo estar entre elas uma solução ótima. No final da execução da metaheurística sendo uma “boa solução” será apresentada para a resolução do problema.

¹⁰ Como a aplicabilidade é bastante extensa, sugere-se a consulta mais aprofundada em www.ieee-cis.org

4 MÉTODO PROPOSTO

Neste capítulo são apresentados para o problema específico: a caracterização de uma instância, o modelo matemático e o algoritmo genético proposto para a resolução do KTP.

4.1 Caracterização do Problema

Seguem os dados descritos para representar uma instância do problema específico:

$H=\{1, 2, 3, \dots, nh\}$ é o conjunto dos hospitais, onde nh é o total de hospitais existentes;

$R=\{1, 2, 3, \dots, r\}$ é o conjunto dos receptores, onde r é o total de receptores;

$D=\{1, 2, 3, \dots, d\}$ é o conjunto dos doadores, onde d é o total de doadores;

DH_{ih} é a distância do doador i ao hospital h ;

RH_{jh} é a distância do receptor j ao hospital h ;

CH_h é o custo cirurgico do transplante no hospital h ;

$W = \text{Max}(CH_h) + \text{Max}(DH_{ih}) + \text{Max}(RH_{jh})$ representa o maior custo de transplante;

Z_p é o total de receptores com prioridade do tipo $p=1, 2, 3, \dots, k$;

W_p representa o peso do transplante para os receptores de prioridade do tipo $p=1, 2, 3, \dots, k$, calculado da seguinte forma:

$$W_k = W,$$

$$W_p = (Z_{p+1} + 1) \times W_{p+1}, \text{ para } p=(k-1), (k-2), \dots, 3, 2, 1.$$

Receptores com prioridade no atendimento do tipo $p=1$ têm prioridade nos transplantes para ser realizado sobre os demais receptores com prioridade diferente de 1. Da mesma forma, os receptores com $p=2$ têm prioridade nos transplantes em relação ao tipo 3, 4, ..., k , e assim sucessivamente. Neste tipo de problema, a tendência é alocar primeiro doadores para os receptores com prioridade 1, depois aqueles com prioridade 2, e assim segue-se. O uso da variável W garante esta observação. Suponha que temos uma instância com 10 receptores, p variando de 1 a 3 e $W=100$:

Receptor	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Prioridade	1	1	2	2	2	3	3	3	3	3

Portanto, o peso do transplante para cada receptor com sua devida prioridade é dado por:

$$W_3 = W = 100;$$

$$W_2 = (Z_3 + 1) \times W_3 = (5 + 1) * 100 = 600;$$

$$W_1 = (Z_2 + 1) \times W_2 = (3 + 1) * 600 = 2400.$$

As distâncias DH_{ih} e RH_{jh} são calculadas baseadas nas posições georreferenciadas dos doadores, receptores e hospitais.

4.1.1 Modelo Matemático

Foi desenvolvido por nós, o seguinte modelo matemático que pode ser aplicado ao problema KTP:

$$\text{Max } F(X) = \sum_{i \in D, j \in R, h \in H} [W_{P(j)} - (RH_{jh} + DH_{ih} + CH_h)] X_{ijh} \quad (4.1)$$

Sujeito a:

$$\sum_{i \in D_0} \sum_{h \in H} X_{ijh} \leq 1, \forall j \in R_0 \quad (4.2)$$

$$\sum_{i \in D_0 \cup D_A} \sum_{h \in H} X_{ijh} \leq 1, \forall j \in R_A \quad (4.3)$$

$$\sum_{i \in D_0 \cup D_B} \sum_{h \in H} X_{ijh} \leq 1, \forall j \in R_B \quad (4.4)$$

$$\sum_{i \in D} \sum_{h \in H} X_{ijh} \leq 1, \forall j \in R_{AB} \quad (4.5)$$

$$\sum_{j \in R} \sum_{h \in H} X_{ijh} \leq 1, \forall i \in D_0 \quad (4.6)$$

$$\sum_{j \in R_A \cup R_{AB}} \sum_{h \in H} X_{ijh} \leq 1, \forall i \in D_A \quad (4.7)$$

$$\sum_{j \in R_B \cup R_{AB}} \sum_{h \in H} X_{ijh} \leq 1, \forall i \in D_B \quad (4.8)$$

$$\sum_{j \in R_{AB}} \sum_{h \in H} X_{ijh} \leq 1, \forall i \in D_{AB} \quad (4.9)$$

$$X_{ijh} \in \{0,1\}, \forall i \in D, j \in R \text{ e } h \in H \quad (4.10)$$

com $X_{ijh} = \begin{cases} 1, & \text{se o doador } i \text{ faz a doação de um rim para o receptor } j \text{ no hospital } h \\ 0, & \text{caso contrário} \end{cases}$

A função objetivo do modelo matemático, descrita em (4.1), determina o valor máximo para a realização do maior número de transplantes a serem realizados, respeitando a compatibilidade e a prioridade de atendimento, com o menor custo cirúrgico e de mobilidade dos doadores e receptores aos hospitais para a realização dos transplantes. O melhor doador e o melhor hospital são definidos para cada receptor, que fará o transplante, com base no menor valor que queremos subtrair do primeiro somatório. Esse valor representa exatamente o custo cirúrgico e os custos de mobilidades do receptor e doador ao hospital onde realizar-se-á o transplante.

É importante também reparar que a função objetivo é adimensional pois existe a soma de uma unidade monetária (custo hospitalar CH) com uma unidade de comprimento (distância do doador i e receptor j ao hospital h). Entretanto, caso necessário, pode-se aderir que $1\text{km} = 1$ unidade monetária.

Os grupos de restrições dos tipos (4.2) a (4.5) representam a compatibilidade sanguínea de doação para cada tipo sanguíneo de cada receptor. Além disso, essas restrições determinam que cada receptor só poderá receber no máximo uma doação. Os conjuntos R_0 , R_A , R_B e R_{AB} formam uma partição do conjunto R baseado no tipo sanguíneo de cada receptor. Da mesma forma, o conjunto D foi particionado em D_0 , D_A , D_B e D_{AB} . Os grupos de restrições dos tipos (4.6) a (4.9) representam a compatibilidade sanguínea de doação para cada tipo sanguíneo de cada doador. Além disso, essas restrições determinam que cada doador só poderá fazer no máximo uma doação de rim. Em (4.10) tem-se o intervalo de valores para as variáveis de decisão do problema de acordo com suas definições.

O modelo matemático tem $r.d.nr$ variáveis e $r + d$ restrições, ou seja, é um modelo complexo no número de variáveis e simples quanto ao número de restrições, quando comparado com o número total de variáveis. A seguir apresenta-se o algoritmo genético proposto para ser aplicado na resolução do problema sem fazer o uso da programação matemática.

4.2 Algoritmo Genético Proposto

O algoritmo proposto neste presente trabalho tem como objetivo encontrar a melhor sequência de receptores que leve em consideração a sua localidade geográfica e prioridade de atendimento, a compatibilidade sanguínea com o doador, a localização geográfica dos doadores e dos hospitais e os custos cirúrgicos dos hospitais.

Define-se a seguir os componentes usados na construção do nosso algoritmo genético:

i) A estrutura de uma solução para uso da metaheurística algoritmo genético é dada como sendo uma permutação do conjunto R , a ordem dos indivíduos na permutação determina a alocação de um doador compatível que ainda esteja disponível. Nesta estrutura, geralmente as primeiras posições devem ser constituídas pelos receptores da prioridade 1, depois os receptores da prioridade 2, e assim sucessivamente. Não levar em consideração este fato gera soluções com inviabilidade técnica do problema específico, onde um receptor de prioridade maior pode estar passando à frente de outro com prioridade menor à dele. Deixando este receptor sem transplante, quando ele deveria ser atendido pela sua prioridade. Exemplificando, com os dados da instância descrita anteriormente, no início deste capítulo, para o conjunto de receptores tem-se 3 blocos de permutações distintas a serem feitas na solução s , conforme ilustrado abaixo.

$$s = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 2 & 1 & 4 & 3 & 5 & 9 & 7 & 8 & 6 & 10 \\ \hline \end{array}$$

$$s_1 = \begin{array}{|c|c|c|c|c|c|c|c|c|c|} \hline 3 & 2 & 1 & 4 & 7 & 6 & 5 & 8 & 9 & 10 \\ \hline \end{array}$$

A solução s_1 pode ser uma solução válida para o problema, se ela não quebra as doações prioritárias, pois neste caso o primeiro receptor a receber um transplante, se tiver doador compatível, é o indivíduo 3 com prioridade 2. Pode ser que este receptor esteja tomando a prioridade da doação para algum receptor com prioridade 1. Mesmo supondo esta quebra de prioridade, a solução s_1 vai ter um custo bem menor que uma solução onde todos os receptores de prioridade 1 sejam atendido, conforme o valor dado para o peso do transplante de cada um destes indivíduos.

ii) A função custo a ser adotado no AG é a função objetivo do modelo matemático, sendo que para calcular o custo de uma solução (permutação) leva-se em consideração o menor custo da operação do transplante e das distâncias percorridas pelos receptores e doadores aos hospitais onde serão realizados os transplantes. Tomando como base a solução s , inicialmente procura-se um doador disponível e compatível no conjunto D , desses doadores verificou-se que o doador b e o hospital t tiveram o menor custo operacional para realizar o transplante do receptor $s(1)$. Selecione este doador e o hospital para o receptor $s(1)$ e deixe o doador b indisponível para futuras doações. Compute o custo desta operação na variável $f(s)$, conforme a função objetivo do modelo matemático, e compute também o custo real do problema específico numa variável $v(s) = RH_{s(1)t} + DH_{bt} + CH_t$. A alocação prossegue da mesma forma para os demais receptores na solução s , a partir da segunda posição, seguindo a ordem dada em s . O processo pára quando este procedimento também foi realizado para o último receptor na solução s , no caso o receptor

10. No final tem-se: os ternos (receptor, doador, hospital), para cada cirurgia transplantada a ser realizada, indicando quem é o doador que participará do transplante do receptor no hospital especificado; o valor real dos transplantes; e o valor da função objetivo do problema específico para a solução apresentada. A melhor solução a ser apresentada pelo método é aquela com maior valor na função objetivo.

iii) A seleção para cada cruzamento e mutação é feita com todos os indivíduos da população.

iv) A população é gerada aleatoriamente com o seu tamanho variando entre 50 ou 100 (*NPOP*) indivíduos, atendendo os estudos mencionados em diversos artigos da literatura como em [35] e [37], onde no capítulo 4, “teoremas fundamentais dos algoritmos genéticos”, em seu tópico de parâmetros para os algoritmos genéticos, é explicado dos diversos experimentos realizados que indicam esses dois valores como sendo de boa performance para um Algoritmo Genético. Para *NPOP*=100 tem-se 4950 cruzamentos (combinação de 100 dois a dois) entre todos os indivíduos da população. Esse número de cruzamentos gasta um bom tempo do algoritmo na sua execução, visto que isto é realizado em cada iteração do AG tanto para o operador cruzamento quanto para o operador mutação. Daí o fato de não usarmos 150 e 200 indivíduos na população.

v) Os operadores cruzamentos (*crossover*) usados no AG são descritos a seguir. Três operadores foram usados da literatura enquanto que um operador foi desenvolvido por nós. Com base nos trabalhos descritos em [20] e [35], por apresentar uma similaridade computacional simples e pelos seus algoritmos demonstrarem excelentes resultados perante metaheurísticas já conhecidas, utilizou-se a ideia de fazer 4 tipos de cruzamentos: em um ponto de corte, denominado 1P; em dois pontos de corte, denominado 2P; em um método mais moderno conhecido como *Partially Matched* denominado PM; e outro denominado *crossover em dois blocos* denominado de 2B.

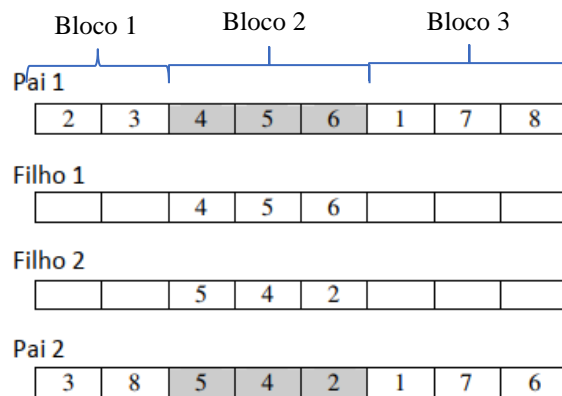
O operador *crossover* do tipo 1P, proposto em [31], consiste em selecionar uma posição do cromossomo para realizar uma separação em duas partes, dos dois indivíduos selecionados para o cruzamento, e os descendentes são criados a partir de sequências complementares dos dois progenitores, bem como citado em 3.6.1.

O operador *crossover* do tipo 2P funciona de forma análoga ao 1P, mas são feitos 2 pontos de corte em vez de apenas 1, dividindo assim o cromossomo em 3 blocos, como pode ser observado na Figura 15. O segundo bloco, i.e., o bloco intermediário, é copiado para cada

um dos filhos (denominados no algoritmo de O_1 e O_2). Segundo [20] e [35] essa etapa preserva as posições absolutas e relativas das estruturas do cromossomo de cada pai em cada filho, sugerindo que o material genético foi transmitido, i.e., havendo hereditariedade.

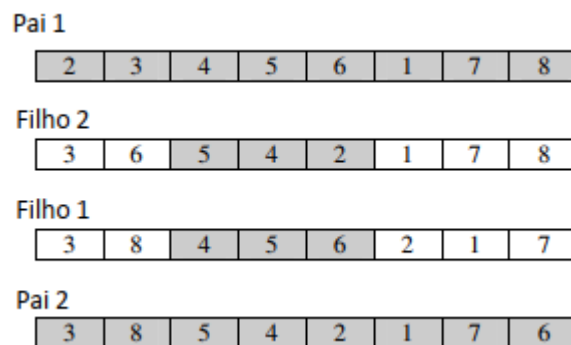
Como pode ser visto na Figura 16, nos genes em que há ausência de informação é feita a inserção com os valores das posições do pai correspondente no sentido da esquerda para a direita. Vale ressaltar que não deve haver repetição de gene no cromossomo dos filhos.

Figura 15 - Segunda etapa do *crossover* 2P



Fonte: [35]. Modificado pelo autor

Figura 16 - Terceira etapa do *crossover* 2P



Fonte: [35].

Conforme pode ser visualizado na Figura 17 e Figura 18, para o operador *crossover* do tipo PM, foi utilizado também dois pontos de corte. O segundo bloco do Pai 1 é copiado para o Filho 1, assim como o primeiro e terceiro bloco do Pai 2. Em seguida são feitos os ajustes para a geração de uma solução viável, representada pelo Filho 1, substituindo no primeiro e terceiro bloco os genes repetidos do Filho 1 pelos genes que se encontram na mesma posição

daqueles repetidos que estão no segundo bloco do Pai 2. De maneira geral, esta operação pode ser representada da seguinte forma:

função cruzamento PM;

Dados 2 indivíduos, Pai 1 e Pai 2, divide os cromossomos destes indivíduos em 3 partes iguais;

coloca-se a segunda parte de cada cromossomo em cada um dos filhos;

preenche o restante do cromossomo de cada filho com o 1º e o 3º bloco do outro pai;

faz o ajuste para gerar um cromossomo viável.

Figura 17 - Segunda etapa do PM *crossover*

Pai 1

1	5	2	8	7	4	3	6
---	---	---	---	---	---	---	---

Filho 1

		2	8	7			
--	--	---	---	---	--	--	--

Filho 2

		5	8	1			
--	--	---	---	---	--	--	--

Pai 2

4	2	5	8	1	3	6	7
---	---	---	---	---	---	---	---

Fonte: [35]

Figura 18 - Terceira etapa do PM *crossover*

Pai 1

1	5	2	8	7	4	3	6
---	---	---	---	---	---	---	---

Filho 2

7	2	5	8	1	4	3	6
---	---	---	---	---	---	---	---

Filho 1

4	5	2	8	7	3	6	1
---	---	---	---	---	---	---	---

Pai 2

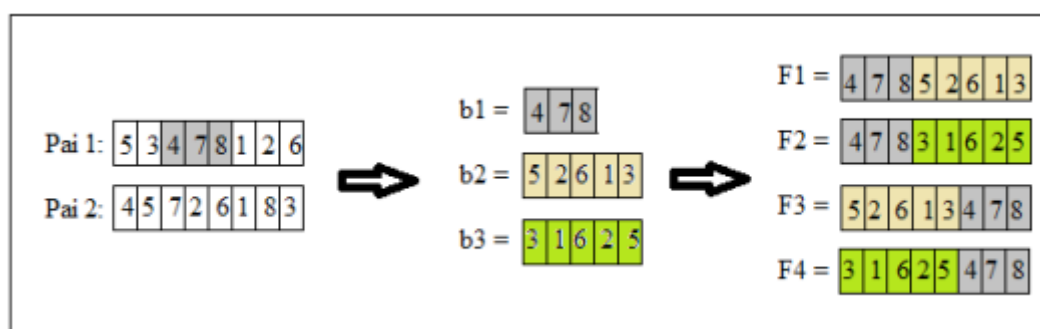
4	2	5	8	1	3	6	7
---	---	---	---	---	---	---	---

Fonte: [35]

Com o intuito de diversificar mais ainda a busca pela solução ótima foi desenvolvido o operador *crossover* 2B. A Figura 19, dada a seguir, ilustrará melhor este procedimento. Cada um dos cromossomos Pai 1 e Pai 2 são divididos em blocos. Usando o Pai 1 como base, chama-

se b1 o bloco que utiliza os genes centrais do cromossomo pai 1 para criar um pedaço para o próximo cromossomo. Chama-se de b2 os genes do cromossomo do Pai 2 que não estão no bloco b1, sendo-os ordenados da esquerda para a direita. Por fim, o bloco b3 tem a ordem inversa de b2. O mesmo procedimento é replicado para o Pai 2 sendo a base, gerando mais 4 filhos, conforme descrito em [35].

Figura 19 - Ilustração do crossover 2B



Fonte: [35]

vi) O Operador Mutação a ser utilizado neste AG é baseado numa técnica bem sucedida na regeneração dos músculos cardíacos através de aplicação de células-tronco que adaptamos para ser empregada na resolução de problema de otimização combinatória. As células-tronco, células-mães ou células estaminais são células que possuem a melhor capacidade de se dividir dando origem a duas células semelhantes às progenitoras.

As células-tronco de embriões têm ainda a capacidade de se transformar, num processo também conhecido por diferenciação celular, em outros tecidos do corpo, como ossos, nervos, músculos e sangue. Devido a essa característica, as células-tronco são importantes, principalmente na aplicação terapêutica, sendo potencialmente úteis em terapias de combate a doenças cardiovasculares, neurodegenerativas, diabetes mellitus tipo 1, acidentes vasculares cerebrais, doenças hematológicas, traumas na medula espinhal e nefropatias. O principal objetivo das pesquisas com células-tronco é usá-las para recuperar tecidos danificados por essas doenças e traumas.

Esta técnica funciona da seguinte forma, células-tronco são retiradas da medula óssea do paciente e tratadas em laboratório. As células-tronco são analisadas e aquelas com características fortes são aplicadas na região muscular do coração do paciente que está degenerada. Ainda é um mistério para a medicina como se dá esta regeneração. A lógica deste modelo é que as células-tronco entram em contato com as células ruins do músculo do coração e após algum

tempo é feita a regeneração dessas células. Este processo é multiplicador fazendo com que grande parte das células vizinhas também tenha o mesmo tratamento, sendo que em alguns casos nas regiões circunvizinhas, onde foi aplicado a células-tronco, não se obteve tanto sucesso quanto em outras regiões.

Adaptamos esta técnica para ser aplicada na resolução de problemas de otimização combinatória permutacional, cuja melhor solução encontrada até o momento, num determinado instante de execução do método de resolução do problema, fará o papel da célula-tronco. Esta, por sua vez, vai poder modificar ou não as demais soluções da população atual, com o intuito de regenerá-las ou não. O processo de regeneração dar-se-á levando em consideração que uma ou mais cópias de partes distintas da célula-tronco será copiada na solução que se quer regenerá-la. A cópia dar-se-á da seguinte forma:

- 1º) Vê-se quem é o receptor na 1ª posição da solução a ser regenerada e faz $j=1$;
- 2º) Seja h a posição deste receptor na solução considerada célula-tronco. Faz-se uma cópia dos k receptores seguintes a h , na mesma ordem em que se encontram na célula-tronco, e coloca-a na solução a ser regenerada a partir da $(j+1)$ -ésima posição. Caso haja menos do que k tarefas a partir de h , i. e. $h+k > r$, copia-se apenas as posições disponíveis ($k=r-j$), ou não será feita cópia, se todas as tarefas a direita de h já tenham sido copiadas;
- 3º) Atualiza-se $j=j+1$, verifica-se quem é o receptor que está localizado na j -ésima posição da solução a ser regenerada. Caso este receptor já tenha sido copiado anteriormente na solução regenerada, passa-se para o receptor seguinte até encontrar um que ainda não tenha sido copiado anteriormente e faz-se o procedimento executado no 2º passo;
- 4º) Este processo termina quando $j=r$.

A Figura 20, dada a seguir, ilustra a aplicação deste procedimento, através de um exemplo com $r=8$ e $k=2$, com seu código em linguagem C. A solução a ser regenerada vai herdar as boas características da célula-tronco. Outra característica importante desta técnica é que a célula-tronco a ser usada é atualizada sempre que uma solução melhor for encontrada.

Figura 20 - Ilustração do procedimento aplicação de célula-tronco.

<pre> Procedimento células-tronco: Input: n, k, sopt, s; Output: sr (solução s regenerada); for (i=1; i<=n; i++) { set[i]=0; sr[i]=0; } k1=0; for (i=1; i<=n; i++) { if (set[s[i]]==0) { j=1; k1=k1+1; while (j<=n) { if (s[i]==sopt[j]) { a=j; j=n; } j=j+1; } // end while sr[k1]=s[i]; set[s[i]]=set[s[i]]+1; j=a+1; k2=1; while ((j<=n) && (k2<=k)) { if (set[sopt[j]]==0) { k1=k1+1; sr[k1]=sopt[j]; k2=k2+1; set[sopt[j]] = set[sopt[j]] +1; } j=j+1; } } //end if } // end for </pre>	<p>Célula-tronco:</p> <table border="1" style="width: 100%; text-align: center;"> <tr> <td>3</td><td>5</td><td>8</td><td>6</td><td>1</td><td>7</td><td>2</td><td>4</td> </tr> </table> <p>Solução da População:</p> <table border="1" style="width: 100%; text-align: center;"> <tr> <td>7</td><td>3</td><td>1</td><td>5</td><td>2</td><td>6</td><td>8</td><td>4</td> </tr> </table> <p>Solução Regenerada:</p> <table border="1" style="width: 100%; text-align: center;"> <tr> <td>7</td><td>2</td><td>4</td><td>3</td><td>5</td><td>8</td><td>1</td><td>6</td> </tr> </table>	3	5	8	6	1	7	2	4	7	3	1	5	2	6	8	4	7	2	4	3	5	8	1	6
3	5	8	6	1	7	2	4																		
7	3	1	5	2	6	8	4																		
7	2	4	3	5	8	1	6																		

Fonte: [35].

vii) A estratégia geracional é responsável por controlar a substituição de indivíduos de uma geração para a outra na população. A estratégia geracional proposta para o nosso AG é substituir integralmente todos os indivíduos da população pelos melhores indivíduos encontrados na aplicação dos operadores mutação e cruzamento, com isso pretende-se diversificar e intensificar mais ainda a busca pela solução ótima do problema.

viii) Inicialmente o critério de parada usava o limite de valores propostos para três variáveis: número de iterações do algoritmo, tempo máximo de execução e a média dos *fitness* das soluções da população. Depois das análises feitas com os testes de execução do algoritmo com vários problemas da literatura, conforme mencionado em [25], verificou-se que nunca o algoritmo parou para os valores das duas primeiras variáveis: número de iterações do algoritmo no máximo igual a r e tempo máximo de execução limitado a duas horas. Para a terceira variável foi usado o valor médio na função objetivo das 100 soluções da população atual e comparado com o valor médio da população imediatamente anterior, quando estes valores forem iguais, em pelo menos 3 iterações seguidas o algoritmo para e apresenta a melhor solução encontrada como solução do problema. Com isto evitamos avaliações de soluções que podem ser distintas, mas que tiveram o mesmo desempenho de soluções similares, muitas vezes estas soluções são

repetidas, foi o que se constatou nos experimentos em [25]. Isso evitou o desgaste no tempo de execução. Porém, com este critério, o AG estava convergindo muito rápido e resolveu-se adotar uma mudança radical nos elementos da última população atual. Iniciar a busca com todos os elementos da população sendo alterados da seguinte forma:

```
for (i=1; i<=NPOP; i++)
  for (j=1; j<=r; j++) pij = r + 1 - pij .
```

Desta forma, se uma solução da população fosse $s = \langle 4\ 3\ 2\ 6\ 8\ 7\ 5\ 1 \rangle$, após a aplicação desse critério, ela ficaria $\langle 5\ 6\ 7\ 3\ 1\ 2\ 4\ 8 \rangle$, ou seja, cada elemento de s seria trocado pelo seu simétrico em relação a r . Isto criou uma oportunidade para AG visitar regiões não atingidas anteriormente no espaço de busca. A seguir são apresentados os experimentos computacionais realizados com o nosso AG.

5 EXPERIMENTOS COMPUTACIONAIS

Este capítulo visa apresentar os resultados dos testes computacionais. Para uma primeira análise faremos testes com o tamanho da população sendo 50 e depois 100 indivíduos.

32 instâncias usadas foram definidas para $r=60, 100, 200$, $d=32, 60, 92, 76, 100, 124, 180, 200$ e $nv=27$ da seguinte maneira, conforme mostra a Tabela 5:

Tabela 5 - Instâncias

INSTÂNCIAS		RECEPTOR				DOADOR			
Nome	Abrev	A	B	AB	O	A	B	AB	O
ctsR60_1_32D.txt	i1	24	12	12	12	8	8	8	8
ctsR60_2_32D.txt	i2	12	24	12	12	8	8	8	8
ctsR60_3_32D.txt	i3	12	12	12	24	8	8	8	8
ctsR60_4_32D.txt	i4	12	12	24	12	8	8	8	8
ctsR60_1_60D.txt	i5	24	12	12	12	15	15	15	15
ctsR60_2_60D.txt	i6	12	24	12	12	15	15	15	15
ctsR60_3_60D.txt	i7	12	12	12	24	15	15	15	15
ctsR60_4_60D.txt	i8	12	12	24	12	15	15	15	15
ctsR60_1_92D.txt	i9	24	12	12	12	23	23	23	23
ctsR60_2_92D.txt	i10	12	24	12	12	23	23	23	23
ctsR60_3_92D.txt	i11	12	12	12	24	23	23	23	23
ctsR60_4_92D.txt	i12	12	12	24	12	23	23	23	23
ctsR100_1_76D.txt	i13	40	20	20	20	19	19	19	19
ctsR100_2_76D.txt	i14	20	40	20	20	19	19	19	19
ctsR100_3_76D.txt	i15	20	20	20	40	19	19	19	19
ctsR100_4_76D.txt	i16	20	20	40	20	19	19	19	19
ctsR100_1_100D.txt	i17	40	20	20	20	25	25	25	25
ctsR100_2_100D.txt	i18	20	40	20	20	25	25	25	25
ctsR100_3_100D.txt	i19	20	20	20	40	25	25	25	25
ctsR100_4_100D.txt	i20	20	20	40	20	25	25	25	25
ctsR100_1_124D.txt	i21	40	20	20	20	31	31	31	31
ctsR100_2_124D.txt	i22	20	40	20	20	31	31	31	31
ctsR100_3_124D.txt	i23	20	20	20	40	31	31	31	31
ctsR100_4_124D.txt	i24	20	20	40	20	31	31	31	31
ctsR200_1_180D.txt	i25	80	40	40	40	45	45	45	45
ctsR200_2_180D.txt	i26	40	40	80	40	45	45	45	45
ctsR200_3_180D.txt	i27	40	80	40	40	45	45	45	45
ctsR200_4_180D.txt	i28	40	40	40	80	45	45	45	45
ctsR200_1_200D.txt	i29	80	40	40	40	50	50	50	50
ctsR200_2_200D.txt	i30	40	40	80	40	50	50	50	50
ctsR200_3_200D.txt	i31	40	80	40	40	50	50	50	50
ctsR200_4_200D.txt	i32	40	40	40	80	50	50	50	50

Foram definidas quatro configurações de tipos sanguíneos para cada modelo de quantidade de doador-receptor. Por exemplo, para a instância i1, tem-se a configuração de 24 receptores do tipo A, 12 do tipo B, 12 do tipo AB e 12 do tipo O, enquanto temos 8 receptores do tipo A, B, AB e O. Na i2, tem-se a configuração de 12 receptores com tipo sanguíneo A, 24 do tipo B, 12 do tipo AB e 12 do tipo O. A divisão seguiu a seguinte regra:

- 1) 32 Doadores para 60 Receptores;
- 2) 60 Doadores para 60 Receptores;
- 3) 92 Doadores para 60 Receptores;
- 4) 76 Doadores para 100 Receptores;
- 5) 100 Doadores para 100 Receptores;
- 6) 124 Doadores para 100 Receptores;
- 7) 180 Doadores para 200 Receptores;
- 8) 200 Doadores para 200 Receptores.

Outra observação importante a fazer é que os valores da função objetivo são valores altos devido ao peso W_p . As coordenadas geográficas foram inicialmente obtidas em graus, minutos e segundos e depois convertidos para o sistema métrico. Além disso, os valores dos custos hospitalares foram simulados variando de 10 a 27 mil reais.

5.1 Tamanho da População sendo 50

Tabela 6 – NPOP=50 com operador 1P

1P					
	Pop inic.	Cruz	Mut.	Custo Ot.	Tempo
i1	1.65E+08	2.43E+08	2.43E+08	2.43E+08	3.48
i2	2.01E+08	2.57E+08	2.57E+08	2.57E+08	4.62
i3	2.18E+08	2.79E+08	2.79E+08	2.79E+08	4.42
i4	2.27E+08	2.82E+08	2.82E+08	2.82E+08	5.56
i5	2.77E+08	2.92E+08	2.92E+08	2.92E+08	18.01
i6	2.73E+08	2.86E+08	2.86E+08	2.86E+08	14.9
i7	2.78E+08	2.93E+08	2.93E+08	2.93E+08	12.07
i8	2.92E+08	2.92E+08	2.92E+08	2.92E+08	18.12
i9	2.45E+08	2.45E+08	2.45E+08	2.45E+08	20.5
i10	2.92E+08	2.92E+08	2.92E+08	2.92E+08	26.7
i11	2.91E+08	2.91E+08	2.91E+08	2.91E+08	20.79
i12	2.91E+08	2.91E+08	2.91E+08	2.91E+08	29.57
i13	1.09E+09	1.24E+09	1.24E+09	1.24E+09	5.67
i14	1.05E+09	1.17E+09	1.2E+09	1.2E+09	5.56
i15	1.07E+09	1.18E+09	1.18E+09	1.18E+09	6.86
i16	1.07E+09	1.25E+09	1.25E+09	1.25E+09	6.97
i17	1.25E+09	1.28E+09	1.28E+09	1.28E+09	7.55
i18	1.15E+09	1.23E+09	1.24E+09	1.24E+09	9.26
i19	1.14E+09	1.24E+09	1.24E+09	1.24E+09	8.56
i20	1.27E+09	1.28E+09	1.28E+09	1.28E+09	7.7
i21	1.26E+09	1.26E+09	1.26E+09	1.26E+09	11.06
i22	1.22E+09	1.22E+09	1.22E+09	1.22E+09	9.04
i23	1.25E+09	1.25E+09	1.25E+09	1.25E+09	8.89
i24	1.22E+09	1.23E+09	1.23E+09	1.23E+09	12.26
i25	8.93E+09	9.58E+09	9.84E+09	9.84E+09	27.67
i26	9.3E+09	9.89E+09	9.89E+09	9.89E+09	34.16
i27	9.15E+09	9.58E+09	9.59E+09	9.59E+09	27.57
i28	8.57E+09	9.3E+09	9.6E+09	9.6E+09	26.88
i29	9.53E+09	9.99E+09	9.99E+09	9.99E+09	33.35
i30	9.97E+09	9.97E+09	9.97E+09	9.97E+09	41.57
i31	9.12E+09	9.44E+09	9.44E+09	9.44E+09	29.59
i32	9.32E+09	9.88E+09	9.88E+09	9.88E+09	32.95
Média					16.6206
Mínimo					3.48
Máximo					41.57

Fonte: Elaborado pelo autor.

Tabela 7 – NPOP=50 com operador 2P

2P					
	Pop inic.	Cruz	Mut.	Custo Ot.	Tempo
i1	1.65E+08	2.55E+08	2.55E+08	2.55E+08	11.14
i2	2.01E+08	2.69E+08	2.69E+08	2.69E+08	16.5
i3	2.18E+08	2.8E+08	2.8E+08	2.8E+08	9.21
i4	2.27E+08	2.83E+08	2.83E+08	2.83E+08	17.75
i5	2.77E+08	2.93E+08	2.93E+08	2.93E+08	46.63
i6	2.73E+08	2.86E+08	2.86E+08	2.86E+08	34.4
i7	2.78E+08	2.94E+08	2.94E+08	2.94E+08	26.82
i8	2.92E+08	2.92E+08	2.92E+08	2.92E+08	56.31
i9	2.45E+08	2.45E+08	2.45E+08	2.45E+08	40.99
i10	2.92E+08	2.92E+08	2.92E+08	2.92E+08	40.94
i11	2.91E+08	2.91E+08	2.91E+08	2.91E+08	35.43
i12	2.91E+08	2.91E+08	2.91E+08	2.91E+08	49.32
i13	1.09E+09	1.28E+09	1.28E+09	1.28E+09	13.39
i14	1.05E+09	1.27E+09	1.27E+09	1.27E+09	12.56
i15	1.07E+09	1.22E+09	1.22E+09	1.22E+09	11.61
i16	1.07E+09	1.28E+09	1.28E+09	1.28E+09	16.01
i17	1.25E+09	1.28E+09	1.28E+09	1.28E+09	17.48
i18	1.15E+09	1.24E+09	1.24E+09	1.24E+09	21.54
i19	1.14E+09	1.27E+09	1.2E+09	1.27E+09	19.65
i20	1.27E+09	1.28E+09	1.28E+09	1.28E+09	17.39
i21	1.26E+09	1.26E+09	1.26E+09	1.26E+09	25.34
i22	1.22E+09	1.22E+09	1.22E+09	1.22E+09	20.73
i23	1.25E+09	1.25E+09	1.25E+09	1.25E+09	20.53
i24	1.22E+09	1.23E+09	1.23E+09	1.23E+09	28.56
i25	8.93E+09	9.58E+09	9.72E+09	9.72E+09	54.56
i26	9.3E+09	9.89E+09	9.89E+09	9.89E+09	67.92
i27	9.15E+09	9.73E+09	9.73E+09	9.73E+09	54.56
i28	8.57E+09	9.29E+09	9.15E+09	9.29E+09	52.91
i29	9.53E+09	9.99E+09	9.99E+09	9.99E+09	66.42
i30	9.97E+09	9.97E+09	9.97E+09	9.97E+09	82.01
i31	9.12E+09	9.76E+09	9.76E+09	9.76E+09	59.14
i32	9.32E+09	9.87E+09	9.87E+09	9.87E+09	65.06
Média					34.77531
Mínimo					9.21
Máximo					82.01

Fonte: Elaborado pelo autor.

Tabela 8 – NPOP=50 com operador PM

PM					
	Pop inic.	Cruz	Mut.	Custo Ot.	Tempo
i1	1.65E+08	2.55E+08	2.55E+08	2.55E+08	4.5
i2	2.01E+08	2.69E+08	2.69E+08	2.69E+08	5.81
i3	2.18E+08	2.65E+08	2.65E+08	2.65E+08	3.86
i4	2.27E+08	2.83E+08	2.83E+08	2.83E+08	4.59
i5	2.77E+08	2.93E+08	2.93E+08	2.93E+08	22.76
i6	2.73E+08	2.86E+08	2.86E+08	2.86E+08	6.08
i7	2.78E+08	2.94E+08	2.94E+08	2.94E+08	19.51
i8	2.92E+08	2.92E+08	2.92E+08	2.92E+08	9.49
i9	2.45E+08	2.45E+08	2.45E+08	2.45E+08	11.58
i10	2.92E+08	2.92E+08	2.92E+08	2.92E+08	13.07
i11	2.91E+08	2.91E+08	2.91E+08	2.91E+08	20.56
i12	2.91E+08	2.91E+08	2.91E+08	2.91E+08	15.2
i13	1.09E+09	1.28E+09	1.28E+09	1.28E+09	3.87
i14	1.05E+09	1.27E+09	1.27E+09	1.27E+09	3.8
i15	1.07E+09	1.25E+09	1.25E+09	1.25E+09	4.53
i16	1.07E+09	1.28E+09	1.28E+09	1.28E+09	4.78
i17	1.25E+09	1.28E+09	1.28E+09	1.28E+09	5.25
i18	1.15E+09	1.24E+09	1.24E+09	1.24E+09	6.33
i19	1.14E+09	1.27E+09	1.27E+09	1.27E+09	5.89
i20	1.27E+09	1.28E+09	1.28E+09	1.28E+09	5.22
i21	1.26E+09	1.26E+09	1.26E+09	1.26E+09	7.48
i22	1.22E+09	1.22E+09	1.22E+09	1.22E+09	6.2
i23	1.25E+09	1.25E+09	1.25E+09	1.25E+09	6.04
i24	1.22E+09	1.23E+09	1.23E+09	1.23E+09	8.2
i25	8.93E+09	9.58E+09	9.58E+09	9.58E+09	21.06
i26	9.3E+09	9.89E+09	9.89E+09	9.89E+09	25.92
i27	9.15E+09	9.59E+09	9.59E+09	9.59E+09	21.09
i28	8.57E+09	9.57E+09	9.43E+09	9.57E+09	20.65
i29	9.53E+09	9.98E+09	9.98E+09	9.98E+09	25.52
i30	9.97E+09	9.97E+09	9.97E+09	9.97E+09	31.96
i31	9.12E+09	9.92E+09	9.93E+09	9.93E+09	22.7
i32	9.32E+09	9.73E+09	9.74E+09	9.74E+09	24.98
Média					12.4525
Mínimo					3.8
Máximo					31.96

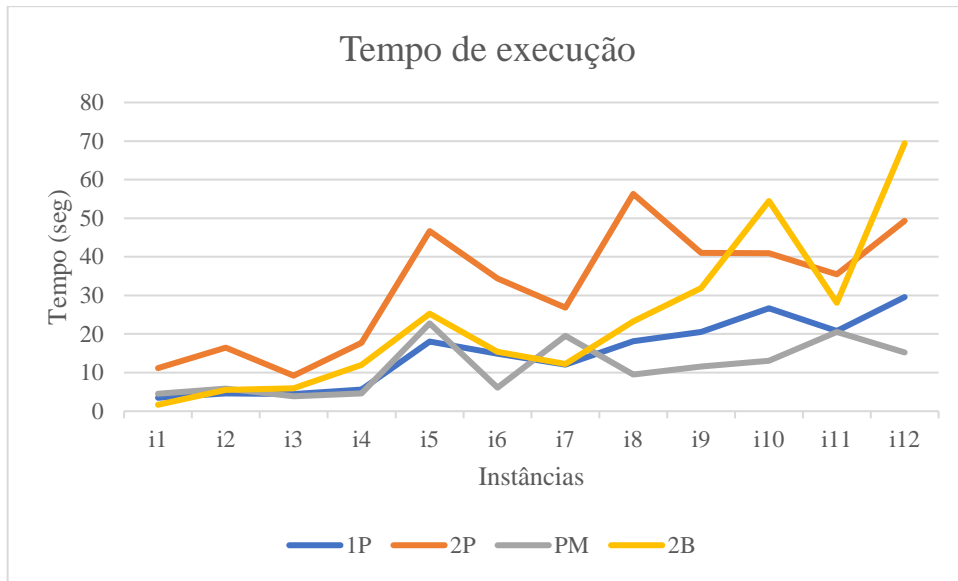
Fonte: Elaborado pelo autor.

Tabela 9 – NPOP=50 com operador 2B

2B					
	Pop inic.	Cruz	Mut.	Custo Ot.	Tempo
i1	1.65E+08	2.21E+08	2.32E+08	2.32E+08	1.66
i2	2.01E+08	2.23E+08	2.46E+08	2.46E+08	5.53
i3	2.18E+08	2.63E+08	2.77E+08	2.77E+08	5.94
i4	2.27E+08	2.81E+08	2.82E+08	2.82E+08	12
i5	2.77E+08	2.93E+08	2.93E+08	2.93E+08	25.26
i6	2.73E+08	2.86E+08	2.86E+08	2.86E+08	15.37
i7	2.78E+08	2.93E+08	2.93E+08	2.93E+08	12.2
i8	2.92E+08	2.92E+08	2.92E+08	2.92E+08	23.23
i9	2.45E+08	2.45E+08	2.45E+08	2.45E+08	31.87
i10	2.92E+08	2.92E+08	2.92E+08	2.92E+08	54.47
i11	2.91E+08	2.91E+08	2.91E+08	2.91E+08	28.07
i12	2.91E+08	2.91E+08	2.91E+08	2.91E+08	69.42
i13	1.09E+09	1.2E+09	1.28E+09	1.28E+09	9.19
i14	1.05E+09	1.2E+09	1.2E+09	1.2E+09	9.42
i15	1.07E+09	1.11E+09	1.14E+09	1.14E+09	11.48
i16	1.07E+09	1.24E+09	1.28E+09	1.28E+09	11.62
i17	1.25E+09	1.28E+09	1.28E+09	1.28E+09	12.69
i18	1.15E+09	1.24E+09	1.24E+09	1.24E+09	15.37
i19	1.14E+09	1.21E+09	1.24E+09	1.24E+09	14.22
i20	1.27E+09	1.28E+09	1.28E+09	1.28E+09	12.64
i21	1.26E+09	1.26E+09	1.26E+09	1.26E+09	18.23
i22	1.22E+09	1.22E+09	1.22E+09	1.22E+09	14.87
i23	1.25E+09	1.25E+09	1.25E+09	1.25E+09	14.79
i24	1.22E+09	1.23E+09	1.23E+09	1.23E+09	20.01
i25	8.93E+09	9.71E+09	9.71E+09	9.71E+09	41.12
i26	9.3E+09	9.89E+09	9.89E+09	9.89E+09	50.55
i27	9.15E+09	9.59E+09	9.59E+09	9.59E+09	41.19
i28	8.57E+09	9.44E+09	9.45E+09	9.45E+09	39.76
i29	9.53E+09	9.98E+09	9.98E+09	9.98E+09	49.55
i30	9.97E+09	9.97E+09	9.97E+09	9.97E+09	62.56
i31	9.12E+09	9.76E+09	9.76E+09	9.76E+09	44.49
i32	9.32E+09	9.6E+09	9.6E+09	9.6E+09	49.77
Média					25.8919
Mínimo					1.66
Máximo					69.42

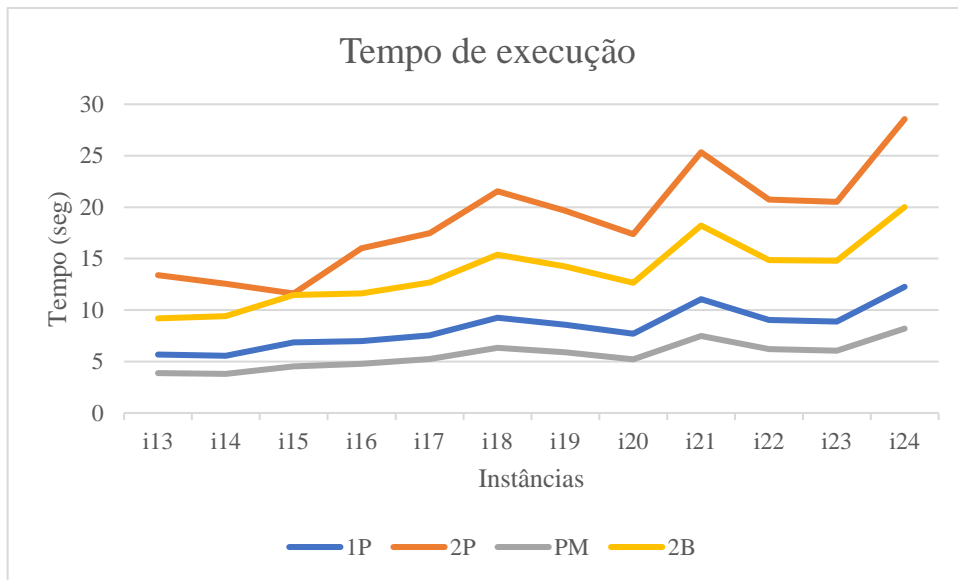
Fonte: Elaborado pelo autor.

Figura 21 - Gráfico de tempo de execução i1-i12



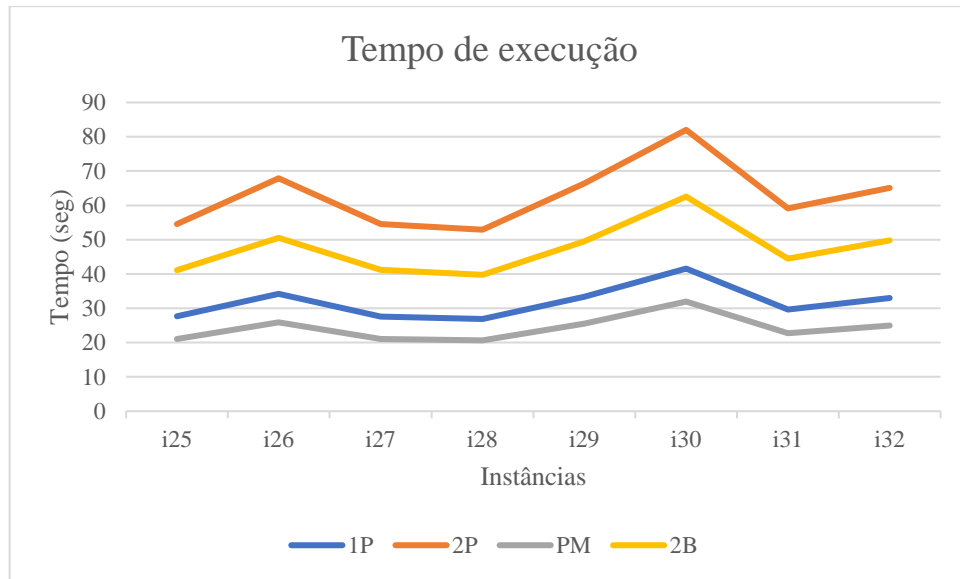
Fonte: Elaborado pelo autor.

Figura 22 - Gráfico de tempo de execução i13-i24



Fonte: Elaborado pelo autor.

Figura 23 - Gráfico de tempo de execução i25-i32



Fonte: Elaborado pelo autor.

Tabela 10 - Comparação de desempenho para NPOP=50

Abrev	Npop		1P	2P	PM	2B	1P(s)	2P(s)	PM(s)	2B(s)
			Custo Ot.	Custo Ot.	Custo Ot.	Custo Ot.	Tempo	Tempo	Tempo	Tempo
i1	50	i1	243209792	254574544	254574000	232258864	3.48	11.14	4.5	1.66
i2	50	i2	257485232	268972832	268504512	245532624	4.62	16.5	5.81	5.53
i3	50	i3	278987712	280241216	265151392	277105888	4.42	9.21	3.86	5.94
i4	50	i4	281611744	283495200	282867520	282236704	5.56	17.75	4.59	12
i5	50	i5	291853216	292528800	292528416	292525760	18.01	46.63	22.76	25.26
i6	50	i6	286050080	286051136	286048576	286045952	14.9	34.4	6.08	15.37
i7	50	i7	293205056	293874528	293873216	293203936	12.07	26.82	19.51	12.2
i8	50	i8	292027808	292029056	292027360	292026816	18.12	56.31	9.49	23.23
i9	50	i9	244869472	244869472	244869360	244869248	20.5	40.99	11.58	31.87
i10	50	i10	291846016	291846080	291846016	291846080	26.7	40.94	13.07	54.47
i11	50	i11	291437056	291437760	291438016	291436832	20.79	35.43	20.56	28.07
i12	50	i12	291462240	291462304	291462304	291462208	29.57	49.32	15.2	69.42
i13	50	i13	1243974528	1281987584	1282009344	1281982848	5.67	13.39	3.87	9.19
i14	50	i14	1204830080	1266636928	1266638208	1204826624	5.56	12.56	3.8	9.42
i15	50	i15	1180692096	1217875968	1254020224	1144503040	6.86	11.61	4.53	11.48
i16	50	i16	1246195712	1277867520	1282255360	1278969728	6.97	16.01	4.78	11.62
i17	50	i17	1282848768	1282849792	1282848000	1282829056	7.55	17.48	5.25	12.69
i18	50	i18	1235516160	1235519744	1235512448	1236493056	9.26	21.54	6.33	15.37
i19	50	i19	1238451968	1270310144	1270314368	1235613440	8.56	19.65	5.89	14.22
i20	50	i20	1275513344	1275513344	1275511168	1275508992	7.7	17.39	5.22	12.64
i21	50	i21	1261078144	1261078272	1261077888	1261078656	11.06	25.34	7.48	18.23
i22	50	i22	1224508160	1224508160	1224507904	1224506752	9.04	20.73	6.2	14.87
i23	50	i23	1250551936	1250552704	1250552320	1250551552	8.89	20.53	6.04	14.79
i24	50	i24	1225273088	1226298496	1226296704	1225272832	12.26	28.56	8.2	20.01
i25	50	i25	9839230976	9717550080	9579570176	9707386880	27.67	54.56	21.06	41.12
i26	50	i26	9889523712	9894236160	9887170560	9887175680	34.16	67.92	25.92	50.55
i27	50	i27	9585163264	9733316608	9590125568	9587597312	27.57	54.56	21.09	41.19
i28	50	i28	9595012096	9293716480	9572653056	9446813696	26.88	52.91	20.65	39.76
i29	50	i29	9989041152	9991306240	9984495616	9984512000	33.35	66.42	25.52	49.55
i30	50	i30	9973240832	9973241856	9973242880	9973239808	41.57	82.01	31.96	62.56
i31	50	i31	9441680384	9760563200	9925428224	9764882432	29.59	59.14	22.7	44.49
i32	50	i32	9876542464	9874245632	9738784768	9596569600	32.95	65.06	24.98	49.77
			Média				16.6206	34.78	12.4525	25.8919
			Mínimo				3.48	9.21	3.8	1.66
			Máximo				41.57	82.01	31.96	69.42

Fonte: Elaborado pelo Autor.

Pode-se ver que a população inicial, como já era previsto por ter sido formada de maneira aleatória não obteve uma boa solução quando comparada com as soluções obtidas pelos operadores de cruzamento e mutação. A diferença é grande nas primeiras instâncias e depois diminui gradativamente nas instâncias maiores. Esses valores elevados representam um bom desempenho dos operadores cruzamentos e mutação, dando um impacto significativo na população e na geração de seus descendentes conforme preconiza a teoria dos algoritmos genéticos.

Como pode-se perceber, segundo a Tabela 8, para a população NPOP=50, o cruzamento PM teve o melhor desempenho no quesito tempo computacional, onde apresentou valores de 12 segundos em média para encontrar o ótimo global.

Além disso, percebe-se pelos dados da Tabela 6, Tabela 7, Tabela 8 e Tabela 9 que o cruzamento 2P em geral teve um tempo computacional maior, enquanto o segundo com pior tempo computacional foi o 2B. Interessante perceber também que, esses são os operadores genéticos com maior complexidade computacional. Já os operadores PM e 1P tiveram os melhores tempos computacionais, isto também pode ser visto ao analisar as Figura 21, Figura 22 e Figura 23.

Entretanto, apesar de o cruzamento 2P ter tido o maior tempo computacional, foi também o que obteve os melhores resultados, encontrando a melhor solução 19 vezes em comparação com os outros operadores. Em segundo lugar, o que obteve melhor desempenho visando a função objetivo foi o PM, com 9, em seguida o 1P com 6 e, por último o 2B, com 3.

5.2 Tamanho da População sendo 100

Tabela 10 – NPOP=100 com o operador 1P

1P					
Abrev	Pop inic.	Cruz	Mut.	Custo Ot.	Tempo
i1	1.98E+08	220895376	220896336	220896336	9.08
i2	2.01E+08	257485504	257485504	257485504	12.37
i3	2.17E+08	279612032	279612032	279612032	19.32
i4	2.12E+08	280988448	280988448	280988448	33.81
i5	2.76E+08	292527008	292527008	292527008	42.16
i6	2.73E+08	286049728	286050016	286050016	46.25
i7	2.78E+08	293872800	293872800	293872800	35.95
i8	2.92E+08	292028800	292028800	292028800	63.8
i9	2.45E+08	244869472	244869472	244869472	70.89
i10	2.92E+08	291845856	291845856	291845856	87.09
i11	2.91E+08	291437920	291437920	291437920	67.7
i12	2.91E+08	291462304	291462304	291462304	60.52
i13	1.17E+09	1283200512	1283201536	1283201536	92.28
i14	1.11E+09	1238834688	1239868544	1239868544	79.9
i15	1.03E+09	1254042624	1254042624	1254042624	89.05
i16	1.14E+09	1281168128	1281168128	1281168128	110.33
i17	1.28E+09	1282854144	1282854528	1282854528	203.94
i18	1.23E+09	1236517376	1236517504	1236517504	164.9
i19	1.11E+09	1268448896	1268449408	1268449408	97.87
i20	1.28E+09	1275516288	1275516288	1275516288	174.58
i21	1.26E+09	1261079680	1261079808	1261079808	162.94
i22	1.22E+09	1224510848	1224510848	1224510848	148.48
i23	1.25E+09	1250556032	1250556032	1250556032	203.2
i24	1.22E+09	1227326976	1227327872	1227327872	144.19
i25	8.93E+09	9583647744	9713495040	9713495040	83.4
i26	9.58E+09	9889529856	9891880960	9891880960	102.42
i27	8.86E+09	9738265600	9740746752	9740746752	83.62
i28	8.72E+09	9728342016	9728359424	9728359424	79.37
i29	9.68E+09	9984510976	9986780160	9986780160	100.56
i30	9.97E+09	9973241856	9973241856	9973241856	124.71
i31	8.96E+09	9762738176	9762740224	9762740224	88.11
i32	9.33E+09	9741048832	9741046784	9741048832	99.94
Média					93.21031
Mínimo					9.08
Máximo					203.94

Tabela 11 – NPOP=100 com o operador 2P

2P					
Abrev	Pop inic.	Cruz	Mut.	Custo Ot.	Tempo
i1	197768560	243620864	243620992	243620992	43.59
i2	200991120	268976064	268976064	268976064	45.51
i3	217395264	280241536	280241568	280241568	30.21
i4	211507680	283495776	283495776	283495776	60.28
i5	275805056	292530720	292530720	292530720	121.03
i6	272861120	286050720	286050720	286050720	94.23
i7	278466208	293875392	293875392	293875392	104.87
i8	292019072	292029920	292029920	292029920	129.1
i9	244868336	244869472	244869472	244869472	135.09
i10	291844128	291846080	291846080	291846080	138.53
i11	291431488	291437952	291438080	291438080	135.92
i12	291461344	291462304	291462304	291462304	140.86
i13	1167959552	1290373504	1290373632	1290373632	269.18
i14	1106908032	1272844160	1272844416	1272844416	349.59
i15	1029959936	1292214912	1292214912	1292214912	218.01
i16	1140170240	1286663040	1286663040	1286663040	433.18
i17	1280567936	1282856704	1282856704	1282856704	558.34
i18	1229490432	1238514560	1238514560	1238514560	660.08
i19	1107264128	1270319232	1270319232	1270319232	273.64
i20	1275378944	1275517312	1275517312	1275517312	400.22
i21	1261074944	1261079936	1261079936	1261079936	374.76
i22	1224503296	1224511360	1224511360	1224511360	459.19
i23	1250546560	1250556160	1250556160	1250556160	336.67
i24	1221143040	1227328384	1227328512	1227328512	509.63
i25	8934384640	9711449088	9711449088	9711449088	191.8
i26	9582244864	9891873792	9894228992	9894228992	239.47
i27	8859131904	9738280960	9740759040	9740759040	191.27
i28	8715829248	9444352000	9577631744	9577631744	185.91
i29	9679237120	9984513024	9984492544	9984513024	231.49
i30	9973179392	9973240832	9973240832	9973240832	288.88
i31	8964435968	9769237504	9769238528	9769238528	206.08
i32	9325632512	9872004096	9872004096	9872004096	230.15
Média					243.336
Mínimo					30.21
Máximo					660.08

Fonte: Elaborado pelo autor.

Tabela 12 – NPOP=100 com o operador PM

PM					
Abrev	Pop inic.	Cruz	Mut.	Custo Ot.	Tempo
i1	197768560	2.55E+08	2.55E+08	2.55E+08	9.19
i2	200991120	2.69E+08	2.69E+08	2.69E+08	22.64
i3	217395264	2.8E+08	2.8E+08	2.8E+08	10.67
i4	211507680	2.83E+08	2.83E+08	2.83E+08	23.79
i5	275805056	2.93E+08	2.93E+08	2.93E+08	41.23
i6	272861120	2.86E+08	2.86E+08	2.86E+08	49.88
i7	278466208	2.94E+08	2.94E+08	2.94E+08	19.25
i8	292019072	2.92E+08	2.92E+08	2.92E+08	44.15
i9	244868336	2.45E+08	2.45E+08	2.45E+08	32.06
i10	291844128	2.92E+08	2.92E+08	2.92E+08	29.52
i11	291431488	2.91E+08	2.91E+08	2.91E+08	45.65
i12	291461344	2.91E+08	2.91E+08	2.91E+08	39.19
i13	1167959552	1.29E+09	1.29E+09	1.29E+09	127.1
i14	1106908032	1.27E+09	1.27E+09	1.27E+09	70.25
i15	1029959936	1.29E+09	1.29E+09	1.29E+09	64.58
i16	1140170240	1.29E+09	1.29E+09	1.29E+09	140.26
i17	1280567936	1.28E+09	1.28E+09	1.28E+09	153.86
i18	1229490432	1.24E+09	1.24E+09	1.24E+09	200.2
i19	1107264128	1.27E+09	1.27E+09	1.27E+09	62.91
i20	1275378944	1.28E+09	1.28E+09	1.28E+09	107.86
i21	1261074944	1.26E+09	1.26E+09	1.26E+09	131.1
i22	1224503296	1.22E+09	1.22E+09	1.22E+09	92.04
i23	1250546560	1.25E+09	1.25E+09	1.25E+09	96.7
i24	1221143040	1.23E+09	1.23E+09	1.23E+09	131.47
i25	8934384640	9.59E+09	9.59E+09	9.59E+09	56.13
i26	9582244864	9.89E+09	9.89E+09	9.89E+09	69.13
i27	8859131904	9.59E+09	9.59E+09	9.59E+09	55.74
i28	8715829248	9.3E+09	9.3E+09	9.3E+09	54.58
i29	9679237120	9.99E+09	9.99E+09	9.99E+09	66.95
i30	9973179392	9.97E+09	9.97E+09	9.97E+09	84.28
i31	8964435968	9.91E+09	9.92E+09	9.92E+09	60.72
i32	9325632512	9.87E+09	9.88E+09	9.88E+09	66.02
Média					70.5969
Mínimo					9.19
Máximo					200.2

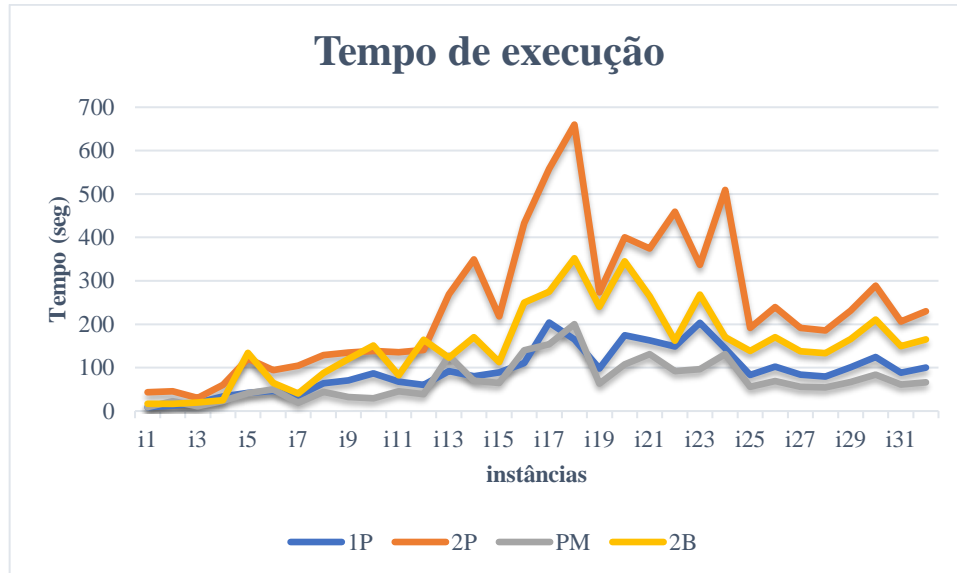
Fonte: Elaborado pelo autor.

Tabela 13 - NPOP=100 com o operador 2B

2B					
Abrev	Pop inic.	Cruz	Mut.	Custo Ot.	Tempo
i1	197768560	243211872	243620208	243620208	17.07
i2	200991120	246938320	257954752	257954752	16.53
i3	217395264	248816048	278984480	278984480	19.64
i4	211507680	267840336	283486880	283486880	24.93
i5	275805056	292526240	292526368	292526368	133.84
i6	272861120	286044352	286045888	286045888	64.8
i7	278466208	293200832	293202240	293202240	40.57
i8	292019072	292026176	292028128	292028128	87.53
i9	244868336	244869360	244869472	244869472	119.94
i10	291844128	291846080	291846080	291846080	151.34
i11	291431488	291437248	291437920	291437920	82.4
i12	291461344	291462304	291462304	291462304	164.29
i13	1167959552	1284395776	1284396160	1284396160	123.18
i14	1106908032	1268704384	1270771840	1270771840	169.88
i15	1029959936	1214798464	1254043648	1254043648	112.79
i16	1140170240	1281168000	1281167744	1281168000	249.96
i17	1280567936	1282851968	1282852736	1282852736	274.83
i18	1229490432	1238509184	1238510336	1238510336	352.11
i19	1107264128	1269379712	1270315264	1270315264	240.49
i20	1275378944	1275517056	1275517184	1275517184	344.98
i21	1261074944	1261077760	1261078912	1261078912	264.65
i22	1224503296	1224506752	1224509184	1224509184	162.29
i23	1250546560	1250553856	1250554496	1250554496	268.14
i24	1221143040	1226296192	1227325312	1227325312	170.49
i25	8934384640	9707348992	9711447040	9711447040	138.22
i26	9582244864	9891884032	9891884032	9891884032	170.07
i27	8859131904	9585141760	9585158144	9585158144	137.59
i28	8715829248	9303616512	9308590080	9308590080	133.64
i29	9679237120	9984490496	9984474112	9984490496	165.93
i30	9973179392	9973240832	9973239808	9973240832	210.56
i31	8964435968	9754023936	9758376960	9758376960	149.57
i32	9325632512	9867460608	9867420672	9867460608	165.15
Média					153.981
Mínimo					16.53
Máximo					352.11

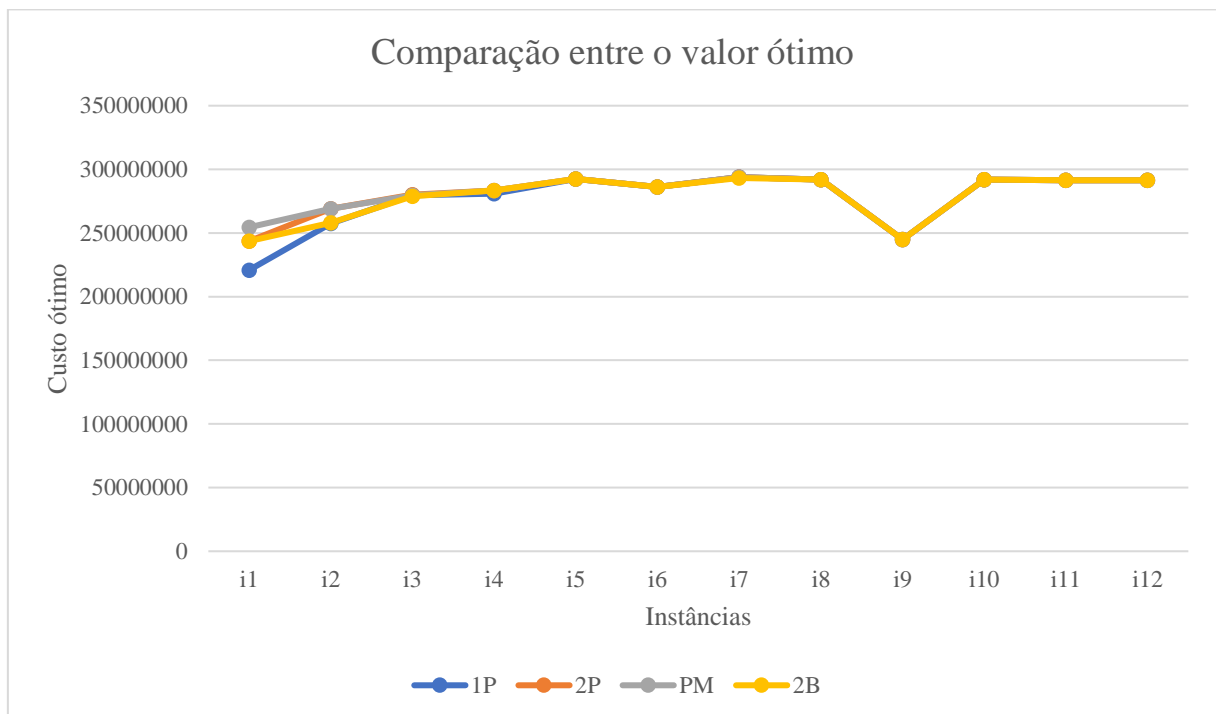
Fonte: Elaborado pelo autor.

Figura 24 - Tempo de execução para NPOP=100



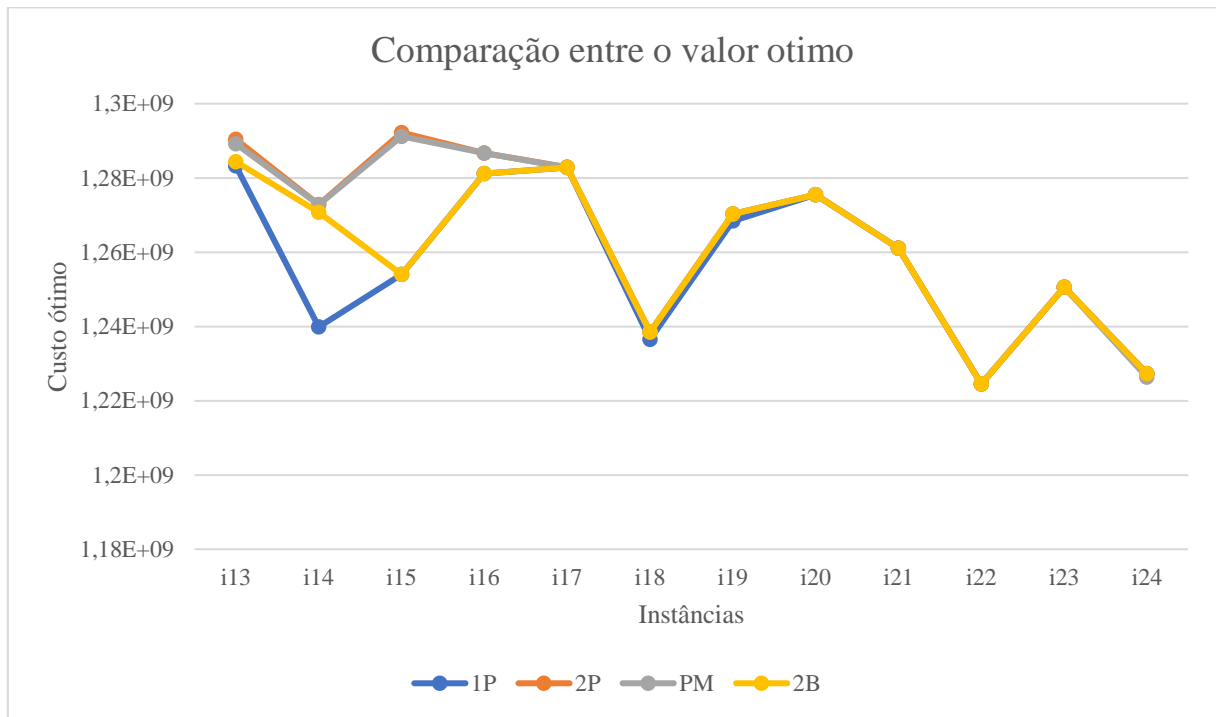
Fonte: Elaborado pelo autor.

Figura 25 - Comparação entre o melhor valor encontrado em i1-i12 para NPOP=100



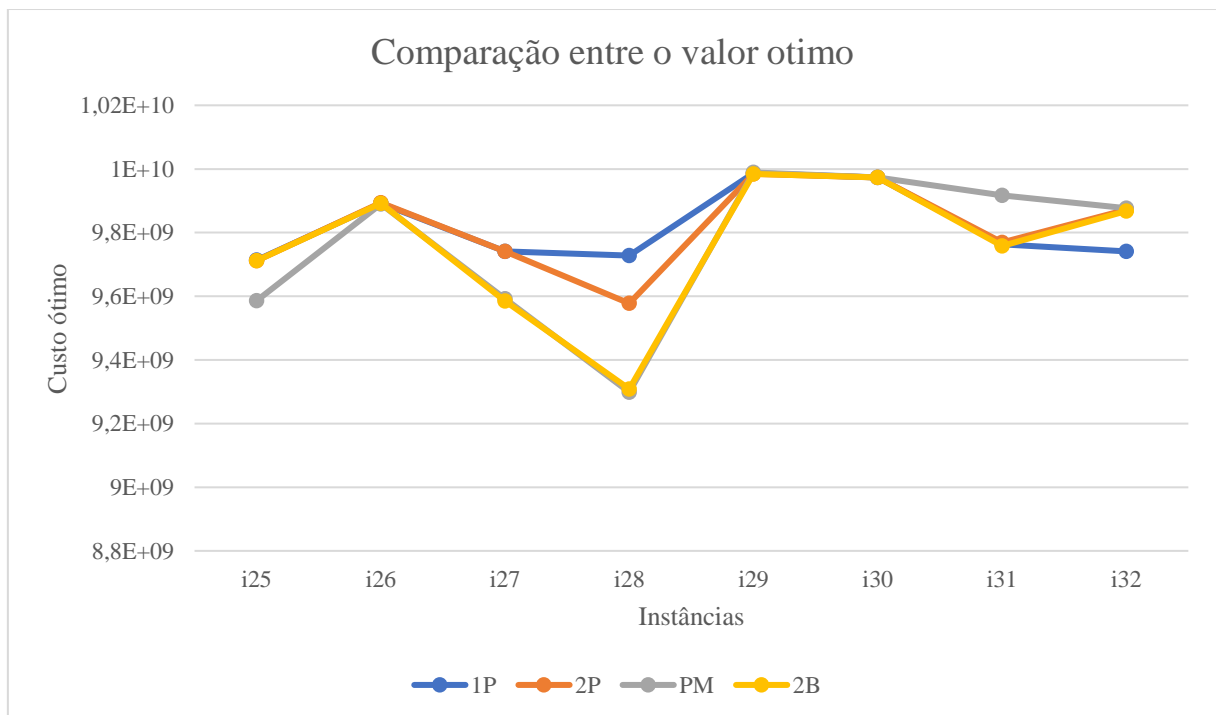
Fonte: Elaborado pelo autor.

Figura 26 - Comparação entre o melhor valor encontrado em i13-i24 para NPOP=100



Fonte: Elaborado pelo autor.

Figura 27 - Comparação entre o melhor valor encontrado em i25-i32 para NPOP=100



Fonte: Elaborado pelo autor.

Tabela 14 - Comparação de desempenho dos operadores de cruzamento com NPOP=100

Abrev	Npop	1P	2P	PM	2B	1P(s)	2P(s)	PM(s)	2B(s)
		Custo Ot.	Custo Ot.	Custo Ot.	Custo Ot.	Tempo	Tempo	Tempo	Tempo
i1	100	220896336	243620992	254573872	243620208	9.08	43.59	9.19	17.07
i2	100	257485504	268976064	268976032	257954752	12.37	45.51	22.64	16.53
i3	100	279612032	280241568	279612736	278984480	19.32	30.21	10.67	19.64
i4	100	280988448	283495776	283492288	283486880	33.81	60.28	23.79	24.93
i5	100	292527008	292530720	292527360	292526368	42.16	121.03	41.23	133.84
i6	100	286050016	286050720	286050784	286045888	46.25	94.23	49.88	64.8
i7	100	293872800	293875392	293873760	293202240	35.95	104.87	19.25	40.57
i8	100	292028800	292029920	292029536	292028128	63.8	129.1	44.15	87.53
i9	100	244869472	244869472	244869408	244869472	70.89	135.09	32.06	119.94
i10	100	291845856	291846080	291846016	291846080	87.09	138.53	29.52	151.34
i11	100	291437920	291438080	291438080	291437920	67.7	135.92	45.65	82.4
i12	100	291462304	291462304	291462304	291462304	60.52	140.86	39.19	164.29
i13	100	1283201536	1290373632	1289180288	1284396160	92.28	269.18	127.1	123.18
i14	100	1239868544	1272844416	1272841728	1270771840	79.9	349.59	70.25	169.88
i15	100	1254042624	1292214912	1291211648	1254043648	89.05	218.01	64.58	112.79
i16	100	1281168128	1286663040	1286661248	1281168000	110.33	433.18	140.26	249.96
i17	100	1282854528	1282856704	1282855040	1282852736	203.94	558.34	153.86	274.83
i18	100	1236517504	1238514560	1238513408	1238510336	164.9	660.08	200.2	352.11
i19	100	1268449408	1270319232	1270319104	1270315264	97.87	273.64	62.91	240.49
i20	100	1275516288	1275517312	1275517696	1275517184	174.58	400.22	107.86	344.98
i21	100	1261079808	1261079936	1261079936	1261078912	162.94	374.76	131.1	264.65
i22	100	1224510848	1224511360	1224510336	1224509184	148.48	459.19	92.04	162.29
i23	100	1250556032	1250556160	1250555392	1250554496	203.2	336.67	96.7	268.14
i24	100	1227327872	1227328512	1226301056	1227325312	144.19	509.63	131.47	170.49
i25	100	9713495040	9711449088	9585661952	9711447040	83.4	191.8	56.13	138.22
i26	100	9891880960	9894228992	9889523712	9891884032	102.42	239.47	69.13	170.07
i27	100	9740746752	9740759040	9592607744	9585158144	83.62	191.27	55.74	137.59
i28	100	9728359424	9577631744	9298672640	9308590080	79.37	185.91	54.58	133.64
i29	100	9986780160	9984513024	9989042176	9984490496	100.56	231.49	66.95	165.93
i30	100	9973241856	9973240832	9973243904	9973240832	124.71	288.88	84.28	210.56
i31	100	9762740224	9769238528	9916746752	9758376960	88.11	206.08	60.72	149.57
i32	100	9741048832	9872004096	9876544512	9867460608	99.94	230.15	66.02	165.15
		Média				93.21031	243.336	70.5969	153.981
		Mínimo				9.08	30.21	9.19	16.53
		Máximo				203.94	660.08	200.2	352.11

Percebe-se na Tabela 10, Tabela 11, Tabela 12 e Tabela 13 que a população inicial não encontra uma boa solução quando comparada com aquelas encontradas pelos operadores Genéticos.

De acordo com os dados da Tabela 15, o operador cruzamento PM teve mais uma vez o melhor desempenho no quesito tempo computacional, onde apresentou uma boa solução para valores de 70 segundos em média.

Além disso, percebe-se pela Tabela 14 que o cruzamento 2P em geral teve o maior tempo computacional, seguido por 2B e depois 1P, que ficou com um tempo muito próximo do operador cruzamento PM.

Mais uma vez foi constatado que os resultados obtidos, nestes experimentos específicos, mostraram que os operadores de cruzamentos PM e 1P tiveram os melhores tempos computacionais, com bons desempenhos também na qualidade de soluções apresentadas.

Apesar do operador cruzamento 2P ter tido o maior tempo computacional, ele foi também o que obteve os melhores desempenhos na qualidade das soluções apresentadas, encontrando 23 vezes as melhores soluções em comparação com os outros operadores. Em segundo lugar vem o operador cruzamento PM, com 10, depois vem o operador 1P, com 4 e, por último o operador cruzamento 2B, com 3.

Abordando as características nas respostas para as instâncias trabalhadas, é muito interessante observar o funcionamento do gráfico da função custo, nas Figuras 32, 33, 34 e 35, quanto aos momentos em que é introduzido um maior número de doadores do tipo sanguíneo O e receptores do tipo sanguíneo AB. Vale ressaltar que o tipo O é conhecido como “doador universal” e o tipo “AB” é o receptor universal. Assim, no momento em que eles são introduzidos no sistema em maior quantidade é possível ver um maior número de transplantes sendo realizados, isto deve-se ao crescimento do valor da função custo nestas instâncias quando comparadas as outras instâncias da mesma classe.

Para observar isso, podemos visualizar a Figura 26, onde verifica-se um aumento do desempenho da instância 19 (i19) para a instância 20 (i20) no momento em que o gráfico cresce independente dos operadores genéticos aplicados no AG. Foi exatamente neste momento em que foi introduzido um número maior de receptor do tipo AB e tipo O. Em i19 temos o pico do gráfico que também é onde temos o maior número de receptores do tipo AB.

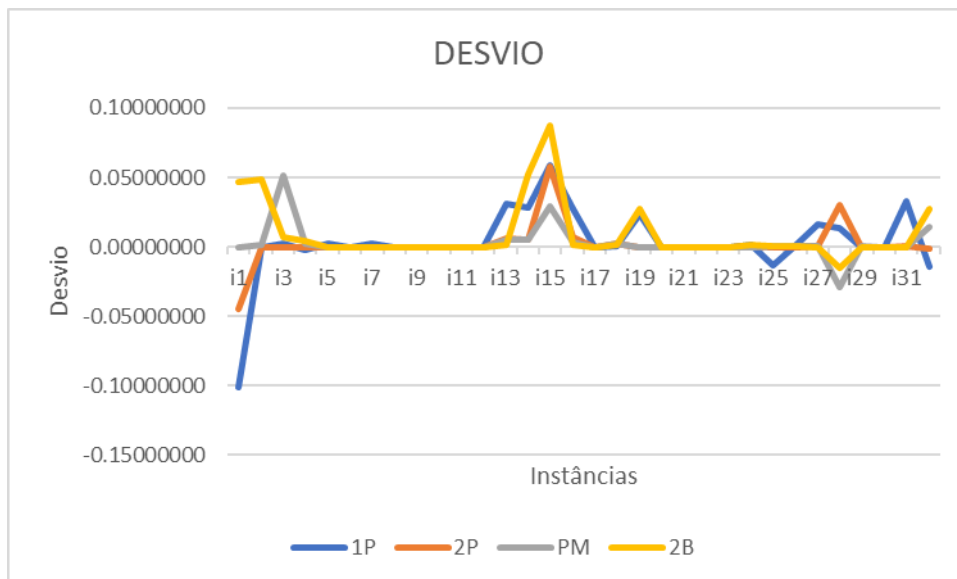
A Tabela 16, a seguir, mostra uma informação compilada dos dados apresentados nas Tabelas 10 e 15. Na comparação de informações, verifica-se o desempenho do AG com cada operador cruzamento e o tamanho da população sendo 50 e 100 indivíduos. Nesta tabela, o percentual de desvio para cada operador em cada instância é calculado, onde verifica-se o melhor desempenho do AG para $NPOP=100$ (percentuais do desvio com valores positivos).

Tabela 15 – Desempenho do AG para NPOP=50, 100 e cada operador cruzamento

	POP 50				POP 100				Desvios			
	1P	2P	PM	2B	1P	2P	PM	2B	1P	2P	PM	2B
i1	2.4E+08	2.5E+08	3E+08	232258864	2.21E+08	243620992	2.55E+08	243620208	-10.10%	-4.50%	0.00%	4.66%
i2	2.6E+08	2.7E+08	3E+08	245532624	2.57E+08	268976064	2.69E+08	257954752	0.00%	0.00%	0.18%	4.82%
i3	2.8E+08	2.8E+08	3E+08	277105888	2.8E+08	280241568	2.8E+08	278984480	0.22%	0.00%	5.17%	0.67%
i4	2.8E+08	2.8E+08	3E+08	282236704	2.81E+08	283495776	2.83E+08	283486880	-0.22%	0.00%	0.22%	0.44%
i5	2.9E+08	2.9E+08	3E+08	292525760	2.93E+08	292530720	2.93E+08	292526368	0.23%	0.00%	0.00%	0.00%
i6	2.9E+08	2.9E+08	3E+08	286045952	2.86E+08	286050720	2.86E+08	286045888	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%
i7	2.9E+08	2.9E+08	3E+08	293203936	2.94E+08	293875392	2.94E+08	293202240	0.23%	0.00%	0.00%	0.00%
i8	2.9E+08	2.9E+08	3E+08	292026816	2.92E+08	292029920	2.92E+08	292028128	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%
i9	2.4E+08	2.4E+08	2E+08	244869248	2.45E+08	244869472	2.45E+08	244869472	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%
i10	2.9E+08	2.9E+08	3E+08	291846080	2.92E+08	291846080	2.92E+08	291846080	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%
i11	2.9E+08	2.9E+08	3E+08	291436832	2.91E+08	291438080	2.91E+08	291437920	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%
i12	2.9E+08	2.9E+08	3E+08	291462208	2.91E+08	291462304	2.91E+08	291462304	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%
i13	1.2E+09	1.3E+09	1E+09	1.282E+09	1.28E+09	1.29E+09	1.29E+09	1.284E+09	3.06%	0.65%	0.56%	0.19%
i14	1.2E+09	1.3E+09	1E+09	1.205E+09	1.24E+09	1.273E+09	1.27E+09	1.271E+09	2.83%	0.49%	0.49%	5.19%
i15	1.2E+09	1.2E+09	1E+09	1.145E+09	1.25E+09	1.292E+09	1.29E+09	1.254E+09	5.85%	5.75%	2.88%	8.73%
i16	1.2E+09	1.3E+09	1E+09	1.279E+09	1.28E+09	1.287E+09	1.29E+09	1.281E+09	2.73%	0.68%	0.34%	0.17%
i17	1.3E+09	1.3E+09	1E+09	1.283E+09	1.28E+09	1.283E+09	1.28E+09	1.283E+09	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%
i18	1.2E+09	1.2E+09	1E+09	1.236E+09	1.24E+09	1.239E+09	1.24E+09	1.239E+09	0.08%	0.24%	0.24%	0.16%
i19	1.2E+09	1.3E+09	1E+09	1.236E+09	1.27E+09	1.27E+09	1.27E+09	1.27E+09	2.36%	0.00%	0.00%	2.73%
i20	1.3E+09	1.3E+09	1E+09	1.276E+09	1.28E+09	1.276E+09	1.28E+09	1.276E+09	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%
i21	1.3E+09	1.3E+09	1E+09	1.261E+09	1.26E+09	1.261E+09	1.26E+09	1.261E+09	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%
i22	1.2E+09	1.2E+09	1E+09	1.225E+09	1.22E+09	1.225E+09	1.22E+09	1.225E+09	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%
i23	1.3E+09	1.3E+09	1E+09	1.251E+09	1.25E+09	1.251E+09	1.25E+09	1.251E+09	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%
i24	1.2E+09	1.2E+09	1E+09	1.225E+09	1.23E+09	1.227E+09	1.23E+09	1.227E+09	0.17%	0.08%	0.00%	0.17%
i25	9.8E+09	9.7E+09	1E+10	9.707E+09	9.71E+09	9.711E+09	9.59E+09	9.711E+09	-1.29%	-0.06%	0.06%	0.04%
i26	9.9E+09	9.9E+09	1E+10	9.887E+09	9.89E+09	9.894E+09	9.89E+09	9.892E+09	0.02%	0.00%	0.02%	0.05%
i27	9.6E+09	9.7E+09	1E+10	9.588E+09	9.74E+09	9.741E+09	9.59E+09	9.585E+09	1.60%	0.08%	0.03%	-0.03%
i28	9.6E+09	9.3E+09	1E+10	9.447E+09	9.73E+09	9.578E+09	9.3E+09	9.309E+09	1.37%	2.96%	-2.95%	-1.48%
i29	1E+10	1E+10	1E+10	9.985E+09	9.99E+09	9.985E+09	9.99E+09	9.984E+09	-0.02%	-0.05%	0.05%	0.00%
i30	1E+10	1E+10	1E+10	9.973E+09	9.97E+09	9.973E+09	9.97E+09	9.973E+09	0.00%	0.00%	0.00%	0.00%
i31	9.4E+09	9.8E+09	1E+10	9.765E+09	9.76E+09	9.769E+09	9.92E+09	9.758E+09	3.29%	0.09%	-0.09%	-0.07%
i32	9.9E+09	9.9E+09	1E+10	9.597E+09	9.74E+09	9.872E+09	9.88E+09	9.867E+09	-1.39%	-0.09%	1.39%	2.75%

Fonte: Elaborado pelo autor.

Figura 28 - Gráfico com o desvio das soluções dos operadores cruzamentos com NPOP=50 e 100



Fonte: Elaborado pelo autor.

Neste gráfico da Figura 35 é possível ver que o desempenho do AG com o tamanho da população igual a 100 indivíduos é bem superior ao desempenho do AG com NPOP=50. As instâncias que o desempenho do AG com NPOP=50 superou com NPOP=100 foram: i1, i4, i25, i29 e i32 para o operador 1P; i1, i25, i29 e i32 para o operador 2P; i25 e i31 para o operador PM; e i28 e i31 para o operador 2B. Vale destacar que esse ganho do AG, com NPOP=100, foi muito pequeno na maioria dessas instâncias. O AG com NPOP=100 teve ganho muito mais expressivos que com NPOP=50. Assim, o nosso AG vai trabalhar com o tamanho da população sendo igual a 100 indivíduos.

Importante perceber que, embora não exposto explicitamente na Tabela 16, o operador 2B obteve a maior média de desvio (0,91%) , seguido de 1P (0,34%), PM (0,27%) e 2P (0,31%).

6 CONCLUSÕES E RECOMENDAÇÕES

Este trabalho mostrou que os resultados obtidos com os experimentos computacionais do algoritmo genético proposto para resolver o problema de transplante de rins, adequado ao sistema Brasileiro, foi eficiente e eficaz quanto à busca por soluções de boa qualidade, quando comparado às soluções iniciais geradas para o problema, na população inicial do método usado. O AG proposto comportou-se muito bem quanto à resposta do problema, além é claro de sua implementação computacional ser feita de forma simples.

Após diversos testes, percebeu-se que o operador de cruzamento 2P teve melhor desempenho que os demais operadores genéticos quando comparado no que rege a função objetivo, seguido pelo desempenho dos operadores cruzamento PM, 1P e 2B.

Quanto ao tempo computacional, o operador cruzamento PM teve mais velocidade na apresentação das suas boas soluções que os demais, enquanto o operador 2P teve o pior desempenho no tempo de execução. Isto deve-se ao fato que este operador gera mais soluções no cruzamento que os demais operadores genéticos utilizados no nosso AG.

O método de resolução proposto tem tido grande desempenhos quando aplicados aos problemas da classe de otimização combinatória permutacional, conforme mostrou nosso estudo no estado da arte.

Entretanto, é válido ressaltar que, até a presente data, não foi encontrado nenhuma descrição deste problema específico na literatura. Tendo em vista que nosso problema contempla uma situação real no nosso Brasil. Outras estruturas diferentes dos outros problemas parecidos com o nosso foram incorporadas ao problema como o custo cirúrgico e os dados geográficos contendo as latitudes e longitudes dos receptores, doadores e hospitais. Esses valores foram simulados no mapa do Brasil em diferentes estados brasileiros. Tentou-se se aproximar cada vez mais da realidade. Além disso, também foi introduzido a prioridade no atendimento que cada receptor tem na lista dos pacientes a serem transplantados.

Além do mais, foi percebido que o Brasil, por ser um país continental, não tem facilidade de um intercâmbio de mobilidade de doadores e receptores para os hospitais a fim de realizarem os transplantes. Este requisito é atendido no nosso modelo matemático proposto para a resolução do problema e que o nosso método de resolução do problema também incorporou.

Como recomendações futuras, seria bastante interessante verificar a aplicação do modelo matemático nas instâncias descritas nos experimentos computacionais a fim de compararmos com as soluções apresentadas pelo nosso algoritmo genético.

Outras recomendações seriam aplicar o AG com NPOP=150 e 200. Usar outros operadores genéticos de cruzamento, mutação e uma heurística para gerar a população inicial no algoritmo genético e analisar seus desempenhos.

REFERÊNCIAS

- [1] INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, 2018. Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/estatisticas-novoportal/sociais/populacao/9103-estimativas-de-populacao.html?=&t=downloads>>. Acesso em 10 abril 2018.
- [2] ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE TRANSPLANTE DE ÓRGÃO. ABTO., Dimensionamento dos transplantes no Brasil e em cada estado. São Paulo, 2018.
- [3] WORLD HEALTH ORGANIZATION. World health statistics: monitoring health for the SDGs. Disponível em: < http://www.who.int/gho/publications/world_health_statistics/en/> Acesso em 22 de mar. 2018.
- [4] IRODaT, “DONATION ACTIVITY CHARTS. 2018. Disponível em: < <http://www.irodat.org/?p=database#data>> Acesso em 22 mar. 2018.
- [5] The World Bank [US], Total Population, 2018. [Disponível em: < <https://data.worldbank.org/indicador/SP.POP.TOTL?contextual=default>> Acesso em maio 2018.
- [6] FRANÇA muda lei para tornar doação de órgãos automática. *Diário de Notícias*, 03 jan 2017.
- [7] AGORA, não doador de órgãos é quem deve declarar-se, na França. *Diário de Pernambuco*, 2015.
- [8] GOVERNO DO BRASIL. Temer assina decreto que determina à FAB transporte de órgãos para transplante. 2016. Disponível em < <http://www.brasil.gov.br/governo/2016/06/temer-assina-decreto-que-determina-a-fab-transporte-de-orgaos-para-transplante>> Acesso em 4 maio 2018.
- [9] ANDRADE, L. G. M. de et al. The 600 kidney transplants performed at the Botucatu Medical School Hospital. *Jornal Brasileiro de Nefrologia*, vol. 36, nº 2, p.194-200, 2014
- [10] ORLANDI, P. F. et al. Long-term outcomes of elderly kidney transplant recipients. *Jornal Brasileiro de Nefrologia*, vol. 37, nº 2, p.212-220, 2015.
- [11] ROTH, A. et al. Utilizing list exchange and nondirected donation through ‘chain’ paired kidney donations. *American Journal of Transplantation*, v. 6, n. 11, p. 2694-2705, set. 2006.
- [12] GLORIE, K. et al. Allocation and matching in kidney exchange programs. *Transplant International*, Rotterdam, v. 27, p. 333-343, 2013.

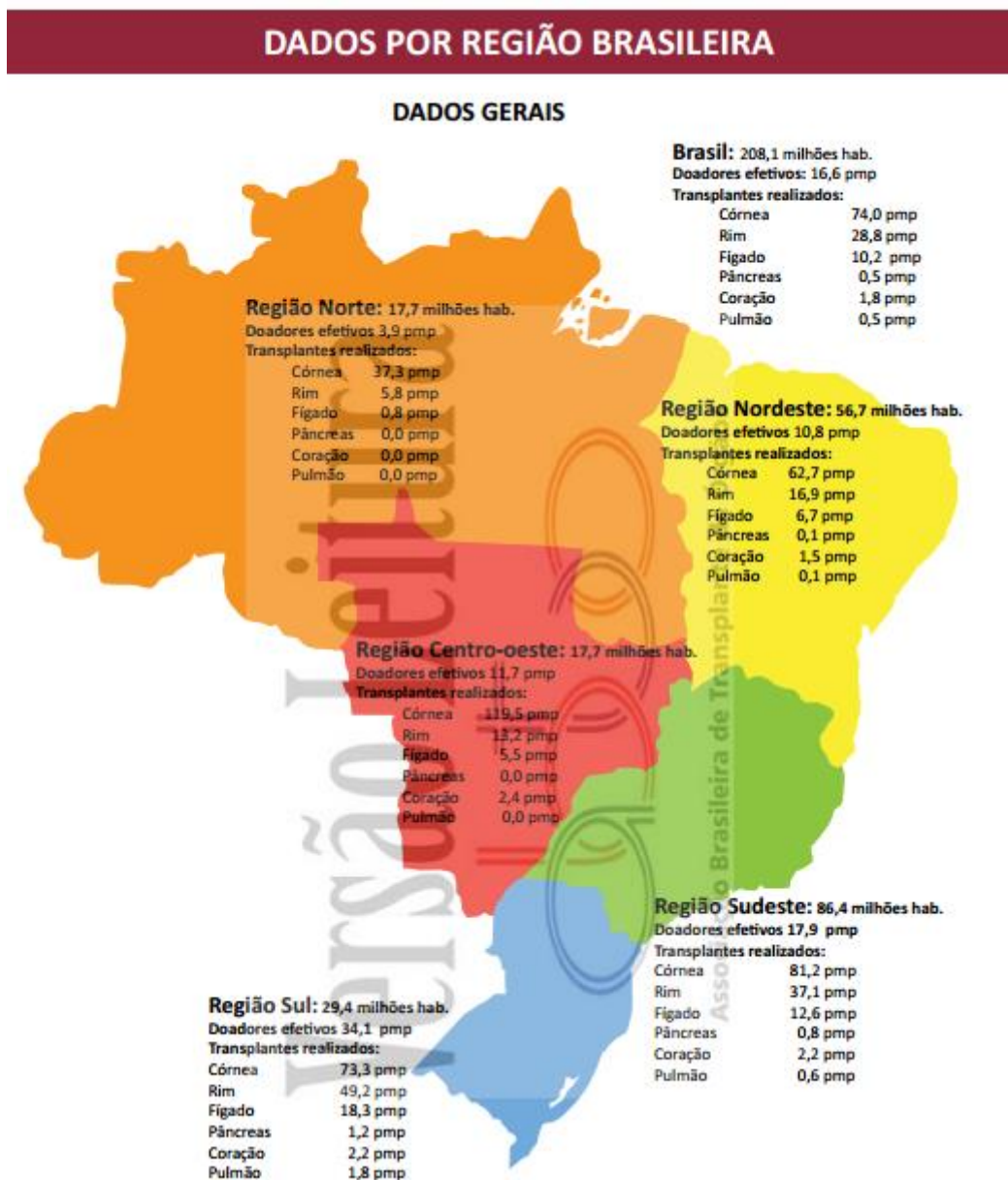
- [13] CONSTANTINO, M. et al. New insights on integer programming models for the kidney exchange problem. *European Journal of Operational Research*, v. 231, p. 57-68, 2013.
- [14] ROTH, A. E.; T. SONMEZ, T ; ÜNVER, M. U. Efficient kidney exchange: coincidence of wants in markets with compatibility- based preferences. *American Economic Review*, v. 97, n° 3, p. 828-851, june 2007
- [15] P. BRASIL, “Sistema Único de Saúde financia 95% dos transplantes no Brasil.,” 2015. Disponível em: <<http://www.brasil.gov.br/saude/2015/01/sistema-unico-de-saude-financia-95-dos-transplantes-no-brasil>> Acesso em 15 mar 2018.
- [16] LYSEK, A. M. *Otimização da doação renal cruzada com dessensibilização*. Dissertação (Mestrado em Matemática Aplicada à Economia e Gestão) - Faculdade de Ciências, Universidade de Lisboa, Lisboa, 2015.
- [17] ROTH, A. *WHO gets what: the new economics of matchmaking and market design*. 2013.
- [18] SILVA, Silvia Brand. *Uma comparação dos custos do transplante*. *Cad. Saúde Pública*, Rio de Janeiro, v. 32, n.6 p. 13, jun 2016.
- [19] UNITED Nations, Department of Economic and Social Affairs. Population Division., 2017. Disponível em: < <http://www.un.org/en/development/desa/population/index.shtml>> Acesso em 14 jun. 2018.
- [20] SILVA, J. L. C.; VIANA, G. V. R.; SILVA, B. C. H. An efficient algorithm based on metaheuristic for the no-wait flowshop scheduling problem, em *12th Metaheuristics International Conference - MIC 2017*, Barcelona, 2017.
- [21] ROTH, A. E.; T. SONMEZ, T ; ÜNVER, M. U. Kidney exchange. *Quarterly Journal of Economics*, v.119, n.2, p.457-488, 2004.
- [22] CUNHA, Silvia Maria Gusmão Pinto da. *Algoritmo para emparelhamento de pares doador-ceptor em transplantação renal*. Dissertação (Mestrado em Matemática)- Faculdade de Ciências da Universidade, Universidade do Porto, Portugal, 2012.
- [23] ROCHA, Ruth ; PIRES, Hindenburg da Silva. *Minidicionário enciclopédico escolar*. 1ª ed., São Paulo: Scipione, 2000.
- [24] MINISTÉRIO DA SAÚDE. Biblioteca Virtual em Saúde. Ministério da Saúde. 2014. Disponível em: < http://bvsmms.saude.gov.br/bvs/legislacao/faq_transplantes.php> Acesso em 14 abril 2018.

- [25] ABRAHAM, D. J.; BLUM, A.; SANDHOLM, T. Clearing algorithms for barter exchange markets: enabling nationwide kidney exchanges, *In: Conference: Proceedings 8th ACM Conference on Electronic Commerce*, p. 10, 11-15 June 2007.
- [26] REES, M. A. A Nonsimultaneous, extended, altruistic-donor chain,” *The New England Journal of Medicine*, v. 360, n. 11, p. 1096-1101, 2009.
- [27] ANDERSON, R. et al. Finding long chains in kidney exchange using the traveling salesman problem. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, v. 112, n. 3, p. 663--668, 20 January 2015.
- [28] VIANA, G. V. R. *Meta-heurísticas e programação paralela em otimização combinatória*. Fortaleza: EUFC, 1998.
- [29] LOPES, H. S.; RODRIGUES, L. C. A.; STEINER, M. T. A. *Meta-heurísticas em pesquisa operacional*. 1 ed. Curitiba, PR: Omnipax, 2013.
- [30] GASPAR-CUNHA, António. *Manual de computação evolutiva e metaheurística*. Belo Horizonte: UFMG, 2013.
- [31] HOLLAND, J. H. *Adaptation in natural artificial systems*. Michigan : University of Michigan Press, , 1975.
- [32] HOLLAND, J. H. *Adaptation in natural artificial systems*. Michigan : University of Michigan Press, , 1975.
- [33] MICHALEWICZ, Z. *Genetic algorithms + data structures = evolution programs*. 3 ed. Berlin: Springer, 1996.
- [34] REEVES, C. R. A genetic algorithm for flowshop sequencing. *Computers & Operations Research*, v. 22, n. 1, p. 5-13, 1995.
- [35] SILVA, B. C. H. *Um algoritmo genético com células-tronco usado na resolução do problema de sequenciamento com e sem restrição de espera*. Dissertação (Mestrado em Ciência da Computação. Universidade Estadual do Ceará, 2015.
- [36] GASPAR-CUNHA, A. TAKAHASHI, R.; ANTUNES, C.H. *Manual de computação evolutiva e metaheurística*. Belo Horizonte: UFMG, 2013.
- [37] MITCHELL, M. *An introduction to genetic algorithms*. Cambridge, MA, USA: MIT Press, 1998.
- [38] GAREY, Michael R.; JOHNSON, David S. *Computers and intractability : a guide to the theory of NP-completeness*. New York: W. H. Freeman, 1979. 338p

- [39] GOMES, F. R. A.; SILVA, J. L.C. O problema de seqüenciamento flowshop: uma abordagem evolucionária. *In: XXXIX SBPO: A Pesquisa Operacional e o Desenvolvimento Sustentável*, p. 157-168, agosto 2017.
- [40] SOUSA FILHO, C. A. C. Algoritmo genético para o problema de roteirização de veículos com frota heterogênea e coleta e entrega separadas: estudo de caso na Secretaria do Trabalho e Desenvolvimento Social do Estado do Ceará. Dissertação (Mestrado em Logística e Pesquisa Operacional)- Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2014.
- [41] GOLDBARG, M. C.; LUNA H. P. L. *Otimização combinatória e programação linear*. 2^a ed. Brasil: Campus, 2005.

ANEXO A – DADOS POR REGIÃO BRASILEIRA

Figura 29 - Dados por região brasileira



Fonte: [2]