



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA  
"JÚLIO DE MESQUITA FILHO"

Ernesto Augusto Bueno da Fonseca Lima

Estudo da dispersão pós-alimentar em larvas  
de moscas-varejeiras via autômatos celulares

Botucatu

2008

Ernesto Augusto Bueno da Fonseca Lima

Estudo da dispersão pós-alimentar em larvas  
de moscas-varejeiras via autômatos celulares

Monografia apresentada ao Instituto de  
Biotecnologia da Universidade Estadual  
Paulista "Júlio de Mesquita Filho",  
Campus de Botucatu, para obtenção do  
título de Bacharel em Física Médica.

Orientadora: Prof<sup>ª</sup>. Dr<sup>ª</sup>. Cláudia Pio Ferreira

Botucatu

2008

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA SEÇÃO TÉCNICA DE AQUISIÇÃO E TRATAMENTO  
DA INFORMAÇÃO  
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - CAMPUS DE BOTUCATU - UNESP  
*BIBLIOTECÁRIA RESPONSÁVEL: SELMA MARIA DE JESUS*

Lima, Ernesto Augusto Bueno da Fonseca.

Estudo da dispersão pós-alimentar em larvas de moscas-varejeiras via autômatos celulares / Ernesto Augusto Bueno da Fonseca Lima. - Botucatu [s.n], 2008.

Trabalho de conclusão (bacharelado – Física médica) – Universidade Estadual Paulista, Instituto de Biociências de Botucatu, 2008

Orientadora: Cláudia Pio Ferreira

1. Mosca varejeira 2. Entomologia

Palavras-chave: Autômato celular; Modelagem matemática; Moscas varejeiras; Processo de dispersão

# Agradecimentos

Primeiramente agradeço a Deus por ter me dado paz para que conseguisse completar minha graduação e por ter guiado meus passos durante minha vida para que fizesse esse curso. Aos meus pais, Ernesto G. Lima e Sônia M. F. Lima, por sempre acreditarem e me incentivarem em todos os momentos, dando-me sábios conselhos; ao meu irmão Lucas F. B. F. Lima pela paciência durante os vários finais de semana que não pode utilizar o computador, colaborando para que esse projeto fosse realizado; à Tatiane T. N. Watanabe que sempre me incentivou a buscar novos conhecimentos e nunca desistir de algo.

Agradeço a toda segunda turma de Física Médica, porém, não agradeço em particular a nenhum membro da sala, pois seria injustiça, visto que todos foram importantes durante esses quatro anos; aos amigos e funcionários do departamento de bioestatística, em particular aos funcionários, Arthur B. Bentivenha e Marcos V. F. Costa, que além das risadas e amizade, sempre mantiveram os computadores nas melhores condições de uso.

Ao professor Paulo F. A. Mancera pelos conselhos e pelas viagens aos congressos, tornando possível a apresentação desse projeto em diversos eventos. Ao professor Wesley A. C. Godoy por sua motivação, otimismo e incentivo ao desenvolvimento da pesquisa; pelas tardes de discussão e pelo tema proposto para o projeto. Agradeço à Andressa M. Bernardes por seu papel fundamental para a realização desse trabalho através da coleta dos dados da dispersão larval.

Em especial agradeço à professora Claudia Pio Ferreira, não só minha orientadora durante esses quatro anos, mas também, uma pessoa de fundamental importância em minhas decisões acadêmicas e profissionais. Agradeço por todas as coisas que me ensinou, pela confiança, paciência e por sempre exigir que o melhor fosse feito.

*Este trabalho foi financiado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP).*

*“Talvez não tenhamos conseguido fazer o melhor,  
mas lutamos para que o melhor fosse feito.*

*Não somos o que deveríamos ser,  
não somos o que iremos ser.*

*Mas, graças a Deus,  
não somos o que éramos.”*

Martin Luther King

## Resumo

Neste trabalho desenvolveu-se um modelo matemático utilizando o formalismo de autômatos celulares para análise da dispersão pós-alimentar em larvas de moscas varejeiras. Os principais objetivos do modelo são: reproduzir o decréscimo exponencial do número de pupas em relação à fonte de alimento e a oscilação espacial devido à interação entre as larvas durante o processo de dispersão; investigar se a presença prévia de pupas influencia os padrões de distribuição de frequência larval; comparar os padrões de dispersão obtidos numa caixa retangular (unidirecional) com os de uma caixa em cruz (arena). O modelo de autômato celular (AC) foi capaz de reproduzir as características principais do processo de dispersão larval. Tal sucesso revela a importância da interação local na dinâmica do processo estudado. As oscilações se devem a combinação de diferentes mecanismos são eles: a interação entre as larvas que dispersam e o tempo intrínseco de pupação. O tamanho da caixa e a densidade de larvas inicial são fatores importantes para o sucesso do experimento já que influenciam na interpretação dos resultados. Os resultados sugerem que o modelo de dispersão unidirecional pode ser usado para simular a dispersão larval que ocorre em ambiente natural (arena), pois ambos obtiveram resultados similares. Este estudo tem importância ecológica, epidemiológica e em entomologia forense.

Palavras-chave: Autômato celular; modelagem matemática; moscas varejeiras; processo de dispersão.

# Abstract

In this paper, a computational analysis, using a cellular automata model, has been developed to analyze post-feeding dispersal behavior of blowfly larvae. This model aimed to: simulate the exponential decline of pupal number in relation to the feed source and spatial oscillation due to larval interaction during dispersal; study whether the prior pupal presence influences distribution patterns of larval frequency; and compare obtained unidirectional dispersal patterns to the cross-dimensional ones. The cellular automata (CA) model was able to successfully reproduce the essential features of the larval dispersal process and, thus, show the importance of local interaction in the studied dispersal process dynamics. Oscillations could be explained by the interaction among dispersing larvae and intrinsic pupation time. The box size and the initial larval density were important factors for the experiment because they influenced the results. Results showed that the unidirectional dispersal could be used to simulate the larval dispersion that occurs in the natural environment, because both models had a similar result. These results are important to understand how different factors can influence the dynamics of blowfly larval dispersal, bringing important results for behavioral ecology and forensic entomology.

Key-words: Cellular automata; mathematical modeling; blowfly larvae; dispersal process.

# Sumário

<b>Resumo</b>	<b>4</b>
<b>Abstract</b>	<b>5</b>
<b>1 Introdução</b>	<b>10</b>
<b>2 Objetivos</b>	<b>13</b>
<b>3 Material e Métodos</b>	<b>13</b>
3.1 Experimento Unidirecional . . . . .	13
3.1.1 Autômatos Celulares . . . . .	13
3.1.2 Descrição do Experimento . . . . .	16
3.2 Experimento em Cruz . . . . .	16
3.2.1 Autômatos Celulares . . . . .	16
3.2.2 Descrição do Experimento . . . . .	17
<b>4 Resultados e Discussão</b>	<b>17</b>
4.1 Experimento Unidirecional . . . . .	17
4.2 Experimento em Cruz . . . . .	21
<b>5 Conclusão</b>	<b>27</b>
<b>A Autômato Celular</b>	<b>28</b>
A.1 Histórico . . . . .	29
A.2 Condições Iniciais . . . . .	30
A.3 Tipos de Células . . . . .	30
A.4 Tipos de Vizinhança . . . . .	30
A.5 Condições de Contorno . . . . .	31
A.6 Regras de Atualização . . . . .	32
A.7 Classificação . . . . .	33
A.8 Formalismo . . . . .	34
<b>B Algoritmo Genético</b>	<b>35</b>



B.1	Histórico . . . . .	35
B.2	Estrutura de um AG Básico . . . . .	36
B.3	Parâmetros . . . . .	37
B.4	Exemplo de AG . . . . .	38
	<b>Referências</b>	<b>40</b>

## Lista de Figuras

1	Vizinhança escolhida para as regras do autômato celular. . . . .	14
2	Caixa utilizada para a simulação e distribuição de larvas em $T = 0$ . Em azul distribuição do estímulo químico e mecânico e em vermelho as larvas. . . . .	16
3	Processo de dispersão observado em diferentes passos de tempo. De cima para baixo tem-se $t = 10$ e $20$ . Em vermelho representam larvas dispersando e em verde representam larvas enterradas (pupas). . . . .	18
4	Em vermelho tem-se o padrão teórico e em azul o experimental. Na esquerda tem-se os resultados para a <i>C. albiceps</i> e na direita para a <i>C. macellaria</i> . . . . .	19
5	Em vermelho tem-se o padrão teórico e em azul o experimental. Na esquerda tem-se os resultados para a <i>C. megacephala</i> e na direita para a <i>C. putoria</i> . . . . .	19
6	Número de pupas pela distância para <i>C. putoria</i> . Na esquerda foi suposto que a larva estava difundindo aleatoriamente e na direita que elas não interagem durante o processo de difusão. . . . .	21
7	Média de 300 simulações para a distribuição larval para as quatro espécies com estímulo químico inicial distribuído no eixo $y$ . Resultados referente ao modelo 1. . . . .	22
8	Média de 300 simulações para a distribuição larval para as quatro espécies com estímulo químico inicial distribuído no eixo $y$ . Resultados referente ao modelo 2. . . . .	22
9	Quantidade de $F$ no tempo para a <i>C. albiceps</i> , análogo para as demais espécies. Média sobre 300 simulações. . . . .	23
10	Média de 300 simulações para a distribuição larval para a <i>C. albiceps</i> . Em vermelho sem o estímulo $F$ e em azul com o estímulo. . . . .	23
11	A esquerda, padrão de dispersão para a <i>C. albiceps</i> e a direita, padrão de dispersão para a <i>C. macellaria</i> . . . . .	24
12	A esquerda, padrão de dispersão para a <i>C. megacephala</i> e a direita, padrão de dispersão para a <i>C. putoria</i> . . . . .	24

13	A esquerda, resultados das réplicas experimentais para <i>C. megacephala</i> e a direita, melhor distribuição para cada direção, resultado de simulação. . . .	25
14	A esquerda, resultados das réplicas experimentais para <i>C. albiceps</i> e a direita, melhor distribuição para cada direção, resultado de simulação. . . .	25
15	Média dos resultados experimentais para as duas espécies ( <i>C. albiceps</i> e <i>C. megacephala</i> ). . . . .	26
A.1	Tipos de células: na esquerda célula quadrangular, no centro triangular e na direita hexagonal. . . . .	30
A.2	Vizinhança de Von Neumann de raio (a) $r = 1$ e (b) $r = 2$ , de Moore com (c) $r = 1$ e (d) $r = 2$ , e (e) arbitrária. . . . .	31
A.3	Condição de contorno periódico. . . . .	31
A.4	Condição de contorno reflexivo. . . . .	31
A.5	Condição de contorno de valores fixos. . . . .	32
A.6	Regra de Wolfram número $122 = (01111010)_2$ . Em preto $c = 1$ e em branco $c = 0$ . . . . .	35
A.7	A esquerda tem-se os 3 sítios centrais ocupados na condição inicial e a direita tem-se uma distribuição aleatória de sítios ocupados. . . . .	35
B.1	Fluxograma do modelo de algoritmo genético utilizado nas simulações. . .	39

## Lista de Tabelas

1	Parâmetros obtidos para as quatro espécies utilizando o algoritmo genético. Os erros foram obtidos comparando os dados teóricos com o experimental. . . . .	20
---	-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	----

# 1 Introdução

A implementação de estudos laboratoriais focados em ecologia de interações intra e/ou interespecíficas, associados direta ou indiretamente à análise do processo de sucessão ecológica em carcaças, pode resultar em importantes incrementos científicos tanto para a área de ecologia populacional de Artrópodes como para a Entomologia Forense [17, 20]. Corpos em decomposição são sistemas que oferecem condições para que populações de artrópodes interajam de forma intra, interespecífica e também em diferentes níveis tróficos [9, 20].

Para melhor compreender os mecanismos envolvidos nestas interações, diversos experimentos tem sido delineados nos últimos anos [9, 10, 11, 29, 30, 35, 36, 37]. Recentemente, os estudos de laboratório e campo focados sobre a dinâmica de interações em moscas-varejeiras, particularmente os estudos com ênfase no comportamento da fase imatura dos insetos, têm levado a numerosos avanços em ecologia aplicada, com particular interesse em entomologia forense [10, 11, 17, 19, 32].

A composição, distribuição e variabilidade da fauna necrófaga, bem como seus padrões de dinâmica populacional diferem de acordo com a área geográfica [2, 5, 6]. As causas destas diferenças não são triviais, mas certamente estão associadas a fatores ambientais, tais como temperatura, umidade relativa e fatores biológicos intrínsecos do organismo, dos quais destacam-se as interações que ocorrem na fase larval dos insetos [1, 9, 29]. É ilustrativo observar a forte influência das interações sobre a composição da fauna de dípteros necrófagos, principalmente as moscas-varejeiras, já que são os primeiros artrópodes a frequentar corpos em decomposição [33].

A biologia de moscas-varejeiras incorpora pelo menos duas fases do ciclo biológico, que são essenciais para a dinâmica populacional das espécies, das quais emergem geralmente informações importantes para o contexto da entomologia forense. Na primeira fase as larvas originárias dos ovos depositados pelas fêmeas nos substratos alimentares vivenciam fortes processos competitivos, seja em nível intra como interespecíficos, em razão da limitação de recursos que advém da natureza efêmera dos substratos orgânicos e do grande número de imaturos presentes [14].

Na segunda fase, as larvas que já atingiram o mínimo peso para pupação dispersam-se para circunvizinhanças procurando por locais adequados para o enterramento [15, 16].

Este é um período de especial interesse para a Entomologia forense, visto que os padrões de enterramento larval podem trazer informações importantes no que diz respeito à localização inicial do corpo na cena do crime [19].

A dispersão é um dos aspectos mais importantes da biologia de organismos, tanto em suas implicações para a dinâmica populacional [31], como em questões associadas à variabilidade genética decorrente de migração [12]. A complexidade da dispersão pode ser maior se for considerado o tipo de escala espacial, que pode variar de alguns centímetros até centenas de quilômetros. No caso de organismos imaturos pelos menos três fatores são capazes de determinar a distribuição de formas imaturas: a densidade e distribuição de adultos em fase reprodutiva, a duração e a magnitude do resultado reprodutivo, e a distribuição da probabilidade de migração de imaturos após a liberação por adultos [13].

As moscas varejeiras utilizam-se de substratos discretos e efêmeros para posturas dos ovos e para alimentação das larvas. Após o estágio larval, durante o qual cada larva procura ingerir o máximo de alimento possível antes da completa exaustão dos recursos, as larvas começam a procurar um sítio para pupação, ou por mais fontes de alimento adicional, no caso daquelas larvas que não obtiveram o peso mínimo para a pupação. Este processo é denominado dispersão larval pós-alimentar.

A dispersão larval em moscas-varejeiras tem sido estudada utilizando experimentação e modelagem matemática para avaliar a distribuição de larvas em plano unidirecional, visando a comparação entre os padrões de distribuição de diferentes espécies de moscas. Os resultados desses estudos revelam duas características importantes relacionadas à migração das larvas: o número de pupas decresce exponencialmente com o aumento da distância da fonte de alimento; a interação entre as larvas pode causar oscilações no padrão de dispersão observado e a interação entre espécies pode mudar o padrão de distribuição de frequência de cada uma das espécies [3, 4, 29].

Neste trabalho desenvolveu-se um modelo matemático empregando o formalismo de autômatos celulares para análise da dispersão pós-alimentar em larvas de moscas varejeiras. Os principais objetivos do modelo são: reproduzir o decréscimo exponencial do número de pupas em relação à fonte de alimento e a oscilação espacial devido à interação entre as larvas durante o processo de dispersão; investigar se a presença prévia de pupas influencia os padrões de distribuição de frequência larval; comparar os padrões de disper-

são obtidos numa caixa retangular (unidirecional) com o de uma caixa em cruz (arena). Os principais artigos envolvidos foram: “*Larval dispersion in Chrysomya megacephala, Chrysomya putoria and Cochliomyia macellaria (Diptera: Calliphoridae)*” [15] e “*Diffusion model applied to postfeeding larval dispersion in blowflies (Diptera: Calliphoridae)*” [3].

Em particular, este trabalho é uma apresentação dos resultados obtidos durante a Iniciação Científica de Ernesto A. B. F. Lima, bolsista da FAPESP desde Maio de 2007. O tema estudado foi proposto pelo Prof. Dr. Wesley A. C. Godoy, o qual solicitou a bolsa FAPESP, vinculando este trabalho ao projeto temático “*Entomologia forense: a utilização de artrópodes para a determinação do tempo, local, causa e circunstância da morte*”. O desenvolvimento do projeto foi possível graças à interação já existente entre dois laboratórios de docentes envolvidos na pesquisa, um laboratório de ecologia populacional (Prof. Dr. Wesley A. C. Godoy) e outro de modelagem computacional (Prof. Dra Claudia P. Ferreira). O aluno realizou estágio no Departamento de Bioestatística do Instituto de Biociências da UNESP/Botucatu de Julho de 2005 à Maio de 2008, com a Prof. Dra Claudia P. Ferreira, no tema de modelagem matemática. Durante o estágio o aluno se familiarizou com o ambiente Linux, aprimorando seus conhecimentos em Linguagem de Programação C, processador de texto latex e outros pacotes do Linux, como por exemplo, os pacotes gráficos xmgrace e gnuplot. Resultados parciais do trabalho foram apresentados em congressos de grande importância na área, como o CNMAC - Congresso Nacional de Matemática Aplicada e Computacional - em 2006 (Campinas - SP) e em 2007 (Florianópolis - SC) e na II Conference on Computational and Mathematical Population Dynamics (CMPD2) em 2007 (Campinas - SP); esses resultados deram origem a um manuscrito submetido a publicação na revista Journal of Insect Behavior.

A seção 3 descreve a metodologia adotada, a qual se baseia nos modelos de autômatos celulares e algoritmo genético. O modelo de autômatos celulares proposto simula a dispersão pós-alimentar de larvas de moscas varejeiras, a qual se caracteriza pela busca de sítios para pupação considerando a vizinhança de enterramento larval previamente ocupada. Seção 4 sumariza os resultados obtidos em seção anterior, os quais são confrontados com resultados experimentais obtidos por Godoy [15]. Faz-se então uma discussão matemática e uma interpretação biológica destes resultados. Na seção 5 tem-se as principais

conclusões do projeto. Finalmente, nos apêndices A e B apresenta-se o formalismo de autômatos celulares e algoritmo genético, respectivamente.

## 2 Objetivos

Neste estudo pretende-se analisar a dispersão pós-alimentar de larvas de moscas varejeiras empregando o formalismo de autômatos celulares. Os principais objetivos são:

1. Reproduzir os padrões de distribuição de pupas observados experimentalmente, são eles: decréscimo exponencial do número de pupas em relação à fonte de alimento e oscilação espacial devido à interação entre as larvas durante o processo de dispersão;
2. Investigar se a presença prévia de pupas influencia os padrões de distribuição de frequência larval;
3. Comparar os padrões de dispersão obtidos numa caixa retangular (unidirecional) com o de uma caixa em cruz (arena).

## 3 Material e Métodos

### 3.1 Experimento Unidirecional

#### 3.1.1 Autômatos Celulares

Os autômatos celulares (ver apêndice A) são modelos matemáticos simples compostos por um grande número de elementos idênticos que interagem entre si através de regras bem determinadas. Estes componentes são arranjados numa rede (regular ou não), e associa-se a cada sítio da rede um autômato que é representado por uma variável discreta, que pode assumir um conjunto finito de valores.

O modelo de autômatos celulares proposto simula a dispersão pós-alimentar de larvas de moscas varejeiras, a qual se caracteriza pela busca de sítios para pupação considerando a vizinhança de enterramento larval previamente ocupada. É um modelo bidimensional, de três estados (larva, pupa e espaço vazio) com condições de contorno abertas e regras de transição probabilísticas. A atualização da rede é feita de modo seqüencial.

As simulações computacionais foram geradas com base nos resultados laboratoriais obtidos por Godoy [15], os quais podem ser encontrados também em outras publicações [3, 4, 29].

A rede utilizada nas simulações tem dimensões  $L_x \times L_y$ , e representa a caixa utilizada na dispersão experimental. As regras de transição foram definidas na vizinhança mostrada na figura 1, escolhida com base em observações experimentais que mostram que as larvas dispersam juntas, seguindo uma direção preferencial e mudam o sentido apenas quando atingem a lateral da caixa. A cada passo de tempo da simulação é feita a atualização de todo o sistema e corresponde a um minuto de dispersão larval.

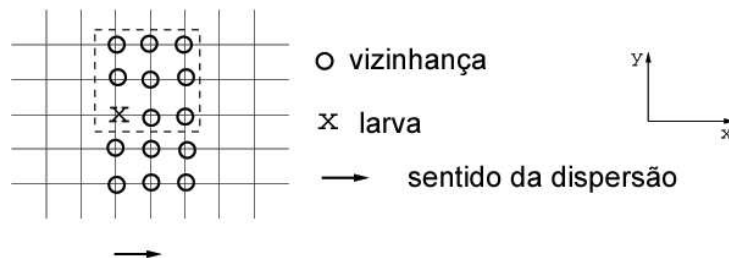


Figura 1: Vizinhança escolhida para as regras do autômato celular.

A simulação inicia com  $M$  larvas na extremidade esquerda da caixa, isto é, na posição  $(x, y) = (0, L_y/2)$ . Cada larva  $i$  possui um tempo de pupação intrínseco sorteado por um gerador de números aleatórios, o qual produz uma distribuição de números inteiros com base na Distribuição Gaussiana  $T_i \sim N(20, 5) \geq 0$ , com  $i = 0 \dots M$ . Durante  $T_i$  passos de tempo a larva se difunde na rede em busca de um sítio para empupar. A cada passo de tempo o valor de  $T_i$  é diminuído de uma unidade até atingir  $T_i = 0$ , quando então a larva vira pupa. A dispersão é influenciada pela densidade de larva e pupas, de maneira que cada sítio recebe três valores: o primeiro relacionado com os estímulos químicos e mecânicos,  $F_i = 0 \dots F$ ; o segundo relacionado com a presença ou ausência de pupa, respectivamente,  $B_i = 1$  ou  $0$  e o terceiro relativo a presença ou ausência de larvas,  $C_i = 2$  ou  $0$ . As regras para a atualização são:

1. sítio ocupado por larva possui  $F_i = F$  e pode se tornar vazio se  $T_i = 0$  ou  $R_1 < R < R_2$ , onde  $R_1, R_2$  e  $R$  são parâmetros que medem os estímulos químicos e mecânicos associados com o processo de pupação, sendo  $R$  o estímulo sentido pela larva e  $R_1$  e  $R_2$  os valores ótimos obtidos através do algoritmo genético [26]. Se a condição ótima para empupação dada por  $R_1 < R < R_2$  estiver satisfeita e o sítio já estiver



ocupado por uma pupa, um novo sítio de enterramento é escolhido aleatoriamente dentro de uma vizinhança de Moore de raio 2.

2. nos sítios vazios o estímulo químico e mecânico,  $F_i$ , decresce de um valor fixo,  $\delta$ , até seu valor atingir zero
3. sítios ocupados por pupa não mudam de estado até o fim da simulação.

Entre cada passo de tempo a larva se move  $D$  vezes, buscando a condição ótima para atingir o estado de pupa, satisfeita quando  $R_1 < R < R_2$ . Este processo foi implementado da seguinte maneira: inicialmente é verificada a vizinhança de Moore de raio 2 à procura da condição ótima para a pupação ( $R = \sum_{i=1}^{24} F_i$ ), se esta for satisfeita a larva atinge o estágio de pupa, caso contrário a larva se move para a direita ou para esquerda seguindo a distribuição de  $R$  medida para cada direção. Por exemplo, se a larva necessita de mais vizinhos ( $R < R_1$ ) e na esquerda possui um valor de  $R$  maior que o da direita, a larva busca aleatoriamente um sítio vazio a sua esquerda (difusão com direção preferencial). A simulação é finalizada quando não há mais larvas se dispersando. Nesse momento a caixa é dividida em colunas e a dispersão é quantificada pela distância percorrida pela larva desde o começo da caixa até onde ela está enterrada.

Alguns parâmetros do modelo são mantidos constantes, visto que são inspirados em informações biológicas, como por exemplo,  $T_i \sim N(20, 5)$  (observações experimentais mostraram que a larva dispersa aproximadamente durante 20 minutos antes de se enterrar). Outros parâmetros, como  $F, \delta, R_1, R_2$  e  $D$  são obtidos através de um algoritmo genético (AG) (ver apêndice B) que busca dentro de um intervalo dado (definido após uma busca manual), um conjunto de parâmetros que serão usados para simular os diferentes padrões de dispersão. Para cada simulação (num total de 1000) é estimado o erro de predição, que é uma média absoluta das dissimilaridades entre a simulação e o caso observado. O erro de predição é dado por:

$$e^j = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^P (y_i^j - x_i)^2}{P}} \quad (1)$$

em que  $j$  indica a simulação,  $P$  é o número total de colunas,  $y_i^j$  corresponde ao número de pupas na coluna  $i$  da simulação  $j$  e  $x_i$  é o número de pupas na coluna  $i$  medida experimentalmente. O menor valor de  $e^j$  corresponde ao melhor conjunto de parâmetros.

Depois de achar o melhor conjunto de parâmetros pelo algoritmo genético, um total de 30 simulações são realizadas para observar o valor médio da dispersão espacial.

### 3.1.2 Descrição do Experimento

Os dados experimentais foram coletados no Departamento de Parasitologia da UNICAMP, Campinas, São Paulo, Brasil [15], para a dispersão pós-alimentar de larvas de *Chrysomya megacephala*, *Chrysomya putoria* e *Cochliomyia macellaria*. As populações experimentais de *Chrysomya albiceps* foram formadas a partir de coletas de espécimes no campus da Universidade Estadual Júlio de Mesquita Filho, Botucatu, São Paulo, Brasil.

Foi monitorada a dispersão horizontal para cada espécie de larva, depositando as larvas no começo da caixa (3.0 cm comprimento, 12 cm altura, 30 cm largura), coberta com serragem, e 5cm de profundidade. A dispersão foi quantificada (em cm) pela distância percorrida desde o começo da caixa até o local onde a larva se enterrou para a pupação [15].

## 3.2 Experimento em Cruz

### 3.2.1 Autômatos Celulares

O modelo de autômatos celulares proposto utiliza as mesmas regras de transição que o modelo já explicado anteriormente para o experimento unidirecional. Nesse modelo a caixa utilizada possui a forma em cruz e a simulação tem início com as larvas no centro da caixa. Para verificar se pupas já enterradas influenciariam a dispersão larval, a condição inicial descrita anteriormente foi modificada. Nos sítios vazios (figura 2) colocou-se um valor inicial  $F$  para o estímulo químico e mecânico, o qual decresce a cada passo de tempo de um valor fixo,  $\delta$ , até o valor zero.

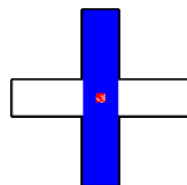


Figura 2: Caixa utilizada para a simulação e distribuição de larvas em  $T = 0$ . Em azul distribuição do estímulo químico e mecânico e em vermelho as larvas.

Para a simulação foram utilizados dois tamanhos (modelos) de caixas:

Modelo 1: caixa em forma de cruz com cada braço proporcional à caixa experimental com dimensão de cada eixo de  $150 \times 30$  pixels,

Modelo 2: caixa em forma de cruz com cada braço proporcional à caixa unidirecional com dimensão de cada eixo de  $900 \times 30$  pixels.

### 3.2.2 Descrição do Experimento

As populações experimentais de *C. albiceps* e *C. megacephala* foram formadas a partir de coletas de espécimes no campus da Universidade Estadual Júlio de Mesquita Filho, Botucatu, São Paulo, Brasil.

Os experimentos foram realizados utilizando recipientes em forma de cruz com braços de 40cm de comprimento e 20cm de largura, confeccionados com madeira compensada. Os recipientes foram preenchidos com serragem fina. Na extremidade superior foram colocadas 50 pupas recém formadas (pupas brancas) de *C. albiceps*; na extremidade da direita, 50 pupas recém formadas de *C. megacephala*; na extremidade inferior, 25 pupas de cada espécie, e a extremidade da esquerda permaneceu vazia. No centro dos recipientes, 50 larvas de *C. albiceps* ou de *C. megacephala* no início do terceiro instar foram liberadas, em experimentos distintos, para a dispersão pós-alimentar. Os recipientes foram deixados em sala climatizada a  $\pm 25$  °C até que todas as larvas se enterrassem para a formação das pupas. A serragem foi peneirada e as pupas de cada braço recolhidas e armazenadas conforme a espécie. Após a emergência dos adultos para identificação, o número de pupas encontrado foi registrado em cada extremidade da caixa. Cinco réplicas foram feitas para cada experimento sendo todas estas realizadas pelo laboratório de ecologia de populações.

## 4 Resultados e Discussão

### 4.1 Experimento Unidirecional

Comparou-se os resultados obtidos pelo modelo de autômato celular com os dados experimentais visando determinar os fatores que contribuem para o comportamento de

agregação larval. As regras do autômato celular foram baseadas em evidências experimentais e teóricas que relacionam densidade de larvas, pupação e o processo de dispersão [3]. Contudo, a larva precisa atingir o estado de pupa, independentemente se as condições ótimas foram alcançadas, logo, um tempo intrínseco de pupação foi definido para cada larva.

Na figura 3 é mostrado o processo de dispersão larval e a caixa simulada no autômato celular em dois passos de tempo diferentes, respectivamente  $t = 10$  e  $20$ . Em todas as simulações foi utilizada uma caixa retangular de  $450 \times 120$  pixels. As larvas que estão dispersando são representadas na cor vermelha e as pupas são representadas na cor verde. As simulações reproduzem claramente os padrões de dispersão observados no laboratório. No começo a larva escolhe aleatoriamente uma direção para dispersar e o movimento destas aparenta ser uma dispersão aleatória. Rapidamente, esse padrão muda para uma difusão com direção preferencial devido à interação entre as larvas.

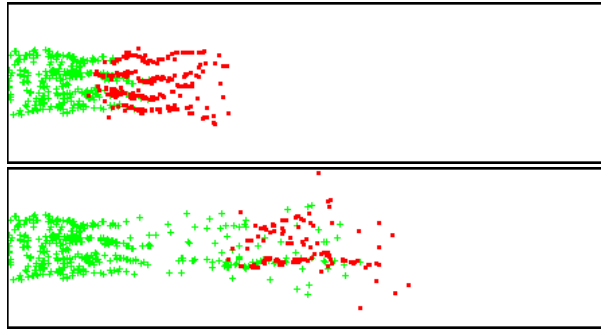


Figura 3: Processo de dispersão observado em diferentes passos de tempo. De cima para baixo tem-se  $t = 10$  e  $20$ . Em vermelho representam larvas dispersando e em verde representam larvas enterradas (pupas).

As figuras 4 e 5 comparam os resultados experimentais (em azul) [4, 15] com as simulações (em vermelho), mostrando que os padrões de dispersão larval obtidos experimentalmente para as quatro espécies, *C. albiceps*, *C. macellaria*, *C. megacephala* e *C. putoria*, foram reproduzidas pelo modelo de autômatos celulares. O número de larvas para cada espécie é, respectivamente,  $M = 180, 316, 518$  e  $322$ . Os resultados mostram a melhor simulação obtida pelo algoritmo genético. O padrão geral para as quatro espécies é que o número de larvas decresce com a distância; contudo para a *C. macellaria* este número decresce monotonicamente enquanto para as outras o padrão de dispersão apresenta oscilações. Fazendo a média de várias simulações o mesmo padrão é obtido.

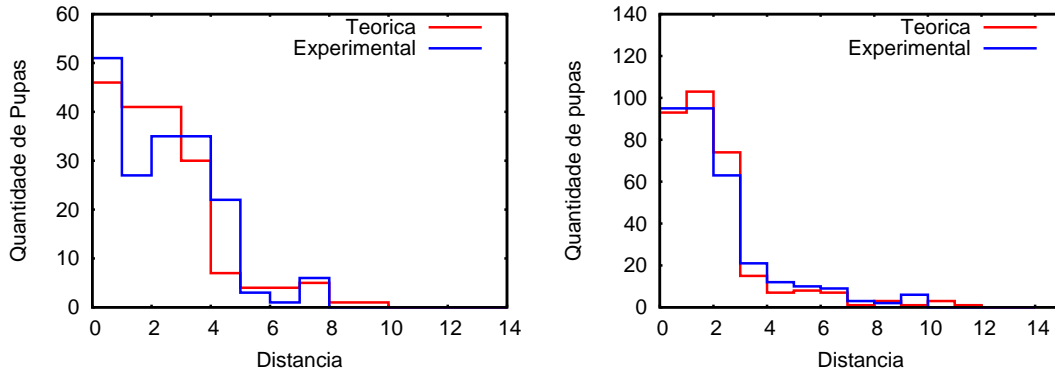


Figura 4: Em vermelho tem-se o padrão teórico e em azul o experimental. Na esquerda tem-se os resultados para a *C. albiceps* e na direita para a *C. macellaria*.

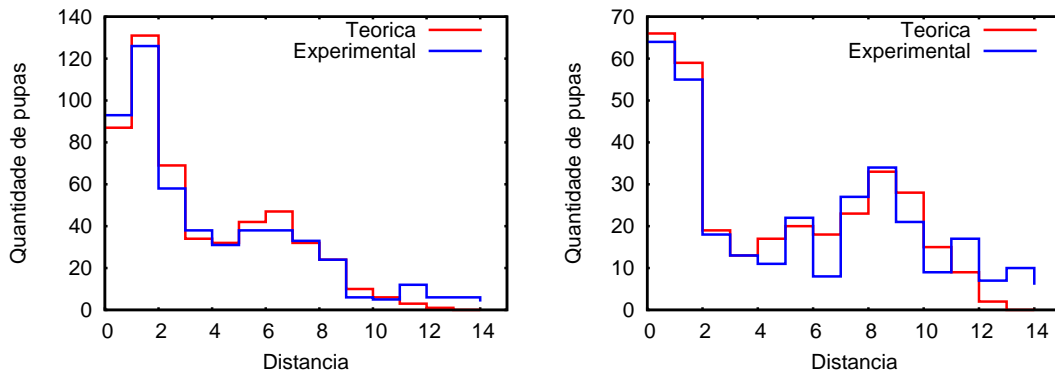


Figura 5: Em vermelho tem-se o padrão teórico e em azul o experimental. Na esquerda tem-se os resultados para a *C. megacephala* e na direita para a *C. putoria*.

A fim de quantificar as semelhanças entre a simulação e os dados experimentais, a Tabela 1 mostra os valores dos parâmetros e o erro de predição obtido para cada espécie. Observa-se em média um erro de 5 larvas para cada coluna do histograma (erro de predição) resultando em acurácia de 81%. O maior valor de  $\Delta R$  foi encontrado para *C. macellaria*, indicando que para esta espécie a influência da vizinhança é menor.

Com base nos dados obtidos por Godoy [15] analisou-se inicialmente as espécies *C. macellaria*, *C. megacephala* e *C. putoria*. A espécie *C. macellaria* possui o menor valor para os parâmetros  $D$ ,  $R_1$  e  $R_2$  quando comparada com as outras, indicando possuir um comportamento mais agregado, dispersando menos, o que esta de acordo com o parâmetro de agregação,  $k = 0.39$ , obtido por Godoy [15]. *Chrysomya megacephala* e *C. putoria* exibem valores similares para  $\Delta R$ . Sendo o fator de agregação para as duas espécies, respectivamente,  $k = 1.09$  e  $2.45$ , concluí-se que  $k$  é uma combinação de  $\Delta R$ ,  $R_1$  e  $D$ . A *C. albiceps* é uma espécie com comportamento de dispersão larval agregado, já que possui

valores de  $R_1$  e  $R_2$  pequenos e um efeito de vizinhança moderado quando comparada com as outras espécies.

Tabela 1: Parâmetros obtidos para as quatro espécies utilizando o algoritmo genético. Os erros foram obtidos comparando os dados teóricos com o experimental.

Espécie de mosca	D	$F$	$\delta$	$R_1$	$R_2$	$\Delta R$	Erro
<i>C. albiceps</i>	10	0.646	0.104	1.065	1.699	0,634	5.888
<i>C. macellaria</i>	10	0.639	0.103	1.556	2.436	0,879	4.457
<i>C. megacephala</i>	10	0.642	0.100	6.452	7.095	0,643	5.610
<i>C. putoria</i>	11	0.631	0.099	6.626	7.197	0,571	5.703

O padrão teórico apresentado na figura 6 pressupõe duas hipóteses para o processo de difusão para a *C. putoria*: na esquerda a larva dispersa procurando a condição de pupação dada por  $R_1 < R < R_2$  sem seguir a distribuição de  $R$  medido para cada direção. Na direita elas dispersam seguindo a distribuição de  $R$  medido para cada direção porém o processo de pupação ocorre somente quando o tempo intrínseco de pupação é alcançado. Observa-se que se for considerado apenas a difusão aleatória, tem-se somente um decréscimo exponencial no número de pupas pela distância (figura da esquerda). Quando é desconsiderada a interação entre a vizinhança, a distribuição de pupas segue uma distribuição Gaussiana similar ao tempo intrínseco de pupação considerado no autômato celular (figura da direita). O mesmo padrão foi obtido para as outras três espécies. Conclui-se assim, que a difusão com direção preferencial e interação entre as larvas e pupas são mecanismos capazes de gerar as oscilações observadas durante o processo de dispersão. O outro mecanismo que contribui com as oscilações é o tempo intrínseco de pupação, ou seja, as concentrações de pupas que determinaram oscilações subseqüentes decorreram em parte da necessidade das pupas enterrarem-se em dado momento em resposta à idade homogênea entre elas (mesmo coorte).

Os mesmos resultados são obtidos quando se altera o número de larvas,  $M$ , e/ou o tamanho da caixa,  $L = L_x \times L_y$ . Contudo,  $L$  possui um valor crítico,  $L_c$ , que depende do valor dos parâmetros  $D, F, \delta, R_1$  e  $\Delta R$ . Se for escolhido um  $L < L_c$ , pode-se fazer uma interpretação errônea dos resultados. Por exemplo, as oscilações podem ser perdidas quando a larva chega ao final da caixa e começa a se difundir do final para o começo da caixa.

Este mesmo padrão é observado experimentalmente, o que indica a boa concordância do modelo de AC com os experimento.

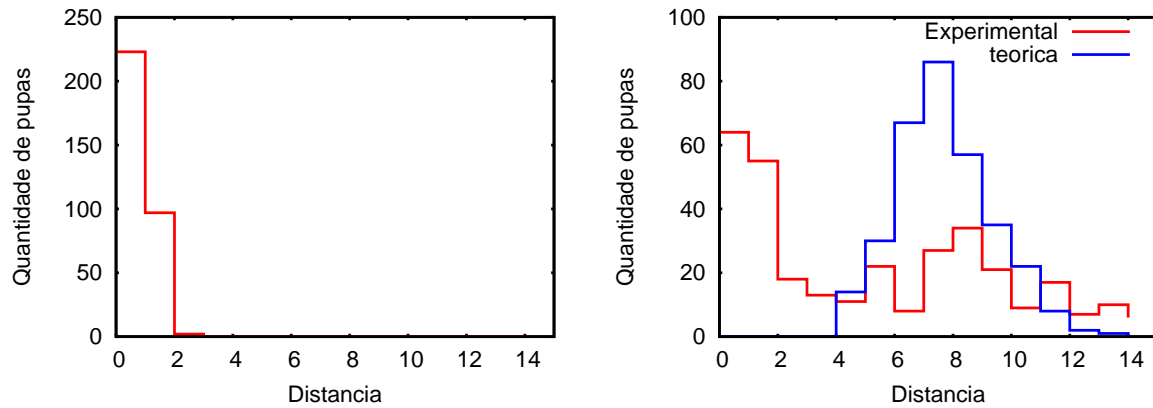


Figura 6: Número de pupas pela distância para *C. putoria*. Na esquerda foi suposto que a larva estava difundindo aleatoriamente e na direita que elas não interagem durante o processo de difusão.

## 4.2 Experimento em Cruz

Foram realizadas  $n$  simulações, sendo que cada simulação só terminava quando todas as larvas atingiram o estado de pupa. Quando isto ocorria cada braço era dividido em 15 partes e o número de larvas em cada uma era salvo. Ao final de  $n$  simulações foi calculada a média e somada a quantidade total de larvas em cada braço. As simulações foram realizadas com 50 larvas na caixa.

Na figura 7, tem-se a distribuição de pupas enterradas para cada espécie, sendo que cada eixo representa a quantidade de larvas e o sinal negativo indica o sentido da caixa. No eixo x o sentido negativo representa as larvas que foram para a esquerda e no eixo y indica as larvas que foram para o braço inferior. Para a simulação do processo assumiu-se um estímulo químico inicial ( $F$ ) distribuído no eixo y. Observa-se a inexistência de direção preferencial e que as quatro espécies dispersaram igualmente para cada direção. Observa-se ainda que *C. albiceps* e *C. macellaria* possuem o padrão de distribuição mais ao centro comparado com as outras duas espécies, fato que pode ser explicado pela baixa quantidade de larvas e/ou o tamanho da caixa.

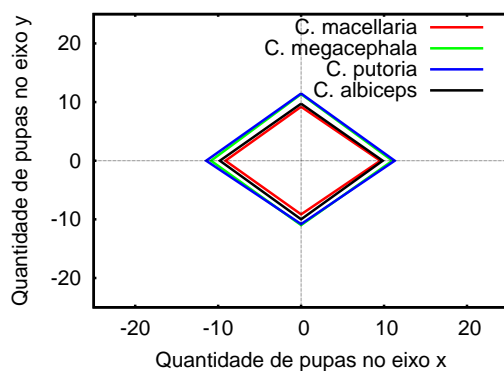


Figura 7: Média de 300 simulações para a distribuição larval para as quatro espécies com estímulo químico inicial distribuído no eixo y. Resultados referente ao modelo 1.

Numa segunda etapa (modelo 2) cada braço teve seu comprimento aumentado o suficiente para que as larvas pudessem dispersar sem atingir o final da caixa. Em particular, o comprimento é o mesmo utilizado na caixa unidirecional, onde foram feitas os experimentos relatados por Bassanezi [3]. O resultado obtido foi semelhante ao do modelo 1 (figura 7), indicando que o comportamento de posicionamento mais ao centro para as espécies *C. albiceps* e *C. macellaria* não estava relacionado ao tamanho da caixa, mas sim, ao número de larvas.

Fixado o tamanho da caixa (modelo 2), utilizou-se uma nova quantidade de larvas para aumentar o efeito da vizinhança na dispersão larval. As novas simulações foram realizadas com 300 larvas. Na figura 8, tem-se a distribuição de cada espécie para cada eixo sendo que cada eixo representa a quantidade de larvas e o sinal negativo indica apenas o sentido da caixa.

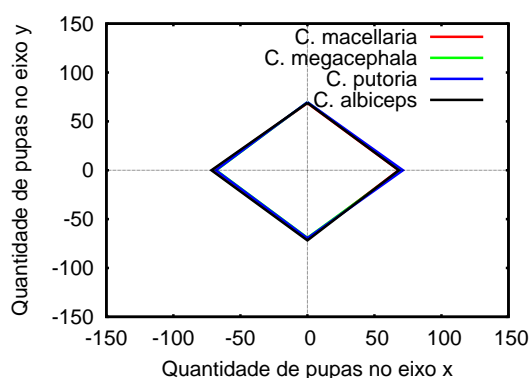


Figura 8: Média de 300 simulações para a distribuição larval para as quatro espécies com estímulo químico inicial distribuído no eixo y. Resultados referente ao modelo 2.



Observe que agora as quatro espécies possuem o mesmo padrão devido ao efeito da interação entre as larvas. Na figura 9 tem-se a quantidade de  $F$ , a cada passo de tempo, em cada eixo. Observe o momento em que a quantidade de  $F$  dos dois eixos se iguala. Como cada atualização do sistema ocorre ao final de  $D$  passos de difusão, sendo este 10 ou 11, a quantidade  $F$  colocada no eixo  $y$  somente irá influenciar as duas primeiras atualizações, tendo um efeito nulo no padrão de dispersão. Este fato pode ser comprovado pela figura 10, referente a *C. albiceps* e análogo para as demais, onde tem-se a comparação da simulação com o estímulo  $F$  no eixo  $y$  e a simulação sem o estímulo.

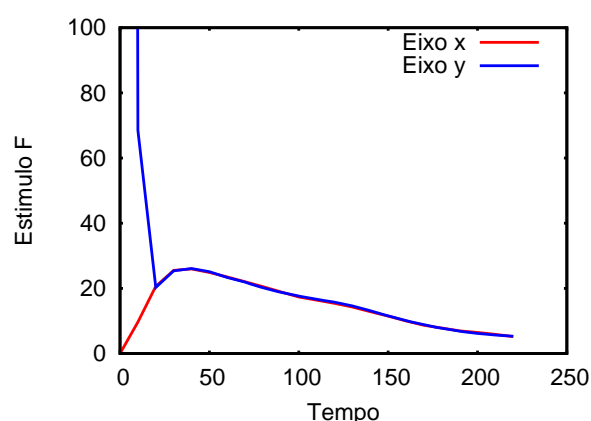


Figura 9: Quantidade de  $F$  no tempo para a *C. albiceps*, análogo para as demais espécies. Média sobre 300 simulações.

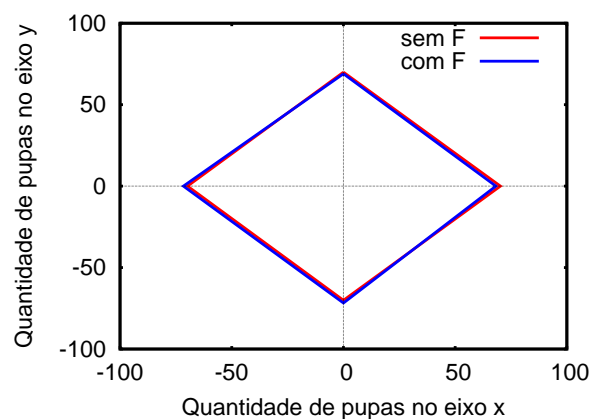


Figura 10: Média de 300 simulações para a distribuição larval para a *C. albiceps*. Em vermelho sem o estímulo  $F$  e em azul com o estímulo.

Para visualizar o padrão de dispersão foi selecionado um único braço da caixa (braço direito) e contou-se a quantidade de pupas em função da distância ao centro da caixa. Nas figuras 11 e 12 pode se observar o padrão de dispersão no braço e em cada gráfico tem-

se no canto superior direito o padrão de dispersão experimental obtido para a dispersão unidirecional. A semelhança entre os dois padrões sugere que os resultados obtidos em uma única direção são equivalentes ao obtido no recipiente em forma de cruz.

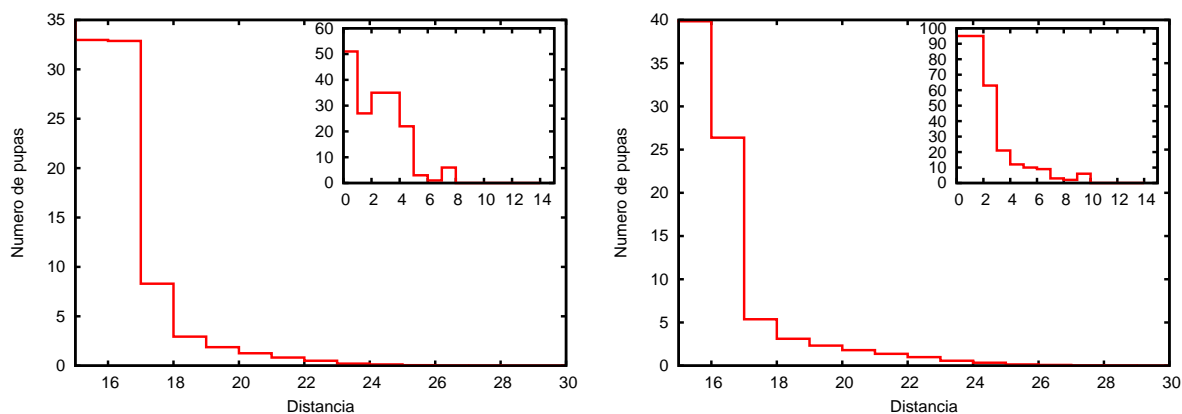


Figura 11: A esquerda, padrão de dispersão para a *C. albiceps* e a direita, padrão de dispersão para a *C. macellaria*.

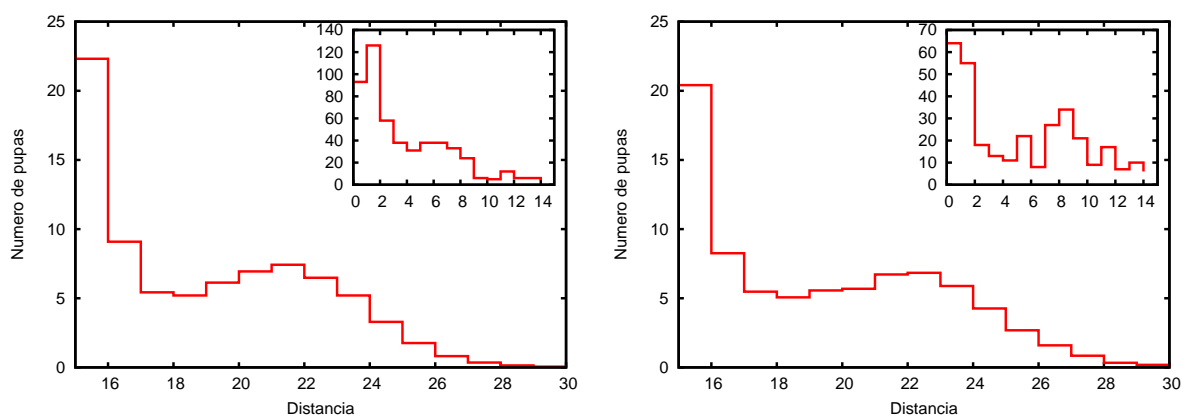


Figura 12: A esquerda, padrão de dispersão para a *C. megacephala* e a direita, padrão de dispersão para a *C. putoria*.

Os resultados experimentais, através do teste de qui-quadrado, demonstraram que o padrão de dispersão em larvas de *C. megacephala* é aparentemente o mesmo para as todas réplicas (figura 13). Entretanto, as larvas de *C. albiceps* parecem exibir diferentes padrões de dispersão larval quando as réplicas são comparadas (figura 14). Este resultado pode ser confirmado estatisticamente pelos testes realizados, os quais indicam que as réplicas em *C. megacephala* são significativamente homogêneas ( $P > 0.05$ ), diferindo de *C. albiceps*, que apresentou réplicas com diferenças altamente significativas ( $p < 0.001$ ).

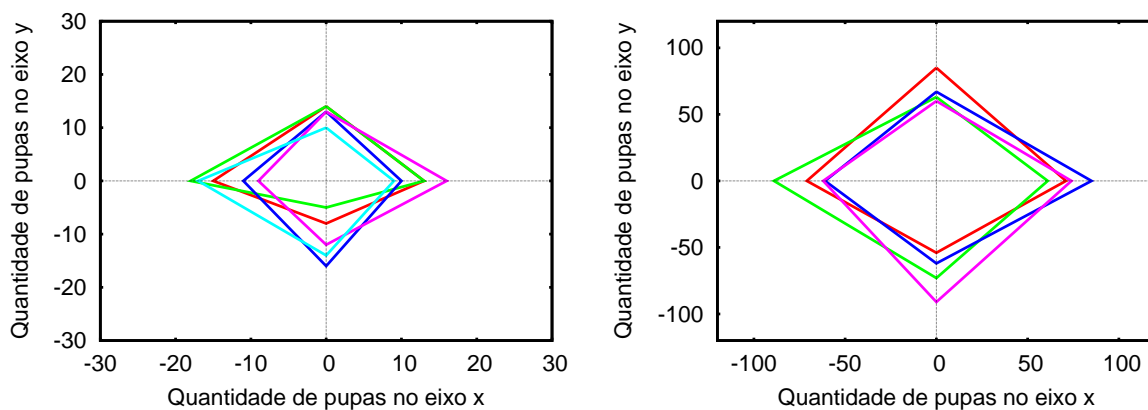


Figura 13: A esquerda, resultados das réplicas experimentais para *C. megacephala* e a direita, melhor distribuição para cada direção, resultado de simulação.

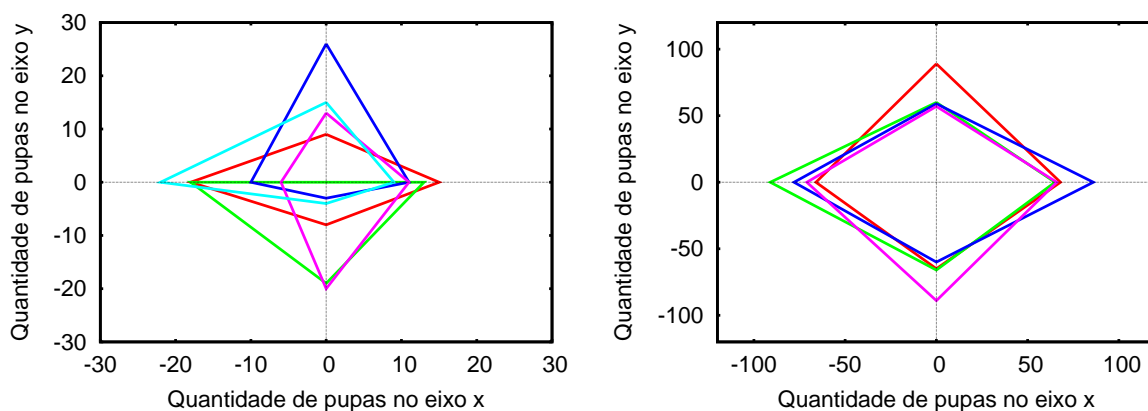


Figura 14: A esquerda, resultados das réplicas experimentais para *C. albiceps* e a direita, melhor distribuição para cada direção, resultado de simulação.

Considerando que as conclusões experimentais foram tiradas a partir de simulações individuais, escolheu-se para cada direção a simulação em que teve a maior quantidade de pupas no braço. Pelas figuras 13 e 14 pode-se notar que a diferença entre cada simulação é maior para a *C. albiceps*. Este fato indica que em simulações individuais ela possui um comportamento mais aleatório que a *C. megacephala*, porém, na média das simulações (figura 7) tem-se o mesmo comportamento para as duas, em concordância com os resultados experimentais (figura 15).

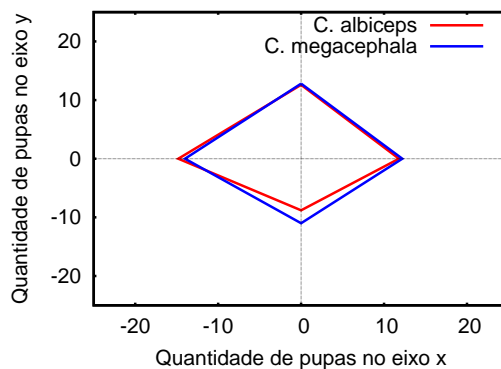


Figura 15: Média dos resultados experimentais para as duas espécies (*C. albiceps* e *C. megacephala*).

Os resultados encontrados nesta etapa do estudo podem ser analisados pelo menos sob três aspectos: disposição geométrica de larvas de moscas-varejeiras, comportamento larval em face aos níveis de agregação intrínsecos de cada espécie e confronto entre simulações computacionais e dados reais. No que diz respeito à disposição geométrica, o estudo mostrou claramente que o padrão de migração larval em moscas-varejeiras independe do formato dos recipientes, pelo menos para as duas configurações analisadas. Este resultado é de suma importância para o contexto da entomologia forense, já que pode ser inferido para situações reais de distribuição de larvas nas circunvizinhanças de cadáveres [18].

Assim, para padrões gerais de enterramento de larvas [3, 4], o processo de dispersão larval pode ser assumido como único em diferentes situações e tamanhos. A densidade larval pareceu exercer importante papel na caracterização dos padrões de dispersal larval pós-alimentar em moscas. Neste caso, cabe lembrar que densidade larval tem sido apontada como fator essencial para a biologia de moscas-varejeiras, sob diversos aspectos ecológicos. Tanto no que diz respeito à dinâmica populacional [17, 32], como no que tange ao processo de dispersão larval [15, 16, 19], a densidade larval ocupa lugar importante no cenário ecológico para moscas-varejeiras já que dela depende o comportamento de imaturos e adultos.

As simulações que vem sendo realizadas neste estudo têm sido suficientes para reproduzir e caracterizar a essência do processo de dispersão larval considerando situações diferentes em termos de padrões de distribuição de pupas. Além disso, os resultados advindos das simulações têm evidenciado a importância das interações locais para a dinâmica de migração larval.

## 5 Conclusão

O modelo de autômato celular (AC) foi capaz de reproduzir as características principais do processo de dispersão larval. São elas: o decréscimo exponencial em relação à distância e as oscilações. Como em outros modelos de AC [34], tal sucesso revela a importância da interação local na dinâmica do processo de dispersão larval pós-alimentar.

Em particular, oscilações, inicialmente propostas como uma resposta da agregação larval [4], podem ser explicadas por uma combinação de diferentes mecanismos atuando durante o processo de dispersão. O primeiro pico ocorre devido à interação entre as larvas dispersando, pois nesse momento a densidade de larva é alta e a condição de pupação dada por  $R_1 < R < R_2$  possui um grande efeito no processo. Conforme a dispersão ocorre, o número de larvas decresce em resposta ao processo de pupação e a interação entre a vizinhança diminui. Logo, o segundo pico é formado pelas larvas que não conseguiram satisfazer a condição de pupação e atingiram seu tempo intrínseco de pupação.

As simulações realizadas para o modelo em forma de cruz mostrou que para um experimento que visa indicar se a presença prévia de pupas de uma espécie influencia a dispersão de outra espécie, o tamanho da caixa não é um fator relevante, porém, se o objetivo é fazer comparação do padrão de dispersão entre espécies, tanto o tamanho da caixa como a densidade de larvas são fatores importantes para a realização do experimento.

Os resultados sugerem que o modelo de dispersão unidirecional pode ser usado para simular a dispersão larval que ocorre em ambiente natural, pois ambos obtiveram resultados similares. Este resultado motiva a realização de experimentos unidirecionais, os quais exibem menor grau de complexidade, tanto no tocante à experimentação laboratorial, quanto no que diz respeito às simulações computacionais.

O arranjo espacial e a vizinhança são fatores comumente citados como importantes para o comportamento de insetos na natureza, sob vários aspectos [7, 18, 25, 27]. No presente estudo, o processo de agregação larval parece exercer influência significativa sobre os resultados do estudo. A distribuição agregada em organismos na natureza parece ser um mecanismo comumente adotado por populações, sobretudo em moscas-varejeiras [16]. Entretanto, a distribuição espacial é inerentemente dependente da escala, dos métodos de estudo e da distribuição das espécies [23]. A metodologia empregada neste estudo, envolvendo a aplicação de algoritmos genéticos e autômatos celulares vêm se mostrando

cada vez mais eficiente na detecção de padrões de distribuição espacial, sobretudo para processos biológicos de pequena escala [13]. Os resultados encontrados até o momento sugerem novas implementações experimentais e no âmbito da biologia computacional, principalmente considerando interações interespecíficas e também de natureza trófica.

## A Autômato Celular

Os autômatos celulares são modelos matemáticos simples compostos por um grande número de elementos idênticos que interagem entre si através de regras bem determinadas. Estes componentes são arranjados numa rede (regular ou não), e associa-se a cada sítio da rede um autômato que é representado por uma variável discreta, que pode assumir um conjunto finito de valores.

Os passos de tempo que descrevem a evolução são discretos e definidos com base na atualização dos estados dos autômatos. Se esta for feita em paralelo, um passo de tempo corresponderá à atualização dos estados de todos os autômatos da rede. No entanto, se a atualização for sequencial, em geral, cada passo de tempo corresponderá à atualização de um autômato da rede escolhido aleatoriamente.

Uma abordagem matemática utilizando autômatos celulares considera, então, espaço, tempo e variáveis discretas. A aplicação recursiva das regras de transição determinam a evolução do estado de um dado autômato num dado instante de tempo e gera os padrões espaços-temporais característicos desses modelos. Atualmente existe uma grande variedade de modelos de AC, cada um com regras moldadas para um problema específico porém, todos os modelos possuem cinco características em comum:

1. Malha: o sistema consiste de uma malha unidimensional, bidimensional ou tridimensional.
2. Homogeneidade: todas as células são equivalentes.
3. Estados discretos: cada célula pode assumir um número finito de estados.
4. Interações locais: cada célula interage somente com outras que estão em sua vizinhança.

5. Dinâmica discreta: a cada unidade de tempo, cada célula é atualizada de acordo com as regras de transição determinadas, levando em conta o estado das células vizinhas.

## A.1 Histórico

Os autômatos celulares (AC) foram introduzidos por John Von Neumann, em 1948, numa tentativa de simular processos de evolução biológica. Uma questão fundamental foi levantada por ele: "Que tipo de organização lógica seria suficiente para que um autômato (entidade) fosse capaz de auto-reproduzir-se?".

Num trabalho inicial, Von Neumann aceitou a sugestão dada por Stanislaw Ulam de utilizar um sistema dinâmico discreto em substituição ao modelo contínuo. A sugestão foi a de construir uma malha bidimensional na qual cada célula alocasse um autômato. Os trabalhos de Von Neumann foram completados por Burks e publicados em 1966 [28].

Em 1967, Von Bertalanffy aplicou os AC com sucesso em modelos que descreviam relações humanas. Esses modelos ganharam mais força quando, em 1969, Konrad Zuse publicou o livro "*Rechnender Raum*", no qual considerou a hipótese das leis físicas serem discretas porque o universo era o resultado de um gigantesco autômato celular. Zuse também introduziu o conceito de espaço computacional.

Posteriormente, nos anos 70, com a emergência dos computadores digitais, um modelo de AC proposto por John Conway ganhou fama na comunidade científica. Ficou conhecido como "*The game of life*". Neste modelo os autômatos podiam assumir dois estados, 0 e 1, no qual representavam espaços vazios e células vivas. O modelo representava os processos de auto-reprodução e morte.

Já em 1983, com um tipo de AC muito simples, Stephen Wolfram observou a emergência de um comportamento complexo. Este fato fez com que avaliasse a capacidade de simular e elucidar fenômenos físicos de alta complexidade através de um conjunto de regras simples e bem definidas. Idéias que foram publicadas em seu livro "*A New Kind of Science*", em 2002.

Recentemente, 2005, em seu livro "*The Lifebox, The Seashell and The Soul*", o Dr. Rudy Rucker complementou a teoria de Wolfram, levando-a a um nível universal. Segundo sua teoria, tudo que existe no universo é fundamentado em algoritmos simples capazes de

gerar complexidade.

## A.2 Condições Iniciais

As condições iniciais correspondem à configuração inicial de estados dos autômatos celulares na rede, a partir da qual aplica-se recursivamente as regras do modelo ao longo de sua evolução temporal. Tais condições iniciais podem ser aleatórias ou fixas, dependendo do modelo considerado. Geralmente, em modelos de AC, pequenas variações nas condições iniciais produzem efeitos drásticos após poucos passos de tempo.

## A.3 Tipos de Células

A fim de criar um modelo que represente espacialmente o fenômeno estudado, as células podem adquirir qualquer configuração. No entanto, o mais comum é o uso de células regulares e de mesmo tamanho, na figura A.1 tem-se alguns exemplos. Dentre as formas, o modo quadrangular representa maior usabilidade devido à sua simplicidade.

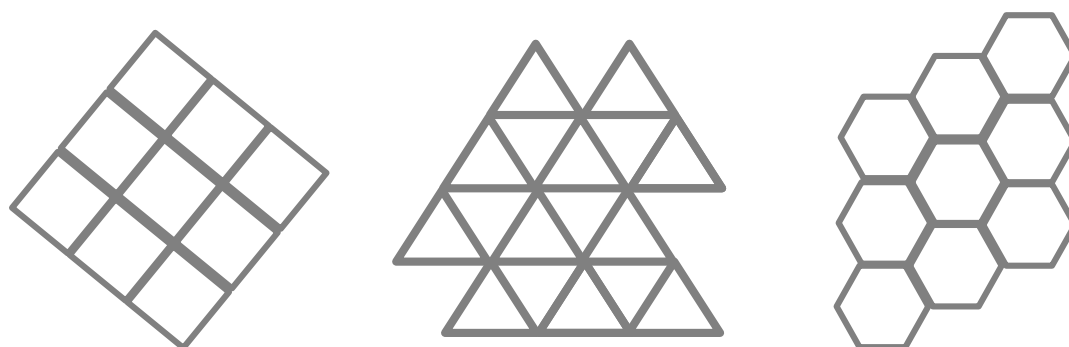


Figura A.1: Tipos de células: na esquerda célula quadrangular, no centro triangular e na direita hexagonal.

## A.4 Tipos de Vizinhança

A vizinhança é uma coleção de elementos usada para determinar o estado do sítio-alvo no passo de tempo a seguir. Ela pode ser local (elementos adjacentes) ou não-local; pode ser previamente definida ou arbitrária; pode conter o sítio-alvo ou não. Uma vizinhança pode assumir qualquer configuração espacial e sua escolha depende do processo a ser



modelado. Na figura A.2 são esquematizadas algumas das vizinhanças mais utilizadas em redes bidimensionais.

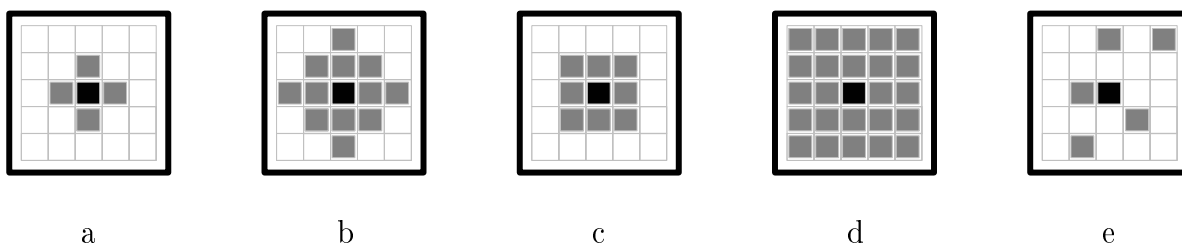


Figura A.2: Vizinhança de Von Neumann de raio (a)  $r = 1$  e (b)  $r = 2$ , de Moore com (c)  $r = 1$  e (d)  $r = 2$ , e (e) arbitrária.

## A.5 Condições de Contorno

Como os modelos de autômatos são implementados por redes de tamanho finito, as condições de contorno adotadas são importantes para definir a vizinhança dos sítios que limitam a rede. As condições de contorno mais utilizadas são:

1. Contorno periódico: Vizam representar a configuração dos limites de um lado da rede como se fosse a borda do outro, dessa forma o espaço se "fecha" sobre si mesmo. Por exemplo, uma rede unidimensional com condições de contorno periódicas poderia ser representada por uma fita circular enquanto uma rede bidimensional por um toróide (figura A.3).

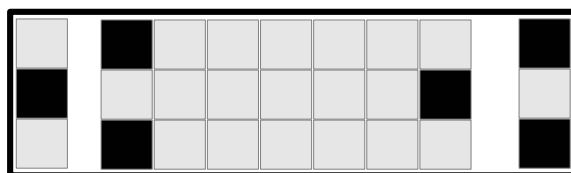


Figura A.3: Condição de contorno periódico.

2. Contorno reflexivo: Limite no qual os valores de contorno refletem os valores dos sítios que antecedem o limite (figura A.4).

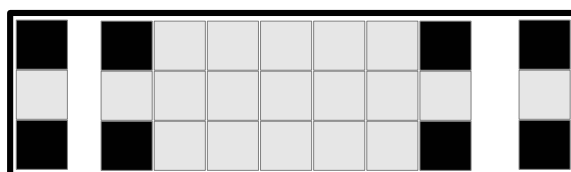


Figura A.4: Condição de contorno reflexivo.

3. Contorno de valores fixos: Ocorre quando são determinados valores para o contorno que são constantes durante toda a simulação (figura A.5).

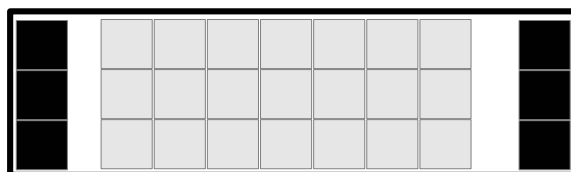


Figura A.5: Condição de contorno de valores fixos.

A escolha das condições de contorno é essencial para evitar erros de simulação causados pela interferência da borda no processo, o chamado efeito de borda. Um fato importante de se notar é que quanto maior for a dimensão da malha, menor é o efeito de borda, pois é menor também a proporção de sítios que estão localizados no limite da rede. Por exemplo, para uma rede quadrada  $10 \times 10$ , a borda envolve 40% do total de células da rede, enquanto que para uma rede de  $100 \times 100$ , as células da borda representam 4% do total de células.

## A.6 Regras de Atualização

As regras de atualização podem ser determinísticas, se dependem apenas da configuração de uma dada vizinhança bem definida, e probabilísticas, se a regra de transição não é uma função que tem exatamente um resultado para cada configuração da vizinhança, mas permite vários resultados com uma probabilidade associada.

Uma propriedade importante dos modelos de autômatos celulares é que uma pequena variação nas regras de transição tem consequências drásticas em sua evolução temporal. Dado o número de estados  $k$  e o  $r$  o raio da vizinhança, o número de regras cresce exponencialmente em função de  $k$  e  $r$  ( $k^{k^{2r+1}}$ ). Por exemplo, comparando dois autômatos com vizinhança  $r = 1$  e número de estados  $k = 2$  e  $k = 3$  temos, respectivamente, 256 e  $\approx 7 \cdot 10^{12}$  regras possíveis.

Quase todas as regras definidas nos AC possuem um comportamento irreversível, visto que é praticamente impossível determinar o passo anterior sabendo-se apenas o passo atual. Para construir-se uma regra reversível, cada estado possível do sítio deve possuir apenas um único predecessor.

## A.7 Classificação

Em 1984, Stephen Wolfram separou os modelos de autômatos celulares em quatro classes, de acordo com as propriedades dinâmicas que eles apresentavam. São eles:

Classe I: A evolução temporal leva todos os autômatos ao mesmo estado. Ou seja, o sistema converge para uma única solução.

Classe II: A evolução temporal leva à estabilidade e à periodicidade do sistema. Há a emergência de estruturas espacialmente separadas e que não transitam pela rede.

Classe III: A evolução leva a uma sucessão aleatória de padrões caóticos não-periódicos. Apresenta uma dinâmica rica, porém não há comportamento emergente.

Classe IV: A evolução leva a formação de estruturas espacialmente separadas que se movimentam de maneira imprevisível e formam padrões de alta complexidade no espaço e no tempo.

Quando se pensa em sistemas biológicos, tem-se que os autômatos celulares dos tipos I e II são muito simples para serem usados no modelamento desses sistemas, enquanto que os da classe III, apesar de apresentarem uma dinâmica rica, não apresentam nenhum tipo de comportamento emergente, de modo que esse tipo de classe também não é considerado apropriado para a modelagem desses sistemas. Já os classe IV podem gerar estruturas que persistem, ou seja, levar a emergência de ordem a partir de interações locais, uma característica bastante comum em sistemas biológicos.

Uma técnica para se estudar a estabilidade dos autômatos celulares consiste em comparar a evolução conjunta do sistema original e de uma réplica dele na qual foi introduzida uma perturbação (mutação, dano) qualquer em um sítio. Por exemplo, a conversão do estado desse sítio de ativo para inativo. Comparando-se a trajetória das configurações original e perturbada, podemos definir a distância de Hamming ( $hd$ ) entre elas. A  $hd$  é o número total de sítios nos quais os estados na configuração original e na réplica perturbada diferem entre si dividido pelo número total de sítios ( $N$ ). Pode-se também distinguir as 4 classes de Wolfram a partir da distância de Hamming.

Classe I: A distância de Hamming se anula com o passar do tempo. Portanto o atrator da dinâmica é estável a qualquer perturbação.

Classe II: A distância de Hamming permanece constante no tempo e pequena.

Classe III: A distância de Hamming cresce rapidamente com o tempo, atingindo um valor de equilíbrio geralmente alto. Ainda mais, mesmo se o dano inicial for mínimo, ele se propaga por toda a cadeia do AC. Portanto as regras de classe III são instáveis.

Classe IV: A distância de Hamming apresenta um longo período transiente até que atinja o seu valor de equilíbrio. O crescimento da  $hd$  é imprevisível. Além disso, o seu valor final pode variar muito, dependendo do tamanho e da localização do dano inicial. Em geral o dano final é semelhante aos ACs de classe II. Assim, nos ACs de classe IV a dinâmica é marcada por longos períodos transientes caóticos, até que um atrator periódico estável seja finalmente atingido.

## A.8 Formalismo

Para um modelo de AC unidimensional  $C$ , o estado da célula  $i$  ( $i \equiv \{0, 1, \dots, n\}$ ) no tempo  $t$  é denotada por  $c_i(t)$  ( $C(t) \equiv \{c_0(t), c_1(t), \dots, c_n(t)\}$ ), e depende da regra  $F$  a qual é função de  $c_i(t-1)$  e das outras células num raio  $r$ , tanto à sua esquerda como à sua direita. Logo,  $c_i(t)$  é:

$$c_i(t) = F(c_{i-r}(t-1), c_{i-r+1}(t-1), \dots, c_{i+r-1}(t-1), c_{i+r}(t-1)) \quad (\text{A.1})$$

Sabendo-se que cada célula possui  $k$  valores possíveis, então o número de padrões é dado por  $k^{2r+1}$  e a quantidade de regras é  $k^{k^{2r+1}}$ . Para um modelo simples (modelo de Wolfram)  $k = 2$  e  $r = 1$  portanto, possui 256 regras e 8 padrões possíveis.

O modelo de AC proposto por Wolfram, possui uma malha unidimensional, com dois estados possíveis (0 = vazio ou 1 = ocupado) e sua vizinhança é composta pelos dois vizinhos adjacentes. A regra utilizada na simulação é mostrada na figura A.6 e na figura A.7 tem-se o resultado de duas simulações com condições iniciais diferentes. Pode-se notar que variações na condição inicial levam a mudanças drásticas no padrão obtido.



Figura A.6: Regra de Wolfram número  $122 = (01111010)_2$ . Em preto  $c = 1$  e em branco  $c = 0$

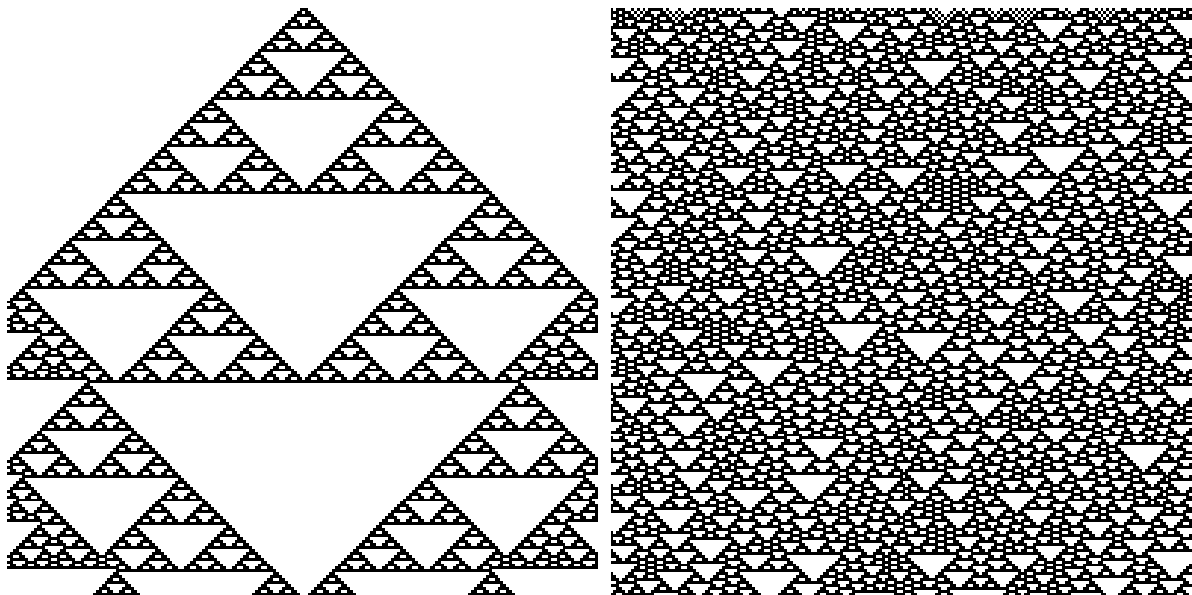


Figura A.7: A esquerda tem-se os 3 sítios centrais ocupados na condição inicial e a direita tem-se uma distribuição aleatória de sítios ocupados.

## B Algoritmo Genético

Um algoritmo genético (AG) é uma técnica de programação que simula a evolução biológica como estratégia para resolver problemas e encontrar a melhor solução. O conceito de "melhor" solução implica que existe mais de uma solução e as soluções não possuem os mesmos valores. Assim, a definição de "melhor" depende da complexidade do problema, seu método de solução e a tolerância permitida [22].

### B.1 Histórico

Em meados da década de 70, John H. Holland propõem a técnica de algoritmo genético (AG), inspirada nas teorias darwinianas. Em sua pesquisa Darwin concluiu que os indivíduos mais propensos à sobrevivência são aqueles mais adaptados para enfrentar determinadas condições ambientais. Logo estes indivíduos teriam maior chance de se reproduzir e assim deixar seus descendentes. Com o passar dos anos, as variações favoráveis

tendem a permanecer e as desfavoráveis tendem a serem destruídas [38]. A técnica de AG foi desenvolvida por Holland, seus alunos e colegas da Universidade de Michigan. O objetivo de Holland não era a concepção de algoritmos para resolver problemas específicos, mas sim estudar o fenômeno de adaptação que ocorre na natureza e desenvolver formas para que esses mecanismos fossem implementados em sistemas computacionais [24]. Deste estudo surgiu a publicação "Adaptation in Natural and Artificial Systems" [8]. O AG é considerado um método robusto, utilizado para resolver problemas em pesquisas numéricas, otimização de funções, aprendizagem de máquina e problemas de bioinformática, como exemplo, a descoberta da estrutura de RNA, a predição de "non-coding"RNA (ncRNA), a construção de mapas de DNA e a descoberta de regiões regulatórias [21].

Whitley [39] cita que o AG é freqüentemente descrito como um método de busca global, não utilizando gradiente de informação e podendo ser combinado com outros métodos para refinamento de buscas quando há aproximação de um máximo ou mínimo local.

Nos últimos anos tem havido grande interação entre pesquisadores no estudo de diferentes métodos de computação evolutiva. Hoje, os pesquisadores frequentemente usam o termo "algoritmo genético" para descrever algo muito longe da concepção inicial de Holland [24].

## B.2 Estrutura de um AG Básico

Dado um problema específico, a entrada do AG é um conjunto de soluções potenciais a esse problema, codificadas de alguma maneira. Estas soluções que foram dadas para o AG podem ser soluções que já funcionem para o problema e o objetivo é apenas melhorá-las [24].

Todo o processo se inicia a partir da geração de  $n$  indivíduos. Cada um destes indivíduos representa uma possível solução, viável ou não, para o problema em questão. Geralmente estes indivíduos recebem valores aleatórios, mas caso tenha-se um conhecimento considerável do problema a ser abordado pode-se fazer com que estes indivíduos iniciais (população inicial) receba valores que não se apresentam absurdos ao contexto do problema.

Em seguida, são calculados os valores de aptidão para cada elemento da população inicial. Após o cálculo os indivíduos são ordenados conforme sua aptidão. Os indivíduos

que se mostraram mais aptos da geração atual são utilizados para gerar uma nova população através da reprodução. Isto funciona como na natureza, onde os indivíduos altamente adaptados ao seu ambiente possuem naturalmente mais oportunidades para reproduzir do que aqueles indivíduos considerados mais fracos.

Após a reprodução, obtém-se uma nova população, este novo conjunto se parea e ocorre recombinação. Nesta fase ocorre a troca de segmentos entre "pares" de elementos selecionados para originar os novos indivíduos que virão a formar a população da geração seguinte. Um exemplo de recombinação seria, supondo dois elementos  $A_1 = 111000111$  e  $A_2 = 000111000$ , ao final da etapa teríamos  $B_1 = 111111000$  e  $B_2 = 000000111$ .

Ao final da recombinação há uma probabilidade de se alterar arbitrariamente um ou mais componentes de um indivíduo (mutação), fornecendo meios para a introdução de novos elementos na população. A mutação é geralmente vista como um operador de "background", responsável pela introdução e manutenção da diversidade genética na população.

Este descendência digital prossegue para a seguinte geração, formando um novo conjunto de indivíduos, que serão submetidos a uma nova avaliação. Todo o processo se repete até que algum indivíduo possua a aptidão necessária para que o AG encontre a solução.

Uma outra técnica que pode ser utilizada no AG é o elitismo que tem a finalidade de melhorar a convergência dos algoritmos. A técnica consiste em se escolher o melhor (ou melhores) indivíduo de cada geração e passá-lo à geração seguinte sem que o mesmo (ou mesmos) sofra recombinação e mutação, para que conserve suas características consideradas boas. A utilização do elitismo faz com que o algoritmo convirja mais cedo, pois evita que os elementos mais aptos sejam perdidos ou modificados. Porém caso sejam utilizados muitos elementos dentro do elitismo o algoritmo pode convergir precocemente e alcançar assim um máximo local.

### **B.3 Parâmetros**

O comportamento dos Algoritmos Genéticos é influenciado pelos parâmetros utilizados, para tanto, tornou-se necessário estudar de que maneira os parâmetros afetam o comportamento do AG.

1. **Tamanho da População:** O tamanho da população estabelece o número de elementos de cada geração. Afeta diretamente o desempenho geral e a eficiência do AG. Trabalhando com uma população de poucos indivíduos o desempenho pode ser comprometido visto que o espaço de busca coberto será pequeno. Já uma população grande oferece uma cobertura representativa do domínio do problema e ainda evita o problema de uma convergência prematura para soluções locais. Porém, trabalhar com uma população de tamanho considerável acarreta em uma necessidade maior de recursos computacionais e também de um consumo de tempo maior [38].
2. **Taxa de Recombinação:** A rapidez com que novas estruturas são introduzidas na população depende da taxa de recombinação. Quanto maior for esta taxa, mais rapidamente novas estruturas serão introduzidas. Porém, se esta for muito alta, a maior parte da população será substituída, e pode ocorrer perda de estruturas de alta aptidão. Com um valor baixo, o algoritmo pode tornar-se muito lento [38].
3. **Taxa de Mutação:** é responsável por determinar a probabilidade em que uma mutação ocorrerá. Uma baixa taxa de mutação evita que uma dada posição entre em estagnação, possuindo sempre o mesmo valor. Com uma taxa muito alta a busca tende a se tornar estritamente aleatória, além de aumentar muito a chance de que uma boa solução do problema seja destruída. A melhor taxa de mutação varia de acordo com o problema em questão [38].

## B.4 Exemplo de AG

Para o problema proposto nesse trabalho o AG busca valores para os parâmetros  $F$ ,  $\delta$ ,  $R_1$ ,  $R_2$  e  $D$ . A população inicial recebe valores dentro de um intervalo dado (definido após uma busca manual). A chance das candidatas se reproduzirem (fazerem cópias iguais de si mesmas) será inversamente proporcional ao seu erro de predição (etapa 1). Quanto menor o erro de predição maior será a sua chance (aqui se compara o resultado da simulação obtida utilizando cada um dos conjuntos de parâmetros candidatos a solução com o resultado experimental).

Após a reprodução, obtem-se uma nova população, com mais cópias das candidatas que possuíam um menor erro de predição. Este novo conjunto se parea e ocorre recombinação



(etapa 2), gerando candidatas diferentes para o sistema. Ao final da recombinação há uma probabilidade de se introduzirem valores aleatórios a cada candidata (etapa 3 - mutação). Todo o processo se repete até que alguma candidata possua uma eficiência desejada (um erro de predição tolerável). A figura B.1 mostra o fluxograma deste algoritmo genético.



Figura B.1: Fluxograma do modelo de algoritmo genético utilizado nas simulações.

## Referências

- [1] ANDRADE, J. B.; ROCHA, F. A.; RODRIGUES, P.; ROSA, G. S.; FARIA, L. D. B.; VON ZUBEN, C. J.; ROSSI, M. R.; GODOY, W. A. C. Larval dispersal and predation in experimental populations of *Chrysomya albiceps* and *Cochliomyia macellaria* (Diptera: Calliphoridae). **Mem. Inst. Oswaldo Cruz**, v. 97, p. 1137-1140, 2002.
- [2] ARNALDOS, M. I.; ROMERA, E.; PRESA, J. J.; LUNA, A.; GARC, M. D. Studies on seasonal arthropod succession on carrion in the southeastern Iberian Península. **Int. J. Legal Med.**, v. 118, p. 197-205, 2001.
- [3] BASSANEZI, R. C.; LEITE, M. B. F.; GODOY, W. A. C.; VON ZUBEN, C. J.; VON ZUBEN, F. J.; REIS, S. F. Diffusion model applied to postfeeding larval dispersion in blowflies (Diptera: Calliphoridae). **Mem Inst Oswaldo Cruz**, v. 92, p. 281-286, 1997.
- [4] BOLDRINI, J. L.; BASSANEZI, R. C.; MORETTI, A. C.; VON ZUBEN, C. J.; GODOY, W. A. C.; VON ZUBEN, F. J.; REIS, S. F. Non-local interactions and the dynamics of dispersal in immature insects. **J Theor Biol.**, v. 185, p. 523-531, 1997.
- [5] CARVALHO, L. M. L.; LINHARES, A. X.; TRIGO, J. R. Determination of drug levels and effects of diazepam on the growth of necrophagous flies of forensic importance in southeastern Brazil. **Forensic Sci Int.**, v. 120, p. 140-144, 2001.
- [6] CARVALHO, L. M. L.; THYSSEN, P. J.; GOFF, M. L.; LINHARES, A. X. Observations on the Succession Patterns of Necrophagous Insects on a Pig Carcass in an Urban Area of Southeastern Brazil. **Aggr. Int. J. For. Med. Tox**, v. 5, p. 33-39, 2004.
- [7] EBER, S.; BRANDL, R. Metapopulation dynamics of the tephritid fly *Urophora cardui*: an evaluation of incidence-function model assumptions with field data. **J Anim Ecol**, v. 65, p. 621-630, 1996.
- [8] DIAS, J.S.; BARRETO, J.M. Algoritmo genético: inspiração biológica na solução de problemas - uma introdução. **Rev. Marit. bras.**, v. 11 (supl.), p. 105-128, 1998.

- [9] FARIA, L.D.B.; ORSI, L.; TRINCA, L.A.; GODOY, W.A.C. Larval predation by *Chrysomya albiceps* on *Cochliomyia macellaria*, *Chrysomya megacephala* and *Chrysomya putoria*. **Entomol. Exp. Appl.**, v. 90, p. 149-155, 1999.
- [10] FARIA, L. D. B.; GODOY, W. A. C.; REIS, S. F. Larval predation on different instars in blowfly populations. **Braz. Arch. Biol. Technol.**, v. 47, p. 887-894, 2004.
- [11] FARIA, L. D. B.; TRINCA, L. A.; GODOY, W. A. C. Cannibalistic behavior and functional response in *Chrysomya albiceps* (Diptera: Calliphoridae). **J. Insect. Behav.**, v. 17, p. 251-261, 2004.
- [12] FELSENSTEIN, J. Theoretical evolutionary genetics. Seattle: **University of Washington Press**, 1994.
- [13] GAINES, S. D.; BERTNESS, M. The dynamics of juvenile dispersal: why field ecologists must integrate. **Ecology**, v. 74, p. 2430-2435, 1993.
- [14] GODOY, W. A. C.; REIS, S. F.; VON ZUBEN, C. J.; RIBEIRO, O. B. Population dynamics of *Chrysomya putoria* (Diptera: Calliphoridae). **J. App. Entomol.**, v. 116, p. 163-169, 1993.
- [15] GODOY, W. A. C.; FOWLER, H. G.; VON ZUBEN, C. J.; ZITI, L.; RIBEIRO, O. B. Larval dispersion in *Chrysomya megacephala*, *Chrysomya putoria* and *Cochliomyia macellaria* (Diptera: Calliphoridae). **J. App. Entomol.**, v. 119, p. 263-266, 1995.
- [16] GODOY, W. A. C.; VON ZUBEN, C. J.; REIS, S. F. Larval dispersal in *Chrysomya megacephala*, *Chrysomya putoria* and *Cochliomyia macellaria* (Dipt., Calliphoridae): ecological implications of aggregation behaviour. **J. App. Entomol.**, v. 120, p. 423-426, 1996.
- [17] GODOY, W. A. C.; VON ZUBEN, F. J.; VON ZUBEN, C. J.; REIS, S. F. Spatio-temporal dynamics and transition from asymptotic equilibrium to bounded oscillations in *Chrysomya albiceps* (Diptera, Calliphoridae). **Mem. Inst. Oswaldo Cruz**, v. 96, p. 627-634, 2001

- [18] GOMES, L.; VON ZUBEN, C. J.; SANCHES, M. R. Study of postfeeding larval radial dispersal in *Chrysomya megacephala* (Fabricius) (Diptera, Calliphoridae). **Rev. Bras. Entomol.**, São Paulo, v. 47, n. 2, 2003.
- [19] GOMES, L.; GODOY, W. A. C.; VON ZUBEN, C. J. A review of postfeeding larval dispersal in blowflies: implications for forensic entomology. **Naturwissenschaften**, v. 93, p. 207-215, 2006.
- [20] GRASSBERGER, M.; FRIEDRICH, E.; REITER, C. The blowfly *Chrysomya albiceps* (Wiedemann) (Diptera: Calliphoridae) as a new forensic indicator in Central Europe. **Int. J. Legal Med.**, v. 117, p. 75-81, 2003.
- [21] GROSKO, A. P.; GORSKI, J. R.; DIAS, J. S. **Algoritmo genético**: revisão histórica e exemplificação. Cascavel. Pontifícia Universidade Católica do Paraná, 2006.
- [22] HAUPT, R. L.; HAUPT, S. E. **Practical genetic algorithms**. EUA: John Wiley & Sons, EUA, 2004.
- [23] LEISS, K. A.; KLINKHAMER, P. G. L. Spatial distribution of nectar production in a natural *Echium vulgare* population: Implications for pollinator behaviour. **Basic Appl. Ecol.**, v. 6, p. 317-324, 2005.
- [24] MELANIE, M. **An introduction to genetic algorithms**. Cambridge: The MIT Press, 1998.
- [25] MERCADO-HERNANDEZ, R.; FERNANDEZ-SALAS, I.; VILLARREAL-MARTINEZ, H. Spatial distribution of the larval indices of *Aedes aegypti* in Guadalupe, Nuevo Leon, Mexico, with circular distribution analysis. **J. Am. Mosq. Control Assoc.**, v. 19, p. 15-18, 2003.
- [26] MITCHELL, M. **An introduction to genetic algorithms**. Cambridge: The MIT Press, 1996.
- [27] MORAVIE, M. A.; BORER, M.; BACHER, S. Neighbourhood of host plants influences oviposition decisions of a stem-boring weevil. **Basic Appl. Ecol.**, v. 7, p. 545-554, 2006.

- [28] NEUMANN, J. V. **Theory of self-reproducing automata**, A. W. Burks, Ed. Urbana, IL: Univ. of Illinois Press, 1966.
- [29] REIGADA, C.; GODOY, W. A. C. Dispersal and predation behavior in larvae of *Chrysomya albiceps* and *Chrysomya megacephala* (Diptera: Calliphoridae). **J. Ins. Beh.**, v. 18, p. 543-555, 2005.
- [30] ROSA, G. S.; CARVALHO, L. R.; REIS, S. F.; GODOY, W. A. C. The dynamics of intraguild predation in *Chrysomya albiceps* wied. (Diptera: Calliphoridae): interactions between instars and species under different abundances of food. **Neotrop. Entomol.**, v. 35, p. 775-780, 2006.
- [31] ROHANI, T; MIRAMONTES, O. Immigration and the persistence of chaos in population models. **J. Theor. Biol.**, v. 175, p. 203-206, 1995.
- [32] SERRA, H.; SILVA, I. C. R.; MANCERA, P. F. A.; FARIA, L. D. B.; VON ZUBEN, C. J.; VON ZUBEN, F. J.; REIS, S. F.; GODOY, W. A. C. Stochastic dynamics in exotic and native blowflies: an analysis combining laboratory experiments and a two-patch metapopulation model. **Ecol. Res.**, v. 22, n. 4, p. 686-695, 2007.
- [33] SMITH, K. G. V. **A manual of forensic entomology**. New York: Cornell University Press, 1986.
- [34] ZORZENON, R.M.S.; PINHO, S.T.R.; FERREIRA, C.P; SILVA, P.C.A. On the study of the dynamic aspects of parasitemia in the blood cycle of malaria. **Eur. Phys. J. Spec. Top.**, v. 143, p. 125-134, 2007.
- [35] WELLS, J. D.; GREENBERG, B. Rates of predation by *Chrysomya rufifacies* (Macquart) on *Cochliomyia macellaria* (Fabr.) (Diptera: Calliphoridae) in the laboratory: effect of predator and prey development. **Pan-pac. Entomol.**, v. 68, p. 12-14, 1992.
- [36] WELLS, J. D.; GREENBERG, B. Laboratory interaction between introduced *Chrysomya rufifacies* and native *Cochliomyia macellaria* (Diptera: Calliphoridae). **Env. Entomol.**, v. 21, p. 640-645, 1992.

- [37] WELLS, J. D.; GREENBERG, B. Interaction between *Chrysomya ruffacies* and *Cochliomyia macellaria* (Diptera: Calliphoridae): the possible consequences of an invasion. **Bull. Entomol. Res.**, v. 82, p. 133-137, 1992.
- [38] WELTER, R; POSTAL, A.; CASTRO, J. P. **Módulo resolvidor de autômatos finitos para um ambiente de apoio ao ensino de teoria da computação utilizando algoritmos genéticos**. Encontro Paranaense de Computação, 2005.
- [39] WHITLEY, D. **A genetic algorithm tutorial**. Fort Collins: Springer Science + Business Media B.V., Formerly Kluwer Academic., p. 65-85, 1994.