

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL
INSTITUTO DE FÍSICA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FÍSICA

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO

**Um predador e duas presas: coexistência de pumas,
guanacos e ovelhas na Patagônia**

Jhordan Silveira de Borba

Orientador: Sebastián Gonçalves

2023

Jhordan Silveira de Borba

**Um predador e duas presas: coexistência de pumas,
guanacos e ovelhas na Patagônia**

Dissertação submetida ao Programa de Pós-Graduação em Física do Instituto de Física da UFRGS, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Física.

Universidade Federal do Rio Grande do Sul – UFRGS

Instituto de Física

Programa de Pós-Graduação em Física

Orientador: Sebastián Gonçalves

Porto Alegre

2022

*“En la lucha de clases
Todas las armas son buenas
Piedras
Noches
Poemas
(Paulo Leminski)*

Resumo

O ecossistema considerado neste estudo é resultado de uma longa sequência de eventos históricos e ecológicos. A fauna nativa da Patagônia é composta por sobreviventes de cinco grandes processos de extinção, dentre os quais destacam-se o puma e o guanaco, os maiores mamíferos nativos. Soma-se a estes a ovelha, introduzida por imigrantes europeus. Este conjunto de animais formam uma rede trófica simples com um predador e duas presas competindo na estepe da Patagônia. Para os fazendeiros, os guanacos e os pumas são costumeiramente identificados como inimigos de seus interesses econômicos, sendo assim alvos de constante remoção através da caça. Nas últimas décadas houve um aumento significativo no desenvolvimento de novos modelos baseados em equações na biologia e em particular na ecologia. Mais do que poder de predição, os cientistas estão interessados na capacidade de sistematizar hipóteses e elucidar o comportamento destes sistemas complexos biológicos. Porém, devido à natureza não-linear e o elevado número de parâmetros que compõem cada modelo, explorar o espaço de parâmetros de forma exaustiva tem-se demonstrado um grande desafio. Outra forma modelar estes fenômenos é através de simulações computacionais. Nestes trabalhos é de prática comum implementar modelos baseados em autômatos celulares. As simulações desta natureza constituem em uma interessante ferramenta no qual podemos testar de maneira quantitativa alguns conceitos qualitativos da ecologia. Com o objetivo de superar alguns desafios e problemas na área de ecologia matemática, e melhorar a compreensão do ecossistema da Patagônia Argentina, este trabalho junto de um modelo baseado em equações propôs novas formas de explorar este modelo utilizando redes neurais e uma generalização de gráficos ternários. Tomando vantagem da simplicidade do perceptron, foi possível atribuir uma interpretação direta para o peso de cada neurônio treinado: a influência de cada um dos parâmetros para a sobrevivência ou extinção de cada uma das espécies. Já através da generalização do gráfico ternário foi possível visualizar de maneira rápida e conveniente como o sistema responde a diferentes variações de todos os 5 parâmetros que o constituem em uma única representação gráfica. Por fim, foi realizada uma modelagem baseada em agentes inspirada nos autômatos celulares onde as regras de interação implementadas foram obtidas através de uma interpretação probabilística do modelo baseado em equações. A correspondência quantitativa dos resultados reforça a interpretação dada ao modelo proposto inicialmente e também valida o modelo baseado em agentes, abrindo novas caminhos para avançar o trabalho futuro devido ao enorme teto que este tipo de modelagem apresenta. Desta forma, espera-se que o presente trabalho possa contribuir para o desenvolvimento da área.

Palavras-chave: ecologia matemática. modelo baseado em agente. sistema de duas presas-um predador. aprendizado de máquina.

Abstract

The ecosystem considered in this study is the result of a long sequence of historical and ecological events. The native fauna of Patagonia is composed of survivors of five major extinction processes, among which stand out the puma and the guanaco, the largest native mammals. Added to these is the sheep, introduced by European immigrants. This set of animals forms a simple trophic network with one predator and two prey competing in the Patagonian steppe. For ranchers, guanacos and pumas are often identified as enemies of their economic interests and are thus targets for constant removal through hunting. In recent decades there has been a significant increase in the development of new equation-based models in biology and in particular ecology. More than predictive power, scientists are interested in the ability to systematize hypotheses and elucidate the behavior of these complex biological systems. However, due to the nonlinear nature and the large number of parameters that make up each model, exploring the parameter space exhaustively has proven to be a great challenge. Another way to model these phenomena is through computer simulations. In these works it is common practice to implement models based on cellular automata. Simulations of this nature are an interesting tool in which we can quantitatively test some qualitative concepts of ecology. In order to overcome some challenges and problems in the area of mathematical ecology, and to improve the understanding of the ecosystem of the Argentine Patagonia, this work together with an equation-based model proposed new ways to explore this model using neural networks and a generalization of ternary graphs. Taking advantage of the simplicity of the perceptron, it was possible to assign a direct interpretation to the weight of each trained neuron: the influence of each parameter on the survival or extinction of each species. Through the generalization of the ternary graph it was possible to quickly and conveniently visualize how the system responds to different variations of all five parameters that constitute it in a single graphical representation. Finally, an agent-based modeling inspired by cellular automata was performed, where the implemented interaction rules were obtained through a probabilistic interpretation of the equation-based model. The quantitative correspondence of the results reinforces the interpretation given to the initially proposed model and also validates the agent-based model, opening new avenues to advance future work due to the enormous ceiling that this type of modeling presents. Thus, it is hoped that the present work can contribute to the development of the field.

Keywords: mathematical ecology. agent-based model. two-prey-one-predator system. machine learning.

Sumário

1	INTRODUÇÃO	6
2	MODELOS	11
2.1	Modelagem Baseada em Equações	15
2.1.1	Outros modelos	18
2.2	Modelagem Baseada em Agentes	21
3	FERRAMENTAS AUXILIARES	26
3.1	Gráfico Ternário	26
3.2	Perceptron	32
3.2.1	Treinamento	34
4	RESULTADOS	37
4.1	Equilíbrios	37
4.2	Diagramas de coexistência	39
4.3	Diagramas de coexistência via perceptron	46
4.4	Modelagem baseada em agentes	53
5	CONCLUSÕES	55
	REFERÊNCIAS	63
	APÊNDICES	65
	APÊNDICE A – ESTRUTURA DO MBA	66
	APÊNDICE B – ANÁLISE NO ENTORNO DO PONTO DE EQUILÍBRIO	69
	APÊNDICE C – PONTOS DE EQUILÍBRIO QUE NÃO APARECEM NO GRÁFICO	74

1 Introdução

Há registros da coexistência de humanos e guanacos (*Lama guanicoe*) na Patagônia argentina por mais de 13000 anos. Durante quase a totalidade deste período a convivência ocorreu sem que a população de guanaco se contraísse. Mais especificamente, há registros de coexistência sustentável entre os guanacos e caçadores Tehuelches até a chegada dos imigrantes europeus (LAGUNA et al., 2015).

Este ecossistema começou a ser drasticamente alterado a partir dos anos 1880 quando o exército Argentino exterminou ou expulsou os caçadores nativos de suas terras durante o que ficou conhecido como Conquista do Deserto ou “Wingka Malón”. A partir deste momento, as estepes argentinas foram divididas em fazendas privadas formando um enorme sistema de grade com cercas onde 95% das terras foram destinadas a ovinocultura, isto é, a criação de ovelhas (*Ovis aries*) para fins comerciais. Para esses fazendeiros, os guanacos representam um formidável competidor frente as ovelhas, na busca por forragem, tornando-se um inimigo a ser combatido (LAGUNA et al., 2015).

De uma dieta de 80 espécies de plantas, ovelhas e guanacos compartilham 76, desta forma ambas espécies competem principalmente por forragem e água. Em condições naturais o guanaco é um competidor superior, fato que pode ser observado quando estes deslocam as ovelhas de fontes de águas, sejam estas fontes naturais ou artificiais. Mas, como as ovelhas patagônicas contam com a proteção humana, o que se observa é uma diminuição da população de guanacos à medida que a população de ovelhas aumenta. Esta é uma fonte de conflitos entre a preservação das espécies e atividades produtivas (Daza C. et al., 2019).

Assim, a interação entre guanacos e ovelhas é afetada pelas decisões dos fazendeiros quanto ao gerenciamento de seus campos. Os cenários possíveis vão desde a coexistência da vida selvagem com as ovelhas, em densidades destas que não são prejudiciais para o eco-sistema e que possibilita a rápida e total recuperação se assim for desejado, até o extremo em que o lucro de curto prazo é colocado acima de uma produção de longo prazo, criando um ciclo negativo. O ciclo negativo ocorre da seguinte forma: a medida que o campo se deteriora o lucro diminui e o fazendeiro aumenta a densidade de ovelhas para tentar manter o lucro anterior, o que causa uma deterioração ainda maior no campo, reiniciando o ciclo. O resultado final é o colapso do sistema produtivo e o abandono do campo quando não possui mais capacidade de sustentar herbívoros nativos. Este é um cenário frequente e que levou a o decréscimo considerável de guanacos e outros herbívoros na Patagônia (LAGUNA et al., 2015).

O ecossistema considerado neste estudo é resultado de uma longa sequência de

eventos históricos e ecológicos. A fauna nativa da Patagônia é composta por sobreviventes de cinco grandes processos de extinção, dentre os quais destacam-se o puma e o guanaco, os maiores mamíferos nativos. Junto com a ovelha, introduzida por imigrantes europeus, este conjunto de animais formam uma rede trófica simples com um predador e duas presas competindo na estepe da Patagônia (LAGUNA et al., 2015):

- *Puma concolor*: o puma, carnívoro e predador natural da região;
- *Lama guanicoe*: o guanaco, herbívoro nativo e que é predado pelo puma;
- *Ovis aries*: a ovelha, herbívoro introduzido pelo homem, competidor do guanaco e presa do puma.

É importante lembrar que o que ocorre não é uma competição apenas entre as espécies (ainda que por simplicidade seja utilizada esta expressão no decorrer do trabalho), as ovelhas são fruto da atividade pecuária humana, e contam com sua proteção a seu favor. Seja com a caça deliberada de guanacos e pumas, com a proteção via cães de guarda ou quaisquer outros métodos que os fazendeiros encontraram para proteger seu rebanho. Se naturalmente com a deterioração do ambiente e conseqüente desertificação do mesmo, a superioridade do guanaco se sobressairia, pois são melhores adaptados ao ambiente, este processo natural costuma ser alterado a favor das ovelhas com o aumento da caçada humana por guanacos, uma vez que os fazendeiros querem maximizar os escassos recursos para a produção. Períodos de seca catalisam crises socioambientais, chegando a destruir a capacidade da região de suportar tanto a atividade pecuária quanto a vida selvagem.

Por sua vez, os pumas são alvos de permanente remoção dos fazendeiros. Esta prática é vista como uma garantia de redução dos custos de produção. Apesar de os guanacos terem sido a presa natural por milhares de anos, o fato de terem convivido e evoluído junto com os pumas os tornaram significativamente mais adaptados do que as ovelhas para fugir de seu predador natural. Desta forma, as ovelhas apresentam um custo energético reduzido para serem rastreadas e predadas, tornando-se assim a presa preferencial dos pumas.

Nas últimas décadas houve um aumento significativo no desenvolvimento de novos modelos baseados em equações (*equation based models* - EBM) na biologia e em particular na ecologia. Mais do que poder de predição, usualmente os cientistas estão interessados na capacidade de sistematizar hipóteses e elucidar o comportamento destes sistemas complexos biológicos (KUPERMAN et al., 2019).

Uma classe popular de modelos desenhados com esta finalidade são os modelos de campo médio, isto é, modelos que buscam simplificar um fenômeno observado substituindo diversas interações por uma interação média. Modelos de campo médio podem ser vistos nos

trabalhos de [Kuperman et al. \(2019\)](#), [Laguna et al. \(2015\)](#) e [Daza C. et al. \(2019\)](#). Porém, devido à natureza não-linear e o elevado número de parâmetros que compõem cada modelo, explorar o espaço de parâmetros de forma exaustiva torna-se um grande desafio. Em face desta dificuldade, uma prática comum é resolver numericamente o sistema de equações para um conjunto de parâmetros que resulta em um estado de equilíbrio de interesse (por exemplo, quando todos os animais coexistem) e então através de novas soluções numéricas analisar como o sistema responde à variação de apenas 1 ou 2 parâmetros considerados mais relevantes, ainda que o sistema chegue a possuir quase 10 parâmetros no total. Como consequência desta metodologia, o espaço de parâmetros é explorado apenas em uma pequena região, levando a uma compreensão limitada do modelo proposto.

Há ainda outro tipo de trabalhos, de caráter mais matemático, que utilizando uma abordagem analítica, se propõem a provar a existência de determinadas propriedades da solução do sistema, ou em analisar a estabilidade dos pontos de equilíbrio ([ELETREBY, 2009](#); [XU](#); [HUANG](#); [SONG, 2022](#); [KOLPAK](#); [GORYNYA, 2018](#)). Devido a própria natureza das propostas destes trabalhos, os resultados obtidos em um primeiro momento muitas vezes são mais interessantes de um ponto de vista matemático do que ecológico. Além disso, para que os métodos aplicados sejam capazes de obter resultados analíticos, os modelos propostos costumam ser mais simples do que os propostos quando se adota a abordagem numérica citada previamente.

Além de equações matemáticas, uma outra forma modelar estes fenômenos é através de simulações computacionais. Os trabalhos de [Laguna et al. \(2015\)](#) e [Daza C. et al. \(2019\)](#) também empregam modelos desta natureza. Nestes trabalhos, os autores implementam modelos baseados em autômatos celulares (*cellular automata* - CA). Autômatos celulares basicamente constituem uma grade de células, onde cada célula está em um estado possível dentro de um conjunto finito de estados. O estado desta célula é atualizado a cada passo baseada em um conjunto de regras de transição que levam em conta tanto o estado da própria célula quanto o estado das células vizinhas ([PHIPPS, 1992](#)).

Simulações desta natureza constituem em uma interessante ferramenta no qual podemos testar de maneira quantitativa alguns conceitos qualitativos da ecologia. Isto acontece pois podemos descrever e modelar de maneira direta as regras de interação entre diferentes indivíduos ou entre meta-populações. Meta-populações representam um conjunto de indivíduos da mesma espécie, em lugar de apenas um indivíduo e que interagem entre grupos; ou seja é uma representação mesoscópica, intermediária entre a microscópica (indivíduo) e a de campo médio (equações diferenciais de população total).

Com o objetivo de superar alguns desafios e problemas na área de ecologia matemática, e melhorar a compreensão do ecossistema da Patagônia Argentina, este trabalho utilizou algumas ferramentas já empregadas na área, além de propor novas, como descrito a seguir:

- Propomos um modelo simplificado para a dinâmica de interação ecológica das espécies puma, guanaco e ovelha da Patagônia Argentina, visando explorar o espaço de parâmetros de forma exaustiva, porém mantendo os principais elementos dos modelos mais complexos, nos quais o espaço de parâmetros foi explorado de forma limitada.
- Quais espécies sobrevivem quando o sistema atinge o estado de equilíbrio é uma questão mais relevante de que como o sistema evolui até esse ponto. Esse é um dos objetivos principais desta tese de mestrado.
- Usaremos redes neurais e uma generalização de gráficos ternários como ferramentas fundamentais para conseguir uma compreensão global dos modelos propostos.

Em suma, o presente trabalho tem como objetivo geral propor um modelo simplificado do ecossistema da Patagônia Argentina para investigar de forma ampla seu espaço de parâmetros, mostrando que o modelo simplificado apresenta as principais características dos modelos mais sofisticados.

Esse objetivo geral abrange os seguintes objetivos específicos:

- Propor a generalização dos chamados gráficos ternários como ferramenta que ajude a visualizar o comportamento do modelo no espaço de parâmetros.
- Utilizar redes neurais artificiais para ajudar a investigar a influência quantitativa de cada parâmetro em cada espécie no modelo simplificado proposto.
- Mostrar que os principais comportamentos exibidos por sistemas mais complexos são reproduzidos pelo modelo simplificado.
- Propor um modelo de meta-populações com regras de interação tais que apresente o mesmo comportamento quantitativo que o modelo de campo médio (e conseqüentemente analisar a relação entre regras das duas abordagens, meta-populações e campo médio).

Propõe-se então um modelo simplificado de três espécies (puma, guanaco e ovelha) inspirado na Patagônia na Argentina, baseado no trabalho de [Laguna et al. \(2015\)](#), com menos parâmetros para poder explorar exaustivamente o espaço dos mesmos, porém mantendo os comportamentos chave do modelo original. Paralelamente, propomos ferramentas analíticas e numéricas que permitam uma compreensão mais profunda do comportamento do sistema.

O desenvolvimento dos modelos podem ser vistos no capítulo 2, que divide-se entre a modelagem baseada em equações e a modelagem baseada em agentes. Dois novos

métodos não usuais propostos são apresentados no capítulo 3, além de uma discussão sobre a análise da estabilidade em torno do ponto do equilíbrio. A dissertação se encerra com o capítulo 5 que também divide-se entre apresentar os principais resultados obtidos neste trabalho e realizar uma discussão final sobre os mesmos. Os apêndices complementam o trabalho trazendo uma visão um pouco mais detalhada da estrutura do modelo baseado em agentes que foi implementado, uma análise mais matemática de alguns pontos de equilíbrio e uma rápida revisão de análise de estabilidade no entorno de um ponto de equilíbrio para um sistema não-linear.

2 Modelos

Um modelo é sempre uma abstração da realidade, ou seja, uma representação simplificada que preserva uma equivalência adequada para determinadas situações de forma que pode ser vista como uma visão substitutiva da realidade para facilitar o raciocínio (SILVA, 2006 apud GOLDBARG; LUNA, 2000).

A eficiência de um modelo depende da correta tradução da realidade para o modelo no ato de modelar, que por sua vez, é exatamente o ato de simular a realidade através de modelos. É por isto que é importante pensar no modelo antes do próprio ato de modelagem começar, identificar as variáveis relevantes para o problema que será abordado e definir a linguagem que será utilizada, pois a elaboração do modelo depende destes pontos cruciais (SILVA, 2006). Como um modelo é uma simplificação da realidade, é possível que uma mesma realidade seja modelada de diferentes formas, já que nenhum modelo é a realidade em si, temos como exemplo a forma mais tradicional de modelagem científica de processos dinâmicos: equações diferenciais (*equation based modeling* - EBM).

Outra forma de modelar que tem se tornado cada vez mais popular é a modelagem baseada em agentes (*agent based model* - ABM). Esta é uma forma de modelagem computacional na qual a dinâmica de um sistema complexo (social, biológico, etc) é representada em termos dos agentes e suas interações. Os agentes por suas vezes são indivíduos computacionais autônomos que possuem propriedades e regras de comportamento que regem sua interação com outros agentes e com o ambiente.

Sistemas complexos são definidos como sistemas compostos de múltiplos elementos individuais que interagem entre si e apresentam um comportamento que não pode ser previsto a partir dos próprios elementos (WILENSKY; RAND, 2015). Como resultado das interações entre os elementos distribuídos surge então um “fenômeno emergente”, característico de sistemas complexos. Por sua vez, o fenômeno emergente possui duas características essenciais: A primeira é que as estruturas que emergem não podem ser deduzidas apenas das propriedades dos elementos, pois surgem da interação entre eles, ou seja, são propriedades do sistema e não dos elementos que o compõe. E a segunda característica é a auto-organização, isto é, o fenômeno surge espontaneamente sem a presença de um coordenador central. A emergência pode ser compreendida como o processo que mantém esta estrutura.

A ideia central da modelagem baseada em agentes é que a maioria dos fenômenos do mundo real podem ser efetivamente modelados com agentes, um ambiente e uma descrição das interações agente-agente e agente-ambiente. O objetivo deste tipo de modelagem é criar agentes e regras que gerem o comportamento desejado. Uma vez criado, estes sistemas

podem então serem usados para obter um melhor entendimento do fenômeno modelado através da experimentação de diferentes regras e propriedades visando testar diferentes hipóteses.

Wilensky e Rand (2015) cita 8 principais usos para um modelo baseado em agentes:

- Descrição: descreve de maneira simplificado um sistema do mundo real;
- Esclarecimento: aponta os principais mecanismos em um fenômeno;
- Experimentação: pode ser executado repetidamente, onde pode-se variar os parâmetros para ver seus efeitos no comportamento do sistema como um todo e na sua saída;
- Prever fontes de analogia: é possível encontrar similaridades com outras simplificações, ainda que modelem fenômenos aparentemente muito diferentes;
- Comunicação/educação: pode ser usados para permitir que pessoas explorem e entendam melhor determinados fenômenos sem necessidade de que domine todos os detalhes do modelo, facilitando o aprendizado;
- Prover peças centrais para o diálogo científico: também chamado de 'um objeto com que pensar', quando comparado com modelos textuais elimina ambiguidades de interpretação, possibilitando discutir quais mecanismos são importantes para gerar determinado comportamento através da remoção ou adição de mecanismos de maneira mais objetiva;
- Experimento mental: não precisa necessariamente representar um fenômeno do mundo real, pode se restringir a um experimento mental;
- Predição: a partir da descrição de padrões passados, espera-se ser possível explicar padrões futuros que possam surgir.

Resulta por tanto ser natural compararmos ambas as estratégias de modelagem, EBM e ABM. Uma diferença importante é que ABM pode modelar populações heterogêneas com facilidade enquanto EBM parte geralmente da hipótese de homogeneidade (*mean field*), e em muitas áreas a heterogeneidade possui um papel central. Da mesma forma que o ABM pode ser utilizada para modelar interações complexas entre agentes, também pode ser utilizado para modelar interações complexas entre agentes e o ambiente onde o ambiente é representado por agentes estacionários. Este é um caso que pode ser encontrado quando utilizamos ferramentas de modelagem baseada em agentes para modelarmos autômatos celulares. Assim, além da ABM ser indicada para situações em que temos heterogeneidade entre os agentes, também é indicada quando há um ambiente heterogêneo.

Outra vantagem é que enquanto para modelar com equações precisamos ter um bom conhecimento fenomenológico dos mecanismos internos do sistema de interesse, em ABM precisamos apenas das regras a nível de indivíduos, o que geralmente é mais direto de se obter. Um grande risco no processo de modelagem como um todo é modelarmos os efeitos e não as causas (SILVA, 2006 apud MATURANA; J, 1997), pela natureza de abordagem mais direta a nível individual da ABM, partimos exatamente da ideia de modelar estas interações para que o fenômeno emergente de nosso interesse seja então o resultado do nosso sistema, permitindo então que naturalmente nos foquemos na causa para entendermos o efeito. Os resultados do ABM também são mais detalhados uma vez que as saídas não são apenas a nível do sistema, mas também a nível individual. Outra diferença bastante óbvia é que ABM representa resultados com indivíduos de forma naturalmente discreta e frequentemente com flutuações (quando se inclui probabilidades) enquanto EBM fornece uma representação contínua e sem ruído do mesmo sistema.

A modelagem baseada em agentes também possui uma concepção de tempo mais rica quando comparado com outras técnicas de modelagem, pois nos permite observar os indivíduos interagindo ao longo do tempo. Porém como qualquer modelo, há situações em que o custo de construir uma ABM excede seus benefícios. De maneira geral se o problema envolve um largo número de agentes homogêneos, será possível obter uma solução mais acurada e em menor tempo usando uma solução como campo médio, logo podemos considerar melhor modelado por esta categoria de modelos.

Quanto ao custo computacional, há uma relação de custo benefício semelhante a outras formas de modelagem: resultados mais detalhados são obtidos com modelos mais detalhados que exigem maior poder de processamento. Porém, de maneira geral ABM é computacionalmente mais pesado do que EBM, uma vez que estes últimos são relativamente simples, pois frequentemente consistem de um pequeno conjunto de equações que podem ser resolvidos numericamente, ou até mesmo, através da análise do sistema em torno dos pontos de equilíbrio.

Por fim, vale-se destacar que a modelagem baseada em agentes permite manter um histórico de interação entre os agentes, e este histórico pode servir para que o agente altere seus comportamentos e estratégias baseadas em eventos passados. Isto o torna uma ferramenta muito útil quando se modela interações complexas de agentes adaptativos. Devido a forma em que os ABM são construídos, novas regras de interação podem ser adicionadas, removidas ou alteradas com relativa facilidade.

Como pode-se perceber, modelagem baseada em agentes é mais um conceito para a construção de um modelo que uma ‘receita’. E a escolha entre ABM e EBM depende de o que e como queremos modelar, não há um método intrinsecamente superior ao outro. De maneira geral, pode-se dizer que a modelagem baseada em agentes é uma modelagem que utiliza agentes, que por sua vez são um tipo de inteligência artificial, de forma que é

importante ter um pouco de familiaridade com estes conceitos e outros correlatos.

Inteligência artificial é o único campo a tentar construir sistemas que funcionarão de forma autônoma em ambientes complexos, assim podemos definir inteligência artificial como o estudo de sistemas que recebem entradas do ambiente e executam ações para retornar alguma saída de forma autônoma (SILVA, 2006). Entre teorias existentes que são utilizadas dentro de inteligência artificial, podemos mencionar especialmente o aprendizado de máquina.

Agentes autônomos (SILVA, 2006 apud MAES, 1997) são uma abordagem no estudo de IA fortemente inspirado pela biologia. Um agente nada mais é que um sistema que através de sensores consegue perceber o ambiente e agir sob o mesmo, e é autônomo uma vez que suas operações são realizadas sem a interferência do usuário. O sistema que forma o agente de maneira geral pode ser constituído de *software* e *hardware* permitindo que o sistema manipule um ambiente real.

E por fim, temos que um sistema multiagente (*multiagent system* - MAS) é uma aplicação de agentes, onde tem-se vários agentes, do mesmo ou diferentes tipos, que trabalham de forma colaborativa pra completar uma tarefa ou resolver um problema. Uma característica importante é que compartilham de um mesmo ambiente, sendo necessário então um *framework* que permita a comunicação e coordenação entre os agentes.

Uma simulação construída através da ABM (ainda chamado de *agent based modelling and simulation* - ABMS) é um sistema multiagente em um ambiente simulado com um tempo virtual (BAZZAN, 2018). Dessa forma dentro da nossa modelagem o sistema do agente é constituído apenas de *software*, sendo apenas um programa, um agente de existência virtual que percebe e opera sobre um ambiente igualmente virtual. Aqui podemos destacar ainda que apesar de se sobreporem muitas vezes, MAS e ABMS tradicionalmente são discutido na literatura sob diferentes enfoques (ROCHA; BOAVIDA-PORTUGAL; GOMES, 2017). O objetivo da ABM costumeiramente é entender alguma propriedade emergente que surge do comportamento coletivo do agentes, sendo mais usado em ciências, enquanto MAS tem o objetivo de resolver algum problema em particular sendo mais comumente utilizado nas engenharias. Devido a enorme variedade de aplicações, na literatura ainda podemos encontrar outros nomes para modelos construídos através da ABM dependendo muitas vezes do enfoque como por exemplo *agent-based simulation* e *agent-based systems* que possuem a mesma abreviatura (ABS), *agent-based social simulation* (ABSS) que ainda é sub-dividido em três categorias - *social aspects of agent systems* (SAAS), *multi-agent based simulation* (MABS) e *social simulation* (SocSim)- além do próprio MAS que aparece também como sinônimo em parte da literatura (ROCHA; BOAVIDA-PORTUGAL; GOMES, 2017).

Ainda vale destacar a importância do conhecimento de alguns princípios básicos para uma boa modelagem. É comum a necessidade de um conhecimento matemático, pois

para uma modelagem computacional precisamos abstrair matematicamente o sistema que queremos modelar. Princípios físicos básicos podem ser considerados mesmo em simulações básicas assim como outros fenômenos naturais complexos que podem ser adicionados a depender da modelagem. E evidentemente, para o nosso estudo, se faz necessário ter conhecimento de princípios ecológicos, uma vez que estamos tentando modelar um fenômeno de natureza ecológica, particularmente dinâmica de populações. Uma vez que o cientista responsável pela modelagem precisa trabalhar com observações da natureza que fogem do seu domínio principal, como este é o caso, passa-se a ser obrigatório apoiar-se em modelos já consolidado e consultar a literatura.

Uma vez que construímos um modelo satisfatório, um dos papéis mais importantes da modelagem é a simulação. Pois é através desta que podemos determinar o quanto ela se aproxima da realidade. A partir então do momento que temos um grau de fidelidade aceitável no aspecto que o modelo se propõe a modelar, podemos criar situações que são difíceis de serem observadas e estudadas no mundo, cumprindo então o objetivo de que o modelo possa a ser utilizada como ferramenta de tomada de decisão (BAZZAN, 2018).

2.1 Modelagem Baseada em Equações

Também inspirado pelo ecossistema da Patagônia argentina composto por ovelhas, guanacos e pumas, Laguna et al. (2015) propôs o seguinte sistema de equações para modelar a interação entre as espécies.

$$\begin{aligned}\dot{x}_1 &= c_1x_1(1 - D - x_1) - e_1x_1 - \mu_1x_1y \\ \dot{x}_2 &= c_2x_2(1 - D - x_1 - x_2) - e_2x_2 - \mu_2x_2y - c_1x_1x_2 \\ \dot{y} &= c_yy(x_1 + x_2 - x_1x_2 - y) - e_yy.\end{aligned}\tag{2.1}$$

O sistema de equações 2.1 é um modelo espacialmente implícito inspirado em meta-populações distribuídas em uma grade. Este é um modelo de metapopulação análogo ao modelo de Levins, desta forma, as variáveis x_1 e x_2 descrevem a porcentagem do espaço ocupado pelas presas, o guanaco e a ovelha, e y o predador, ou seja o puma. O sistema tem *nove* parâmetros descritos a seguir:

- $D \rightarrow$ descreve o grau de destruição espacial do ecossistema, sendo 0 a total ausência da destruição e 1 a total destruição.
- $c_j \rightarrow$ taxa de colonização de novas regiões pela espécie j .
 - Este parâmetro é reaproveitado para regular a pressão exercida pelo competidor superior sobre o inferior.

- $e_j \rightarrow$ taxa de extinção local da espécie j .
- $\mu_j \rightarrow$ taxa de predação do predador em relação a espécie j .

Este modelo surge como uma proposta de campo médio para a comparar com o modelo espacialmente explícito baseado em autômatos celulares proposto no mesmo trabalho. Desta forma, a interpretação dos parâmetros emerge desta analogia. Para descrever também um sistema de três espécies, [Abramson et al. \(2017\)](#) publicaram um artigo em 2017 com um modelo análogo ao sistema de equações 2.1, porém com um erro de digitação: a ausência do termo $c_y y^2$ na equação do predador. Isto nos inspirou a simplificar o sistema mantendo este termo fora. Ele representa a limitação no crescimento dos predadores competindo entre eles pelos recursos o que, na pratica, nunca acontece pois o crescimento da população de pumas fica limitado em ultima instância pela ação humana.

$$\begin{aligned}\dot{x}_1 &= c_1 x_1 (1 - D - x_1) - e_1 x_1 - \mu_1 x_1 y \\ \dot{x}_2 &= c_2 x_2 (1 - D - x_1 - x_2) - e_2 x_2 - \mu_2 x_2 y - c_1 x_1 x_2 \\ \dot{y} &= c_y y (x_1 + x_2 - x_1 x_2) - e_y y.\end{aligned}\tag{2.2}$$

Para explorar de maneira mais eficiente o sistema modelado pelo conjunto de equações, propomos ainda uma última simplificação novamente no predador, removendo também o termo $c_y x_1 x_2 y$. O modelo original de metapopulações descreve o processo de colonização de novas células pelos predadores só quando estão ocupadas por ovelhas ou guanacos. Como as presas podem ocupar a mesma célula ao mesmo tempo, é necessário descontar esse valor para que estas células não sejam contadas duas vezes. Abandonando a interpretação de metapopulações, este termo perde sua principal utilidade e se torna uma boa escolha para ser removido a fim de simplificarmos nosso sistema. Ficamos então com:

$$\begin{aligned}\dot{x}_1 &= c_1 x_1 (1 - D - x_1) - e_1 x_1 - \mu_1 x_1 y \\ \dot{x}_2 &= c_2 x_2 (1 - D - x_1 - x_2) - e_2 x_2 - \mu_2 x_2 y - c_1 x_1 x_2 \\ \dot{y} &= c_y y (x_1 + x_2) - e_y y.\end{aligned}\tag{2.3}$$

Quando rearranjamos 2.1 obtemos o seguinte sistema:

$$\begin{aligned}\dot{x}_1 &= (c_1 H - e_1) x_1 - c_1 x_1^2 - \mu_1 x_1 y \\ \dot{x}_2 &= (c_2 H - e_2) x_2 - c_2 x_2^2 - \mu_2 x_2 y - (c_2 + c_1) x_1 x_2 \\ \dot{y} &= c_y (x_1 + x_2) y - c_y y^2 - (e_y + x_1 x_2) y.\end{aligned}\tag{2.4}$$

Sendo $H = 1 - D$, ou seja, a fração do território que está disponível para a colonização das espécies. A simplificação imposta em 2.2 resulta na remoção do termo

logístico $c_y y^2$ no predador. Por sua vez, nossa simplificação torna o decréscimo na população de predadores linearmente proporcional à apenas sua própria população. Temos como resultado então:

$$\begin{aligned}\dot{x}_1 &= (c_1 H - e_1) x_1 - c_1 x_1^2 - \mu_1 x_1 y \\ \dot{x}_2 &= (c_2 H - e_2) x_2 - c_2 x_2^2 - \mu_2 x_2 y - (c_2 + c_1) x_1 x_2 \\ \dot{y} &= c_y (x_1 + x_2) y - e_y y.\end{aligned}\tag{2.5}$$

Ou ainda, utilizando uma notação mais sucinta:

$$\begin{aligned}\dot{x}_1 &= a_1 x_1 - c_1 x_1^2 - \mu_1 x_1 y \\ \dot{x}_2 &= a_2 x_2 - c_2 x_2^2 - \mu_2 x_2 y - \mu_{12} x_1 x_2 \\ \dot{y} &= a_y (x_1 + x_2) y - e_y y\end{aligned}\tag{2.6}$$

Os novos parâmetros são escritos em termos dos antigos parâmetros conforme podemos ver na tabela 1 . Além disso os novos parâmetros análogos aos antigos, podem ser interpretados

Tabela 1 – Relação entre os parâmetros

$a_1 = c_1 H - e_1$	$a_2 = c_2 H - e_2$	$a_y = c_y$
	$\mu_{12} = c_1 + c_2$	

como:

- $a_j \rightarrow$ taxa de reprodução da espécie j .
- $e_y \rightarrow$ taxa de extinção do predador.
- $\mu_j \rightarrow$ taxa de predação da presa j .
- $\mu_{12} \rightarrow$ taxa que regula a intensidade competição hierárquica entre as espécies.
- $c_j \rightarrow$ taxa que regula a intensidade da competição interespecífica da espécie j .

Os outros parâmetros permanecem com a mesma notação. Podemos ainda reduzir o sistema a equações adimensionais mantendo apenas os parâmetros livres relevantes. Aplicaremos quatro transformações de escala que levarão o sistema original a um sistema equivalente com apenas cinco parâmetros relevantes. A primeira transformação consiste em dividir o sistema por a_2 , notando que a transformação $\hat{t} = a_2 t$ é uma mudança na escala de tempo:

$$\begin{aligned}\frac{d}{d\hat{t}}x_1 &= \frac{a_1}{a_2}x_1 - \frac{c_1}{a_2}x_1^2 - \frac{\mu_1}{a_2}x_1 y \\ \frac{d}{d\hat{t}}x_2 &= x_2 - \frac{c_2}{a_2}x_2^2 - \frac{\mu_2}{a_2}x_2 y - \frac{\mu_{12}}{a_2}x_1 x_2 \\ \frac{d}{d\hat{t}}y &= \frac{a_y}{a_2}(x_1 + x_2)y - \frac{e_y}{a_2}y.\end{aligned}\tag{2.7}$$

Na sequência podemos então aplicar uma transformação em cada uma das variáveis independentes. Definindo $\hat{x}_j = \frac{a_y}{a_2}x_j$ e $\hat{y} = \frac{\mu_2}{a_2}y$:

$$\begin{aligned}\frac{d}{dt}\hat{x}_1 &= \frac{a_1}{a_2}\hat{x}_1 - \frac{c_1}{a_y}\hat{x}_1^2 - \frac{\mu_1}{\mu_2}\hat{x}_1\hat{y} \\ \frac{d}{dt}\hat{x}_2 &= \hat{x}_2 - \frac{c_2}{a_y}\hat{x}_2^2 - \hat{x}_2\hat{y} - \frac{\mu_{12}}{a_y}\hat{x}_1\hat{x}_2 \\ \frac{d}{dt}\hat{y} &= (\hat{x}_1 + \hat{x}_2)\hat{y} - \frac{e_y}{a_2}\hat{y}.\end{aligned}\tag{2.8}$$

Definindo novos parâmetros (Tabela 2) em termos das relações entre os anteriores, as equações ficam com seis parâmetros:

$$\begin{aligned}\frac{d}{dt}\hat{x}_1 &= a\hat{x}_1 - \frac{\hat{x}_1^2}{\kappa_1} - \mu\hat{x}_1\hat{y} \\ \frac{d}{dt}\hat{x}_2 &= \hat{x}_2 - \frac{\hat{x}_2^2}{\kappa_2} - \hat{x}_2\hat{y} - p\hat{x}_1\hat{x}_2 \\ \frac{d}{dt}\hat{y} &= (\hat{x}_1 + \hat{x}_2)\hat{y} - e\hat{y}.\end{aligned}\tag{2.9}$$

Porem, p não é um parâmetro independente,

$$p = \frac{\mu_{12}}{a_y} = \frac{c_2}{a_y} + \frac{c_1}{a_y} = \frac{1}{\kappa_1} + \frac{1}{\kappa_2}\tag{2.10}$$

Tabela 2 – Relação final entre os parâmetros.

$a = \frac{a_1}{a_2}$	$\mu = \frac{\mu_1}{\mu_2}$	$e = \frac{e_y}{a_2}$
$\frac{1}{\kappa_1} = \frac{c_1}{a_y}$		$\frac{1}{\kappa_2} = \frac{c_2}{a_y}$

Feitas as transformações que levam o sistema original com nove parâmetros a um equivalente com apenas cinco relevantes, podemos a partir daqui eliminar o *hat* da notação ($\hat{x} \equiv x$)

$$\begin{aligned}\dot{x}_1 &= ax_1 - \frac{x_1^2}{\kappa_1} - \mu x_1 y \\ \dot{x}_2 &= x_2 - \frac{x_2^2}{\kappa_2} - x_2 y - p x_1 x_2 \\ \dot{y} &= (x_1 + x_2)y - ey\end{aligned}\tag{2.11}$$

2.1.1 Outros modelos

Diferente do nosso modelo em que as presas competem entre si, [Elettrey \(2009\)](#) propõe um sistema composto por 2 presas e 1 predador, porém com o diferencial de

que as presas não apenas não estão em competição, mas também cooperam entre si na presença do predador. Esta cooperação desaparece caso o predador também desapareça. O modelo possui apenas três parâmetros, essencialmente um associado a cada espécie. Para analisar o modelo a abordagem escolhida consiste em identificar os pontos de equilíbrio e realizar uma análise da estabilidade local para identificar se e sob quais condições podem ser pontos de equilíbrio estáveis. Este resultado posteriormente é confrontado com algumas soluções numéricas do sistema.

Laguna et al. (2015) propôs um modelo de autômatos celulares espacialmente explícito e um modelo baseado equações espacialmente implícito, ambos inspirado na Patagônia Argentina conforme discutido previamente. No que nos interessa sobre o modelo baseado em equações, temos um sistema de 3 equações modelando a interação entre três espécies, duas presas em competição hierárquica e um predador. O sistema possui 9 parâmetros e é apresentado unicamente um gráfico em 3 dimensões exibindo a população final de cada espécie no estado de equilíbrio em um eixo, e variando 2 parâmetros nos outros eixos restantes. Os parâmetros são: a taxa de extinção do predador e um parâmetro que mede a degradação do sistema, que em termos práticos afeta negativamente a taxa de natalidade das presas.

Abramson et al. (2017) inspirado na extinção da mega fauna na América Latina, análogo ao trabalho anterior, é proposto uma modelagem baseada em autômatos celulares e também uma modelagem baseada em equações. Modelando a interação entre 3 espécies, sendo 2 presas em competição hierárquica e um predador novamente, a única diferença consiste na remoção de um termo logístico do predador mantendo também os 9 parâmetros. Para analisar o sistema explora-se 4 parâmetros, porém apenas 2 para sistema completo com as 3 espécies. Primeiro analisa-se como sistema sem predador responde a variação das taxas de reprodução das presas, e então como o sistema completo como ele responde a variação das taxas de predação.

Kolpak e Gorynya (2018) propuseram um sistema de equações diferenciais visando modelar o comportamento de um sistema composto por 2 populações animais mais os recursos necessários para a sobrevivência destas populações. Sendo assim temos um sistema de 3 equações diferenciais com 10 parâmetros. Para analisar o sistema, primeiro é proposto identificar os pontos de equilíbrio para que se possa então analisar a estabilidade em seu entorno, dos 5 pontos de equilíbrio, 4 são sempre instáveis. E na sequência algumas considerações são feitas de forma que o número de parâmetros aumenta para 12 e que seja possível analisar analiticamente como o sistema evolui considerando as 2 populações em uma área linear, neste caso é calculado a velocidade com que aproximadamente cada espécie se propaga linearmente. Por fim, o resultado analítico é confrontado com soluções numéricas.

Kuperman et al. (2019) por sua vez, também propôs um modelo baseado em

equações diferenciais composto por 3 equações e 10 parâmetros modelando a interação entre 3 espécies, sendo 2 presas em competição hierárquica e 1 predador. A grande diferença em relação a outros trabalhos está no fato de incluir um fator de saciedade no predador, isto é, o parâmetro que regula a predação das presas não é mais constante. Para analisar o sistema, os autores resolvem numericamente o sistema para determinados conjuntos de parâmetros demonstrando um comportamento oscilatório do sistema. Após isto, explora-se como o sistema responde à variação de um único parâmetro ligado a taxa de predação do competidor inferior. Além disso, também é analisado a parte real dos autovalores do sistema linearizado para pontos de equilíbrio em específico identificados por uma análise da bifurcação do sistema.

[Daza C. et al. \(2019\)](#), novamente inspirado pelo cenário apresentado na Patagônia argentina, propõe-se uma modelagem baseada em autômatos celulares e outro em equações. O conjunto de equações é composto por 3 equações novamente, mas estas modelam apenas duas populações de animais, herbívoros em competição hierárquica, a terceira equação diferencial que descreve a dinâmica dos habitats disponíveis para os animais, isto é, a disponibilidade de recursos naturais que garantam sua sobrevivência. Este sistema tem uma característica própria de ser um sistema de equações diferenciais com atraso, além disto é composto por 8 parâmetros. Para explorar a natureza oscilatória do sistema, estuda-se como o sistema se comporta frente a variação de 2 parâmetros, a taxa de reprodução do competidor inferior e um parâmetro relacionada com o atraso da equação da dinâmica do habitat, que modela o tempo necessário para um habitat ser destruído e conseqüentemente ser recuperado.

[Xu, Huang e Song \(2022\)](#) propõem também um modelo baseado em equações visando modelar um sistema competitivo formado por apenas duas espécies: guanaco e ovelha. O diferencial consiste no fato de que o sistema permite um controle unilateral ou bilateral sobre os herbívoros visando modelar o pastoreio sobre ambas as espécies. O modelo é composto basicamente por um sistema com 2 equações diferenciais modelando a dinâmica de cada uma das espécies, e mais um conjunto de equações auxiliares necessárias para modelar os controles sobre cada população. Dessa forma o sistema pode possuir desde 6 parâmetros para a versão livre de qualquer controle, até 12 parâmetros para a versão com controle bilateral. A análise adotada é totalmente analítica. Para o sistema livre de qualquer controle é possível analisar a estabilidade dos pontos de equilíbrio. Já para os sistemas com controle unilateral é provado a existência de uma solução estável e periódica de primeira ordem, e para o sistema com controle bilateral é provado a existência de uma solução periódica e estável de segunda ordem.

2.2 Modelagem Baseada em Agentes

Formalmente, podemos modelar o sistema de maneira análoga ao que foi discutido por Abramson et al. (2017). Especificamos o estado do sistema por um vetor multidimensional \mathbf{u} , onde cada componente corresponde a uma variável do ecossistema, como espécies, recursos e variáveis físicas. O sistema é espacialmente discreto e \mathbf{u}_i é um vetor que representa o estado dele na posição i :

$$\mathbf{u}_i(t + \delta t) = \mathbf{F}(\mathbf{u}, t). \quad (2.12)$$

Vamos denotar $\boldsymbol{\lambda}$ como os parâmetros ambientais do modelo, como o tamanho do habitat disponível por exemplo, e \mathbf{v} as variáveis dos predadores, e \mathbf{w} apenas com as variáveis das presas. Criando funções \mathbf{G} e Θ para governar a evolução dos parâmetros do sistema e das variáveis do predador, e \mathbf{H} das presas, temos:

$$\begin{aligned} \mathbf{w}_i(t + \delta t) &= \mathbf{H}(\mathbf{w}, \mathbf{v}, \boldsymbol{\lambda}, t) \\ \mathbf{v}_i(t + \delta t) &= \mathbf{G}(\mathbf{w}, \mathbf{v}, \boldsymbol{\lambda}, t) \\ \boldsymbol{\lambda}_i(t + \delta t) &= \Theta(\mathbf{w}, \mathbf{v}, \boldsymbol{\lambda}, t) \end{aligned} \quad (2.13)$$

Podemos fazer algumas simplificações justificadas que, por outro lado, facilitam a implementação prática do modelo. Consideramos que a evolução do sistema não depende explicitamente do tempo e que os parâmetros independem do tempo também. A simplificação se justifica pois as mudanças do ambiente (efeito do homem, por exemplo) ser mais lentas que dinâmica entre populações animais. Dessa forma, o sistema 2.13 fica sem a dependência em t :

$$\begin{aligned} \mathbf{w}_i(t + \delta t) &= \mathbf{H}(\mathbf{w}, \mathbf{v}, \boldsymbol{\lambda}) \\ \mathbf{v}_i(t + \delta t) &= \mathbf{G}(\mathbf{w}, \mathbf{v}, \boldsymbol{\lambda}) \\ \boldsymbol{\lambda}_i(t + \delta t) &= \boldsymbol{\lambda}(t) \end{aligned} \quad (2.14)$$

Propomos então representar o espaço discreto como uma grade onde cada célula representa um *patch* (fragmento) do habitat habitável. A dinâmica de interação entre as espécies é definida via modelagem baseada em agentes no qual cada agente representa uma população. População aqui é entendida como um conjunto de indivíduos de uma espécie vivendo em um *patch* habitável do habitat, e por sua vez, a coleção de populações de uma mesma espécie compõem uma metapopulação. Nessa abordagem, cada agente é modelado como uma entidade autônoma que evolui de acordo a seu estado e as regras de interação com o ambiente e os agentes vizinhos.

Fazendo uso de programação orientada a objetos, os agentes são objetos com determinadas propriedades e métodos. Os métodos são as funções responsáveis por aplicar as regras de interação entre as populações, e as propriedades são as variáveis responsáveis por identificar e definir o estado atual de cada agente, são elas:

- A espécie da população.
- A sua posição na grade (o *patch*).
- O estado atual da população.

Com o intuito de comparar os resultados de modelagem por agentes (modelo estocástico) com os resultados das equações diferenciais (modelo determinista), precisamos voltar a analisar os termos das mesmas.

Reescrevendo aqui o sistema de equações diferenciais 2.11:

$$\begin{aligned} \dot{x}_1 &= ax_1 - \frac{x_1^2}{\kappa_1} - \mu x_1 y \\ \dot{x}_2 &= x_2 - \frac{x_2^2}{\kappa_2} - x_2 y - px_1 x_2 \\ \dot{y} &= (x_1 + x_2) y - ey \end{aligned} \tag{2.15}$$

A interpretação das equações ocorre de forma estritamente relacionada à forma com que decidimos construir nossa modelagem baseada em agentes, sendo assim, é necessário que façamos uma discussão paralela sobre ambos. Com uma interpretação probabilística, partirmos da ideia que as variáveis envolvendo a população de cada animal $\{x_1, x_2, y\}$, devidamente normalizadas, representam a probabilidade de selecionarmos com sucesso um agente vivo da espécie correspondente.

Se temos uma grade de tamanho $L \times L$, temos então $L^2 = N$ células e consequentemente N agentes de cada espécie. Temos então $3N$ agentes no total. Se há uma quantidade X_j agentes vivos da presa j , a probabilidade de selecionarmos um agente vivo desta espécie é dada por $x_j = X_j/N$. Para o predador temos um processo análogo.

Esta é uma interpretação adequada para o modelo baseado em agentes, mas não há nenhuma restrição matemática que garanta $x_j < 1$ no sistema 2.11, uma condição para interpretarmos as variáveis como a probabilidade proposta. Mesmo escolhendo um conjunto de parâmetros em que o estado de equilíbrio satisfaça essa condição, não temos garantia de que ela seja satisfeita durante toda a evolução do sistema. Até mesmo a escolha do estado inicial tem a capacidade de afetar a amplitude de possíveis oscilações até que o sistema atinja o estado de equilíbrio.

Poderíamos comparar os modelos apenas para conjuntos específicos de parâmetros nos quais esta condição é satisfeita. Mas uma alternativa mais genérica é normalizarmos o sistema de equações para o conjunto de parâmetro dado. Não é uma solução universal, visto que para cada conjunto de parâmetros temos um fator de normalização diferente, mas permite comparar os modelos para um conjunto maior de possíveis parâmetros.

Se o maior valor alcançado por qualquer uma das variáveis é dado por n , isto é, se por exemplo, para as presas, em qualquer valor de t temos então $x_j(t) \leq n$, podemos escolher um valor de normalização $m \geq n$, e definimos a variável normalizada como $\hat{x}_j = x_j/m$. Com um processo análogo para o predador, substituindo então para todas variáveis temos:

$$\begin{aligned}\dot{\hat{x}}_1 &= a\hat{x}_1 - \frac{m}{\kappa_1}\hat{x}_1^2 - m\mu\hat{x}_1\hat{y} \\ \dot{\hat{x}}_2 &= \hat{x}_2 - \frac{m}{\kappa_2}\hat{x}_2^2 - m\hat{x}_2\hat{y} - mp\hat{x}_1\hat{x}_2 \\ \dot{\hat{y}} &= m(\hat{x}_1 + \hat{x}_2)\hat{y} - e\hat{y}\end{aligned}\tag{2.16}$$

Podemos partir de uma interpretação onde cada termo das equações corresponde a um evento associado à um agente da espécie correspondente à equação. Por exemplo, $a\hat{x}_1$ modela o evento de reprodução da espécie \hat{x}_1 . Desta forma podemos generalizar que há essencialmente 5 diferentes eventos sendo modelados pelas equações. Os eventos são:

- **Reprodução:** único evento no qual há um aumento na população da espécie. Enquanto nas presas há apenas um evento que depende unicamente da própria população, no predador temos dois termos, que interpretamos analogamente como dois eventos similares, sendo cada um proporcional à uma das presas.
- **Extinção local:** evento relacionado apenas a população da própria espécie, representa uma extinção natural de indivíduos da própria espécie em uma dada região.
- **Predação:** além de ser proporcional à população da própria espécie, é proporcional à população de predadores pois representa uma extinção local de indivíduos devido à atividades predatórias em uma dada região.
- **Competição hierárquica:** além de ser proporcional à população da própria espécie, é proporcional à população do competidor superior e representa a competição hierárquica que ocorre entre as presas.
- **Competição intra-específica:** proporcional ao quadrado da própria população, modelando uma competição entre indivíduos da mesma espécie por recursos naturais.

Porém ainda precisamos interpretar cada termo. A discussão a seguir pode ser generalizada para qualquer termo; consideremos por exemplo a predação de ovelhas:

$$\frac{d\hat{x}_2}{dt} = -m\hat{x}_2\hat{y}.\tag{2.17}$$

esse termo representa a taxa temporal de decréscimo como um processo contínuo. Mas a simulação baseada em agentes é discreta. Considerando um intervalo de tempo Δt finito, podemos aproximar a variação da população de ovelhas devida a predação como:

$$\Delta \hat{x}_2 = -m \hat{x}_2 \hat{y} \Delta t. \quad (2.18)$$

A variação $\Delta \hat{x}_2$ representa agora uma mudança em uma porção de território. Os termos do lado direito:

$$\Delta \hat{x}_2 = - (m \Delta t) \cdot \hat{x}_2 \cdot \hat{y}, \quad (2.19)$$

podem ser interpretados probabilisticamente como eventos independentes:

- \hat{x}_2 é a probabilidade de encontrar ovelhas em um *patch* da grade,
- \hat{y} é a probabilidade de encontrar pumas,
- e $(m \Delta t)$ é uma probabilidade associada ao evento de predação acontecer com sucesso.

Podemos considerar então que o evento de predação vai ter sucesso se tivermos sucesso nos três eventos independentes associados a predação, isto é, a probabilidade de que o evento de predação ocorra é dado por $q = (m \Delta t) \cdot \hat{x}_2 \cdot \hat{y}$.

Porém, nosso modelo ainda não se conecta diretamente às equações. Queremos construir um modelo centrado nos agentes, isto é, vamos testar individualmente se o agente foi predado ou não. Porém o a equação 2.19 informa qual a fração da área ocupada pela ovelha varia no intervalo Δt devido à predação. No modelo de agentes, onde existem N agentes da ovelha ocupando todas as N posições da grade, isto equivale a fração dos agentes que mudam de estado ‘vivo’ para ‘extinto’, isto é, a fração dos agentes que sofreram extinção local devido à predação.

Se N é quantidade total de agentes relacionados à ovelha, e q é a probabilidade total de que o agente seja predado, então se realizarmos um teste com cada agente, de acordo com a lei dos grandes números, a quantidade total de agentes predados deve ser aproximadamente $\lambda = Nq$ para grandes valores de N . Se realizarmos os testes com todos os N agentes no mesmo passo da simulação, então a cada passo λ ovelhas vão ser predadas, ou seja, a fração $n = \lambda/N = q$ sofrerá extinção local devido à predação. Dessa forma, podemos supor que a cada passo a simulação avança Δt , uma vez que aproximadamente a fração $q = (m \Delta t) \cdot \hat{x}_2 \cdot \hat{y}$ dos agentes das ovelhas sofre predação, de maneira análoga à equação 2.19.

Vamos manter a proposta de que a cada N testes de predação de ovelhas avançamos um intervalo de tempo Δt , mas não vamos considerar que todos os N testes ocorrem no mesmo passo. Ao invés disso, consideramos um único teste a cada passo. Isto é, a cada passo, selecionamos um único agente da espécie ovelha (com uma probabilidade \hat{x}_2 de estar vivo), selecionamos então um agente da espécie do predador (com probabilidade \hat{y}_2 de estar vivo) e se ambos os agentes estão vivos, testamos se a predação ocorreu com sucesso com uma probabilidade $m \Delta t$. Se obtermos sucesso em todos os três testes, então o agente de

ovelha sofre extinção local, isto é, seu estado é alterado. Independente do resultado, após finalizarmos o teste avançamos um passo, este avanço representa um avanço temporal com intervalo de tempo δt , sendo $\delta t < \Delta t$. Logo, a cada passo avançamos $\delta t = \Delta t/N$ tempo, e considerando que o tempo total da simulação é τ , então a quantidade total de passos n que será necessário simular para atingirmos o tempo total de simulação desejado é:

$$n = \frac{\tau}{\delta t}, \quad (2.20)$$

Agora se utilizamos δt escrito em termos da quantidade total de agentes N e do intervalo de tempo Δt , isto é, se utilizarmos $\delta t = \Delta t/N$, então ficamos com a quantidade total de passos necessários em termos do tempo total da simulação desejado τ , da quantidade total de agentes N e do mesmo intervalo de tempo utilizado na aproximação na equação 2.19, isto é Δt . A quantidade total de passos é então:

$$n = \frac{\tau N}{\Delta t}, \quad (2.21)$$

É importante destacar que a cada passo q muda pois depende das metapopulações vivas de cada espécie. Sendo assim, quanto menor for δt mais próximo estamos da solução exata e de replicar os resultados do modelo baseado em equações. Além disso, apesar da discussão ter focado em um único termo do sistema de equações, o termo responsável por modelar a predação da ovelha pelo puma, o raciocínio é facilmente generalizado para todos os termos. De maneira geral, a cada passo selecionamos um agente de cada espécie, na sequência, para cada agente, testamos cada uma das 5 interações possíveis discutidas anteriormente, todos estes testes ocorrem de maneira assíncrona, após a realização dos 15 testes (5 por espécie), atualizamos os estados dos agentes conforme a necessidade e avançamos para o próximo passo, avançando δt tempo até atingir o tempo final desejado τ . Uma visão mais detalhada da implementação do modelo baseado em agentes neste trabalho pode ser visto no apêndice A.

3 Ferramentas auxiliares

3.1 Gráfico Ternário

Gráfico ternário é um diagrama triangular em que cada ponto corresponde uma específica combinação da proporção de três variáveis em relação a uma soma constante. É uma forma de visualizarmos 3 variáveis em apenas 2 dimensões.

Se temos três variáveis quaisquer x, y, z podemos escrever uma equação do plano da seguinte forma:

$$Ax + By + Cz + D = 0. \quad (3.1)$$

Ou ainda se dividimos tudo por D sem perda de generalidade, sendo $a = A/D$, $b = B/D$ e $c = C/D$:

$$ax + by + cz + 1 = 0. \quad (3.2)$$

Podemos encontrar o valor das constantes exigindo que o plano passe pelos pontos $P_1 = (1, 0, 0)$, $P_2 = (0, 1, 0)$ e $P_3 = (0, 0, 1)$. Dessa forma temos o seguinte conjunto de equações substituindo os pontos na equação 3.2:

$$\begin{aligned} a + 1 &= 0 \\ b + 1 &= 0 \\ c + 1 &= 0, \end{aligned} \quad (3.3)$$

temos então que $a = b = c = -1$. O que resulta na seguinte equação do plano:

$$x + y + z = 1. \quad (3.4)$$

Podemos notar que a soma das variáveis é constante. E se impormos a condição de que os valores sejam apenas positivos, estamos restritos a um triângulo desenhado sob o plano com os vértices P_1, P_2 e P_3 . Este triângulo é o gráfico ternário conforme pode ser visto na Fig. 1.

Como vamos trabalhar apenas com pontos sob o plano, podemos visualizar o gráfico ternário em duas dimensões. Dessa forma não apenas a soma das variáveis em qualquer ponto do gráfico é 1, mas como não admitimos valores negativos, em cada ponto temos uma porcentagem da contribuição de cada uma das variáveis, sendo que os valores extremos encontram-se nos vértices, onde uma das variáveis assume valor máximo e necessariamente as outras valores mínimos.

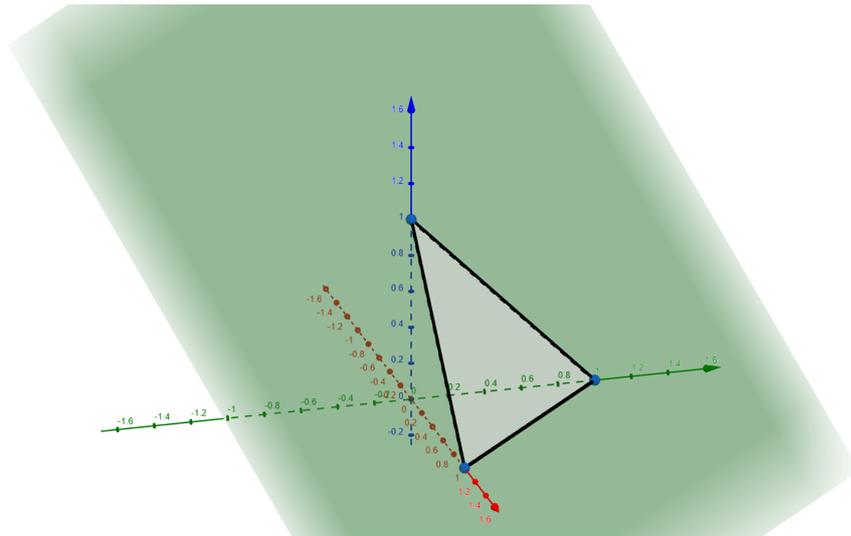


Figura 1 – Origem do gráfico ternário no espaço tridimensional.

Para qualquer faixa de valores que as variáveis assumam é possível normalizar de forma que possa ser representado por um gráfico ternário, a única exigência é que a soma das variáveis seja sempre constante.

Não só podemos representar o gráfico ternário em um espaço bidimensional, mas fazendo uso do formato, podemos rearranjar vários gráficos ternários em um arranjo circular.

Começando montando os vértices do primeiro gráfico ternário, colocamos os pontos do triângulo em $A = (0, 0)$, $B = (1, 0)$ e $C = (\cos \theta, \sin \theta)$. O ângulo θ vai depender de quantos gráficos ternários queremos inserir neste arranjo.

Pegando então a aresta \overline{BC} , queremos o ponto médio:

$$P_1 = \frac{B + C}{2}.$$

E de acordo com o valor de a podemos calcular o ponto P_2 fazendo então:

$$P_2 = (1 - a) P_1.$$

Isto vai nos dar um valor entre a origem e P_1 , proporcional (negativamente) a $0 \leq a \leq 1$. Ou seja, quanto mais próximo do vértice A maior o valor de a , quanto mais afastado, mais próximo de alguma aresta oposta, menor o valor de a . Estes passos estão ilustrados na Fig. 2.

Agora precisamos levar em conta os valores de b (ou c , como se conserva, temos apenas duas variáveis independentes). A inclinação da aresta \overline{BC} é dada por:

$$m = \frac{C_y - B_y}{C_x - B_x}.$$

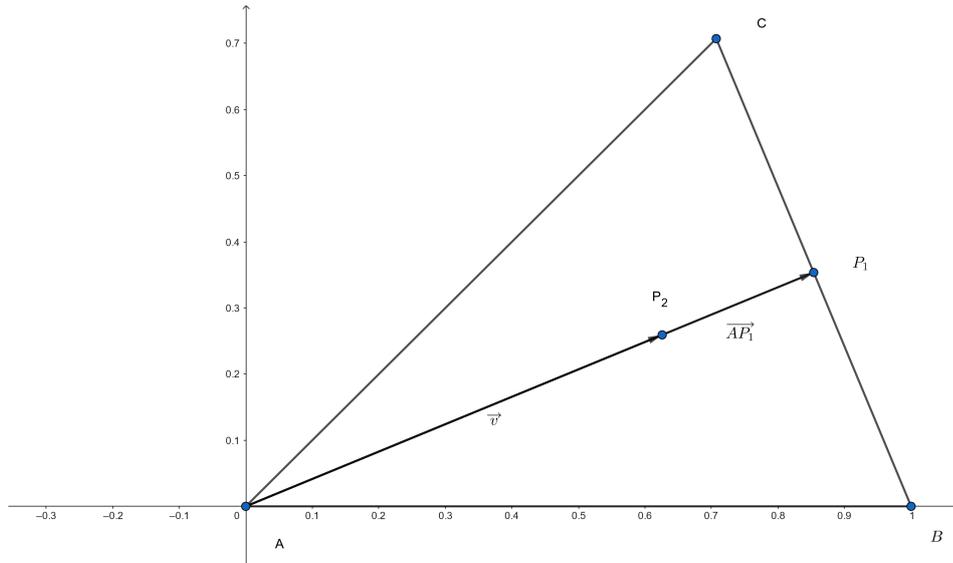


Figura 2 – Cálculo dos pontos P_1 e P_2 , onde $\vec{v} = (1 - a)\overline{AP_1}$.

Uma reta que passa por P_2 com inclinação m é dada então por:

$$m = \frac{y - P_{2y}}{x - P_{2x}} \quad \rightarrow \quad x = \frac{y - P_{2y}}{m} + P_{2x}.$$

Vamos colocar $y = 0$ para acharmos P_3 :

$$P_3 = \left(-\frac{P_{2y}}{m} + P_{2x}, 0 \right),$$

essa é a projeção no eixo x , é evidente que o tamanho do vetor é simplesmente P_{3x} . Agora se montamos um triângulo utilizando a origem com o outro vértice, nosso último vértice é:

$$P_4 = (\cos \theta P_{3x}, \sin \theta P_{3x}).$$

Os pontos pontos podem ser vistos na Fig. 3.

O vetor formado entre os pontos é dado por:

$$\vec{v} = \overline{P_3P_4} = P_4 - P_3.$$

Se somamos P_3 (especificamente o vetor $\overline{AP_3}$) a \vec{v} é evidente que recuperamos P_4 . Agora se multiplicamos $(P_4 - P_3)$ por uma constante α antes de somarmos P_3 , temos:

$$P_5 = \alpha (P_4 - P_3) + P_3, \quad (3.5)$$

Considerando $0 \leq \alpha \leq 1$, permitimos que o ponto P_5 se movimente entre os pontos extremos P_3 e P_4 respectivamente, conforme podemos ver na Fig. 4. Precisamos determinar agora o valor de α . Lembrando que P_3 esta no eixo x , logo P_3 corresponde à situação no

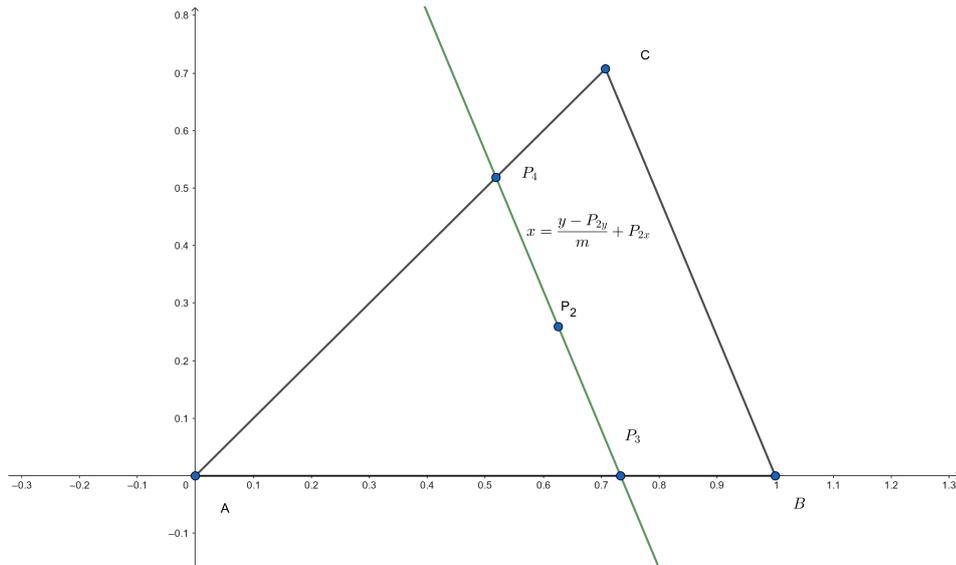


Figura 3 – Calculo dos pontos P_3 e P_4 .

qual $c = 0$, conforme aumentamos c nos afastamos de P_3 em direção à P_4 . Normalizando as variáveis b e c restantes de forma que $\beta = 1$ corresponde a $b = 1$ (e consequentemente $c = 0$):

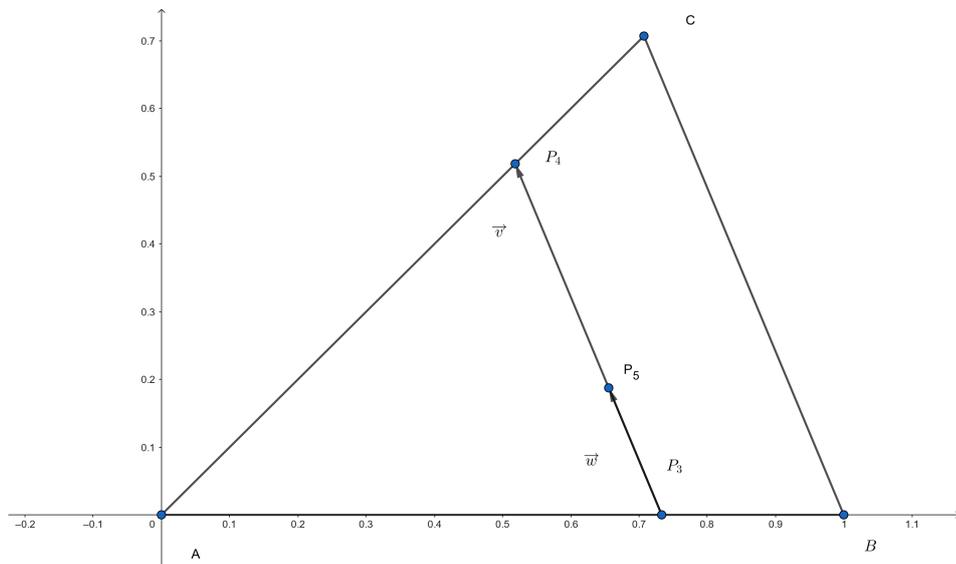


Figura 4 – Calculo do ponto P_5 sendo $\vec{w} = \overrightarrow{P_3P_5}$.

$$\beta = \frac{b}{b + c}. \tag{3.6}$$

Queremos estar sobre P_3 quando $c = 0$, logo pela equação 3.5 podemos notar que precisamos que $\alpha = 0$. Nesta situação também podemos notar pela equação 3.6 que temos $\beta = 1$, desta forma que podemos escrever α em termos de β como:

$$\alpha = 1 - \beta,$$

ou ainda

$$\alpha = 1 - \frac{b}{b+c}.$$

Nosso ponto final P_5 é então dado por:

$$P_5 = \left(1 - \frac{b}{b+c}\right)(P_4 - P_3) + P_3.$$

Substituindo com os valores calculado para os diversos pontos P_j de forma a obtermos uma única fórmula para calcular diretamente P_5 , temos:

$$\begin{aligned} P_5 &= \left(1 - \frac{b}{b+c}\right)(P_4 - P_3) + P_3 \\ &= p_{3x} \left[\left(1 - \frac{b}{b+c}\right) ((\cos \theta, \sin \theta) - (1, 0)) + (1, 0) \right] \\ &= p_{3x} \left[\left(1 - \frac{b}{b+c}\right) (\cos \theta - 1, \sin \theta) + (1, 0) \right] \\ &= \left(-\frac{P_{2y}}{m} + P_{2x}\right) \left[\left(1 - \frac{b}{b+c}\right) (\cos \theta - 1, \sin \theta) + (1, 0) \right] \\ &= \left(-P_{2y} \frac{C_x - B_x}{C_y - B_y} + P_{2x}\right) \left[\left(1 - \frac{b}{b+c}\right) (\cos \theta - 1, \sin \theta) + (1, 0) \right] \\ &= (1-a) \left(-\left(\frac{B_y + C_y}{2}\right) \frac{C_x - B_x}{C_y - B_y} + \left(\frac{B_x + C_x}{2}\right) \right) \left[\left(1 - \frac{b}{b+c}\right) (\cos \theta - 1, \sin \theta) + (1, 0) \right] \\ &= \frac{(1-a)}{2} \left(-(C_x - B_x) \frac{B_y + C_y}{C_y - B_y} + (B_x + C_x) \right) \left[\left(1 - \frac{b}{b+c}\right) (\cos \theta - 1, \sin \theta) + (1, 0) \right]. \end{aligned} \tag{3.7}$$

Considerando os pontos $A = (0, 0)$, $B = (1, 0)$ e $C = (\cos \theta, \sin \theta)$, ficamos apenas com:

$$P_5 = (1-a) \left[\left(1 - \frac{b}{b+c}\right) (\cos \theta - 1, \sin \theta) + (1, 0) \right].$$

E considerando a normalização $a + b + c = 1$:

$$\begin{aligned} P_5 &= (1 - 1 + (b+c)) \left[\left(1 - \frac{b}{b+c}\right) (\cos \theta - 1, \sin \theta) + (1, 0) \right] \\ &= (b+c) \left[\left(1 - \frac{b}{b+c}\right) (\cos \theta - 1, \sin \theta) + (1, 0) \right] \\ &= c(\cos \theta - 1, \sin \theta) + (b+c, 0). \end{aligned} \tag{3.8}$$

Ou seja, P_5 pode ser obtido calculando simplesmente:

$$P_5 = (c \cos \theta + b, c \sin \theta) \quad (3.9)$$

Na Fig. 5 podemos ver os 5 pontos calculados até chegarmos na posição final P_5 para o caso exemplo em que $(a, b, c) = (0.25, 0.25, 0.5)$. De maneira qualitativa, podemos dizer que primeiro calculamos P_1 para termos uma reta $\overline{AP_1}$ com que nos guiarmos. Então calculamos P_2 que nos indica quanto de a temos, neste caso, como temos $a=0.25$, então ele está mais próximo de P_1 que de A . Valores extremos são $a = 1$ então estaria sobre A e se fosse $a = 0$ e então estaria sob a o segmento de reta \overline{BC} que cruza por P_1 . Após isso calculamos então P_3 e P_4 que nos fornecem um segmento de reta paralelo a \overline{BC} . De acordo com a distribuição dos valores entre b e c calculamos P_5 . Como temos mais c que b então P_5 se desloca pra cima no segmento $\overline{P_3P_4}$. Se tivéssemos $b = c$ então $P_5 = P_2$, e nos casos extremos em que $b = 0$ então estaria sob o segmento \overline{AC} exatamente em $P_5 = P_4$, de maneira análoga se $c = 0$ estaria sob o segmento \overline{AB} teríamos $P_5 = P_3$. Outros pontos ainda são:

- Se $a = 0$ e $b = c = 0.5$ então $P_5 = P_1$;
- Se $a = b = 0$ e $c = 1$ então $P_5 = C$;
- Se $a = c = 0$ e $b = 1$ então $P_5 = B$.

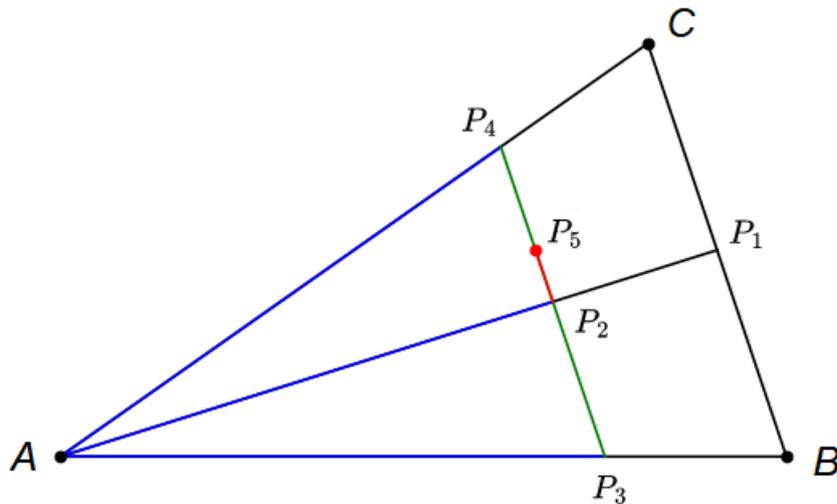


Figura 5 – Origem do gráfico ternário no espaço tridimensional.

O ângulo θ deve ser de tal forma que se temos n gráficos ternários então $n\theta = 2\pi$. Para os outros gráficos do arranjo, o processo adotado pode ser idêntico ao final é necessário apenas aplicar uma matriz de rotação. Para o gráfico $0 \leq k \leq n - 1$:

$$M = \begin{bmatrix} \cos k\theta & -\sin k\theta \\ \sin k\theta & \cos k\theta \end{bmatrix}.$$

Dessa forma montamos um arranjo circular de n gráficos ternários em torno da origem em um espaço bidimensional cartesiano. Da combinatória sabemos que se temos um conjunto com N elementos e vamos formar subconjuntos de r elementos, Uma vez que a ordem não importe, podemos ter C_N^r subconjuntos distintos:

$$C_N^r = \binom{N}{r} = \frac{N!}{r!(N-r)!}. \quad (3.10)$$

Isto é, se temos N variáveis no sistema, e cada gráfico ternário é formado por $r = 3$ variáveis distintas, vamos precisar de C_N^3 gráficos ternários para representar todas as combinações possíveis de variáveis.

$$C_N^3 = \frac{N!}{3!(N-3)!}. \quad (3.11)$$

Por fim, se temos uma variável qualquer que queremos representar dentro da faixa de valores $a \leq x \leq b$, precisamos redimensionar e transladar essa faixa de valores para o gráfico ternário, isto é, queremos que quando $x = a$ tenhamos 0 e quando $x = b$ tenhamos 1. Podemos obter isso simplesmente descontando o valor mínimo do valor atual $x - a$ e dividir então pela diferença entre o máximo e o mínimo. A variável normalizada \hat{x} se torna:

$$\hat{x} = \frac{x - a}{b - a}$$

3.2 Perceptron

Em um neurônio biológico, as sinapses possuem canais de entrada e saída de íons o que torna o neurônio capaz de receber sinais de entrada através da mesma. Dependendo da intensidade resultante destes sinais de entrada, isto é, se a intensidade resultante for superior a um determinado limiar, o neurônio libera neurotransmissores na sinapse, o que por sua vez corresponde à emissão de um sinal de saída.

O primeiro modelo de neurônio biológico foi proposto por McCulloch e Pitts em 1943. Este é o modelo mais clássico de neurônio em RNA (redes neurais artificiais), proposto em um trabalho intitulado “Um cálculo lógico das ideias intrínsecas da atividade neural” (ZUBEN et al., 2007), baseado nas seguintes premissas (RODRIGUES, 2014):

- O neurônio tem apenas dois estados: ativo (1) e inativo (0);
- Uma certa quantidade fixa de sinapses deve ser excitada de forma a excitar o neurônio;

- A atividade de uma sinapse inibitória bloqueia completamente a atividade do neurônio.

Matematicamente então, o neurônio de McCulloch Pitts, a cada iteração:

- Soma as entradas com peso unitário $\sum_j x_j$;
- Se esse valor ultrapassar um limiar θ , e a entrada inibitória x_i não estiver ativa (0), o neurônio é ativado (1);
- Se não, o neurônio permanece inativo (0).

Isto é:

$$f(x_1, \dots, x_N) = \begin{cases} 1 & \text{se } \sum_{j=1}^N x_j > \theta \quad \text{e } x_i = 0 \\ 0 & \text{se } \sum_{j=1}^N x_j \leq \theta \quad \text{ou } x_i = 1 \end{cases} . \quad (3.12)$$

Dentre as principais limitações podemos citar a incapacidade de diferenciar a importância das entradas e a entrada inibitória pode ser uma limitação inconveniente.

Nos anos de 1950 e 1960, Frank Rosenblatt, inspirado pelo trabalho de Warren McCulloch e Waltper Pitts, desenvolveram seu próprio modelo, conhecido também como perceptron (NIELSEN, 2015). Rossenblatt propôs modificações simples para o cálculo da saída, dentre as quais pode-se destacar exatamente a introdução de pesos diferentes para cada entrada e a remoção da entrada inibitória.

Utilizando os pesos, foi capaz de expressar as diferentes importâncias que cada entrada poderia possuir, incluindo uma importância negativa. Sendo o peso w_j correspondente à entrada x_j e mantendo a notação do limiar θ , a saída do neurônio f é dada por:

$$f(x_1, \dots, x_N) = \begin{cases} 1 & \text{se } \sum_{j=1}^N w_j x_j > \theta \\ 0 & \text{se } \sum_{j=1}^N w_j x_j \leq \theta \end{cases} . \quad (3.13)$$

Com uma pequena alteração da notação, o limiar foi passado para outro lado da igualdade, onde recebe o nome de viés ($b = -\theta$). Isto é:

$$f(x_1, \dots, x_N) = \begin{cases} 1 & \text{se } \sum_{j=1}^N w_j x_j + b > 0 \\ 0 & \text{se } \sum_{j=1}^N w_j x_j + b \leq 0 \end{cases} . \quad (3.14)$$

Um exemplo prático da usabilidade de perceptrons é a possibilidade de construção da porta lógica NAND. Considerando um perceptron com um viés de $b = 3$ e duas entradas com pesos iguais $w_1 = w_2 = -2$, e passando a denotar o somatório como função ativação $z(x_1, x_2)$ tem-se:

$$z = -2x_1 - 2x_2 + 3. \quad (3.15)$$

A partir da função ativação é possível construir a seguinte tabela de entradas e saídas:

x_1	x_2	z	f
0	0	3	1
1	0	1	1
0	1	1	1
1	1	-1	0

Esta tabela é idêntica a tabela verdade da porta NAND. A NAND é uma porta universal para a computação clássica. Deste modo, o perceptron também é universal para a computação clássica, e através de uma rede de perceptrons é possível computar qualquer função lógica (NIELSEN, 2015). Uma característica importante do perceptron ainda está na capacidade de aprender através de um algoritmo de aprendizado.

3.2.1 Treinamento

Se temos um conjunto de treinamento, isto é um conjunto de entradas que sabemos a saída ideal, o objetivo do treinamento é reduzir o erro, isto é a diferença entre a saída real do neurônio e a saída ideal. É provado que a regra do perceptron converge para a solução em um número finito de passos, desde que a solução exista (HAGAN et al., 2014; DEMUTH; BEALE, 2002).

Uma vez que o perceptron é um modelo de neurônio de classificação binário, ele é capaz de classificar cada conjunto de entradas apenas entre 2 classes distintas. As 2 classes são separadas no espaço de entrada por um hiperplano, isto é, um espaço com uma dimensão menor.

Para facilitar a discussão, vamos considerar que temos apenas duas entradas $\{x, y\}$, logo o espaço de entrada é de 2 dimensões, e o hiperplano é de uma dimensão, isto é, uma reta. Para encontrar o hiperplano, uma vez que temos uma saída se $f > 0$ e outra se $f \leq 0$ podemos igualar a função ativação a 0 e calcular a função que descreve a fronteira de decisão:

$$f = xw_1 + yw_2 + b. \quad (3.16)$$

Logo temos uma equação da reta:

$$\begin{aligned} y &= -\frac{w_1}{w_2}x - \frac{b}{w_2} \\ &= ax + c, \end{aligned} \quad (3.17)$$

onde $a = -w_1/w_2$ e $c = -b/w_2$. Os pesos ajustam a inclinação da reta, e o viés a distância da origem. Além disso, podemos notar que o vetor $\vec{w} = (w_1, w_2)$ é perpendicular a reta 3.17.

Para provar esta afirmação, podemos retornar a equação 3.16 considerando a fronteira de decisão, isto é $f = 0$. Calculamos uma subtração da equação entre dois pontos

quaisquer (x, y) e (x', y') e escrevemos $(\Delta x, \Delta y) = (x, y) - (x', y')$, então:

$$0 = \Delta x w_1 + \Delta y w_2 = (\Delta x, \Delta y) \cdot (w_1, w_2) = \vec{v} \cdot \vec{w} \quad (3.18)$$

Além disso, \vec{w} aponta para o lado do hiperplano em que $f > 0$, ou seja a classe $z = 1$. Se analisarmos exemplo por exemplo o ponto $P = (w_1, w_2)$ com $b = 0$, então certamente está do lado que \vec{w} aponta, e $f = w_1^2 + w_2^2 > 0$. Agora se pegamos um ponto do outro lado $Q = (-w_1, -w_2)$ temos $f = -w_1^2 - w_2^2 < 0$. Evidentemente a exceção é $w_1 = w_2 = 0$.

Também é visível as limitações de classificação deste tipo de neurônio, mais especificamente, só podemos classificar corretamente se for possível fazer uma separação linear entre as duas classes no espaço de entrada.

Temos três casos possíveis de saída do neurônio para os dados de treinamento:

- Se a saída do neurônio t é mesma saída ideal s ($e = s - t = 0$): nesse caso a classificação está correta não precisamos alterar nada.
- Se a saída do neurônio é $t = 0$, mas devia ser $s = 1$ ($e = s - t = 1$): adicionamos o vetor de entrada $\vec{x} = (x, y)$ ao vetor peso \vec{w} , dessa forma aproximamos o peso da entrada, e tornamos mais provável classificarmos essa entrada corretamente como 1 na próxima vez.
- Se a saída do neurônio é $t = 1$ mas devia ser $s = 0$ ($e = s - t = -1$): subtraímos o vetor de entrada \vec{x} do vetor peso \vec{w} , afastando o peso da entrada e tornando mais provável classificarmos essa entrada corretamente como 0 na próxima vez.

O funcionamento da regra de aprendizado para 2 entradas com $\vec{w} = (1, 1)$ pode ser visualizado na Fig. 6. Usamos uma entrada $\vec{x} = (0, 1)$. Como podemos perceber, somar $\vec{w}' = \vec{w} + \vec{x}$ faz com que o ângulo entre os vetores peso e entrada diminua, já subtrair $\vec{w}' = \vec{w} - \vec{x}$ tem o efeito contrário de aumentar o ângulo entre os vetores. Ainda podemos escrever de forma mais sucinta a regra de aprendizado escrevendo o novo peso atualizado como:

$$\vec{w}' = \vec{w} + \Delta \vec{w}, \quad (3.19)$$

onde $e = s - t$ e $\Delta \vec{w} = e \vec{x}$. Até aqui não tratamos do viés, mas olhando 3.16 podemos perceber que pode ser tratado como o peso para uma entrada constante de valor 1. Portanto podemos escrever o vetor de entradas como $\vec{x} = (x, y, 1)$ e o peso como $\vec{w} = (w_1, w_2, b)$. Podemos notar que isso também nos permite escrever a função ativação de maneira mais genérica como um produto escalar:

$$f(x_1, \dots, x_N) = \begin{cases} 1 & \text{se } \vec{w} \cdot \vec{x} > 0 \\ 0 & \text{se } \vec{w} \cdot \vec{x} \leq 0 \end{cases}. \quad (3.20)$$

$\Delta b = (s - t)(1) = e$, logo:

$$b' = b + \Delta b. \quad (3.21)$$

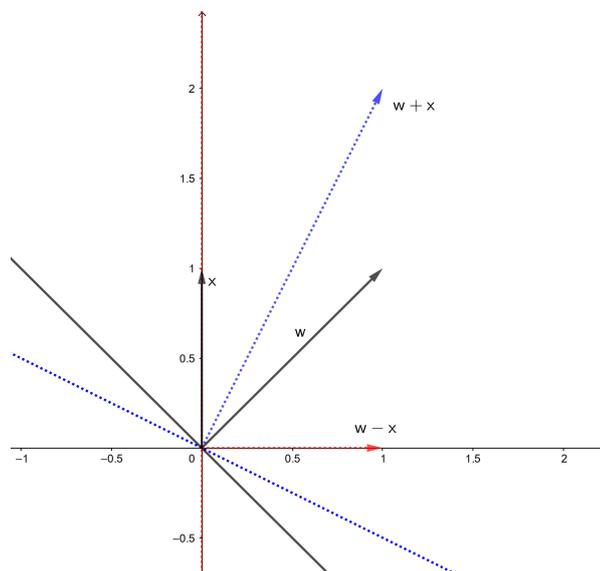


Figura 6 – Ilustração do funcionamento da regra de aprendizado.

A discussão foi feita envolvendo duas entradas, mas é facilmente generalizada para uma quantidade genérica de entradas. Ainda é comum utilizar uma taxa de aprendizado $\eta \ll 1$ para suavizar o treinamento de forma que na prática o vetor peso é atualizado seguindo $\Delta \vec{w} = \eta e \vec{x}$.

4 Resultados

4.1 Equilíbrios

Uma vez que estamos interessados em saber quais animais sobrevivem ou não quando o sistema atinge um estado de equilíbrio, não precisamos resolvê-lo numericamente. Podemos então identificar os pontos de equilíbrio e analisar a estabilidade do sistema linearizado em torno de cada um destes pontos. Desta forma podemos encontrar o ponto de equilíbrio estável para o qual o sistema vai evoluir independentemente das condições iniciais, caso haja um único ponto de equilíbrio estável. Caso haja mais de um ponto de equilíbrio são as condições iniciais responsáveis por determinar para qual ponto de equilíbrio o sistema evoluirá.

Como condição de equilíbrio, impomos então a 2.11 que $\dot{\mathbf{x}} = (0, 0, 0)$, ou seja:

$$\begin{aligned} 0 &= ax_1^* - \frac{x_1^{*2}}{\kappa_1} - \mu x_1^* y^* \\ 0 &= x_2^* - \frac{x_2^{*2}}{\kappa_2} - x_2^* y^* - px_1^* x_2^* \\ 0 &= (x_1^* + x_2^*) y^* - ey^*. \end{aligned} \tag{4.1}$$

Evidentemente o ponto $\mathbf{x}_0 = (0, 0, 0)$, ou seja a ausência de espécies, é um equilíbrio trivial do sistema. Outra situação possível é um cenário no qual apenas uma das presas sobrevive. Para o guanaco temos um ponto de equilíbrio do tipo $\mathbf{x}_1 = (x_1^*, 0, 0)$, onde apenas a primeira das três equações fica:

$$0 = a - \frac{x_1^*}{\kappa_1} \rightarrow x_1^* = a\kappa_1. \tag{4.2}$$

De maneira análoga, para a ovelha sozinha temos $\mathbf{x}_2 = (0, x_2^*, 0)$ sendo $x_2^* = \kappa_2$. Obviamente, não existe equilíbrio com apenas o predador, pois precisa das presas para se alimentar; matematicamente isso se reflete nas Eqs.4.1, pois se fixarmos $x_1^* = x_2^* = 0$, resulta que $y^* = 0$ ¹, ou seja voltamos ao equilíbrio trivial $\mathbf{x}_0 = (0, 0, 0)$

Agora, para a coexistência das presas, sem o predador, temos $\mathbf{x}_3 = (x_1^*, x_2^*, 0)$:

$$\begin{aligned} 0 &= a - \frac{x_1^*}{\kappa_1} \\ 0 &= 1 - \frac{x_2^*}{\kappa_2} - px_1^*. \end{aligned} \tag{4.3}$$

¹ A menos claro que e seja zero, o que seria uma situação irreal de pumas não morrendo mesmo sem ter alimento.

A partir da primeira equação do sistema 4.3 obtemos que $x_1^* = a\kappa_1$ novamente, e substituindo na segunda equação obtemos $x_2^* = \kappa_2 - pa\kappa_1\kappa_2$. Este equilíbrio de ovelhas com guanacos se dá para uma ocupação pelas ovelhas inferior a capacidade máxima (equilíbrio $x_2^* = \kappa_2$) pois os guanacos as expulsam, limitando a expansão delas.

De maneira semelhante, há a possibilidade de coexistência de uma das presas e o predador, o que resulta nos seguintes pontos de equilíbrio:

- $\mathbf{x}_4 = (x_1^*, 0, y^*) = \left(e, 0, \frac{a}{\mu} - \frac{e}{\mu\kappa_1}\right)$
- $\mathbf{x}_5 = (0, x_2^*, y^*) = \left(0, e, 1 - \frac{e}{\kappa_2}\right)$

Tendo analisado os pontos onde pelo menos uma das espécies não participa da dinâmica, resta ver as condições para ter um equilíbrio com as três espécies, que é o que se busca na situação de equilíbrio sustentável. Como nessa situação as três variáveis devem ser diferentes de zero, o sistema 4.1 se reduz a:

$$\begin{aligned} 0 &= a - \frac{x_1^*}{\kappa_1} - \mu y^* \\ 0 &= 1 - \frac{x_2^*}{\kappa_2} - y^* - px_1^* \\ 0 &= x_1^* + x_2^* - e. \end{aligned} \tag{4.4}$$

Da última linha temos:

$$x_2^* = e - x_1^*.$$

Substituindo na segunda linha, podemos escrever y^* em termos de x_1^* :

$$\begin{aligned} y^* &= 1 - \frac{x_2^*}{\kappa_2} - px_1^* \\ &= 1 - \frac{e}{\kappa_2} + x_1^* \left(\frac{1}{\kappa_2} - p\right) \\ &= 1 - \frac{e}{\kappa_2} - \frac{x_1^*}{\kappa_1}, \end{aligned} \tag{4.5}$$

uma vez que $p = 1/\kappa_1 + 1/\kappa_2$. E substituindo o valor de y^* na primeira linha, chegamos finalmente ao valor de x_1^* deste equilíbrio:

$$\begin{aligned} a &= \mu y^* + \frac{x_1^*}{\kappa_1} \\ a &= \mu - \frac{\mu e}{\kappa_2} - \frac{\mu x_1^*}{\kappa_1} + \frac{x_1^*}{\kappa_1} \\ a &= \mu - \frac{\mu e}{\kappa_2} + \frac{x_1^*}{\kappa_1} (1 - \mu) \\ x_1^* &= \kappa_1 \left(\frac{a + \frac{\mu e}{\kappa_2} - \mu}{1 - \mu} \right). \end{aligned} \tag{4.6}$$

A partir de x_1^* podemos obter x_2^* , substituindo na terceira linha da equação 4.4:

$$\begin{aligned} x_2^* &= e - x_1^* \\ x_2^* &= e - \kappa_1 \left(\frac{a + \frac{\mu e}{\kappa_2} - \mu}{1 - \mu} \right). \end{aligned} \tag{4.7}$$

E por fim, y^* pode ser obtido a partir da primeira linha de 4.4:

$$\begin{aligned} y^* &= \frac{a}{\mu} - \frac{x_1^*}{\mu \kappa_1} \\ y^* &= \frac{a}{\mu} - \frac{a + \frac{\mu e}{\kappa_2} - \mu}{\mu(1 - \mu)}. \end{aligned} \tag{4.8}$$

Sabendo que x_1^* é dado pela equação 4.6, temos resumidamente:

$$\mathbf{x}_6^* = \left(x_1^*, e - x_1^*, \frac{1}{\mu \kappa_1} (\kappa_1 a - x_1^*) \right) \tag{4.9}$$

4.2 Diagramas de coexistência

Em posse dos sete pontos de equilíbrio, podemos linearizar o sistema em torno de cada um e calcular os autovalores para determinar quais desses equilíbrios são estáveis, uma revisão rápida do tema é encontrada no apêndice B. O resultado da exploração do sistema em termos dos cinco parâmetros independentes do mesmo será exibido em gráficos tipo poligonal, conforme discutido no capítulo 3, como mostrado na Fig. 7. Como cada porção desse diagrama representa um diagrama ternário (três parâmetros variam em tanto dois são fixos), temos dez possíveis ternas entre os cinco parâmetros. Começamos definindo

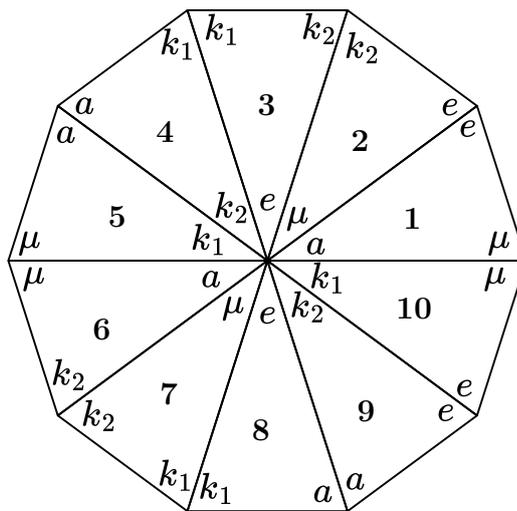


Figura 7 – Distribuição dos parâmetros em diagrama das dez ternas possíveis.

um conjunto de parâmetros que resultam em um estado que consideramos interessante, isto é, no qual as três espécies coexistem, e com um maior valor para ovelhas e menor para

pumas. Ou seja, um estado de equilíbrio onde $y < x_1 < x_2$. Este é um resultado coerente com a situação real da Patagônia argentina, uma vez que existe uma predominância de atividade pecuária de ovelha. Esse estado é obtido através dos parâmetros $a = 0.40$, $\mu = 0.6$, $\kappa_1 = \kappa_2 = 1.43$, $e = 0.7$, a evolução temporal do sistema pode ser visto na Fig. 8. A solução numérica foi obtida utilizando o método de Runge-Kutta de segunda ordem com $\Delta t = 0.01$, as populações iniciais de todas as espécies foram definidas em 0.3. É importante lembrar que parâmetro de competição entre as presas é $p = 1/\kappa_1 + 1/\kappa_2$.

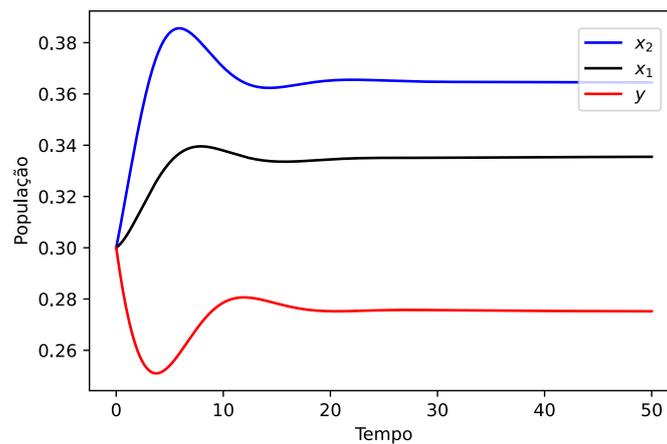


Figura 8 – Evolução temporal do sistema de três espécies: guanaco (x_1), ovelha (x_2) e puma (y).

A interação entre guanaco, puma e ovelha é fortemente influenciada por decisões dos fazendeiros, uma vez que para estes, a fauna é um custo de produção. Desta forma qualquer modelo inspirado no ecossistema local deve incorporar algumas relações baseado em observações reais deste ecossistema. É coerente supor que a probabilidade de predação da ovelha seja muito maior que a probabilidade de predação do guanaco, devido as preferências de caça do puma. Além da interação presa-predador que ocorre entre o carnívoro e os herbívoros, entre os herbívoros também há uma competição hierárquica com o guanaco como superior. Devido a esta competição hierárquica, faz-se necessário dar alguma “vantagem” ao competidor inferior a fim de permitir que sua sobrevivência seja possível. Isto normalmente é feito atribuindo ao competidor inferior uma taxa de reprodução maior que a do competidor superior (LAGUNA et al., 2015).

Se lembrarmos a discussão feita em 2.1, temos que $a = \frac{a_1}{a_2}$, isto é, a é a razão entre as taxas de reprodução do competidor superior e inferior. De maneira análoga $\mu = \frac{\mu_1}{\mu_2}$ nos dá a razão entre a taxa de predação do competidor superior em relação ao inferior. Sobre a , baseado na discussão feita previamente podemos impor a condição de que $a_2 > a_1$, ou seja $a < 1$. De maneira análoga, para μ impomos que $\mu_2 > \mu_1$, o que novamente nos restringe a $\mu < 1$. Desta forma garantimos uma maior taxa de reprodução para o competidor inferior e também definimos este como tendo uma probabilidade maior de ser predado.

Sobre o parâmetro $e = \frac{e_y}{a_2}$ temos então uma razão entre a taxa de extinção do predador e reprodução do competidor inferior. É esperado que ao longo da vida do predador este consuma diversas presas, de forma que naturalmente também seria esperado observar $e_y < a_2$ e conseqüentemente $e < 1$. E por fim, os parâmetros κ_j são a capacidade de carga relacionados a cada presa. Estes parâmetros não possuem uma justificativa para delimitar uma faixa de valores, uma vez que eles não dependem da relação entre duas espécies distintas. Eles estão mais relacionados com a capacidade do ecossistema de manter uma determinada população de uma determinada espécie, isto é, quanto maior o valor do parâmetro maior a população que o ecossistema consegue sustentar da respectiva espécie.

Isto fica evidente quando analisamos os pontos de equilíbrio para o caso em que apenas as presas sobrevivem. Por exemplo, se apenas a ovelha sobrevive temos exatamente $x_2^* = \kappa_2$. Para outros casos, quando outros parâmetros se fazem presente, também temos a relação de que quanto maior a capacidade de carga, maior a população da espécie associada no ponto de equilíbrio. Desta forma, este é um valor mais associado a relação da espécie com os recursos naturais em particular do ecossistema que esta sendo modelado, do que com a relação com outra espécie.

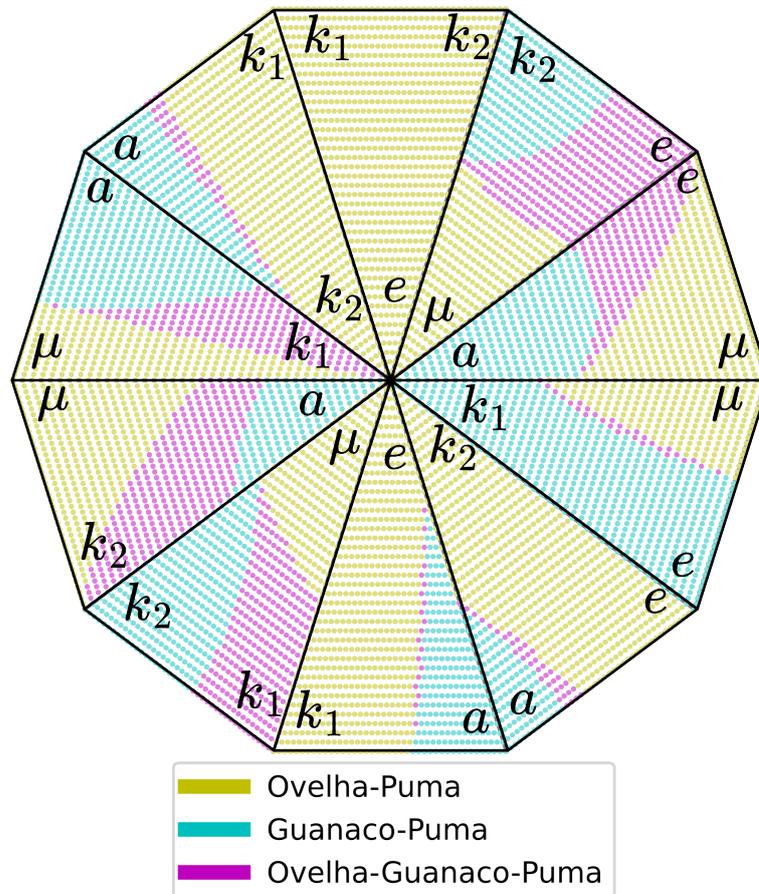


Figura 9 – Solução do sistema onde o estado final é identificado por cores e a legenda denota quais são as espécies sobreviventes.

Para representar o sistema através de um gráfico n-ário conforme retratado na Fig. 7, foi utilizado um sistema de cores que permite distinguir os diferentes estados finais do sistema. Também foi desenvolvido um código em *Python 3.0* visando a automatização do processo de varredura exaustiva de todo o espaço de parâmetros representado pelo gráfico. Esta etapa foi feita mediante iterações aninhadas onde cada parâmetro varia entre um extremo a outro, com incrementos em intervalos fixos, além de estruturas condicionais para garantir a conservação do somatório dos parâmetros envolvidos em cada gráfico ternário. Enquanto os módulos *SymPy* e *NumPy* foram utilizados para a realização de cálculos simbólicos e científicos, dentro os quais podemos citar a identificação dos pontos de equilíbrio, o cálculo dos autovalores do sistema linearizado em torno dos pontos de equilíbrio e a identificação de quais pontos de equilíbrios correspondem a um equilíbrio estável, a biblioteca *matplotlib* foi utilizada para gerar graficamente o resultado final sobre o plano cartesiano de acordo com o passo a passo discutido na seção 3.1.

No diagrama da Fig. 9, os parâmetros normalizados variam entre 1/100 e 99/100 e essa faixa de valores é dividida em 40 pontos igualmente espaçados. Enquanto a normalização dos outros parâmetros é obtida de maneira simples através da limitação entre os extremos, a capacidade de carga possui tipicamente valores maiores que 1. Vamos normalizar estes parâmetros fazendo $k_j = 1/\kappa_j$. Utilizando o parâmetro normalizado k_j com valores entre 1/100 e 99/100 obtemos uma padronização dos parâmetros: positivos, menores que 1 e no numerador. Do ponto de vista ecológico nos aproximamos dos modelos de Levins, modelo matematicamente equivalente ao modelo logístico que opta por reescrever o termo logístico de forma que todos os parâmetros estejam no numerador, formulação adotada também por Laguna et al. (2015). Além disto, as únicas combinações de parâmetros que são inseridas no gráfico são aquelas que o somatório dos parâmetros respeitam a conservação.

Definido então o estado padrão do sistema e a faixa de valores que vamos variar, os métodos previamente discutidos foram utilizados. Primeiro calculamos os pontos de equilíbrio do sistema, linearizamos o sistema em torno de cada um deles e calculamos os autovalores. Se a parte real de todos os autovalores é negativa, resulta ser um equilíbrio estável. O número de autovalores é em geral três, pois esse é número de espécies e portanto de equações de evolução.

No diagrama da Fig. 9 observamos que o puma nunca é extinto, sobrevivendo nos três cenários que a figura apresenta. A ovelha introduzida é um competidor direto por forragem com o guanaco, mas não é um risco por si só à existência do puma, o que é coerente com o cenário observado. O risco ao puma decorre de forma indireta pela pressão dos fazendeiros, que se traduz como um incremento na caçada ao mesmo, aumentando por sua vez a taxa de extinção local da espécie, acima do que seria encontrado sem interferência humana.

Desta forma, é natural nos interessarmos em entender como uma maior pressão contra a sobrevivência do puma, que é um espécie-chave, poderia afetar o ecossistema como um todo. Espécie-chave é uma conceito que caracteriza a existência de espécies que apesar da baixa abundância em um ecossistema, possuem um papel crítico na dinâmica ecológica (LAGUNA et al., 2015). A remoção de uma espécie-chave provoca uma drástica mudança no ecossistema, na maioria dos casos, esta espécie é um predador que controla a distribuição e população de um grande número de espécies que servem como presas. Há experimentos para gerenciar ecossistemas baseado em um controle de cima para baixo focado em espécies chaves, desta forma, este é um parâmetro interessante para extrapolarmos além do que seria esperado encontramos naturalmente em busca de todos os possíveis estados que o sistema pode atingir. O processo então foi feito mas desta vez variando a taxa de extinção do puma entre 1/100 e 100, resultando na Fig. 10.

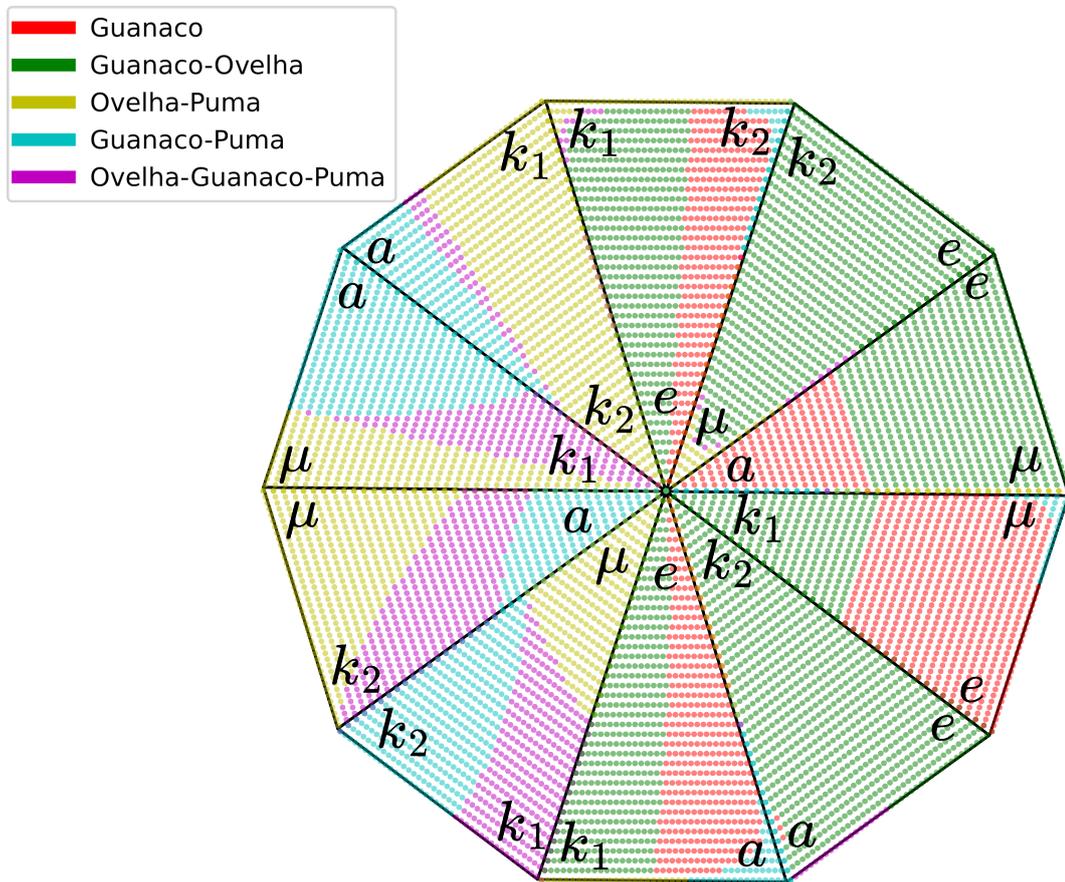


Figura 10 – Estados de coexistência no diagrama n-ario de parâmetros, quando a taxa de extinção do puma e está no intervalo $[0.01, 100]$.

No gráfico ternário 1 da Fig. 10, traçando uma reta paralela à aresta externa (oposta ao centro do diagrama), o parâmetro a permanece constante uma vez que seu valor depende da distancia ao centro do polígono. Para os estados sobre a reta em que $a = 0.5$, todos os pontos de equilíbrio apresentam pelo menos um autovalor com parte real nula ou positiva.

Isto acontece na fronteira entre as duas fases² do sistema, Guanaco-Ovelha e Guanaco. Nestes conjunto de parâmetros, através de soluções numéricas nas mesmas condições discutidas anteriormente, foi verificado que o sistema evolui sempre para um equilíbrio onde os auto-valores tem parte real negativa ou zero. Este ponto de equilíbrio corresponde a uma das fases que fazem a fronteira nesta região, especificamente a sobrevivência isolada do guanaco, isto é, não corresponde a uma terceira fase na fronteira. Nenhum caso com mais de um ponto de equilíbrio estável foi encontrado.

Podemos também notar na Fig. 10 que o sistema exhibe cinco dos sete estados possíveis, pois dois estados não se observam. Os dois estados ausentes são a extinção das três espécies e o estado com apenas ovelhas. O primeiro caso, é uma situação excepcional que podemos alcançar quando a taxa de extinção do predador é muito baixa. Partindo do conjunto padrão de parâmetros e modificando a taxa de extinção para $e = 1/10000$, obtemos o resultado que pode ser visto na Fig. 11. A população inicial foi definida em 0.75 para todas as espécies.

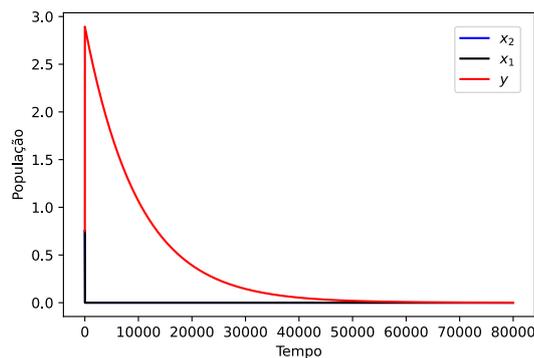


Figura 11 – Evolução do sistema para o caso em que todos animais são extintos.

O resultado pode parecer contra-intuitivo em um primeiro momento. Mas o que acontece é que a taxa de extinção do predador é tão baixa que em um curto prazo de tempo, praticamente não há extinção do mesmo. Dessa forma ocorre uma superpopulação de predadores que leva toda as presas à extinção. Depois, mesmo que a taxa de extinção seja muito baixa, a população de predadores cai pois não há mais presas, resultando no colapso de todo o ecossistema. Este é um ponto de equilíbrio instável do tipo sela, enquanto o sistema se aproxima do ponto de equilíbrio se estiver exatamente sobre o eixo que correspondente à existência unicamente do Puma, para qualquer outra situação diferente desta, ou seja, qualquer perturbação causada pela introdução de alguma presa, o sistema então se afasta do ponto de equilíbrio.

² Região no espaço de parâmetros na qual o sistema evolui para o mesmo ponto de equilíbrio, de uma espécie ou de coexistência.

Já a ausência do segundo estado final, demonstra uma dificuldade para que a ovelha permaneça como a única espécie sobrevivente. Este é um resultado consistente uma vez que o animal não é nativo à região, o que resulta em que não apenas é uma presa mais fácil ao predador mas também é um competidor inferior para o outro herbívoro. Uma análise matemática sobre a dificuldade ou impossibilidade dos pontos de equilíbrio serem atingidos pode ser visto no apêndice C.

Ainda é interessante reparar que no terceiro gráfico ternário na Fig. 10 em uma única linha é possível encontrar todos os 5 estados que são obtidos no gráfico. A partir de um conjunto de parâmetros, variando apenas k_1 e k_2 entre 0 e 1 obtemos então o resultado que pode ser visualizado na Fig. 12 no qual o sistema exibe os 5 possíveis estados.

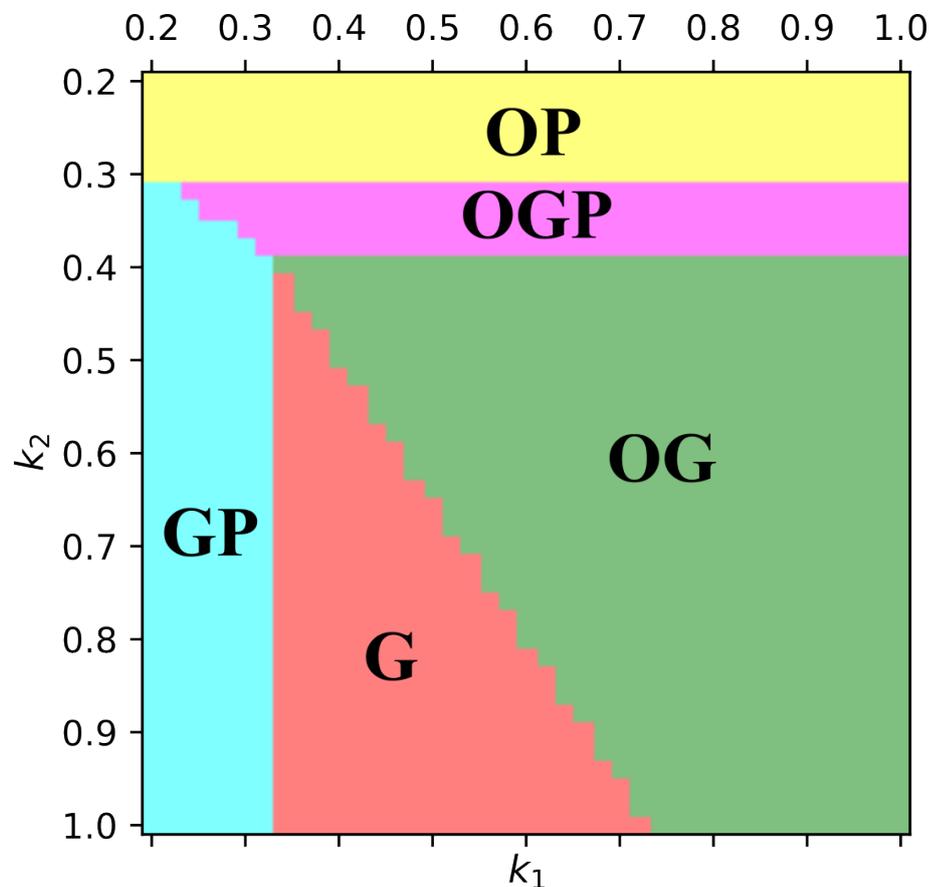


Figura 12 – Espaço de fases onde cada uma delas é identificada pelas iniciais dos animais que coexistem no estado de equilíbrio.

Para gerar esta Fig. 12, foi empregado um processo análogo ao da Fig. 7, porém agora ao invés de plotarmos o gráfico n-ário sobre o plano cartesiano, foi utilizada a função *matshow*, também do *matplotlib* que plota uma matriz 2D. Dessa forma o código foi feito para que cada posição da matriz corresponda a um par de parâmetros k_1 e k_2 e sua cor corresponda ao estado final do sistema na situação de equilíbrio. Podemos notar que todos os estados ainda podem ser encontrados mesmo se limitarmos k_1 e k_2 entre 0 e 0.5, esta região é onde o sistema apresenta uma maior diversidade de estados. Se observarmos apenas

$0.5 \leq k_j \leq 1$ observamos apenas dois estados, ou ainda se $k_j > 0.8$ há então um único estado a ser observado. Os parâmetros k_j aparentam influenciar mais na sobrevivência de cada espécie para baixos valores. Para valores mais altos estes parâmetros alteram o comportamento do sistema, especificamente alterando seu comportamento oscilatório, mas não interferindo mais na sobrevivência ou não de cada espécie, e este é o foco de nossa análise.

Quando olhamos os parâmetros do sistema de equações 2.11, podemos interpretar algumas coisas de forma intuitiva. Como por exemplo, o incremento de a deve ter um efeito positivo na sobrevivência de x_1 , da mesma forma que e deve ter um efeito negativo para a sobrevivência de y . Mas não temos uma medida quantitativa de quanto a afeta x_1 em relação de quanto afeta x_2 e y . Este tipo de informação é difícil se não impossível de ser obtida satisfatoriamente de forma intuitiva.

4.3 Diagramas de coexistência via perceptron

Uma maior compreensão dos parâmetros nos leva a uma melhor compreensão de nosso sistema como um todo. Redes neurais artificiais são alguns dos algoritmos mais populares de aprendizado de máquina nos dias atuais. Estes algoritmos vem sendo usado nas mais diversas áreas em grande parte devido ao seu enorme sucesso em diferentes tarefas, dentre elas, a classificação binária. Mesmo o mais simples dos modelos, como o perceptron junto do algoritmo de aprendizado, possui evidência de ser suficientemente poderoso para que o modelo convirja para uma solução em um número finito de passos, desde que a solução exista (HAGAN et al., 2014).

A Figura 13 ilustra a sobrevivência individual de cada espécie. Podemos notar que em cada um dos 10 gráficos ternários rearranjados, existe uma separação quase linear entre as duas classes. Esse resultado nos encoraja a assumir a hipótese que um classificador linear como o perceptron pode nos fornecer uma classificação com boa precisão. Utilizamos então um perceptron para cada espécie, sempre fornecendo como entrada o conjunto de parâmetros $\{a, \mu, e, k_1, k_2\}$ e obtendo como saída a classificação da espécie entre duas classes $\{0, 1\}$, onde 0 denota que a espécie foi extinta no estado de equilíbrio e 1 que sobreviveu.

Porém, nosso principal interesse não reside na capacidade de predição do perceptron. Modelos de aprendizado de máquinas são essencialmente modelos matemáticos conforme discutido no capítulo 3. Modelos mais complexos podem se tornar abstrato e de difícil interpretação, mas a simplicidade do perceptron pode ser vista como uma vantagem quando queremos entender o processo que ocorre durante a classificação.

Uma vez que o perceptron visa predizer o estado de sobrevivência da espécie e as entradas são os parâmetros do sistema, os pesos são nada mais do que uma medida

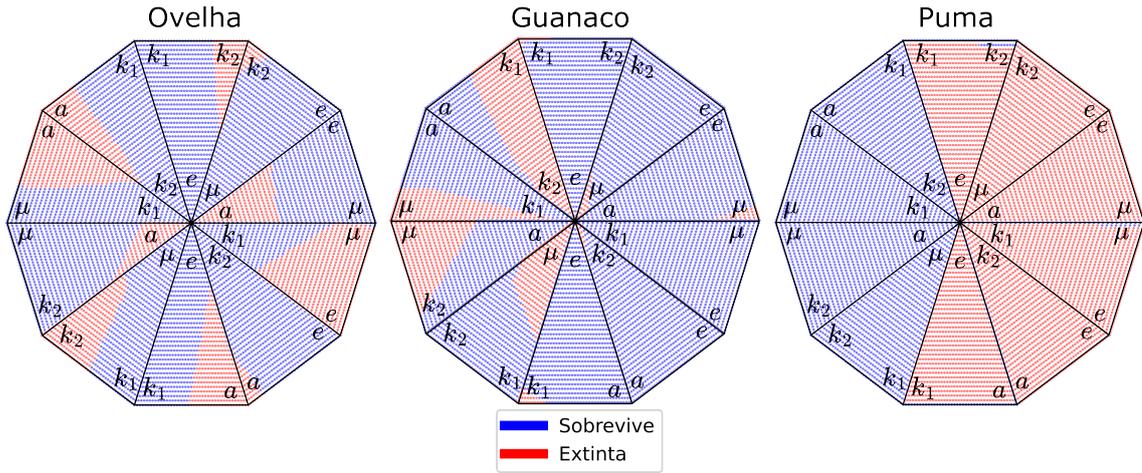


Figura 13 – Gráfico de sobrevivência para cada espécie.

quantitativa da importância de que o parâmetro associado possui para a sobrevivência da respectiva espécie. Um peso negativo indica uma contribuição negativa pra sobrevivência da espécie, isto é, uma contribuição para sua extinção. Além disso, se olharmos para um exemplo simples de duas entradas, na fronteira de decisão temos:

$$x_1w_1 + x_2w_2 + b = 0. \quad (4.10)$$

Podemos notar que mais importante que a magnitude de cada peso são os valores relativos entre os mesmos (e o viés). Isto é, se multiplicarmos toda a equação por uma constante $k > 0$ qualquer, a decisão permanece inalterada. Sendo assim, para melhor comparação entre os diferentes perceptrons, após o processo de treinamento, cada neurônio teve seus pesos multiplicados por uma constante k de forma que $|b| = 1$.

Para gerar o conjunto de dados de treinamento, repetimos o processo usado para gerar a Fig. 10, registrando o conjunto de parâmetros associado e o estado final para cada um dos pontos gerados. Desta forma construímos um conjunto de dados de treinamento com 8610 pontos. O treinamento foi realizado com uma taxa de aprendizado de $\eta = 10^{-6}$ e percorrendo todo o conjunto de treinamento 20000 vezes. A acurácia da classificação na última execução ficou acima dos 90% para o três animais conforme podemos ver na Fig. 14.

É necessário destacar que a acurácia não foi adotada como critério de parada pois a forma com que a acurácia foi computada nos ajuda a perceber qualitativamente se o perceptron está aprendendo, mas não tem precisão quantitativa. Isto ocorre pois a cada nova entrada o perceptron gera uma saída e então registra se a saída predita estava correta ou não, e caso não, atualiza o peso. Ao final, após testarmos todo o conjunto de dados de treinamento, registramos a porcentagem de predições corretas. Mas pode-se notar que entre uma entrada e outra o peso é atualizado, e só calculamos a acurácia após percorrermos todo o conjunto de treinamento. Consequentemente o peso foi atualizado

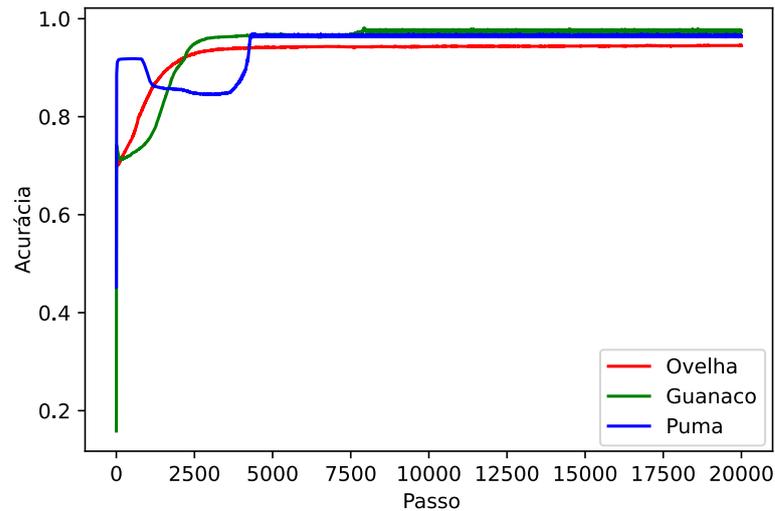


Figura 14 – Acurácia durante o treinamento.

		Ovelha		Guanaco		Puma	
		Ideal		Ideal		Ideal	
		0	1	0	1	0	1
Saída	0	2180	510	1517	195	4712	10
	1	178	5742	83	6815	193	3695

Tabela 3 – Matriz confusão com valores absolutos para o conjunto de dados de treinamento.

diversas vezes durante este processo. Desta forma, a acurácia computada a cada ponto do gráfico não corresponde a acurácia que seria computada se testássemos o conjunto de dados de treinamento adotando o vetor peso obtido ao final de maneira constante. Essa diferença é tão larga quanto η devido a variação que o vetor peso sofre a cada nova entrada errada.

O resultado do treinamento pode ser visto na tabela 3 com os valores totais e na tabela 4 em termos de percentagem. Estas matrizes foram obtidas testando todo o conjunto de dados de treinamento mantendo o vetor peso constante, sendo este o vetor que foi obtido ao final do treinamento, sendo assim esta é uma medida mais precisa da acurácia. Cada posição na célula corresponde a um dos 4 possíveis casos, sendo que a diagonal principal corresponde as classificações corretas. As 4 situações possíveis são:

- A saída ideal era 0 e a saída obtida foi 0: classificação correta;
- A saída ideal era 1 e a saída obtida foi 1: classificação correta;
- A saída ideal era 0 e a saída obtida foi 1: classificação incorreta;
- A saída ideal era 1 e a saída obtida foi 0: classificação incorreta;

		Ovelha		Guanaco		Puma	
		Ideal		Ideal		Ideal	
		0	1	0	1	0	1
Saída	0	25%	6%	18%	2%	55%	0%
	1	2%	67%	1%	79%	2%	43%

Tabela 4 – Matriz confusão em porcentagens para o conjunto de dados de treinamento.

		Ovelha		Guanaco		Puma	
		Ideal		Ideal		Ideal	
		0	1	0	1	0	1
Saída	0	1242	294	874	124	2716	0
	1	115	3309	43	3919	78	2166

Tabela 5 – Matriz confusão com valores absolutos para o conjunto de dados de validação.

		Ovelha		Guanaco		Puma	
		Ideal		Ideal		Ideal	
		0	1	0	1	0	1
Output	0	25%	6%	18%	2%	55%	0%
	1	2%	67%	1%	79%	2%	44%

Tabela 6 – Matriz confusão em porcentagens para o conjunto de dados de validação.

Para validar o treinamento construímos um conjunto de dados de validação com 4960 entradas. Este conjunto de dados foi gerado de forma análoga aos dados de treinamento, mas para não repetir os mesmos pontos, alteramos os parâmetros entre 2/100 e 98/100, com exceção de e que variou entre 2/100 e 99/100. Além disso, não dividimos a faixa de valores entre 40 pontos, mas 30. O resultado pode ser visto na tabela 5 em valores absolutos e na tabela 6 em termos de porcentagens.

Após treinamento com resultados satisfatórios, obtendo uma acurácia geral maior de 90% (92% para ovelhas e 98% para pumas), podemos analisar os pesos de cada neurônio. Os vetores pesos obtidos ao final do treinamento são:

$$\begin{aligned}
 \vec{w}_{x_1} &= (0.007391, -0.00277975, 0.00019617, 0.00102415, 0.0028103, -0.00285573) \\
 \vec{w}_{x_2} &= (-0.58865748, 0.15721089, 0.00076117, 0.25455417, -0.21814046, 0.20872049) \\
 \vec{w}_y &= -\left(1.39 \times 10^{-4}, 9.05 \times 10^{-5}, 4.50 \times 10^{-5}, 2.31 \times 10^{-4}, 9.19 \times 10^{-5}, -3.56 \times 10^{-4}\right)
 \end{aligned}
 \tag{4.11}$$

Após a normalização baseada nos vies, os pesos podem ser melhor visualizados nas Figs. 15 e 16, sendo que a primeira figura é gerada através da função *bar* do *matplotlib* responsável por fazer um gráfico de barras, e a segunda utiliza o módulo *pyplot* - um módulo voltado à geração de gráficos interativos - com a função *line_polar* que permite a construção de gráficos polares, neste caso também foi necessário a utilização do módulo

pandas, um módulo voltado a preparação e análise de dados. Enquanto na Fig. 15 temos um gráfico em barras onde traçamos uma linha horizontal na altura dos vieses para melhor comparação entre os parâmetros e o viés, no gráfico 16 separamos a visualização de cada parâmetro para a sobrevivência ou extinção da espécie.

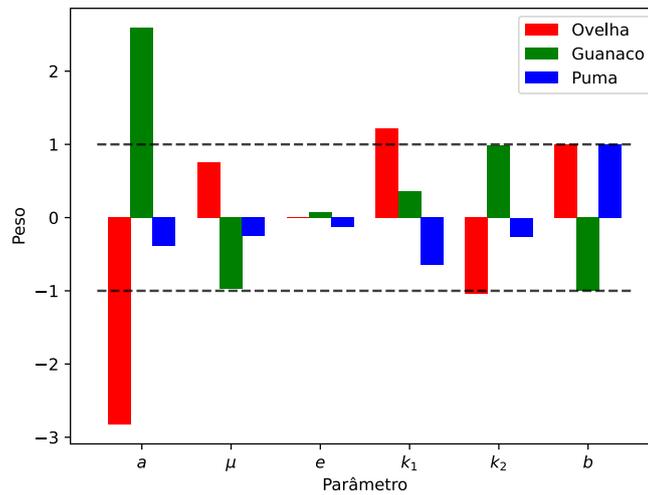


Figura 15 – Análise dos pesos utilizando barras.

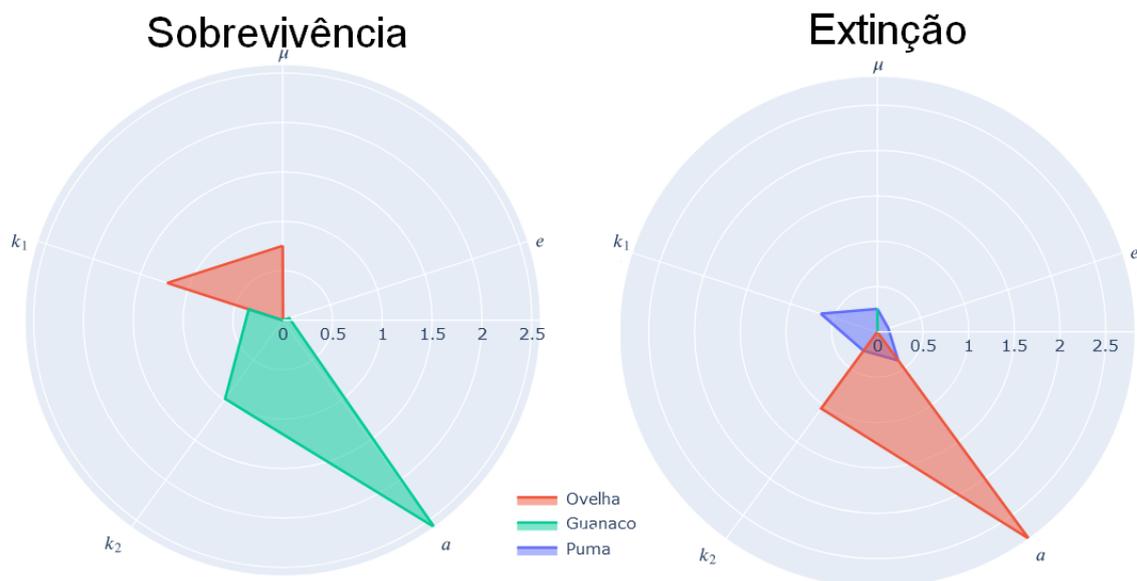


Figura 16 – Análise dos pesos utilizando o gráfico de radar.

Podemos interpretar o viés como uma pré-disposição para a espécie sobreviver ou ser extinta. Especificamente, se $b > 0$ então a soma dos termos devem ser menor que $-b$ para que a espécie seja extinta, agora se $b < 0$, então a soma dos termos deve ser maior b para que a espécie consiga sobreviver. Ainda podemos destacar que com exceção de e todos os outros parâmetros são menor que 1. Isto nos ajuda a mensurar quão influentes

são de maneira geral para a sobrevivência da espécie dentro da nossa faixa de valores, uma vez que produto $z_j \cdot w_j$, sendo z_j um parâmetro qualquer e w_j o peso associado, sempre vai ter como resultado máximo o próprio valor do peso w_j para todos parâmetros com exceção de e .

Por exemplo a é maior que 2 para ovelha e o guanaco, que implica que tem uma grande influência na sua sobrevivência. Isto é, se variarmos apenas este parâmetro é mais provável alterarmos o estado de sobrevivência da ovelha e do guanaco que do puma. É interessante notarmos também que apesar de a ser o parâmetro com maior magnitude para ambas as presas, sua influência funciona de maneira oposta entre as espécies. O que pode indicar a existência de competição entre as espécies e uma certa resistência à coexistência, uma vez que se aumentarmos seu valor para facilitar a sobrevivência de uma espécie, dificultamos da outra. Este resultado é consistente com as hipóteses que assumimos para criar o modelo.

Além disso, puma é o único animal no qual todos os parâmetros são negativos, mas nenhum parâmetro sozinho tem magnitude maior que o próprio viés. Abordando especificamente e , de uma forma contra-intuitiva, exerce menos influência na sobrevivência da espécie do que outros parâmetros como o próprio a . Desta forma podemos entender o motivo de ao adotarmos uma faixa de valores para e muito baixa, não conseguimos alterar o estado de sobrevivência do puma e levá-lo à extinção.

Refazendo a Fig. 10 mas utilizando o perceptron treinado ao invés do sistema de equações diferenciais, 87% dos estados finais do sistema coincidem entre a aproximação via perceptrons e o resultado exato conforme pode ser visto na Fig. 17. Ambos os modelos foram executados no "Colaboratory" através do plano gratuito que fornece um back-end do Google Compute Engine em Python 3 com 12.7GB de RAM disponível, este é um serviço online do Google que permite escrever e executar Python no navegador. Enquanto a Fig. 10 exigiu 21 minutos e 1 segundo para ser gerada, a Fig. 17, exigiu apenas 2s. Este é o tempo necessário para gerar a figura uma vez que já temos os perceptrons treinados.

É importante notar que é mais difícil classificar corretamente o estado final do sistema como um todo do que o estado final de cada espécie individualmente. Isto decorre do fato que a classificação está correta para o sistema apenas quando está correta simultaneamente para as três espécies. O que explica a menor acurácia quando comparado com a obtida individualmente para cada espécie. Ainda assim é um resultado encorajador, uma vez que utilizamos o modelo de rede neural artificial mais simples possível. Este resultado nos permite interpretar o perceptron como um aproximador de funções (HAGAN et al., 2014), onde o seguinte sistema linear composto com os pesos normalizados funciona como uma função aproximada para identificar a sobrevivência de cada espécie em função dos parâmetros:

$$\begin{aligned}
 x_1 &= 2.59a - 0.97\mu + 0.07e + 0.35k_1 + 0.98k_2 - 1 \\
 x_2 &= -2.82a + 0.75\mu + 1.21k_1 - 1.04k_2 + 1 \\
 y &= -0.39a - 0.25\mu - 0.13e - 0.65k_1 - 0.26k_2 + 1.
 \end{aligned}
 \tag{4.12}$$

As equações 4.12 informam apenas se a espécie sobrevive (*expressão* > 0) ou não (*expressão*

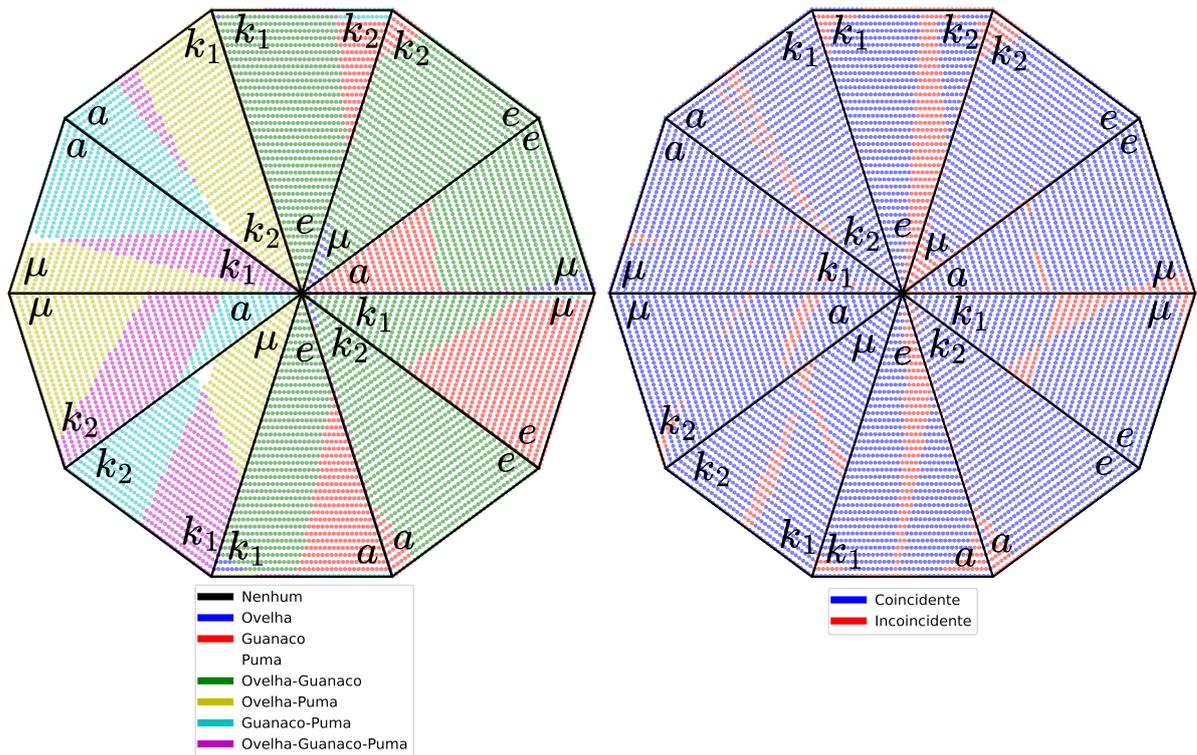


Figura 17 – À esquerda o resultado obtido via perceptron e à direita a comparação com a solução exata do modelo baseado em equações.

≤ 0) no estado de equilíbrio; sem dizer qual seriam os valores de cada espécie nesse estado.

Utilizando perceptrons também foi possível também recuperar 5 estados no 3º ternário na Fig. 17, porém em uma única linha, variando apenas k_1 e k_2 foi possível obter apenas 4 parâmetros, na Fig. 12 podemos notar um comportamento não linear especificamente no comportamento do puma. É possível supor uma aproximação linear capaz de classificar as entradas em 5 possíveis estados mantendo as fronteiras de decisão do puma e guanaco paralelas uma a outra enquanto a da ovelha possui uma inclinação θ com ambas. Isto divide o espaço de parâmetros em 5 regiões conforme pode ser visto na Fig. 18. Esta figura foi criada através do software dinâmico de matemática GeoGebra. Apesar de conseguir identificar 5 regiões, o perceptron do puma apresentaria a menor acurácia dentre os três uma vez que estamos erroneamente classificando uma região inteira no qual o puma deveria sobreviver. Os perceptrons não convergiram para esta solução

pois foram treinados com dados de todo o gráfico e não especificamente esta região, então o algoritmo de aprendizado busca otimizar a acurácia total, e não apenas nesta região. Porém este exemplo também serve como demonstração o potencial de classificação dos perceptrons.

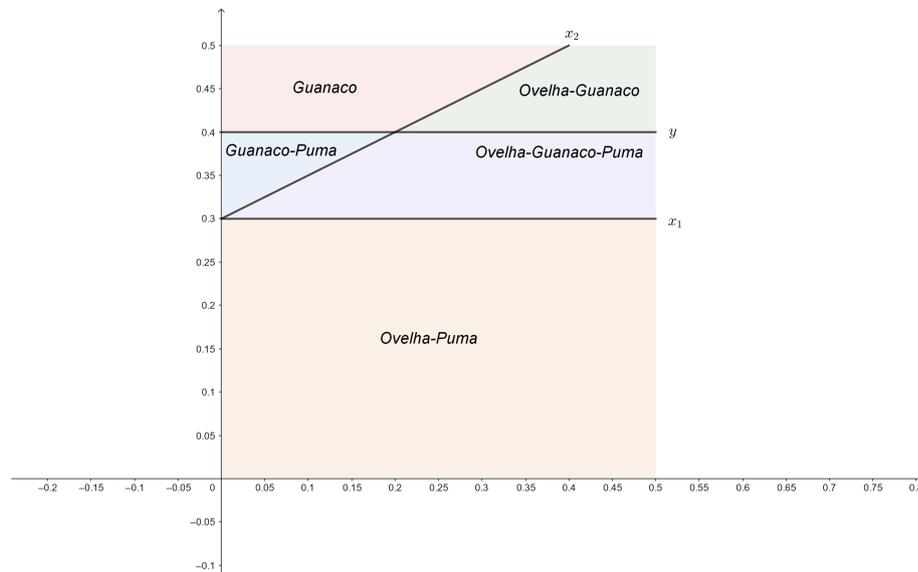


Figura 18 – Fronteiras de decisão hipotéticas para os perceptrons.

4.4 Modelagem baseada em agentes

Para a modelagem baseada em agentes, o modelo foi implementado em Python 3 <<https://www.python.org/>> no cluster ADA do instituto de Física UFRGS <<https://www.if.ufrgs.br/if/informatica/cluster/>> utilizando principalmente o NumPy 1.19.5 <<https://numpy.org/>> para computação científica e o Scipy para computação simbólica <<https://docs.scipy.org/doc/>>.

Para compararmos o modelo baseado em agentes com o modelo de campo médio foi utilizado o mesmo conjunto padrão de parâmetros discutido anteriormente com um fator de normalização $M = 0.43$ e intervalo finito de tempo de $\Delta t = 0.1$. Realizamos uma simulação em uma grade 100×100 até o tempo final de $\tau = 25s$. Para melhor visualização foi calculado a média e o desvio padrão sobre 100 execuções conforme pode ser visualizado na Fig. 19.

É notável que a simulação computacional foi capaz de reproduzir satisfatoriamente os resultados obtidos via modelagem baseada em equações. Este resultado foi obtido através de um conjunto de regras diretas e explícitas sobre como os agentes, isto é, as meta-populações das diferentes espécies deviam interagir entre si. Desta forma pudemos testar de uma maneira quantitativa se a interpretação conceitual que atribuímos a cada termo do modelo de campo médio poderia explicar a origem do fenômeno que é descrito

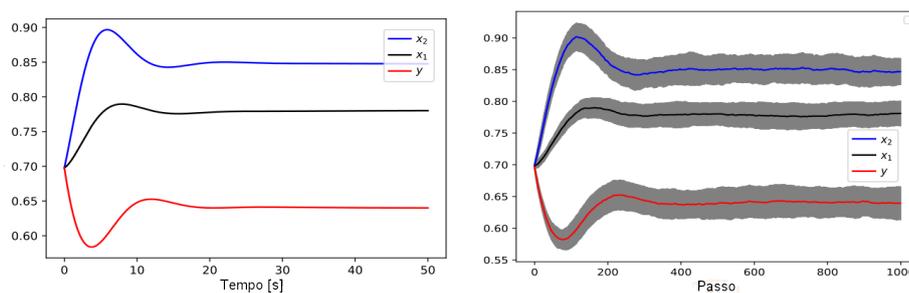


Figura 19 – À esquerda temos a solução numérica do sistema de equações, e a direção o resultado da simulação baseada em agentes.

por este sistema de equações diferenciais. O sucesso em reproduzir estes resultados através das simulações computacionais não apenas aprofunda nossa compreensão do modelo de campo médio atual, mas também sugere uma possibilidade de desenvolvimento trabalho futuro.

5 Conclusões

É interessante realizarmos uma discussão final não apenas sobre o modelo, mas também sobre os métodos propostos para investigar o modelo. Para guiar esta discussão final podemos relembrar os objetivos específicos propostos.

Começamos com o objetivo de demonstrar que alguns dos principais comportamentos exibidos por sistemas mais complexos se mantêm no modelo simplificado que propomos. Para isto vamos relembrar do trabalho publicado por [Laguna et al. \(2015\)](#). Um dos principais resultados obtidos neste trabalho consiste identificação de uma transição do sistema entre três estados quando se altera a taxa de extinção do predador. Partindo de um estado de coexistência entre ovelhas e puma até um estado de coexistência entre ovelhas e guanacos, passando por um estado intermediário com a coexistência de todos os animais, isto é, conforme a população do puma decai até a extinção, a do guanaco sai da extinção, enquanto a população de ovelha sobrevive em todos os cenários analisados.

Podemos encontrar duas regiões no gráfico [10](#) onde esta mesma transição aparece, uma no gráfico ternário [3](#) e outra no [2](#), ambos envolvendo exatamente o parâmetro e , o que já sugere uma influência do respectivo parâmetro nestas transições de fases. Quando olhamos em particular no gráfico [2](#) a transição acontece sobre uma aresta do triângulo, isto é, o terceiro parâmetro permanece com um valor mínimo fixado e só variamos dois parâmetros, especificamente e e μ . Analisando esta aresta podemos notar que conforme nos afastamos do centro do gráfico, o valor de e aumenta e passamos exatamente pela mesma sequência de estados: ovelha e puma, coexistência entre as três espécies e então a coexistência entre ovelha e guanaco.

Este resultado também é coerente quando olhamos os pesos obtidos para o perceptron. O parâmetro e tem sua menor influência sobre a ovelha, espécie que não altera o status. Além disso possui uma influência positiva no guanaco e negativo na puma, coerente com o observado. Conforme aumenta-se o valor do parâmetro e , a população do puma é levada à extinção ao mesmo tempo que do guanaco deixa de ser extinta.

O modelo proposto também foi capaz de recuperar o resultado para $e \approx 0$ com $e \neq 0$, resultando na extinção de todas as espécies. Estes resultados foram originalmente obtidos utilizando autômatos celulares. Estes são os principais resultados obtidos por [Laguna et al. \(2015\)](#) que não dependem de uma distribuição espacial explícita das espécies. É importante que estes resultados foram obtidos com um modelo baseado em equações diferenciais com quase metade dos parâmetros dos modelos originais. Desta forma, obtivemos sucesso em demonstrar que alguns dos principais comportamentos explorados em sistemas mais complexos estão presentes também no modelo simplificado.

Combinando as análises feitas com o perceptron e com o arranjo dos gráfico ternários foi possível ir além na interpretação do modelo. Uma boa ilustração da consistência entre as análise pode ser obtida quando observa-se o sexto gráfico ternário na Fig. 10. No centro do círculo tem-se o valor máximo de a , quando apenas guanacos e pumas coexistem, quando se afasta do centro em direção à borda, o valor de a sofre um decréscimo causando a transição do sistema para um estado onde apenas ovelhas e pumas coexistem, passando pelo estado de coexistência entre as três espécies. Algo análogo ao discutido anteriormente sobre a influência de e . Este resultado assim como o discutido anteriormente é coerente com o que pode-se observar na Fig. 15, pois a exerce uma grande influência positiva na sobrevivência do guanaco e negativa da ovelha, e por fim sendo muito menos sentido pelo puma.

Outra forma de visualizar as informações que são obtidas através do perceptron é com a Fig. 16, onde podemos perceber claramente como cada parâmetro atua sobre cada espécie. Esta informação quantitativa é a principal informação que o perceptron nos traz sobre o sistema, e através do gráfico de radar conseguimos visualizar de maneira rápida e eficiente como cada parâmetro afeta cada espécie. Por exemplo, quando olhamos para a ovelha, podemos perceber que enquanto μ e k_2 contribuem para a sobrevivência da espécie, em uma quantidade relativamente similar, k_1 e a contribuem negativamente, além disso, podemos ver a é mais importante que os outros parâmetros. Ainda podemos notar que e é o menos relevante.

Análises similares podem ser realizadas para ambas as espécies, mas comparando as três espécies, é nítido que os parâmetros se comportam de maneira oposta para a ovelha e guanaco, sinalizando uma espécie de competição entre ambas as espécies. Também podemos perceber que o Puma é animal menos sensível a mudança de parâmetros, conforme pudemos perceber em nossos primeiros resultados. Dessa forma conseguimos utilizar o perceptron de uma maneira não usual bastante interessante para a análise do nosso sistema, mais interessante que a capacidade de predição, a simplicidade e transparência do mesmo nos permitiu obtermos uma interpretação direta dos pesos de cada perceptron, associando o peso a importância de cada parâmetro à cada espécie, e a escolha da forma adequada de visualização destes dados, como por exemplo através da Fig. 16 nos permite traduzir esta informação para uma representação gráfica bastante simples do impacto de cada parâmetro para cada espécie. Esta é uma informação que normalmente não é obtida nos métodos mais tradicionais de análise de sistemas empregados na área.

Utilizando o método proposto foi possível encontrar também um conjunto de parâmetros e uma faixa de valores no qual variando apenas dois parâmetros pode-se encontrar todos os 5 estados de equilíbrio possíveis, não obtendo apenas os dois casos especiais destacados previamente. Este é um resultado interessante e bastante difícil de se obter intuitivamente, o fato de ser possível explorar os 5 parâmetros do sistema ao mesmo

tempo fornece uma valiosa ferramenta para que seja possível encontrar essas regiões de maior interesse no espaço de estados das fases sem ou com pouco conhecimento prévio do sistema.

Apesar da simplicidade do modelo perceptron de redes neurais artificiais, foi possível obter um bom resultado de predição. E a simplicidade nesta situação pode ser vista como uma vantagem a partir do momento que permite compreender melhor o processo de classificação, não sendo uma "caixa preta" (uma ferramenta que apenas inserimos as entradas e obtemos as saídas sem compreender o processo intermediário). Isto é uma característica essencial para o desenvolvimento de tecnologias centradas no ser humano.

Desta forma, pode-se perceber que outros dois objetivos, isto é, utilizar redes neurais artificiais e gráficos ternários para investigar de maneira mais completa o espaço de parâmetros do sistema, também foram alcançados. Ainda é interessante ressaltar que tanto a escolha de parâmetros quanto a faixa de valores que estes mesmos podem variar, é costumeiramente feita de forma arbitrária. Porém no nosso modelo foi possível apresentar argumentos baseados em observações na natureza para limitar a faixa de valores de 3 dos 5 parâmetros, e para os outros 2 restantes foi apresentado uma hipótese sobre o motivo de que aumentar a faixa de valores dos mesmos não traria nenhum benefício adicional para a análise.

O último objetivo restante a ser discutido é demonstrar de maneira quantitativa através de simulações computacionais um conjunto de regras de interação entre as populações que resulte no mesmo comportamento descrito pelo modelo simplificado de campo médio. Quanto a isto, pode-se observar que o modelo baseado em agentes foi capaz de reproduzir satisfatoriamente os resultados obtidos via modelagem baseada em equações. No modelo baseado em equações, buscamos interpretar cada termo como uma modelagem de uma interação que ocorre entre populações, mas essa interpretação é de certa forma tanto arbitrária quanto subjetiva. Um exemplo é que pode-se rearranjar os termos, potencialmente mudando a interpretação de cada termo mas sem alterar o resultado matemático, a exemplo do que foi feito com outros trabalhos durante a derivação do modelo simplificado. Porém através da simulação computacional foi possível recuperar o mesmo resultado obtido via campo médio, e isto foi feito através de um modelo baseado em agentes construído a partir de um conjunto coerente de regras de interação entre as populações. Este conjunto de regras foi baseado em uma interpretação sobre o significado de cada termo no modelo de campo médio, mas aplicados na simulação computacional de maneira direta.

Desta forma, foi possível alcançar o último objetivo proposto. Mas mais do que apenas uma ferramenta para entender o modelo baseado em equações, o modelo baseado em agentes é uma ferramenta para expandir esta modelagem. Devido à natureza intrínseca deste tipo de modelagem é fácil modificar o modelo, modificando, adicionando ou removendo as regras de interações entre os agentes. Estas regras por serem construídas pensando à

nível individual de interação, costumam ser mais simples de se identificar do que tentar compreender de uma só vez toda a complexidade da dinâmica que um sistema complexo pode exibir.

Modelos de campo médio ignoram interações de curto alcance, e é observado que estas interações apresentam um importante papel na dinâmica destas populações (LAGUNA et al., 2015). Argumenta-se assim que simulações computacionais são consideradas ferramentas mais valiosas para a análise destes sistemas. Porém trabalhos na área adotam uma metodologia que consiste em propor uma simulação computacional primeiro e então um modelo de campo médio na sequência (LAGUNA et al., 2015; ABRAMSON et al., 2017), e então, dentre outras simplificações no modelo de campo médio contém a questão da natureza espacialmente implícita deste tipo de modelagem. Porém a diferente natureza dos modelos torna mais difícil uma comparação em que tenhamos a garantia que a única diferença significativa entre ambos é a questão espacial. Desta maneira é difícil mensurar qual é a influência no modelo proposto devido unicamente à característica deste ser espacialmente explícito ou não.

A partir do momento que temos um modelo baseado em agentes que reproduz a dinâmica do campo médio, e este é construído sob um conceito que torna simples modificarmos as regras de interação, temos a possibilidade de construir outro modelo onde teremos a garantia que a única distinção entre ambos consiste na natureza espacial do modelo. E a partir disto podemos comparar a influência das interações de curto alcance em diferentes modelos de uma maneira mais adequada, garantindo que restringimos a diferença entre ambos apenas à questão espacial. Desta forma, quando discutimos os resultados obtidos via modelo baseado em agentes, talvez até mais interessante do que o próprio resultado encontrado, é o enorme potencial a ser explorado em pesquisas futuras que o modelo apresenta.

É natural pensar em realizar uma análise mais profundas do modelo baseado em agentes, aplicando por exemplo os próprios métodos propostos que foram utilizados na análise do modelo de campo médio. Isto é, o arranjo de gráficos ternários e redes neurais artificiais. Devido à natureza da programação orientada a objeto, da própria natureza do modelo, e da linguagem de programação utilizada (Python) para executar a simulação computacional, é necessário um maior poder computacional. O que exige um tempo substancialmente maior para identificar o estado de equilíbrio do sistema do que quando comparado com a modelagem baseada em equações. Desta forma os recursos e os tempo disponível foram um limitante na atual pesquisa. Devido aos resultados apresentados até então no qual o modelo reproduz fielmente os resultados da modelagem baseada em equações, espera-se encontrar essencialmente os mesmos resultados ainda que fazendo uma análise mais aprofundada. Mas verificar isso de maneira mais robusta é um caminho natural a se seguir. Isto pode ser alcançado simplesmente com mais tempo disponível e/ou

também otimizando o código, por exemplo, utilizando o poder de processamento paralelo, também é interessante considerar a possibilidade de reescrever em outra linguagem que exija um tempo de processamento menor, como C# por exemplo.

Também pode-se destacar que seguindo a literatura sobre o tema e o ecossistema em particular, foi considerado que o parâmetro p responsável por regular a competição hierárquica entre as presas não é um parâmetro independente, mas escrito em termos de outros parâmetros presentes no sistema. Uma generalização óbvia é tratar este parâmetro independentemente. Se não quisermos adicionar mais gráficos em nossa figura uma vez que aumentar um parâmetro livre aumenta substancialmente a quantidade de gráficos necessários para representar todas as combinações possíveis de parâmetros, podemos utilizar uma coordenada temporal. Isto é, ao invés de produzirmos uma imagem estática, podemos produzir uma animação que p varia conforme avançamos ou retrocedemos a animação. Apesar de ser mais complicado, através de ferramentas de programação é possível também contornarmos as dificuldades de visualização de mais gráficos até certo ponto. Isto pode ser feito, por exemplo, construindo ferramentas interativas em que podemos dar zoom em determinadas regiões de nosso interesse.

Ao longo de nossa investigação apenas casos muito particulares foram encontrados no qual não foi possível obter um único estado em que todos os autovalores sejam negativos. É possível que com outras faixas de valores ou outros modelos, podemos nos deparar com mais situações que fujam desta norma. Estas exceções podem identificar regiões interessantes de se explorar. Por exemplo, encontrando regiões em que o estado de equilíbrio do sistema dependa da população inicial uma vez que o sistema apresenta mais de um ponto de equilíbrio. Isto não foi explorado neste modelo, porém é uma possibilidade de investigação que usualmente não é explorado, uma vez que o método adotado tradicionalmente é apenas manter uma população inicial fixa e resolver numericamente o sistema para uma faixa de valores de parâmetros, ignorando uma possível informação sobre outros pontos de equilíbrio.

Sobre a proposta do perceptron adotamos o modelo mais simples possível de classificação linear, em parte pela simplicidade de aplicação, e em parte pela também simplicidade de interpretação. Mas é natural pensarmos na possibilidade de experimentar modelos de redes neurais artificiais mais complexos e com maior capacidade de classificação, incluindo com a possibilidade de realizar classificações não lineares. Por exemplo, na Fig. 12 podemos notar um comportamento não linear especificamente no comportamento do puma, com um classificador não-linear certamente teríamos uma maior precisão nesta região do espaço de parâmetros, mesmo um classificador não linear obtido da combinação de apenas dois classificadores lineares poderia apresentar uma maior acurácia para a região. Mantendo classificadores lineares ainda poderíamos abordar estratégias para melhorar ainda mais a classificação, por exemplo explorando outras regras de treinamento e até

mesmo diferentes taxas de aprendizado visando aumentar a acurácia sem abandonarmos a classificação linear. Outra opção de desenvolvimento futuro, é mantendo os mesmos parâmetros, tomar vantagem do fato que os resultados podem ser obtidos mais rapidamente através do perceptron treinado quando em comparação com o conjunto inicial de equações e experimentar extrapolar o treinamento para um maior espaço de parâmetros.

Por fim, vale lembrar que modelo baseado em agentes apresenta um grande teto para melhorias. Esta é sua principal característica e uma das principais motivações para que o modelo fosse desenvolvido. O modelo aqui proposto já foi capaz de recuperar os resultados obtidos via equação, além de servir como um laboratório de testes para conferir se a interpretação que fizemos do modelo de campo médio é capaz de resultar no fenômeno modelado. Futuramente, pode servir para ir além, como um laboratório para testar de maneira quantitativa o efeito de incorporar as mais diversas possibilidades no modelo de uma forma intuitiva, incluindo por exemplo, o efeito das interações de curto alcance que não é possível incorporar nos modelos baseados em equações.

De uma maneira geral, além dos resultados obtidos para o modelo proposto, o método de análise proposto reúne características encontradas em diferentes trabalhos que focam em analisar distintos aspectos do modelo. Trabalhos prévios adotam estratégias distintas, cada um com suas próprias limitações, por exemplo quando é adotado análises mais gerais como a identificação e análise do equilíbrio em torno dos pontos de equilíbrio, ou até mesmo a existência e características da solução exata do sistema, é necessário trabalhar com modelos mais simples. Costumeiramente com menos parâmetros e menos espécies envolvidas. Em compensação quando se analisa sistemas mais complexos, então costumeiramente se foca em análises mais específicas, sobre apenas poucos parâmetros e utilizando soluções numéricas. O que propomos e testamos com nosso modelo é utilizar de forma sinérgica diferentes ferramentas para que possamos trabalhar com um caso intermediário de forma mais completa.

Propondo um sistema com menos parâmetros do que trabalhos prévios, mas com mais parâmetros e espécies que os modelos mais simples, utilizando tanto soluções numéricas, linearização em torno do ponto de equilíbrio e novas ferramentas como o gráficos n-ário, redes neurais artificiais e modelagem baseada em agentes, foi possível obter uma exploração mais profunda do sistema proposto. Mais genérica do que normalmente é obtido em sistemas de similar complexidade matemática, semelhante ao que é obtido em sistemas mais simples, mas sem perder importantes comportamentos obtidos com sistemas mais complexos e nem a interpretação ecológica. Assim, a metodologia proposta se apresenta não só como uma metodologia apropriada para a investigação deste modelo, mas algo que pode ser generalizado e adaptado para trabalhar com diferentes modelos de forma geral.

Por fim, vale destacar uma última discussão sobre a escolha em focar a atenção em quais espécies sobrevivem quando o sistema atinge o estado de equilíbrio em detrimento

de como o sistema evolui. Primeiro vamos lembrar do fato de que o método analítico de obtenção do ponto de equilíbrio estável é computacionalmente mais rápido de se obter do que resolver numericamente o sistema. Além disso, não temos uma forma precisa de deduzir em que instante o sistema vai estar em equilíbrio. Podemos verificar manualmente para cada conjunto de parâmetros, escolher um τ fixo onde supomos que o sistema vai estar em equilíbrio para qualquer conjunto de parâmetros ou então desenvolver um código adicional para fazer esse monitoramento. De toda forma, obter diretamente os pontos de equilíbrio é uma solução mais rápida, exata e prática.

O segundo ponto é o fato de que nenhum parâmetro tem uma associação direta com alguma observável medida na natureza. Isto nos permite realizar diferentes manipulações e reorganizar o sistema de diferentes formas, mas também atrapalha ter uma interpretação intrínseca do significado de cada variável e/ou parâmetro. No modelo adimensional que foi desenvolvido, as variáveis que representam cada espécie (x_1, x_2, y) foram reescritas em termo do produto entre os parâmetros e variáveis do sistema em sua forma dimensional. Portanto não há uma interpretação intrínseca de fato do que significa a variável y associado ao puma. Poderíamos pensar em diferentes interpretações, como a quantidade de animais, de meta-populações, de biomassa, etc. Mas independente da interpretação, é coerente supor que uma vez que y está associado a população de pumas, se $y = 0$ então a espécie foi extinta, conseqüentemente se $y > 0$ então a espécie está viva. Desta forma, mais relevante do que como o sistema evolui, e mesmo da magnitude das variáveis no estado de equilíbrio do sistema, é mais interessante sabermos apenas se $y > 0$ ou $y = 0$, ou seja, se a puma sobrevive ou é extinto, o mesmo raciocínio vale para os outros animais. Esta abordagem também se mostrou mais adequada para abordarmos as redes neurais artificiais de classificação binária, pois utilizando perceptrons, não podemos recuperar a evolução do sistema, mas conseguimos obter uma função linear aproximada capaz de nos dizer se uma espécie sobrevive ou não dado um conjunto de parâmetros.

Do ponto de vista profissional, a pesquisa representou uma importante etapa no meu desenvolvimento. Ao longo dos 2 anos de mestrado no qual a pesquisa foi executada, me deparei com uma série de dificuldades que estão presentes na vida profissional de um pesquisador. Mais do que apenas a exigência de conhecimento especializado necessário para reproduzir resultados existentes e obter novos resultados, há uma série de desafios ligado a atividade de pesquisa em si. Questões como definir o tema de pesquisa, objetivos, métodos a serem utilizados, avaliar se a proposta é coerente ou não com o prazo disponível, entender qual é a principal contribuição do trabalho, os desafios de modelar um fenômeno de qualquer origem, foram apenas alguns dos obstáculos enfrentados. Também vale destacar que devido à natureza bastante flexível da atividade é necessário aprender a gerenciar e otimizar o tempo disponível, achar o equilíbrio entre produzir constantemente mas sem sobrecarregar, atingindo então o máximo de produtividade possível a longo prazo, objetivo que é apenas alcançado uma vez que se aprende a respeitar os próprios limites e

se incorpora uma rotina saudável. Este é um grande desafio pessoal e profissional.

Especificamente sobre os conhecimentos adquiridos e produzidos, esta pesquisa me permitiu construir uma base teórica que não só tornou possível esta pesquisa, mas também abre portas para um maior desenvolvimento deste e outros futuros trabalhos. Foi também através dos trabalhos produzidos ao longo desta pesquisa que tive a oportunidade de participar dos eventos que em decorrência da pandemia ocorreram de forma online: Encontro Nacional de Física Estatística (2021) e XII *Workshop in Complexity of Water, Other Liquids and Education*. Presencialmente tive o prazer de participar da *International School and Conference on Network Science* (2022), onde tive a oportunidade de apresentar meu trabalho para um público internacional pela primeira vez, além de aguardar os resultados dos trabalhos aceitos para a *3rd Latin American Conference on Complex Networks*, no Peru.

Dessa forma, acreditamos que este trabalho não apenas possibilitou o desenvolvimento pessoal e profissional, mas também alcançou o sucesso em atingir seus objetivos e tem o potencial de contribuir para o desenvolvimento da área e para a melhora do processo de tomada de decisões.

Referências

- ABRAMSON, G. et al. On the roles of hunting and habitat size on the extinction of megafauna. *Quaternary International*, v. 431, p. 205–215, 2017. ISSN 1040-6182. Pleistocene human dispersals: Climate, ecology and social behavior. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1040618215008150>>. Citado 5 vezes nas páginas 16, 19, 21, 58 e 68.
- BAZZAN, A. L. C. <https://www.overleaf.com/project/61f8682ae71e3fe5446934bd>. 2018. Acesso em 02 mar. 2022. Disponível em: <https://www.inf.ufrgs.br/~bazzan/downloads/mas_ppsn.pdf>. Citado 2 vezes nas páginas 14 e 15.
- Daza C., Y. et al. Waves of desertification in a competitive ecosystem. *Ecological Modelling*, v. 396, p. 42–49, 2019. ISSN 0304-3800. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0304380019300389>>. Citado 4 vezes nas páginas 6, 8, 20 e 68.
- DEMUTH, H.; BEALE, M. *Neural Network Toolbox: Perceptron Learning Rule*. 2002. Acesso em 18 jul. 2022. Citado na página 34.
- ELETTREBY, M. Two-prey one-predator model. *Chaos, Solitons & Fractals*, v. 39, n. 5, p. 2018–2027, 2009. ISSN 0960-0779. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0960077907004511>>. Citado 2 vezes nas páginas 8 e 18.
- GOLDBARG, M. C.; LUNA, H. P. L. *Otimização combinatória e programação linear: Modelos e algoritmos*. Rio de Janeiro: Campus, 2000. ISBN 978-8535215205. Citado na página 11.
- HAGAN, M. T. et al. Perceptron learning rule. In: _____. *Neural Network Design*. [s.n.], 2014. p. 80–112. Disponível em: <https://hagan.okstate.edu/4_Perceptron.pdf>. Acesso em: 18 jul. 2021. Citado 3 vezes nas páginas 34, 46 e 51.
- KOLPAK, E. P.; GORYNYA, E. V. Mathematical model of operational competition. *International Journal of Engineering & Technology*, v. 7, p. 85–91, 2018. Citado 2 vezes nas páginas 8 e 19.
- KUPERMAN, M. et al. Metapopulation oscillations from satiation of predators. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, v. 527, p. 121288, 2019. ISSN 0378-4371. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0378437119307617>>. Citado 3 vezes nas páginas 7, 8 e 19.
- LAGUNA, M. et al. Mathematical model of livestock and wildlife: Predation and competition under environmental disturbances. *Ecological Modelling*, v. 309-310, p. 110–117, 2015. ISSN 0304-3800. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0304380015001714>>. Citado 12 vezes nas páginas 6, 7, 8, 9, 15, 19, 40, 42, 43, 55, 58 e 68.
- MAES, P. *Agents that Reduce Work and Information Overload*. Cambridge: The MIT Press, 1997. 145-164 p. Citado na página 14.

MATURANA, H. R.; J, V. F. *De máquinas e seres vivos: autopoiese - a organização do vivo*. Porto Alegre: Artes Médicas, 1997. ISBN 978-8535215205. Citado na página 13.

NIELSEN, M. *Neural Networks and Deep Learning*. Determination Press, 2015. Disponível em: <<https://books.google.com.br/books?id=STDBswEACAAJ>>. Citado 2 vezes nas páginas 33 e 34.

PHIPPS, M. J. From local to global: The lesson of cellular automata. In: DEANGELIS, D. (Ed.). *Individual-Based Models and Approaches in Ecology: Populations, Communities and Ecosystems*. Springer US, 1992. cap. 8, p. 165–187. Disponível em: <<https://books.google.ca/books?id=YAIUAQAAIAAJ>>. Citado na página 8.

ROCHA, J.; BOAVIDA-PORTUGAL, I.; GOMES, E. Introductory chapter: Multi-agent systems. In: ROCHA, J. (Ed.). *Multi-agent Systems*. Rijeka: IntechOpen, 2017. cap. 1. Disponível em: <<https://doi.org/10.5772/intechopen.70241>>. Citado na página 14.

RODRIGUES, J. *Modelo McCulloch e Pitts*. 2014. Disponível em: <http://jeiks.net/wp-content/uploads/2014/08/RNA-Slides_04.pdf>. Citado na página 32.

SEEBURGER, P. *Taylor Polynomials of Functions of Two Variables*. 2020. Acesso em 16 fev. 2023. Disponível em: <[https://math.libretexts.org/Bookshelves/Calculus/Supplemental_Modules_\(Calculus\)/Multivariable_Calculus/3:_Topics_in_Partial_Derivatives/Taylor__Polynomials_of_Functions_of_Two_Variables](https://math.libretexts.org/Bookshelves/Calculus/Supplemental_Modules_(Calculus)/Multivariable_Calculus/3:_Topics_in_Partial_Derivatives/Taylor__Polynomials_of_Functions_of_Two_Variables)>. Citado na página 71.

SILVA, H. O. da. *Em busca da aplicabilidade de sociedades artificiais em informática educativa*. Tese (Doutorado) — Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2006. Citado 3 vezes nas páginas 11, 13 e 14.

WILENSKY, U.; RAND, W. *An Introduction to Agent-Based Modeling: Modeling Natural, Social, and Engineered Complex Systems with NetLogo*. The MIT Press, 2015. ISBN 9780262731898. Disponível em: <<http://www.jstor.org/stable/j.ctt17kk851>>. Citado 2 vezes nas páginas 11 e 12.

XU, J.; HUANG, M.; SONG, X. Dynamics of a guanaco–sheep competitive system with unilateral and bilateral control. *Nonlinear Dynamics*, v. 107, p. 3111–3126, 2022. ISSN 1573-269X. Disponível em: <<https://link.springer.com/article/10.1007/s11071-021-07128-1>>. Citado 2 vezes nas páginas 8 e 20.

ZANASI, R. *System and Control Theory*. 2016. Acesso em 16 fev. 2023. Disponível em: <http://www.dii.unimo.it/~zanasi/didattica/Teoria_dei_Sistemi/System_and_Control_Theory_2017.htm>. Citado 2 vezes nas páginas 71 e 72.

ZUBEN, F. J. et al. *Projeto de Redes Neurais Artificiais*. 2007. Acesso em 02 abr. 2015. Disponível em: <ftp://ftp.dca.fee.unicamp.br/pub/docs/vonzuben/ia353_1s07/topico4_07.pdf>. Citado na página 32.

Apêndices

APÊNDICE A – Estrutura do MBA

É interessante realizar uma discussão sobre a estrutura geral do código, pois esta pode ser aproveitada para outros modelos. A estrutura foi montada pensando em Python mas é facilmente adaptado para qualquer linguagem de programação que permita programação orientada a objetos.

A estrutura tem como base duas classes. A primeira é a classe que vamos utilizar para criarmos os agentes em si. Na função de inicialização colocamos os parâmetros de configuração inicial do agente. No nosso modelo é onde registramos as propriedades que definem a espécie do agente e o estado atual da população, por exemplo. Além disso vamos precisar dos métodos que vão descrever as regras de interação entre os agentes, isto é, o que o agente deve fazer quando chamado. Quais são estas regras são particulares de cada modelo.

E por fim, vamos precisar obrigatoriamente de mais dois métodos para a realização de uma simulação assíncrona. O primeiro método é o responsável por chamar os métodos anteriores a fim de aplicar as regras de interação no atual passo, mas para manter a assincronicidade da simulação, as alterações no estado do agente não devem ser aplicadas imediatamente, mas em um momento posterior, quando chamamos então o último método especificamente com esta finalidade.

```
class Agente:
    def __init__(self):
        """Configuração inicial do agente """

    def Interacao(self):
        """Algo que o agente deve fazer"""

    def Passo(self):
        """ Aplica as regras de interação"""
        self.Interacao() #Chama os métodos necessários

    def Atualiza(self):
        """Atualiza as propriedades do agente"""
```

A segunda classe é responsável pela criação da simulação em si. Para isso na função de inicialização novamente definimos os parâmetros do modelo, como o tamanho da grade por exemplo. É aqui também que precisamos criar os agentes envolvidos na simulação. Uma prática interessante é guardar os agentes em uma lista. Para a simulação em grade

que estamos propondo, como não temos dois agentes na mesma posição, podemos usar um dicionário tendo como chave uma tupla com as coordenadas que localizam o agente.

Esta classe também deve conter obrigatoriamente um método que, ao ser chamada, avance a simulação em um passo. Este método deve chamar os agentes em dois momentos. Em um primeiro, chamando o método responsável por aplicar as regras de interação e registrar quais devem ser as futuras atualizações nos parâmetros. Só após chamar todos os agentes necessários, em um segundo momento deve aplicar as atualizações nos parâmetros de todos os agentes através do respectivo método dos mesmos. Além disso, dependendo do que estamos interessados em monitorar, podemos criar um método que registre alguma variável que seja do nosso interesse, este método também pode ser chamado a cada passo da simulação.

```
class Modelo:
    def __init__(self):
        """Configuração inicial do Modelo onde criamos os agentes"""
        ag1=Agente(); ag2=Agente() #Criamos os agentes

    def Monitor(self):
        """Monitora uma variável de interesse"""

    def Passo(self):
        """Avançamos um passo no modelo"""
        #Aplicamos as regras de interação
        ag1.Passo(); ag2.passo()
        #Atualizamos os parâmetros
        ag1.Atualiza(); ag2.atualiza()
        #Executamos o monitoramento
        self.Monitor()
```

Por fim, da mesma forma que criamos os agentes para a simulação, devemos criar a simulação em si. Podemos executar uma estrutura de repetição de N e a cada iteração executamos o método responsável por avançar um passo no modelo.

```
M = Modelo()
for i in range(N):
    M.Passo()
```

Esta estrutura foi desenvolvida baseada nos conceitos da modelagem baseada em agentes e implementada através da programação orientada a objetos. A escolha de retratar a dimensão espacial como uma grade associando um único agente para identificar o estado de uma sub-população em cada célula nos aproxima de outros modelos já conhecidos na

literatura (LAGUNA et al., 2015; ABRAMSON et al., 2017; Daza C. et al., 2019).

APÊNDICE B – Análise no entorno do ponto de equilíbrio

Uma equação linear é então uma equação da forma:

$$a_0x_0 + a_1x_1 + \cdots + a_Nx_N = b, \quad (\text{B.1})$$

que pode ser escrita na forma de um somatório simplesmente como:

$$\sum_{j=0}^N a_j x_j = b, \quad (\text{B.2})$$

onde as variáveis e os coeficientes são respectivamente x_j e a_j . De maneira análoga, uma equação diferencial linear tem a seguinte forma geral:

$$a_0(t)x + a_1(t)\frac{dx(t)}{dt} + \cdots + a_{N-1}(t)\frac{d^{N-1}x(t)}{dt^{N-1}} + a_N(t)\frac{d^N x(t)}{dt^N} = b(t), \quad (\text{B.3})$$

ou então:

$$\sum_{j=0}^N a_j(t)\frac{d^j x(t)}{dt^j} = b(t), \quad (\text{B.4})$$

A similaridade entre B.2 e B.3 é notável. Nos restringindo a uma equação diferencial de primeira ordem, $n = 1$, obtemos:

$$a_0(t)x(t) + a_1(t)\frac{dx(t)}{dt} = b(t). \quad (\text{B.5})$$

Sem perda de generalidade, podemos reescrever os termos $g(t) = \frac{b(t)}{a_1(t)}$, $a(t) = -\frac{a_0(t)}{a_1(t)}$, e denotar por conveniência simplesmente $x(t) \rightarrow x$, então:

$$\dot{x} = a(t)x + g(t). \quad (\text{B.6})$$

É visível a semelhança com a equação da reta, $y = ax + b$, isto é, uma equação linear de primeira ordem. Se $g(t) = 0$, então temos apenas $\dot{x} = a(t)x$, denominada equação homogênea. Podemos perceber que t ainda pode aparecer explicitamente em $a(t)$, porém se isto não acontecer, ou seja, a for constante, temos então uma equação autônoma $\dot{x} = ax = f(x)$. Se temos então um conjunto de equações diferenciais de primeira ordem, podemos escrever:

$$\begin{pmatrix} \dot{x}_0 \\ \vdots \\ \dot{x}_n \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a_0(t)x_0 + g_0(t) \\ \vdots \\ a_n(t)x_n + g_n(t) \end{pmatrix},$$

onde o índice n indica a n -ésima equação linear. Para termos um sistemas de equações diferenciais lineares, as equações não podem ser independentes entre si. Se os termo $g_j(t)$ não são independentes das outras equações, podem ser reescritos em termo destas. Então:

$$\begin{aligned} \begin{pmatrix} \dot{x}_0 \\ \vdots \\ \dot{x}_n \end{pmatrix} &= \begin{pmatrix} a_0(t)x_0 + g_{01}(t)x_1 + \dots + g_{0n}(t)x_n + b_0(t) \\ \vdots \\ a_n(t)x_n + g_{n0}(t)x_0 + \dots + g_{nn-1}(t)x_{n-1} + b_n(t) \end{pmatrix} \\ &= \begin{pmatrix} a_0(t) & \dots & g_{0n}(t) \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ g_{n0}(t) & \dots & a_n(t) \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_0 \\ \vdots \\ x_n \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} b_0(t) \\ \vdots \\ b_n(t) \end{pmatrix}, \end{aligned}$$

que pode ser reescrito sem perda de generalidade como:

$$\dot{\mathbf{x}} = A\mathbf{x} + \mathbf{b}, \quad (\text{B.7})$$

ou ainda:

$$\dot{\mathbf{x}} = A\mathbf{x} + B\mathbf{u}, \quad (\text{B.8})$$

Considerando que as matrizes A e B sejam independentes do tempo, temos explicitamente:

$$\begin{pmatrix} \dot{x}_1 \\ \vdots \\ \dot{x}_n \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a_{11} & \dots & a_{1n} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{n1} & \dots & a_{nn} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} x_1 \\ \vdots \\ x_n \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} b_{11} & \dots & b_{1m} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ b_{m1} & \dots & b_{mm} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} u_1 \\ \vdots \\ u_m \end{pmatrix}.$$

A literatura muitas vezes chama \mathbf{u} de entrada, principalmente na área de controle de sistemas. Denotando então $\dot{\mathbf{x}}(t) = f(\mathbf{x}(t), \mathbf{u}(t))$ da mesma forma que $f_j(\mathbf{x}, \mathbf{u}) = \dot{x}_j$, omitindo a informação da dependência temporal (t) podemos escrever então:

$$f(\mathbf{x}, \mathbf{u}) = \begin{pmatrix} f_0(\mathbf{x}, \mathbf{u}) \\ \vdots \\ f_n(\mathbf{x}, \mathbf{u}) \end{pmatrix},$$

onde $\mathbf{x} = (x_0, \dots, x_n)^T$ e $\mathbf{u} = (u_0, \dots, u_n)^T$. O ponto de equilíbrio \mathbf{x}_0 tendo uma entrada constante $\mathbf{u}(t) = \mathbf{u}_0$ ocorre quando impomos $\dot{\mathbf{x}} = 0$. Podemos então resolver o sistema em busca dos pontos de equilíbrio.

Quando lidamos com sistemas lineares, podemos fazer uso do primeiro critério de Lyapunov (também chamado de método reduzido, método indireto ou teorema da

linearização) para analisar a estabilidade de um ponto de equilíbrio, para sistemas lineares, a estabilidade do ponto de equilíbrio não depende do ponto em si, ela é completamente determinado pelos autovalores da matriz A . A análise da estabilidade de sistemas não lineares é feito estudando a estabilidade do sistema linearizado correspondente na vizinhança dos pontos de equilíbrio. Desta forma, Considerando então um sistema não linear:

$$\dot{\mathbf{x}} = f(\mathbf{x}, \mathbf{u}),$$

novamente o ponto de equilíbrio \mathbf{x}_0 ocorre quando para uma entrada constante $\mathbf{u}(t) = \mathbf{u}_0$ temos $\dot{\mathbf{x}} = f(\mathbf{x}, \mathbf{u}) = 0$. Mas agora a estabilidade não é uma propriedade global do sistema, mas local. Então a análise deve ser feita em cada ponto de equilíbrio. Precisamos expandir a função $f(\mathbf{x}, \mathbf{u})$ na vizinhança do ponto de equilíbrio $(\mathbf{x}_0, \mathbf{u}_0)$, para uma variável, temos a seguinte expansão em série de Taylor em torno de c :

$$P_n(x) = \frac{f(c)(x-c)^0}{0!} + \frac{f'(c)(x-c)^1}{1!} + \dots + \frac{f^{(n)}(c)(x-c)^n}{n!},$$

a expansão em primeiro grau em torno do ponto (a, b) para uma função de duas variáveis é dada por (SEEBURGER, 2020):

$$f(x_1, x_2) \approx f(a, b) + \frac{\partial f(x_1, x_2)}{\partial x_1} \Big|_{(a,b)} (x_1 - a) + \frac{\partial f(x_1, x_2)}{\partial x_2} \Big|_{(a,b)} (x_2 - b),$$

escrevendo então $\tilde{x}_1 = (x_1 - a)$ e $\tilde{x}_2 = (x_2 - b)$:

$$f(x_1, x_2) \approx f(a, b) + \frac{\partial f(x_1, x_2)}{\partial x_1} \Big|_{(a,b)} \tilde{x}_1 + \frac{\partial f(x_1, x_2)}{\partial x_2} \Big|_{(a,b)} \tilde{x}_2,$$

escrevendo na forma vetorial $\tilde{\mathbf{x}} = (\tilde{x}_1, \tilde{x}_2)^T$, ficamos então com:

$$f(x_1, x_2) \approx f(a, b) + \frac{\partial f(x_1, x_2)}{\partial (x_1, x_2)} \Big|_{(a,b)} \tilde{\mathbf{x}},$$

onde:

$$\frac{\partial f(x_1, x_2)}{\partial (x_1, x_2)} = \left(\frac{\partial f(x_1, x_2)}{\partial x_1}, \frac{\partial f(x_1, x_2)}{\partial x_2} \right).$$

Generalizando para nosso caso temos então (ZANASI, 2016):

$$f(\mathbf{x}, \mathbf{u}) = f(\mathbf{x}_0, \mathbf{u}_0) + f_{\mathbf{x}}(\mathbf{x}_0, \mathbf{u}_0)(\mathbf{x} - \mathbf{x}_0) + f_{\mathbf{u}}(\mathbf{x}_0, \mathbf{u}_0)(\mathbf{u} - \mathbf{u}_0)$$

Sendo:

$$f_{\mathbf{x}} = \frac{\partial (f_1, \dots, f_m)}{\partial (x_1, \dots, x_n)}$$

Uma vez que $f(\mathbf{x}, \mathbf{u})$ é um vetor também $(f_1, \dots, f_m)^T$ e \mathbf{x} é o vetor $(x_1, \dots, x_n)^T$. E como $f(\mathbf{x}_0, \mathbf{u}_0) = 0$ é uma condição imposta para caracterizar o ponto de estabilidade, fazendo o deslocamento: $\tilde{\mathbf{x}} = \mathbf{x} - \mathbf{x}_0$ e $\tilde{\mathbf{u}} = \mathbf{u} - \mathbf{u}_0$, temos então o seguinte sistema linearizado:

$$\dot{f}(\mathbf{x}, \mathbf{u}) = A\tilde{\mathbf{x}}(t) + B\tilde{\mathbf{u}}(t),$$

onde as matrizes são:

$$A = \left. \frac{\partial (f_1, \dots, f_n)}{\partial (x_1, \dots, x_n)} \right|_{x_0} \quad B = \left. \frac{\partial (f_1, \dots, f_n)}{\partial (u_1, \dots, u_m)} \right|_{u_0}.$$

A matriz A é a matriz jacobiana que representa a diferenciação de f , e um resultado análogo para B .

$$A = \begin{pmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial x_1} & \cdots & \frac{\partial f_1}{\partial x_n} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f_n}{\partial x_1} & \cdots & \frac{\partial f_n}{\partial x_n} \end{pmatrix} \quad B = \begin{pmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial u_1} & \cdots & \frac{\partial f_1}{\partial u_m} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f_n}{\partial u_1} & \cdots & \frac{\partial f_n}{\partial u_m} \end{pmatrix}.$$

A estabilidade em torno do ponto de equilíbrio é dada pela análise dos autovalores de A (ZANASI, 2016):

- Se todos os autovalores da matriz A tem parte real negativa o ponto de equilíbrio é assintoticamente estável;
- Se ao menos um dos auto valores da matriz da matriz A tem parte real positiva então o ponto instável;
- Se um dos autovalores está localizado no eixo imaginário, isto é, tem parte real nula, mas todos os outros autovalores são negativos, não é possível concluir nada sobre a estabilidade do ponto.

- Para 2 dimensões se $\lambda_1 = \lambda_2^*$ temos uma estabilidade não assintótica e se $\lambda_1 = \lambda_2$ temos um caso degenerado.

Podemos entender isso melhor observando o exemplo em que dada uma matriz A que tenha autovalores reais λ_i associado aos autovetores $|\lambda_i\rangle$ e possa ser decomposta como:

$$A = \sum_i \lambda_i |\lambda_i\rangle \langle \lambda_i|,$$

então escrevendo o sistema linear de equações diferenciais como:

$$|\dot{x}\rangle = A|x\rangle,$$

e substituindo a matriz por sua decomposição:

$$|\dot{x}\rangle = \sum_i \lambda_i |\lambda_i\rangle \langle \lambda_i|x\rangle,$$

podemos pensar então que o termo $\langle \lambda_i|x\rangle$ fornece uma medida de ortogonalidade entre o vetor $|x\rangle$ e o autovetor $|\lambda_i\rangle$, o que implica em ‘quanto’ nosso sistema vai se mover na direção apontada pelo autovetor. Como um extremo, podemos ver que se forem perpendiculares entre si, então $\langle \lambda_i|x\rangle = 0$, logo o termo inteiro do somatório é zerado. Isso acontece por

exemplo, se o sistema está sob um eixo no espaço de estados e o autovetor aponta na direção de outro eixo perpendicular a este.

Agora, uma vez que $\langle \lambda_i | x \rangle \neq 0$, então resta o vetor $|\lambda_i\rangle$ indicando efetivamente a direção no qual o sistema vai evoluir no espaço de estados. E ainda por fim, temos que λ_i vai regular o sentido no qual o sistema vai se evoluir. Podemos perceber aqui, para valores totalmente reais, a necessidade de que todos os autovalores sejam negativos para termos um sistema estável, uma vez que isto fará com que o sistema evolua no sentido do ponto de equilíbrio. Assim como o motivo de que os autovalores reais positivos configuram um sistema instável, uma vez que isto resulta em um comportamento oposto, se afastando do ponto de equilíbrio.

APÊNDICE C – Pontos de equilíbrio que não aparecem no gráfico

Matematicamente podemos analisar o ponto de equilíbrio linearizando o sistema em torno do ponto $\mathbf{x}_2 = (0, \kappa_2, 0)$. Obtemos então os seguintes autovalores: $\{a, -1, \kappa_2 - e\}$. Uma vez que $a > 0$, esse ponto de equilíbrio é instável (os guanacos se desenvolvem deslocando as ovelhas)¹.

Se fazemos a mesma análise para o ponto de equilíbrio $\mathbf{x}_0 = (0, 0, 0)$, encontramos então os seguintes autovalores e autovetores associados.

$$\lambda_1 = c \rightarrow \vec{\lambda}_1 = \begin{bmatrix} 1 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \lambda_2 = 1 \rightarrow \vec{\lambda}_2 = \begin{bmatrix} 0 \\ 1 \\ 0 \end{bmatrix}, \lambda_3 = -e \rightarrow \vec{\lambda}_3 = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 1 \end{bmatrix}. \quad (\text{C.1})$$

Temos novamente um ponto de equilíbrio instável. Porém devemos lembrar que linearizamos apenas no entorno do ponto de equilíbrio, neste caso ele se afasta do ponto de equilíbrio. Mas é em um ponto já afastado onde ocorre a extinção de todas as presas, de forma que o sistema evolui para o eixo y , onde há apenas predadores. E então é sobre este eixo, na direção $\vec{\lambda}_3$ que o sistema se reaproxima do ponto de equilíbrio. Nesta direção temos o autovalor $\lambda_3 < 0$ associado, de forma que o sistema acaba eventualmente alcançando o ponto de equilíbrio. Isto pode ser visualizado na Fig. 20.

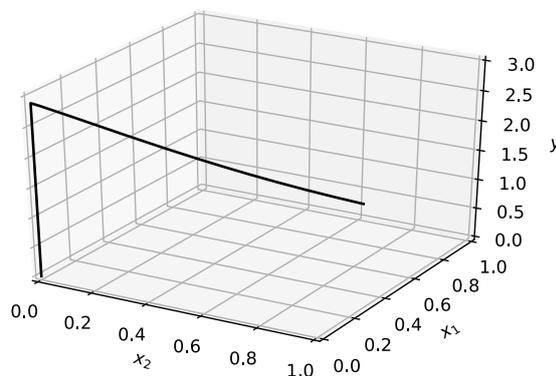


Figura 20 – Evolução no espaço de estados .

¹ Esse ponto também poderia ser instável se a taxa de extinção dos pumas (e) fosse menor que a capacidade máxima das ovelhas (κ_2), o que significa que a população de ovelhas é suficiente para sustentar os pumas