

UNIVERSIDADE PRESBITERIANA MACKENZIE
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ENGENHARIA ELÉTRICA

Douglas Nunes de Oliveira

**Identificando Regras de Transição de Autômato Celular Probabilista
via Algoritmo Genético em Sistemas Epidemiológicos**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Engenharia Elétrica da Universidade Presbiteriana Mackenzie, como requisito necessário para a obtenção do título de Mestre em Engenharia Elétrica.

Orientador: Prof. Dr. Luiz Henrique Alves Monteiro

São Paulo
Julho de 2008

Livros Grátis

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

Resumo

Autômatos celulares probabilistas podem ser usados para modelar a propagação de doenças contagiosas numa população composta por indivíduos suscetíveis, infectados e recuperados da infecção. A cada passo de tempo, um indivíduo suscetível pode ou permanecer suscetível ou contrair a doença de infectados, sendo a probabilidade associada ao contágio dependente do número de infectados em contato com esse suscetível. A cada passo de tempo, um indivíduo infectado pode (probabilisticamente) permanecer infectado, ou se recuperar, ou morrer pela doença ou morrer de outras causas. Um indivíduo recuperado pode, a cada iteração, ou permanecer como está ou morrer. Quando um indivíduo infectado ou recuperado morre, nasce, em seu lugar, um suscetível, de modo que a população permanece constante. Aqui, algoritmos genéticos são empregados para identificar os valores das probabilidades associadas aos processos de infecção, recuperação e morte, a partir de dados epidemiológicos do Arizona (EUA) para catapora. O objetivo é obter um modelo baseado em regras probabilistas de transição de estados capaz de reproduzir essa série temporal e verificar a qualidade da previsão do modelo. Este trabalho revela que as previsões são fortemente influenciadas pelo tamanho do reticulado do autômato celular e por restrições impostas aos valores das probabilidades.

Palavras-chave: algoritmo genético; autômato celular; propagação de doenças.

Abstract

Probabilistic cellular automata can be used to model the spreading of contagious diseases in a population composed by susceptible, infected and recovered individuals. At each time step, a susceptible individual can either remain susceptible or contract the disease from infected individuals, where the probability related to the contagion depends on the number of infected individuals in contact with this susceptible individual. At each time step, an infected individual may (probabilistically) either remain infected or recuperate or die by the disease or die by other causes. A recovered individual, at each iteration, can either remain as he/she is or die. When an infected or recovered individual dies, a susceptible one appears in his/her place; thus, the population remains constant. Here, genetic algorithms are employed to identify the probability values concerning the processes of infection, cure and death, from epidemiological data from Arizona (USA) for measles. The goal is to obtain a model based on probabilistic rules of state transitions able of reproducing this time series and to verify the quality of the model prediction. This work reveals that the predictions are strongly influenced by the lattice dimension of the cellular automaton and by limitations imposed to the probability values.

Keywords: cellular automaton; disease spreading; genetic algorithm.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	7
2 AUTÔMATO CELULAR	9
2.1 AC Unidimensional.....	9
2.2 AC Bidimensional.....	11
3 ALGORITMO GENÉTICO	14
3.1 Recombinação.....	15
3.2 Mutação.....	17
3.3 função de avaliação.....	18
4 MODELO COMPUTACIONAL E RESULTADOS	19
4.1 MODELO SIR BASEADO EM ACP.....	19
4.2 AG APLICADO AO MODELO SIR.....	23
5.2.1 Representação dos cromossomos (soluções-candidatas).....	24
4.2.2 Recombinação.....	25
4.2.3 Mutação.....	26
4.2.4 Avaliação (<i>fitness</i>).....	27
4.2.5 Seleção Natural.....	32
5 RESULTADOS	33
6 CONCLUSÃO	49
BIBLIOGRAFIA	50
APÊNDICE 1 – Simulações 6PA - SL	53
APÊNDICE 2 – Simulações 6PA - CL	56
APÊNDICE 3 – Simulações 12PA - SL	59
APÊNDICE 4 – Simulações 12PA - CL	62
APÊNDICE 5 – Simulações 6PA - RE	65
APÊNDICE 6 – Simulações 12PA - RE	68
APÊNDICE 7 – Simulações 6PA ESC1/5	71
APÊNDICE 8 – Simulações 12PA ESC1/5	74

FIGURAS

Figura 2.1 – Um exemplo de autômato celular elementar.....	10
Figura 2.2 – Atualização do AC em função do tempo.	10
Figura 2.3 – Exemplo de diagrama espaço-temporal de um AC unidimensional.....	11
Figura 2.4 - (a) Vizinhança η_{V1} . (b) Vizinhança η_{M1}	11
Figura 2.5 - (a) Vizinhança η_{V2} . (b) Vizinhança η_{M2}	11
Figura 2.6 – Exemplo de transição de estados no “jogo da vida”.	13
Figura 3.1 – Reprodução via recombinação utilizando um ponto de cruzamento.....	16
Figura 3.2 – Reprodução via recombinação utilizando dois pontos de cruzamento	16
Figura 3.3 – Reprodução via recombinação utilizando cruzamento uniforme.....	17
Figura 3.4 – Operador de mutação aplicado no quarto gene do cromossomo-pai.	17
Figura 4.1 – Transições sofridas pelos indivíduos em uma população.....	20
Figura 4.2 – Equivalência entre vizinhanças com o mesmo valor de i	21
Figura 4.3 – Toróide representando a condição de contorno periódica do AC.....	21
Figura 4.4 – Representação de uma solução-candidata com Von Neumann de raio 1.....	24
Figura 4.5 – Representação de uma solução-candidata com Moore de raio 1.....	24
Figura 4.6 – Representação de uma solução-candidata com Von Neumann de raio 2.....	24
Figura 4.7 – Representação de uma solução-candidata com Moore de raio 2.....	24
Figura 4.8 – Cruzamento entre duas soluções-candidatas.	25
Figura 4.9 – Ordenação das probabilidades de infecção após a recombinação.....	26
Figura 4.10 – Operação de mutação.	27
Figura 5.1 – Concentração de suscetíveis e recuperados ao longo de 10 anos.....	34
Figura 5.2 – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{M1} - 6PA - SL$).	35
Figura 5.3 – Seqüência de imagens para o ACP ($MG25 - \eta_{M1} - 6PA - SL$).	38
Figura 5.4 – Concentração de suscetíveis e recuperados ao longo de 10 anos.....	38
Figura 5.5 – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{M2} - 6PA - CL$).	39
Figura 5.6 – Seqüência de imagens para o ACP ($MG25 - \eta_{M2} - 6PA - CL$).	42
Figura 5.7 – Concentração de suscetíveis e recuperados ao longo de 10 anos.....	42
Figura 5.8 – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{V2} - 12PA - CL$).	43
Figura 5.9 – Concentração de suscetíveis e recuperados ao longo de 10 anos.....	44
Figura 5.10 – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{V2} - 6PA - RE$).	45
Figura 5.11 – Concentração de suscetíveis e recuperados ao longo de 10 anos.	46
Figura 5.12 – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{V2} - 12PA - RE - ESC1/5$).	46
Figura 5.13 – Concentração de suscetíveis e recuperados ao longo de 10 anos.	47
Figura 5.14 – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{M1} - 6PA - SL - ESC1/5$).	48
Figura A1.1 – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações ($6PA-SL$).	54
Figura A2.1 – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações ($6PA-CL$).	57
Figura A3.1 – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações ($12PA-SL$).	60
Figura A4.1 – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações ($12PA-CL$).	63
Figura A5.1 – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações ($6PA-RE$).	66
Figura A6.1 – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações ($12PA-RE$).	69
Figura A7.1 – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações ($6PA - ESC1/5$).	72
Figura A8.1 – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações ($12PA ESC1/5$).	75

TABELAS

Tabela I – Casos registrados de infecção por catapora em 11 anos no Arizona.....	22
Tabela II – Exemplo de cálculo de f_1 parcial.	29
Tabela III – Cálculo de f_1 final evoluindo o AC quatro vezes.	29
Tabela IV – Exemplo de cálculo de f_2 parcial.	29
Tabela V – Cálculo de f_2 final evoluindo o AC quatro vezes.	30
Tabela VI – Exemplo de cálculo de f_{1m}	31
Tabela VII – Probabilidades da solução-candidata ($MG25 - \eta_{M1} - 6PA - SL$).	35
Tabela VIII – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{M1} - 6PA - SL$).	35
Tabela IX – Probabilidades da solução-candidata ($MG25 - \eta_{M2} - 6PA - CL$).	39
Tabela X – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{M2} - 6PA - CL$).	39
Tabela XI – Probabilidades da solução-candidata ($MG25 - \eta_{V2} - 12PA - CL$).	43
Tabela XII – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{V2} - 12PA - CL$).	43
Tabela XIII – Probabilidades da solução-candidata ($MG25 - \eta_{V2} - 6PA - RE$).	44
Tabela XIV – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{V2} - 6PA - RE$).	45
Tabela XV – Probabilidades da solução-candidata ($MG25 - \eta_{V2} - 12PA - RE - ESC1/5$).	46
Tabela XVI – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{V2} - 12PA - RE - ESC1/5$).	47
Tabela XVII – Probabilidades da solução-candidata ($MG25 - \eta_{M1} - 6PA - SL - ESC1/5$).	48
Tabela XVIII – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{M1} - 6PA - SL - ESC1/5$).	48
Tabela XIX – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações ($6PA - SL$)	53
Tabela XX – Valores das probabilidades ($6PA - SL$)	55
Tabela XXI – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações ($6PA - CL$)	56
Tabela XXII – Valores das probabilidades ($6PA - CL$)	58
Tabela XXIII – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações ($12PA - SL$)	59
Tabela XXIV – Valores das probabilidades ($12PA - SL$)	61
Tabela XXV – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações ($12PA - CL$)	62
Tabela XXVI – Valores das probabilidades ($12PA - CL$)	64
Tabela XXVII – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações ($6PA - RE$)	65
Tabela XXVIII – Valores das probabilidades ($6PA - RE$)	67
Tabela XXIX – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações ($12PA - RE$)	68
Tabela XXX – Valores das probabilidades ($12PA - RE$)	70
Tabela XXXI – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações ($6PA - ESC1/5$)	71
Tabela XXXII – Valores das probabilidades ($6PA - ESC1/5$)	73
Tabela XXXIII – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações ($12PA - ESC1/5$)	74
Tabela XXXIV – Valores das probabilidades ($12PA - ESC1/5$)	75

1 INTRODUÇÃO

É senso-comum a importância de se prever, matematicamente, o espalhamento de doenças contagiosas. Campanhas de prevenção e de vacinação baseiam-se (ou deveriam se basear) em tais estudos. Por exemplo, o DEFRA (*Department for Environment, Food and Rural Affairs*) do governo britânico, em 2003, usou um modelo matemático para determinar políticas a fim de controlar um surto epidêmico de febre aftosa em bovinos e suínos [1].

Ao longo dos tempos, varias foram as tentativas de se entender e de se modelar o espalhamento de doenças, de forma matemática. Por exemplo, J. Graunt (1620-1674) publicou, em 1662, uma lista de números e causas para mortes em paróquias em seu livro "*Natural and Political Observations Made upon the Bills of Mortality*" [2]. A versão *on-line* desse livro pode ser encontrada livremente pelo *link* <http://www.ac.wvu.edu/~stephan/Graunt/bills.html> localizado no *site* da *Western Washington University*.

Talvez, o primeiro modelo matemático epidemiológico tenha sido o de D. Bernoulli (1700-1782), publicado em 1766, que tinha a intenção de demonstrar que a inoculação de vírus vivos, obtidos diretamente de pacientes doentes, usualmente proporcionaria imunidade e reduziria os casos de morte [3]. Conjectura-se que um desenvolvimento mais aprofundado desse modelo tenha sido limitado pela ausência de conhecimento médico sobre os agentes causadores das infecções [4]. De fato, as descobertas de L. Pasteur (1822-1895), e de outros da área de microbiologia, introduziram conceitos que foram importantes para a proposição de modelos mais realistas [5]. Tais descobertas forneceram à humanidade condições para a elaboração de estratégias de vacinação e a realização de predições mais confiáveis a respeito do espalhamento de doenças.

Em 1902, R. Ross (1857-1932) recebeu o prêmio Nobel de medicina [6] por seu trabalho relacionado à descoberta da transmissão da malária por mosquitos e à modelagem desse processo.

W.O Kermack e A.G. McKendrick mostraram que a introdução de indivíduos infecciosos em uma comunidade de suscetíveis não leva a um surto epidêmico, a menos que a densidade de indivíduos suscetíveis esteja acima de certo valor crítico [7]. O modelo de Kermack e McKendrick é considerado o primeiro modelo

epidemiológico SIR, no qual cada indivíduo de uma determinada população assume o estado suscetível (S), infectado (I) ou recuperado (R), no que diz respeito a uma determinada doença contagiosa.

Desde então, foram realizados inúmeros trabalhos que estudam a propagação de doenças com modelos do tipo SIR (por exemplo, [8-9]); alguns deles usando autômatos celulares probabilistas (ACP) [10]. Por exemplo: Monteiro e colaboradores [11] investigaram como a permanência de uma doença, em que a cura leva à imunidade, é afetada pelo tamanho da população; Fuentes e Kuperman [12] analisaram o efeito do período de incubação na propagação de doenças em que a cura não confere imunidade. Modelos com ACP para doenças específicas foram elaborados, por exemplo, por Ahmed e colaboradores [13], para a hepatite B, e por Martins e colaboradores [14], sobre o espalhamento de uma doença entre pés de laranja.

O objetivo neste trabalho é determinar, a partir de dados epidemiológicos reais, os valores numéricos das probabilidades de transição entre os estados de suscetível (S), de infectado (I) e de recuperado (R), usando um modelo SIR baseado em ACP similar ao utilizado por Monteiro e colaboradores [11]. Nesse modelo, para que um suscetível se torne infectado, ele deve estar em contato com infectados, e devem ser especificadas as probabilidades da infecção mediante o número de infectados que existem na vizinhança desse indivíduo.

Aqui, utiliza-se um algoritmo genético (AG) [15] para determinar os valores numéricos das probabilidades do ACP, usado como modelo epidemiológico, associadas aos processos de infecção, recuperação e morte, a partir de dados reais de uma doença infecciosa típica de criança, a saber, catapora. O objetivo é usar o AG a fim de encontrar valores de probabilidades de modo que o ACP reproduza e preveja o comportamento da doença numa população real. Alguns trabalhos sobre a utilização do AG para identificar regras de AC são encontrados em [16-21].

Nos capítulos 2 e 3 apresentam-se, respectivamente, uma introdução a autômato celular e a algoritmo genético. No capítulo 4, descrevem-se o ACP usado para modelar o espalhamento de doenças e a implementação do AG utilizada neste trabalho, com o objetivo de encontrar as probabilidades de transição do ACP capazes de reproduzir uma série temporal real. Os resultados obtidos por simulação numérica são apresentados no capítulo 5 e a conclusão, no capítulo 6.

2 AUTÔMATO CELULAR

Autômato celular (AC) foi proposto por J. Von Neumann (1903-1957) no final da década de 40 (do século passado), mas foi na década de 70 que o AC tornou-se popular, graças ao trabalho de J. Conway que propôs o famoso “jogo da vida” [22], publicado no periódico *Scientific American*. S. Wolfram, após ter publicado aproximadamente 20 artigos na década de 80 [23], tornou-se uma das principais referências sobre o assunto.

Para a especificação de um AC, é necessário definir:

- a dimensão do espaço celular. Normalmente, trabalha-se com reticulados unidimensionais, bidimensionais ou tridimensionais;
- os possíveis estados para as células do autômato. Caso o autômato possua apenas dois possíveis estados, ele é chamado de binário. O número de estados possíveis é representado por k ;
- a vizinhança de cada célula, ou seja, o padrão de conectividade das células. A vizinhança afeta a evolução temporal do estado de cada célula. Aqui, a vizinhança é representada por η ;
- a função Φ que é aplicada sobre η , a fim de determinar o estado de cada célula no próximo passo de tempo. Essa função, que especifica as regras de transição de estados, pode ser determinista ou probabilista;
- a condição de contorno do reticulado, que estabelece a vizinhança das células que se encontram nas bordas.

2.1 AC UNIDIMENSIONAL

Por exemplo, um autômato celular unidimensional com $k = 2$ e raio de vizinhança $r = 1$ (em que cada célula tem como vizinhas apenas a célula adjacente à esquerda e a célula adjacente à direita) são chamados de autômatos celulares elementares. Considere que os dois estados possíveis sejam 1 (representado por ■)

ou 0 (representado por \square). Um exemplo de regras de transição é mostrado na figura 2.1.

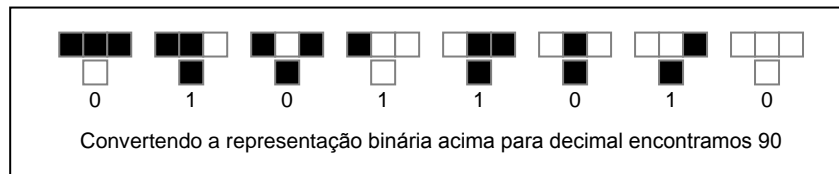


Figura 2.1 – Um exemplo de autômato celular elementar.

A atualização temporal dos estados das células de um AC ocorre de instantes discretos. No esquema de atualização síncrona, os estados das células do instante $t+1$ são atualizados, simultaneamente, a partir dos estados no instante t . Um exemplo, usando as regras apresentadas na figura 2.1, é mostrado na figura 2.2.

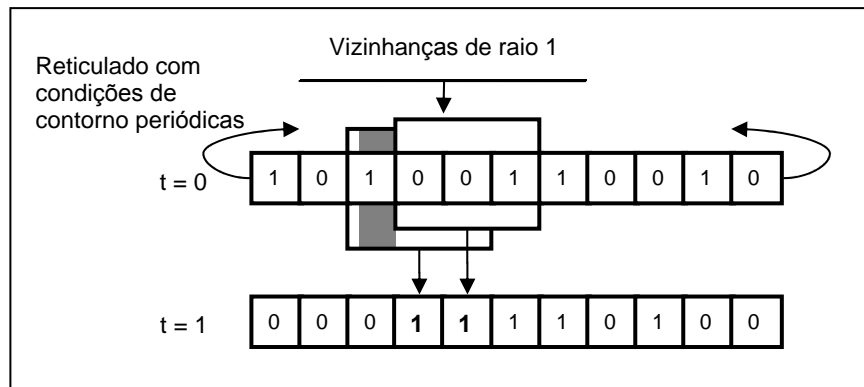


Figura 2.2 – Atualização do AC em função do tempo.

A forma comumente utilizada para ilustrar a evolução temporal de um AC é um diagrama espaço-temporal, em que a linha mais acima representa a condição inicial, ou seja, os estados em $t = 0$; a linha imediatamente abaixo representa os estados no instante $t = 1$; a linha imediatamente abaixo dessa os estados no instante $t = 2$ e assim por diante. Por exemplo, a partir da condição inicial mostrada na figura 2.3, e com a regra apresentada na figura 2.1, obtém-se o diagrama espaço-temporal ilustrado na figura 2.3.

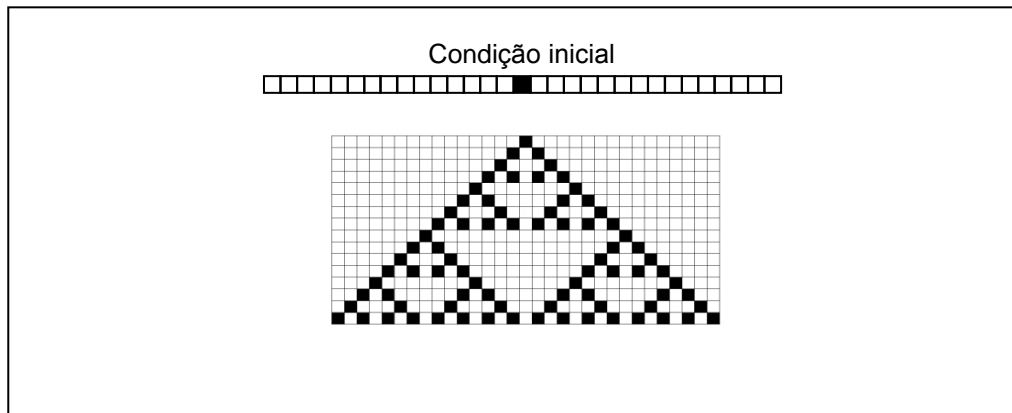


Figura 2.3 – Exemplo de diagrama espaço-temporal de um AC unidimensional.

2.2 AC BIDIMENSIONAL

A proposta original de Von Neumann era um AC bidimensional, em que cada célula conecta-se com as quatro vizinhas mais próximas, que são aquelas adjacentes a norte, a sul, a leste e a oeste. Moore propôs uma vizinhança com oito células, as quatro vizinhas de Von Neumann mais as quatro vizinhas nas diagonais. Vizinhanças de Von Neumann e de Moore com raio 2 são extensões naturais dessas idéias. Convencionou-se denominar, neste trabalho, as vizinhanças de Von Neumann de raio 1, de Von Neumann de raio 2, de Moore de raio 1 e de Moore de raio 2 de η_{V1} , η_{M1} , η_{V2} e η_{M2} respectivamente. As figuras 2.4 e 2.5 representam (em cinza) cada uma das vizinhanças (da célula em preto) mencionadas.

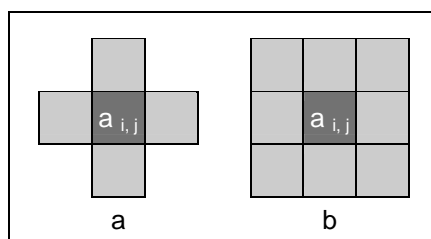


Figura 2.4 - (a) Vizinhança η_{V1} . (b) Vizinhança η_{M1} .

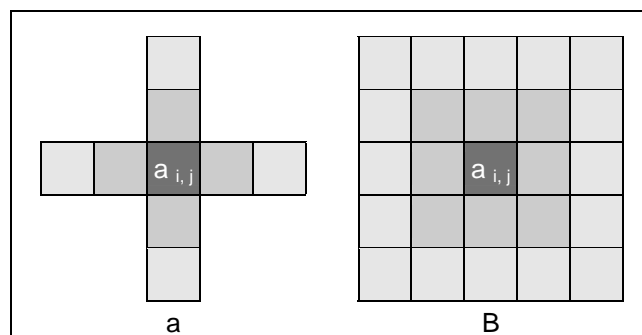


Figura 2.5 - (a) Vizinhança η_{V2} . (b) Vizinhança η_{M2} .

Neste trabalho, empregam-se ACs bidimensionais, que são detalhados a seguir.

Seja o estado de uma célula i,j no instante t denotado por $a_{i,j}^t$. O conjunto de estados das células que fazem vizinhança a essa mesma célula i,j é denotado por $(\eta_{i,j}^t)$. A função de atualização Φ é aplicada a cada célula, em função da sua vizinhança, de modo que $a_{i,j}^{t+1} = \Phi(\eta_{i,j}^t)$.

As regras de transição utilizando as vizinhanças η_{V1} , η_{M1} , η_{V2} e η_{M2} são representadas, respectivamente, como:

$$a_{i,j}^{t+1} = \Phi(a_{i-1,j}^t, a_{i+1,j}^t, a_{i,j}^t, a_{i,j-1}^t, a_{i,j+1}^t) \quad (1)$$

$$a_{i,j}^{t+1} = \Phi(a_{i-1,j}^t, a_{i+1,j}^t, a_{i,j-1}^t, a_{i,j+1}^t, a_{i,j}^t, a_{i-1,j-1}^t, a_{i+1,j+1}^t, a_{i+1,j-1}^t, a_{i-1,j+1}^t) \quad (2)$$

$$a_{i,j}^{t+1} = \Phi(a_{i-1,j}^t, a_{i+1,j}^t, a_{i,j-1}^t, a_{i,j+1}^t, a_{i,j}^t, a_{i-2,j}^t, a_{i+2,j}^t, a_{i,j-2}^t, a_{i,j+2}^t) \quad (3)$$

$$a_{i,j}^{t+1} = \Phi \left(\begin{array}{l} a_{i-1,j}^t, a_{i+1,j}^t, a_{i,j-1}^t, a_{i,j+1}^t, a_{i,j}^t, a_{i-1,j-1}^t, a_{i+1,j+1}^t, a_{i+1,j-1}^t, a_{i-1,j+1}^t, \\ a_{i-2,j}^t, a_{i-2,j+1}^t, a_{i-2,j+2}^t, a_{i-1,j+2}^t, a_{i,j+2}^t, a_{i+1,j+2}^t, a_{i+2,j+2}^t, a_{i+2,j+1}^t, \\ a_{i+2,j}^t, a_{i+2,j-1}^t, a_{i+2,j-2}^t, a_{i+1,j-2}^t, a_{i,j-2}^t, a_{i-1,j-2}^t, a_{i-2,j-2}^t, a_{i-2,j-1}^t \end{array} \right) \quad (4)$$

Um exemplo de AC bidimensional é o “jogo da vida”, que utiliza a vizinhança η_{M1} [22]. Nesse jogo, as regras de transição (a função Φ) são:

- cada célula viva com um ou nenhum vizinho morre por solidão na próxima iteração;
- cada célula viva com quatro ou mais vizinhos morre por competição na próxima iteração;
- cada célula viva com dois ou três vizinhos permanece viva na próxima geração;
- cada célula morta passa a ser viva na próxima iteração se possui exatamente três vizinhos vivos.

Na figura 2.6, as células vivas são representadas por ■ e as células mortas são representadas por ■.

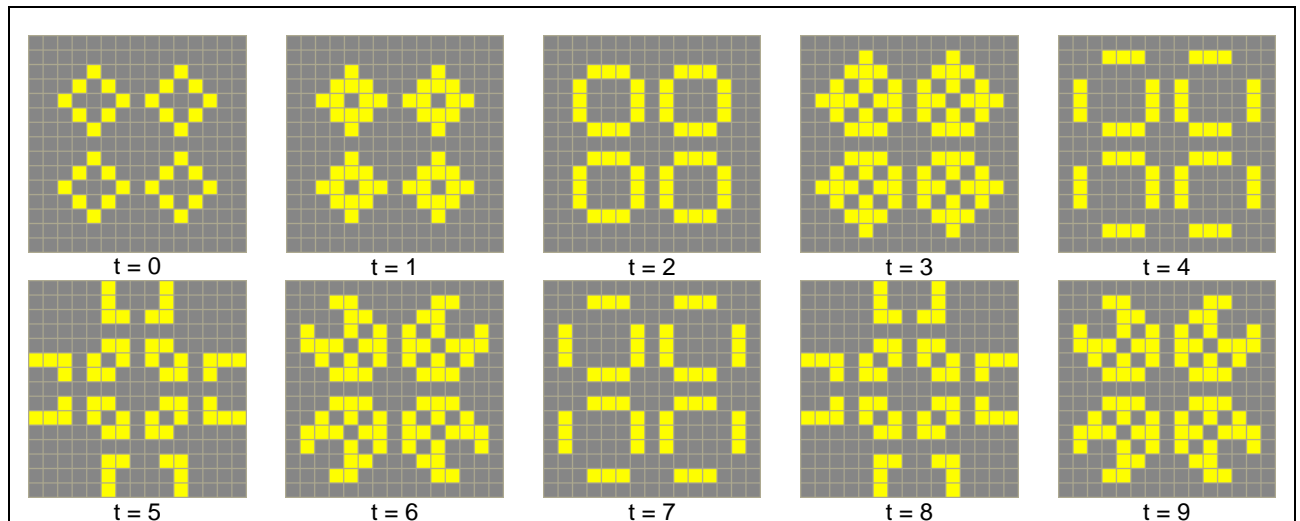


Figura 2.6 – Exemplo de transição de estados no “jogo da vida”.

Autômatos celulares deterministas ilustram como padrões complexos podem emergir de regras simples e locais. Em 1984, Domany e Kinzel [24] introduziram autômatos celulares probabilísticos (ACP) também conhecidos como autômatos celulares estocásticos. As regras de transição de estados num ACP indicam as probabilidades de que uma célula, num determinado estado e com sua vizinhança numa determinada configuração, vá para os todos os possíveis estados, no próximo passo de tempo. Neste trabalho, usa-se um ACP como modelo epidemiológico, descrito no capítulo 4.

A seguir, introduz-se algoritmo genético.

3 ALGORITMO GENÉTICO

Na década de 60, J.H. Holland propôs um algoritmo de otimização, chamado de algoritmo genético, baseado na teoria da seleção natural das espécies [15]. A correspondência entre a computação e a biologia é a seguinte. Cada indivíduo da espécie, chamado de cromossomo, corresponde a uma solução-candidata; ou seja, é uma possível solução do problema. Um cromossomo é dividido em genes; cada gene ocupando uma determinada posição do cromossomo. Um gene equivale a uma parte da solução do problema.

Num AG ocorre um processo evolutivo, em que, a cada geração, cromossomos (soluções-candidatas) podem gerar novos cromossomos (novas soluções-candidatas). A geração de novos cromossomos pode ocorrer a partir do processo conhecido como recombinação ou cruzamento (*crossover*), em que os genes são trocados entre pares de cromossomos existentes na população. Novos cromossomos também podem ser gerados a partir de mutações nos cromossomos existentes.

A população de cromossomos, formada pelos cromossomos-pais e pelos filhos gerados por recombinação e/ou mutação, é pontuada pela função de avaliação, através da qual se atribui uma pontuação (uma nota) a cada indivíduo. Essa nota é usada para identificar os cromossomos mais aptos; ou seja, ela serve para identificar quais soluções-candidatas estão mais próximas da solução real do problema e quais estão mais longe.

Após essa classificação, aplica-se um processo de seleção na população, a fim de determinar quais indivíduos (pais e filhos) presentes na geração t passam para a geração $t+1$. Observe que a função de avaliação orienta o processo evolutivo, que possui uma base aleatória.

Um algoritmo genético pode ser assim implementado.

1. Cria-se uma população contendo n soluções-candidatas, com valores aleatórios.
2. Selecionam-se pares de cromossomos para gerar filhos através da recombinação. Essa seleção pode ser feita privilegiando os cromossomos de maior adaptação.

3. Realiza-se a recombinação de cada par de cromossomo selecionado. Nessa operação, cada par origina dois novos cromossomos.
4. Aplica-se a mutação em alguns genes de alguns cromossomos. Cada mutação realizada em um cromossomo gera um novo cromossomo.
5. Calcula-se a adaptação pela função $f(x)$ (f de *fitness*) para cada solução-candidata x da população.
6. A partir dos valores fornecidos pela função de avaliação, selecionam-se os cromossomos que passarão para a próxima geração. A nova geração será uma população também de tamanho n .
7. Volta-se ao passo 2.

A seguir, apresentam-se detalhes dos passos mais relevantes de um AG.

3.1 RECOMBINAÇÃO

Esse operador genético, responsável pela criação de novos cromossomos a partir daqueles já existentes, também é conhecido como cruzamento. A idéia é utilizar blocos de diferentes cromossomos (normalmente utilizam-se dois cromossomos-pais) para gerar novos cromossomos. Como os mais aptos possuem maior chance de sobreviverem à seleção natural, espera-se que as gerações seguintes possuam melhor adaptação.

Três formas básicas para realizar a recombinação entre dois cromossomos são: com um ponto de cruzamento, com dois pontos de cruzamento e com cruzamento uniforme.

Na recombinação que utiliza um ponto de cruzamento, escolhe-se aleatoriamente uma posição do cromossomo que é utilizada como ponto de corte. Nesse ponto, dois cromossomos-pais são cortados e, então, recombinados, gerando assim dois descendentes. Um exemplo desse tipo de reprodução é ilustrado na figura 3.1.

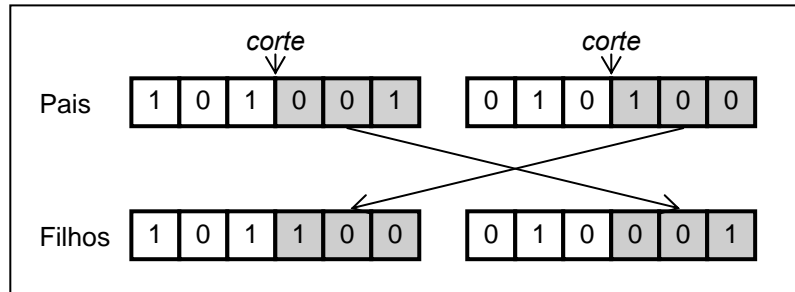


Figura 3.1 – Reprodução via recombinação utilizando um ponto de cruzamento

A reprodução com dois pontos de cruzamento é executada de forma semelhante à anterior, porém se escolhem dois pontos de corte. Um exemplo é mostrado na figura 3.2.

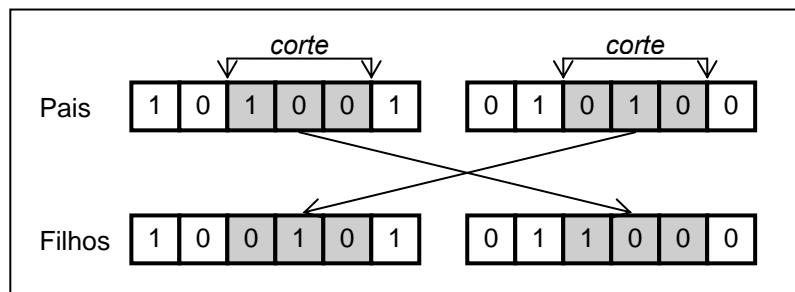


Figura 3.2 – Reprodução via recombinação utilizando dois pontos de cruzamento

A reprodução com cruzamento uniforme utiliza-se de uma máscara para indicar a origem de cada gene dos descendentes a serem criados. Essa máscara indica se uma determinada posição genética do filho será preenchida com o gene do pai a ou do pai b . Por exemplo, o primeiro filho (filho 1) tem os seus genes herdados do pai a onde a máscara indica a posição do gene com bit 1 e os genes herdados do pai b sendo indicados pelo bit 0. Para o segundo filho (filho 2) ocorre o inverso, os genes herdados do pai a ocorrem onde a máscara indica a posição do gene com o bit 0 e os genes herdados do pai b sendo indicados pelo bit 1. Esse exemplo é ilustrado na figura 3.3.

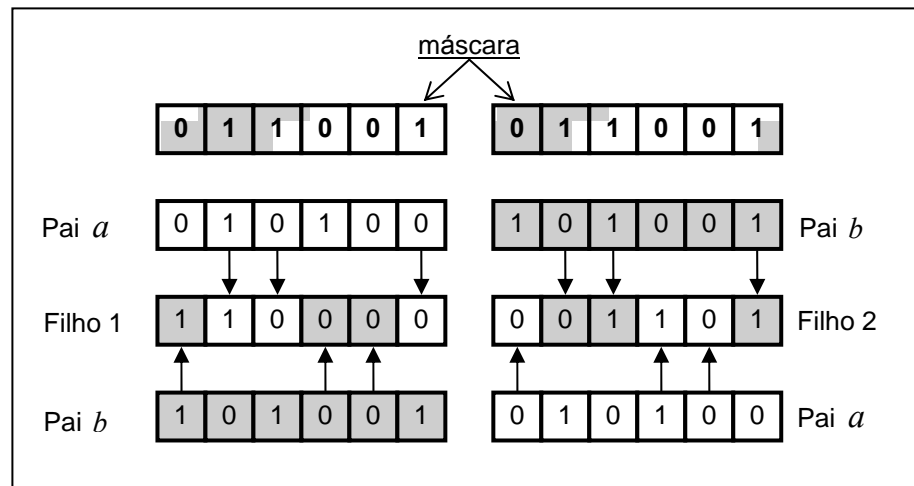


Figura 3.3 – Reprodução via recombinação utilizando cruzamento uniforme

3.2 MUTAÇÃO

Utilizando apenas recombinação, a diversidade genética não evolui na população, pois somente geram-se filhos com o mesmo material genético presente na população inicial. Com o uso de mutação, procura-se criar diversidade entre os cromossomos de uma população. Esse operador pode provocar saltos na evolução das soluções-candidatas. Para a mutação ser aplicada, cromossomos são selecionados aleatoriamente e cada gene do cromossomo escolhido possui uma determinada probabilidade de sofrer mutação, conforme ilustra a figura 3.4.

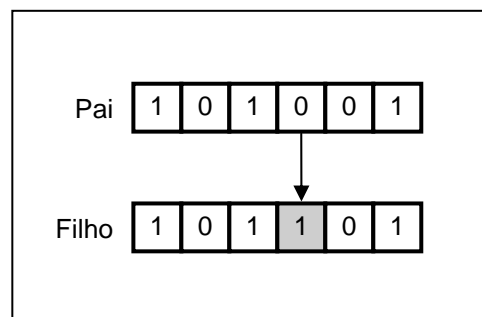


Figura 3.4 – Operador de mutação aplicado no quarto gene do cromossomo-pai.

3.3 FUNÇÃO DE AVALIAÇÃO

A função de avaliação f , também conhecida como aptidão ou *fitness*, orienta o processo de seleção natural a encontrar os cromossomos que farão parte da próxima geração. Essa função fornece uma métrica para avaliar o quão bem um cromossomo resolve o problema, através da distância entre essa solução-candidata (esse cromossomo) e a solução-ótima.

Existem inúmeras definições possíveis para f . Uma forma usual de se avaliar um cromossomo (ou seja, de se definir f) é, por exemplo, a partir do somatório dos módulos das diferenças de cada gene da solução-ótima e da solução-candidata. Quanto menor o valor desse somatório, melhor será a avaliação (o *fitness*) da solução-candidata, pois mais próxima ela está da solução-ótima.

A seguir, descrevem-se o ACP e o AG usado neste trabalho.

4 MODELO COMPUTACIONAL E RESULTADOS

4.1 MODELO SIR BASEADO EM ACP

Usa-se um modelo SIR baseado em ACP bidimensional com $k = 3$ e $r = 1$ ou $r = 2$ para representar o espalhamento de doenças numa população, em que cada célula do reticulado corresponde a um indivíduo. O primeiro modelo SIR foi proposto por Kermack e McKendrick [7] no qual cada indivíduo de uma determinada população assume o estado suscetível (S), infectado (I) ou recuperado (R), no que diz respeito a uma determinada doença contagiosa.

Cada indivíduo suscetível à doença tem uma probabilidade $P_I(i)$ de se tornar infectado no instante $t+1$, sendo i a quantidade de vizinhos infectados que se encontram na sua vizinhança no instante t .

Indivíduos infectados possuem duas probabilidades de morte. São elas: P_{MI} , que é a probabilidade de morte pela doença em questão; e P_{MN} , que é a probabilidade de morte por outras causas. Se um infectado morre no instante t , surge em seu lugar um suscetível no instante $t+1$. Indivíduos infectados podem se curar dessa doença, sendo P_C a probabilidade de ocorrer essa cura, por passo de tempo. Se um infectado se cura no instante t , ele passa para o estado de recuperado no instante $t+1$.

Indivíduos recuperados possuem probabilidade P_{MN} de morrer, a cada passo de tempo. Quando isso acontece, novos indivíduos suscetíveis nascem em seu lugar no passo de tempo seguinte. A utilização da probabilidade P_{MN} sobre um indivíduo suscetível fica implícita, pois, ao longo do tempo, a transição de S para S não resulta em efeito algum sobre o ACP.

As transições de estados descritas se encontram diagrama das na figura 4.1.

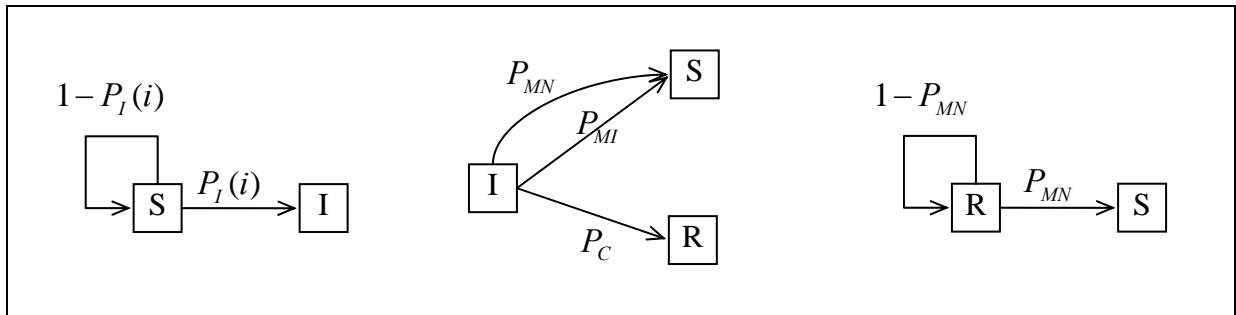


Figura 4.1 – Transições sofridas pelos indivíduos em uma população.

A única probabilidade cujo valor depende dos estados das células vizinhas é $P_I(i)$. Neste trabalho, consideramos quatro vizinhanças: η_{V1} , η_{M1} , η_{V2} e η_{M2} .

- Na vizinhança de Von Neumann de raio 1 (η_{V1}), cada indivíduo possui 4 vizinhos, de modo que existem 5 probabilidades de infecção (já que i varia de 0 até 4). São elas: $P_I(0)$, $P_I(1)$, ..., $P_I(4)$.
- Na vizinhança de Moore de raio 1 (η_{M1}), tem-se 9 probabilidades de infecção (pois i varia de 0 até 8), são elas: $P_I(0)$, $P_I(1)$, ..., $P_I(8)$.
- Na vizinhança de Von Neumann de raio 2 (η_{V2}), tem-se 13 probabilidades de infecção. Nesse caso, os valores para i são dados pela soma dos vizinhos ponderados por pesos: vizinhos infectados em raio 1 possuem peso 2 e os vizinhos infectados que se encontram no raio 2 possuem peso 1. Como são 4 vizinhos em raio 1 e 4 vizinhos em raio 2, i varia de 0 a 12 ($4 \times 2 + 4 = 12$). Ou seja, tem-se: $P_I(0)$, $P_I(1)$, ..., $P_I(12)$.
- Na vizinhança de Moore de raio 2 (η_{M2}), tem-se 33 probabilidades de infecção. Os valores para i são obtidos de modo idêntico à vizinhança de Von Neumann de raio dois. Como são 8 vizinhos em raio 1 e 16 vizinhos em raio 2, então i varia de 0 a 32 ($8 \times 2 + 16 = 32$). Assim, tem-se: $P_I(0)$, $P_I(1)$, ..., $P_I(32)$.

Neste trabalho, lida-se com essas quatro vizinhanças.

Parece razoável assumir que um indivíduo suscetível com mais vizinhos infectados tem maior probabilidade de se infectar do que um indivíduo com menos vizinhos infectados. Assim, impõe-se que $P_I(i) < P_I(j)$ caso $i < j$. Assumiu-se também que $P_I(0) = 0$ (ou seja, um indivíduo suscetível sem vizinhos infectados permanece suscetível).

A quantidade de vizinhanças possíveis é, para Moore com raio unitário, igual a 3^8 . Como $P_I(i)$ só depende do valor de i e não da posição dos infectados, o número de vizinhanças distintas nesse caso reduz-se para 8. A figura 4.2 mostra a equivalência entre duas vizinhanças com o mesmo número de infectados.

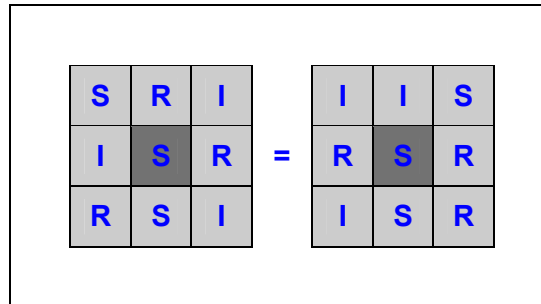


Figura 4.2 – Equivalência entre vizinhanças com o mesmo valor de i .

O ACP utilizado neste trabalho pode ser descrito da seguinte forma:

- É bidimensional, possui (quase sempre) o tamanho de 500×500 , e tem condições de contorno periódicas. É como se a população vivesse na superfície de um toróide, como a figura 4.3 ilustra.



Figura 4.3 – Toróide representando a condição de contorno periódica do AC.

- Utiliza um modelo epidemiológico com três estados (S, I, R).
- Consideram-se as vizinhanças de Von Neumann e de Moore, com raios 1 e 2.
- A função Φ , definida pelos valores das probabilidades de transição entre os estados S, I e R, é determinada utilizando o AG aplicado sobre o ACP, sendo a função de avaliação do AG dependente da diferença entre os dados epidemiológicos reais e aqueles obtidos pela simulação com o ACP.

Na tabela I, encontra-se a série temporal com os dados reais do número de infectados por catapora, no Arizona (EUA), entre 1994 e 2004, segundo o

Departamento de Saúde do Arizona [25]. A população do Arizona possui cerca de 5 milhões de habitantes e como o ACP de dimensão 500×500 representa apenas 250 mil indivíduos, os casos reportados foram multiplicados por $250.000/5.000.000 = 1/20$. Esses novos valores se encontram na terceira coluna da tabela I. Infelizmente, os dados epidemiológicos divulgados pela Vigilância Epidemiológica do Brasil [26] ou eram de difícil leitura (dados apresentados em gráficos que não permitiam uma leitura precisa de seus valores) ou pareciam inconsistentes (diferentes valores para uma mesma doença num mesmo ano) na época em que foram consultados (meados de 2007).

Tabela I – Casos registrados de infecção por catapora em 11 anos no Arizona.

Ano	Casos	Casos em escala
1994	6.783	339
1995	2.658	133
1996	3.319	166
1997	1.987	99
1998	1.673	83
1999	960	48
2000	1.522	76
2001	951	47
2002	606	30
2003	1.620	81
2004	1.091	54

Para estabelecer uma condição inicial para o AC é necessário especificar os valor de $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$ no instante $t = t_0$. Como se definiu $t_0 = 0$ como último dia do ano de 1994, então $I(0) = 339$. Supôs-se que, no instante inicial, todos os indivíduos com menos de 18 anos de idade eram suscetíveis à doença. Essa faixa etária constitui aproximadamente 24% da população [27], o que significa que 60 mil indivíduos (dos 250.000) eram suscetíveis à doença nesse instante, enquanto os demais eram recuperados.

Nosso objetivo é encontrar as probabilidades de transição de estados, representada pela função Φ , de forma a reproduzir os dados mostrados na tabela I. Para isso, foi utilizado um AG. Uma boa solução (uma boa função Φ) encontrada pelo AG é aquela que, ao ser aplicada no ACP descrito, fornece números de infectados similares aos mostrados na tabela I ao longo dos anos.

4.2 AG APLICADO AO MODELO SIR

Usando um AG, pode-se encontrar as probabilidades $P_I(i)$ ($i = 0, \dots, 4$ para a vizinhança de Von Neumann de raio 1; $i = 0, \dots, 8$ para a vizinhança de Moore de raio 1, $i = 0, \dots, 12$ para a vizinhança de Von Neumann de raio 2 e $i = 0, \dots, 32$ para a vizinhança de Moore de raio 2), P_{MI} , P_{MN} e P_C que procuram reproduzir os dados mostrados na tabela I. O AG evolui um conjunto de soluções-candidatas (de funções Φ) de forma que, a cada geração, tende-se a encontrar soluções com menor diferença entre os dados reais e aqueles obtidos via simulação no ACP.

Para mostrar como o AG é utilizado neste trabalho, apresentam-se:

- a representação das soluções-candidatas;
- as operações de recombinação e mutação realizadas para a obtenção das novas gerações;
- e o processo de seleção, que determina quais soluções estão aptas para prosseguir e gerar novas soluções-candidatas, na próxima iteração do AG, e quais são descartadas.

A dinâmica desse AG pode ser assim resumida:

1. Inicia-se aleatoriamente a primeira geração com 15 cromossomos (soluções-candidatas).
2. Selecionam-se aleatoriamente pares de cromossomos para a realização da recombinação (detalhado a seguir).
3. Cada cromossomo possui 50% de probabilidade de sofrer mutação. Nessa operação, cada gene (cada componente da solução-candidata) é alterado com probabilidade também com 50% (detalhado a seguir).
4. Para cada cromossomo, calcula-se o *fitness* (a avaliação) correspondente (detalhado a seguir).
5. Introduzem-se os 7 melhores cromossomos de uma geração diretamente na próxima geração, como forma de elitismo.
6. Os demais cromossomos sofrem o processo de seleção natural (detalhado a seguir), de modo que 8 passam para a geração seguinte, completando 15. Procura-se privilegiar aqueles cromossomos com melhor aptidão, no processo de seleção.

7. Realizam-se as operações de número 2 até 6 por vinte e cinco iterações.

5.2.1 Representação dos cromossomos (soluções-candidatas)

Para representar uma solução-candidata, foi utilizado um vetor em que as primeiras componentes são as probabilidades de infecção $P_I(i)$ e as três últimas são a probabilidade de morte pela infecção P_{MI} , a probabilidade de morte por outras causas P_{MN} e a probabilidade de cura P_C , respectivamente. O valor de cada probabilidade é um número real entre 0 e 1. As representações de uma solução-candidata utilizando as vizinhanças de Von Neumann com raio 1, de Moore com raio 1, de Von Neumann com raio 2 e de Moore com raio 2, se encontram nas figuras 4.4, 4.5, 4.6, e 4.7, respectivamente.

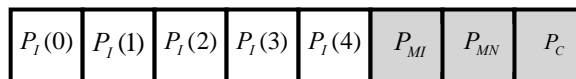


Figura 4.4 – Representação de uma solução-candidata com Von Neumann de raio 1.

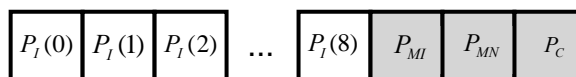


Figura 4.5 – Representação de uma solução-candidata com Moore de raio 1.

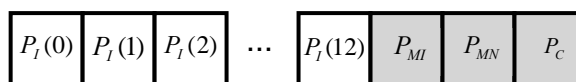


Figura 4.6 – Representação de uma solução-candidata com Von Neumann de raio 2.

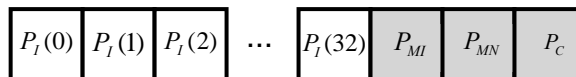


Figura 4.7 – Representação de uma solução-candidata com Moore de raio 2.

Lembre, contudo, que $P_I(0) = 0$, de modo que cada vetor tem, de fato, uma componente a menos.

4.2.2 Recombinação

Conhecida também como cruzamento, essa operação é utilizada para trocar partes entre as soluções-candidatas para a geração de filhos.

No nosso AG, cromossomos-pais trocam 1/3 dos genes (das probabilidades). O ponto inicial de trocas é sorteado; a partir desse ponto são selecionados os demais pontos de troca tomando-se os genes que estão à sua direita até atingir um terço do número total dos genes (caso chegue-se ao fim do cromossomo, retorna-se para seu início). Os valores de $P_I(i)$ que aparecem nos cromossomos-filhos são, então, ordenados de maneira a satisfazer a restrição $P_I(i) < P_I(j)$ caso $i < j$. Um exemplo do processo de cruzamento entre duas soluções-candidatas, utilizando a vizinhança de Moore de raio 1, se encontra na figura 4.8, sendo a etapa de ordenação das probabilidades de infecção mostrada na figura 4.9.

Na figura 4.8, o ponto de troca sorteado é último gene e 1/3 dos genes corresponde a 4 genes. Portanto, o último gene e os 3 que estão à sua direita (nesse caso, volta-se ao início do cromossomo, como explicado acima) são trocados entre os pais.

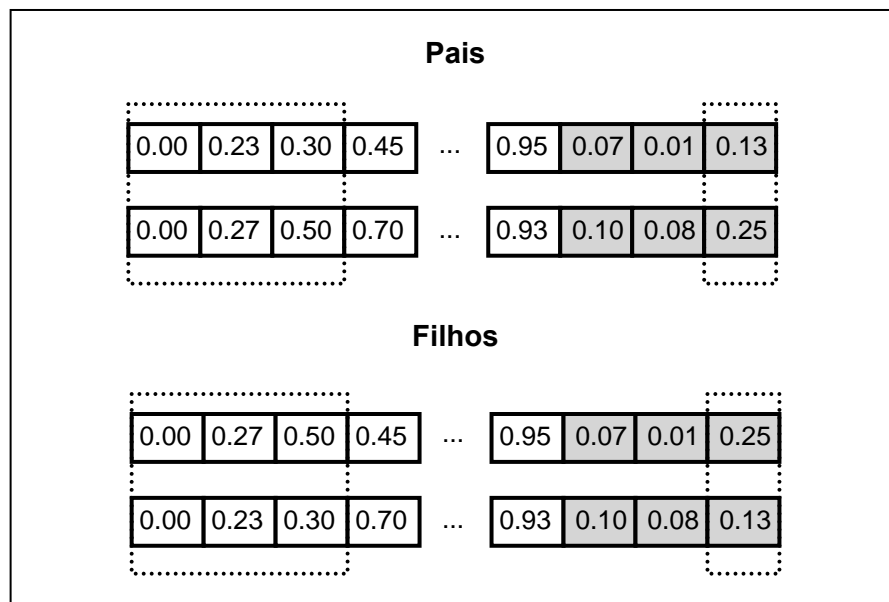


Figura 4.8 – Cruzamento entre duas soluções-candidatas.

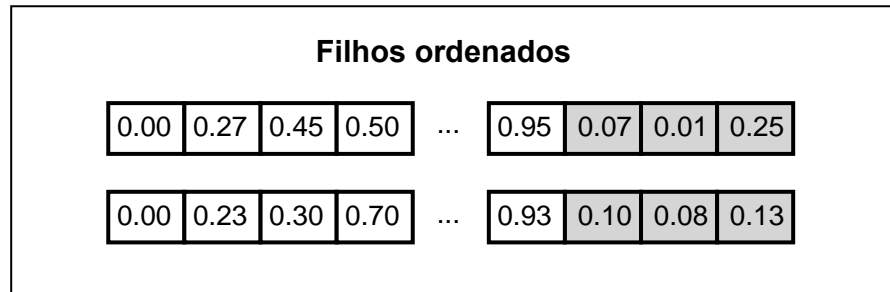


Figura 4.9 – Ordenação das probabilidades de infecção após a recombinação.

4.2.3 Mutação

Por meio dessa operação, algumas soluções-candidatas são selecionadas para que alguns de seus genes sejam alterados. Assim, uma única solução-candidata pode gerar filhos. O processo de mutação foi implementado em quatro etapas. Na primeira, os filhos são criados através da clonagem do seu antecessor (pai). Na segunda etapa, os filhos sofrem de fato o processo de mutação, que é realizada, em cada gene, com probabilidade de 50%. Caso um gene venha sofrer mutação, seu valor é somado a um número gerado de forma aleatória entre -0,3 e +0,3. Como os valores dos genes não podem ser menores que 0 e nem maiores que 1, executa-se um corte: se o gene é menor que 0, seu valor é substituído por 0; se maior que 1, seu valor é substituído por 1. Assim como na recombinação, na última etapa realiza-se a ordenação das probabilidades de infecção, a fim de respeitar a restrição $P_I(i) < P_I(j)$ caso $i < j$. Uma ilustração do processo de mutação se encontra na figura 4.10.

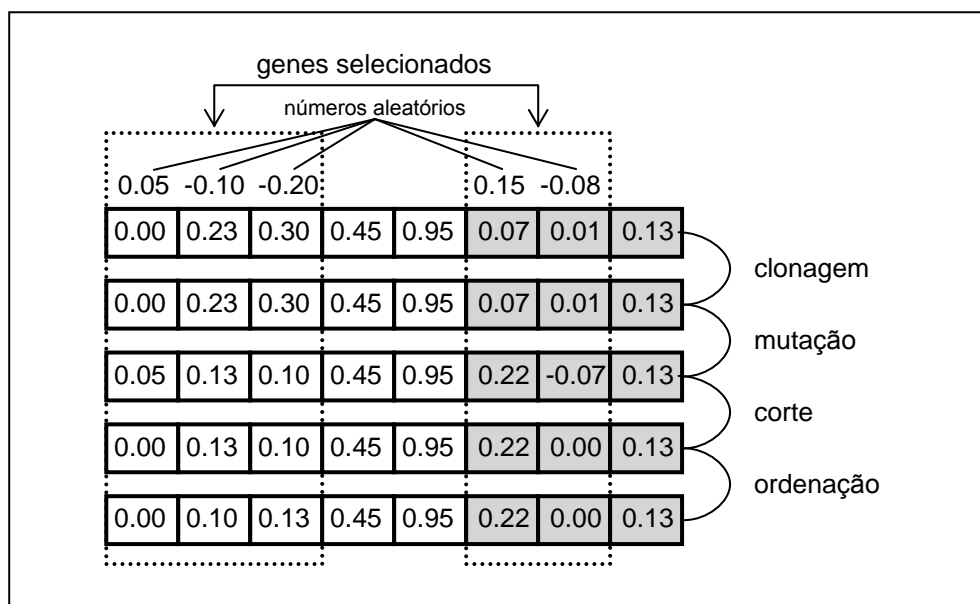


Figura 4.10 – Operação de mutação.

4.2.4 Avaliação (*fitness*)

Para avaliar a qualidade das soluções-candidatas geradas pelo AG, é necessária uma forma de classificá-las, por exemplo, através de uma pontuação. Nos experimentos realizados, quanto menor for a pontuação de uma solução-candidata maior será sua aptidão, ou seja, melhor avaliada é essa solução. Essa pontuação é calculada a partir da soma dos módulos das diferenças entre os dados epidemiológicos da tabela I e valores encontrados em nosso experimento com o ACP. Mas essa pontuação não é a única a compor a nossa função de avaliação.

Na verdade, nossa função é dada pelo produto entre duas funções. Uma é aquela definida no parágrafo anterior, dada pela expressão (5) e que corresponde a f_1 . A outra é assim definida: verifica-se a tendência de variação do número de infectados, obtidos no ACP, entre dois anos consecutivos, e compara-se com a tendência da série histórica entre esses mesmos anos. Caso as tendências sejam diferentes (por exemplo, na série histórica tem-se uma diminuição do número de infectados entre 1994 e 1995, mas na simulação com o ACP tem-se um aumento entre esses anos), então se soma 1 à função f_2 , definida pela expressão (6); se as tendências são iguais (ou seja, as derivadas têm o mesmo sinal) soma-se zero a f_2 .

Para avaliar as soluções-candidatas, usa-se f_0 , definida pela expressão (7), dada pela multiplicação das duas funções descritas acima. Assim:

$$f1 = \sum_{i=1}^{n-1} |v_i - ve_i| \quad (5)$$

$$f2 = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^{n-1} |s(v_i - v_{i-1}) - s(ve_i - ve_{i-1})| \quad (6)$$

$$f0 = f1 * f2 \quad (7)$$

- n : número total de anos que compõe as séries ($n=11$, pela tabela I);
- i : indica o ano nas séries, $i = 0 \dots n-1$. Nota-se que o índice i nas expressões anteriores começam com o valor 1;
- v_i : valor do número de infectados no i -ésimo ano da série histórica;
- ve_i : valor do número de infectados no i -ésimo na série gerada pelo ACP;
- s : função sinal assim definida: caso seu argumento seja menor que zero, ela vale -1, caso contrário ela vale +1.

Note que a somatória parte de $i=1$ pois $v_0 = ve_0$ (ou seja, a condição inicial do ACP é igual ao primeiro valor da série histórica).

Cada solução-candidata é avaliada 4 vezes, de modo que sua pontuação final é dada pela soma das quatro avaliações. Quanto menor for essa soma, melhor será considerada a solução-candidata (mais apta ela é).

Nas nossas simulações, cada iteração do ACP equivale ou a 1 ou a 2 meses. Portanto, após rodar o ACP ou por doze ou por seis passos de tempo, tem-se a quantidade de indivíduos infectados em um ano. Na tabela II, mostra-se um exemplo de cálculo de $f1$ parcial (de cada termo que compõe $f1$, evoluindo o ACP uma única vez), na tabela III um exemplo de $f1$ final (evoluindo o ACP quatro vezes), na tabela IV um exemplo de $f2$ parcial e na tabela V um exemplo de $f2$ final.

Tabela II – Exemplo de cálculo de $f1$ parcial.

i	Ano	Casos reais	Casos simulados	$f1$ parcial
0	1994	339	339	0
1	1995	133	107	26
2	1996	166	116	50
3	1997	99	109	10
4	1998	83	106	23
5	1999	48	73	25
6	2000	76	55	21
7	2001	47	52	5
8	2002	30	41	11
9	2003	81	36	45
10	2004	54	43	11
Soma				227

Tabela III – Cálculo de $f1$ final evoluindo o AC quatro vezes.

i	Ano	Casos reais	Casos simulados	$f1$ parcial	Casos simulados	$f1$ parcial	Casos simulados	$f1$ parcial	Casos simulados	$f1$ parcial
0	1994	339	339	0	339	0	339	0	339	0
1	1995	133	107	26	103	30	117	16	131	2
2	1996	166	116	50	119	47	97	69	105	61
3	1997	99	109	10	98	1	81	18	96	3
4	1998	83	106	23	77	6	82	1	74	9
5	1999	48	73	25	65	17	50	2	51	3
6	2000	76	55	21	41	35	50	26	32	44
7	2001	47	52	5	31	16	45	2	27	20
8	2002	30	41	11	15	15	18	12	16	14
9	2003	81	36	45	22	59	28	53	30	51
10	2004	54	43	11	20	34	18	36	18	36
$f1$ parciais				227		260		235		243
$f1$ final				965						

Tabela IV – Exemplo de cálculo de $f2$ parcial.

i	Ano	Casos reais	Casos simulados	$f2$ parcial
0	1994	339	339	0
1	1995	133	107	0
2	1996	166	116	0
3	1997	99	109	0
4	1998	83	106	0
5	1999	48	73	0
6	2000	76	55	1
7	2001	47	52	0
8	2002	30	41	0
9	2003	81	36	1
10	2004	54	43	1
Soma				3

Tabela V – Cálculo de f_2 final evoluindo o AC quatro vezes.

i	Ano	Casos reais	Casos simulados	f_2 parcial	Casos simulados	f_2 parcial	Casos simulados	f_2 parcial	Casos simulados	f_2 parcial
0	1994	339	339	0	339	0	339	0	339	0
1	1995	133	107	0	103	0	117	0	131	0
2	1996	166	116	0	119	0	97	1	105	1
3	1997	99	109	0	98	0	81	0	96	0
4	1998	83	106	0	77	0	82	1	74	0
5	1999	48	73	0	65	0	50	0	51	0
6	2000	76	55	1	41	1	50	1	32	1
7	2001	47	52	0	31	0	45	0	27	0
8	2002	30	41	0	15	0	18	0	16	0
9	2003	81	36	1	22	0	28	0	30	0
10	2004	54	43	1	20	0	18	0	18	0
f_2 parciais				3		1		3		2
f_2 final				9						

Durante as simulações, surgiu a necessidade de definir uma métrica para determinar o quão boa a pontuação de uma solução-candidata é comparada com outra solução-candidata obtida num reticulado de tamanho diferente. Por exemplo: uma solução-candidata teve as seguintes pontuações num reticulado 500×500 : $f_1 = 965$, $f_2 = 9$ e $f_0 = 8.685$. Como saber se essas pontuações podem ser consideradas melhores do que $f_1 = 1756$, $f_2 = 10$ e $f_0 = 17.560$ num reticulado 1000×1000 ? Essa métrica foi denominada como eficiência ou ef .

Resolver esse problema considerando apenas f_2 é trivial. A pontuação que uma solução-candidata apresenta para f_2 fica entre 0 e 10, independentemente do tamanho do reticulado. Caso a solução-candidata seja avaliada 4 vezes, como no exemplo acima, f_2 ficaria entre 0 e 40. Se uma solução-candidata teve um acerto de 77,5%, então sua eficiência (ef_{f_2}) seria de 77,5%.

Agora, ao se levar em conta f_1 , a obtenção da eficiência se torna mais difícil. O valor de cada termo que compõe f_1 varia entre 0 e N^2 (num reticulado $N \times N$). A solução encontrada, nesse caso, foi definir um ponto médio para f_1 denominado f_{1m} . Dessa forma, um valor entre 0 e f_{1m} tem eficiência entre 100% e 50%, respectivamente. Utilizando a média vm dos valores da série histórica “normalizada” para o reticulado $N \times N$, definida pela expressão (8), e a expressão (5), definiu-se f_{1m} como dado pela expressão (9). A tabela VI mostra o cálculo de f_{1m} utilizando a série temporal histórica definida na tabela I.

$$vm = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n-1} v_i \quad (8)$$

$$f1_m = \sum_{i=1}^{n-1} |v_i - vm| \quad (9)$$

Tabela VI – Exemplo de cálculo de $f1_m$.

<i>i</i>	Ano	Casos reais	<i>vm</i>	Soma
1	1995	133	82	51
2	1996	166	82	84
3	1997	99	82	17
4	1998	83	82	1
5	1999	48	82	34
6	2000	76	82	6
7	2001	47	82	35
8	2002	30	82	52
9	2003	81	82	1
10	2004	54	82	28
$f1_m$				309

Como a solução-candidata apresentada no exemplo é avaliada 4 vezes, o valor de $f1_m$ deve ser multiplicado por 4. Portanto, nesse caso ele vale 1236. Para calcular a eficiência, considerou-se que a solução-candidata que atinge o valor 0 para $f1$ é 100% eficiente (pois não há diferença entre a série histórica e a série gerada pelo ACP em ano algum). A solução-candidata que atinge 1236 é 50% eficiente. Seguindo esse raciocínio, a eficiência associada a $f1$, dada pela ef_{f1} , é definida (em porcentagem) pela expressão (10):

$$ef_{f1} = \left(\frac{50 * (f1_m - f1)}{f1_m} \right) + 50 \quad (10)$$

Portanto, para $f1 = 965$, então $ef_{f1} = 60,9\%$. A eficiência total de uma solução-candidata é dada pela média aritmética entre as eficiências de $f2$ e $f1$. Ou seja, $ef = (ef_{f1} + eff2)/2$. Portanto, para $ef_{f2} = 77,5\%$ chega-se ao valor de $ef = 69,2\%$ de eficiência para essa solução-candidata.

4.2.5 Seleção Natural

A seleção é o procedimento no qual se determinam as soluções geradas pelo processo evolutivo que devem passar para a próxima geração, privilegiando aquelas que têm melhor (maior) aptidão, ou seja, menor erro.

Para a aplicação do processo de seleção, a população corrente é ordenada pela aptidão de forma crescente (os com maior função de avaliação f_0 estão no começo da fila) e são extraídas as 7 soluções (os 7 cromossomos) da população com maior aptidão (menor valor de f_0). Aplica-se, então, sobre essa ordenação, a expressão (11) por 8 vezes para se obter as 8 soluções-candidatas restantes, que somadas às outras 7, perfazem um total de 15 (o número total de cromossomos em cada geração). A expressão (11) é dada por:

$$m = \text{int}(n * \sqrt{r}) \quad (11)$$

- m : posição ocupada pelo cromossomo, naquela ordenação, que será extraído da geração atual para formar a geração seguinte;
- n : tamanho total da população de soluções-candidatas;
- r : número gerado aleatoriamente entre 0 e 1.
- $\text{int}(x)$, função utilizada para transformar um número real x no maior inteiro menor que x .

A expressão (11) serve para transformar o número aleatório r sorteado num número maior. Exemplificando: se $r = 0,64$, então a $m/n = 0,8$ (m/n é a posição relativa do cromossomo na lista ordenada). Portanto, a expressão (11) transformou $0,64$ em $0,8$. Essa transformação acaba favorecendo a seleção de cromossomos com menor f_0 (melhor aptidão), pois esses se encontram no fim da lista (ou seja, esses cromossomos têm m/n maiores).

5 RESULTADOS

Antes de se relatar os principais resultados obtidos, apresenta-se uma lista com as notações usadas nas tabelas e figuras mostradas neste capítulo.

P_{MI} : probabilidade de morte pela doença

P_{MN} : probabilidade de morte por outras causas

P_C : probabilidade de cura

$MG25$: melhor solução-candidata da geração 25

η_{V1} : vizinhança de Von Neumann com raio 1

η_{V2} : vizinhança de Von Neumann com raio 2

η_{M1} : vizinhança de Moore com raio 1

η_{M2} : vizinhança de Moore com raio 2

$6PA$: 6 passos de tempo do ACP por ano

$12PA$: 12 passos de tempo do ACP por ano

CL : com limites: $P_{MN} \leq 0,01$; $P_{MI} \leq 0,30$ e $P_C \geq 0,66$

SL : sem limites sobre P_{MN} , P_{MI} e P_C

RE : restrições extras: $0,00001 \leq P_{MN} \leq 0,01$; $0,00001 \leq P_{MI} \leq 0,01$ e $P_C \geq 0,70$

$ESC1/20$: reticulado com 250 mil células, escala de 1/20 em relação à população real

$ESC1/5$: reticulado com 1 milhão de células, escala de 1/5 em relação à população real

Segundo a ONU, morrem, por minuto, cerca de 100 pessoas no mundo (com cerca de 6 bilhões de habitantes) [29]. Isso significa que, em 1 mês, morre em torno de 0,07% da população e, em 2 meses, o dobro disso.

Catapora é uma doença altamente contagiosa que mata em torno 1 indivíduo infectado a cada 1.000 e cujos períodos de incubação, de infectividade e de cura duram, juntos, cerca de um mês [30].

De acordo com esses dados, se cada passo de tempo do ACP vale 1 ou 2 meses, então P_{MN} e P_{MI} devem valer em torno de 0,1%; e P_C deve ser maior que 90%.

As simulações (com as quatro vizinhanças citadas anteriormente e com cada passo de tempo do ACP correspondendo a 2 meses) deram valores para as probabilidades de morte e de cura incompatíveis com a realidade biológica da catapora. Entretanto, com tais valores, a variação do número de infectados, ao longo dos anos, obtida no ACP, aproxima-se da série temporal real. Um exemplo dessa situação é a melhor solução-candidata da geração 25 (*MG25*, na tabela VII) considerando as quatro vizinhanças possíveis. Esse cromossomo utiliza vizinhança de Moore com raio 1 (ver apêndice 1) e alcançou eficiência de 65,5%. Observe que a probabilidade de morte por outras causas, $P_{MI} = 0,89$, está absurdamente alta (ver tabela VII), pois, a cada dois meses, cerca de 90% da população de infectados e recuperados morre e é substituída por suscetíveis. Isto é, obviamente, irreal. E, nesse tempo, apenas 86% dos infectados se curam ($P_C = 0,86$). A figura 5.1 mostra o efeito que $P_{MN} = 0,89$ provoca na concentração de suscetíveis e de recuperados ao longo de 10 anos. Note que os recuperados (aqueles imunes ao vírus) são praticamente extintos depois do primeiro ano.

Na tabela VII, encontram-se as probabilidades dessa solução. No título dessa tabela (e em outras tabelas similares) são informados: a geração do AG em que essa melhor solução foi obtida (25, nesse caso); o tipo de vizinhança (Moore com raio 1, no caso); o número de iterações por ano (6PA, no caso); e se há limites adicionais nas probabilidades ou não (SL significa sem limite; CL, com limite - ver próximas simulações).

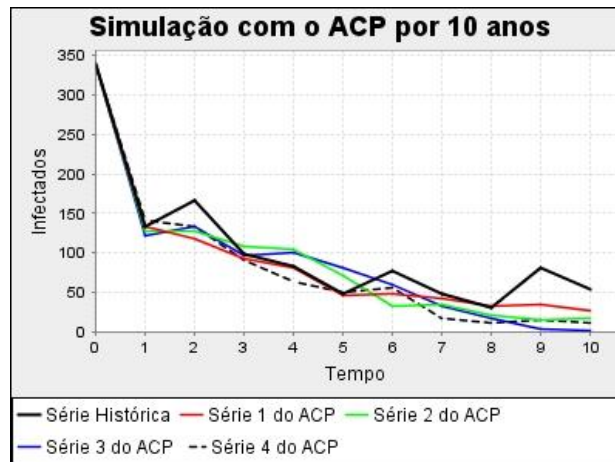
Na figura 5.2, são exibidas as séries temporais dos infectados obtidas com o ACP em quatro simulações, sendo o número de infectados apresentados na tabela VIII.



Figura 5.1 – Concentração de suscetíveis e recuperados ao longo de 10 anos.

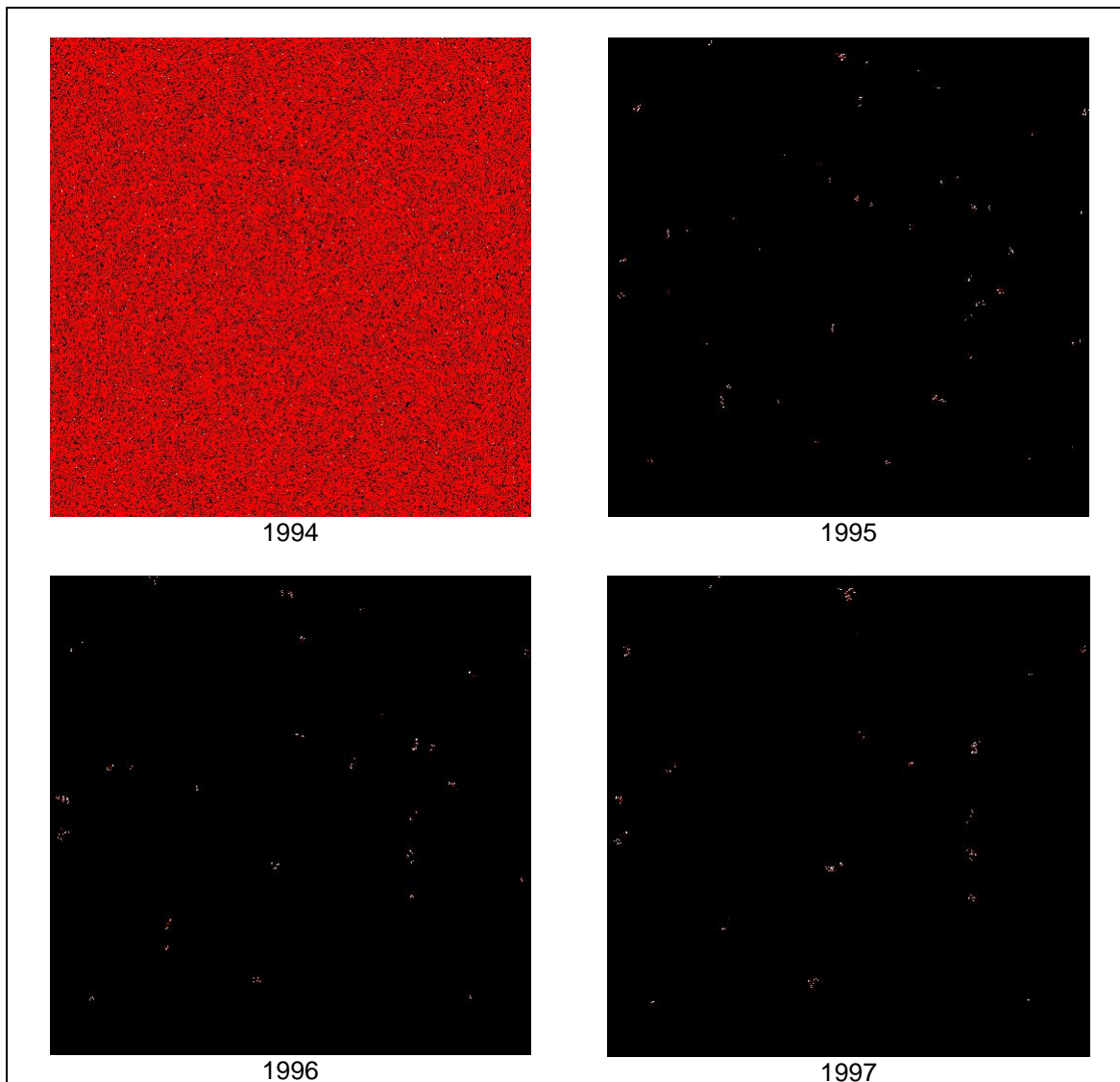
Tabela VII – Probabilidades da solução-candidata ($MG25 - \eta_{MI} - 6PA - SL$).

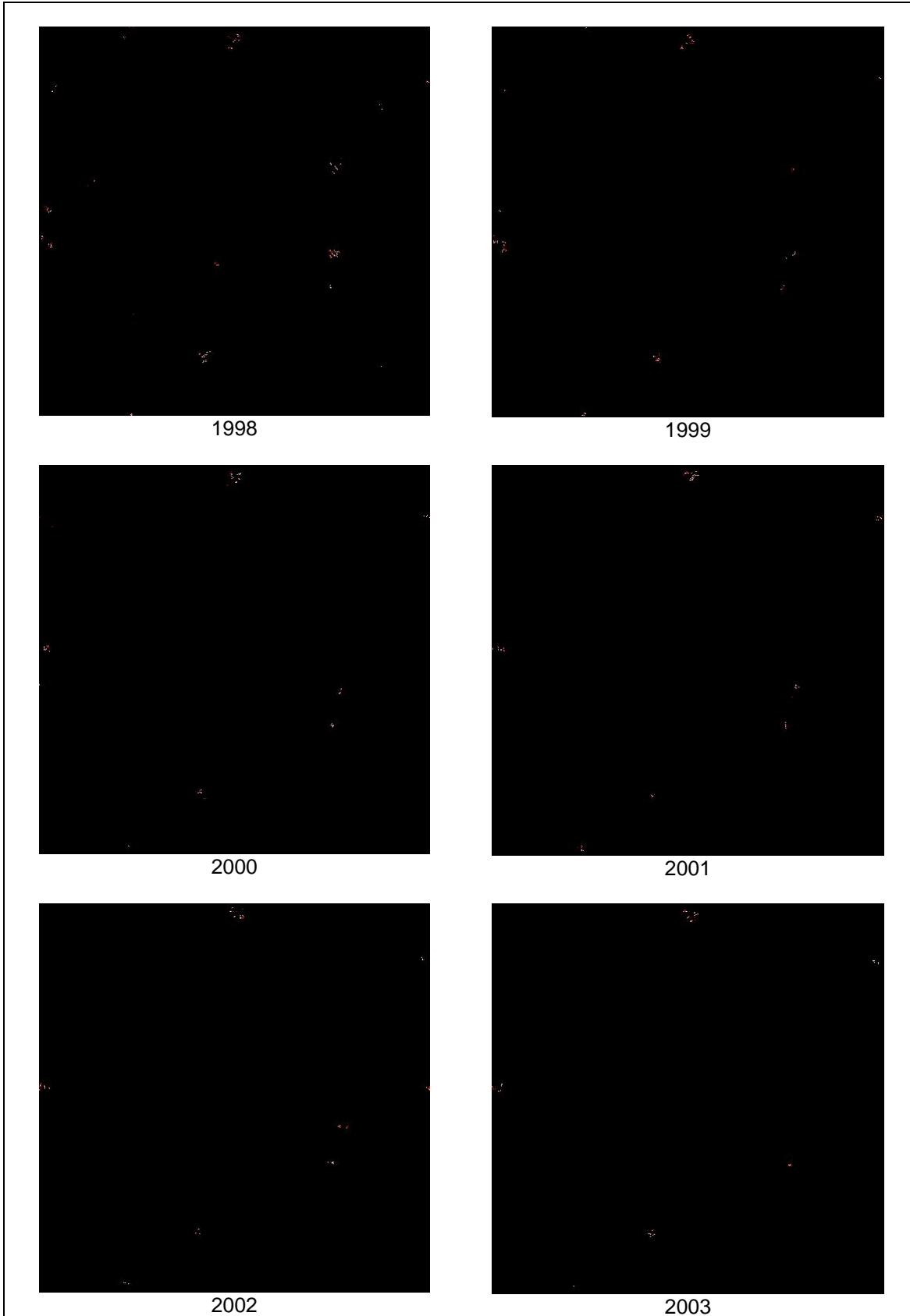
$P_I(0)$	0,0000
$P_I(1)$	0,1736
$P_I(2)$	0,2400
$P_I(3)$	0,3157
$P_I(4)$	0,5493
$P_I(5)$	0,7158
$P_I(6)$	0,7222
$P_I(7)$	0,7249
$P_I(8)$	0,7549
P_{MI}	0,0444
P_{MN}	0,8948
P_C	0,8644

Figura 5.2 – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{MI} - 6PA - SL$).Tabela VIII – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{MI} - 6PA - SL$).

Série Histórica	Série 1 do ACP	Série 2 do ACP	Série 3 do ACP	Série 4 do ACP
339	339	339	339	339
133	133	127	122	140
166	117	127	134	134
99	92	107	96	91
83	81	105	100	63
48	46	72	80	50
76	47	33	59	55
47	42	34	32	17
30	32	21	16	10
81	34	15	4	15
54	27	17	2	11

A figura 5.3 (logo abaixo) apresenta uma seqüência de imagens geradas com o ACP ($MG25 - \eta_{MI} - 6PA - SL$), mostrando a variação de suscetíveis, infectados e recuperados ao longo do tempo e do espaço. Os indivíduos suscetíveis se encontram na cor preta, os infectados na cor branca e os recuperados na cor vermelha.





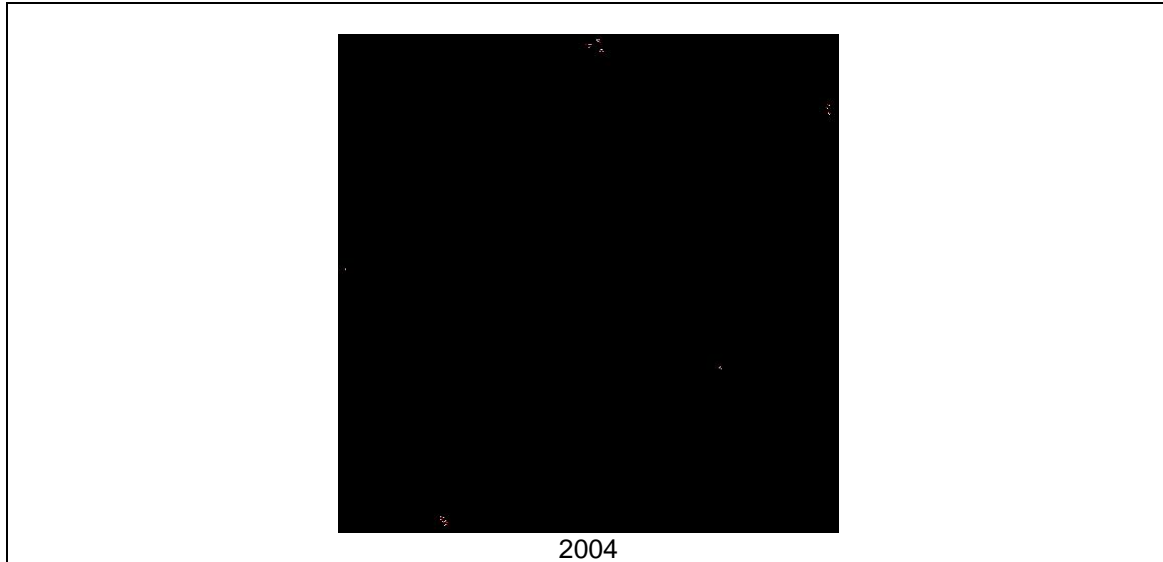


Figura 5.3 – Seqüência de imagens para o ACP ($MG25 - \eta_{MI} - 6PA - SL$).

Devido aos valores absurdos obtidos para as probabilidades de morte e de cura, resolveu-se impor limites adicionais aos valores dessas probabilidades. Tais limites são: $P_{MN} \leq 0,01$; $P_{MI} \leq 0,30$ e $P_C \geq 0,66$. Para efeito comparativo, foram realizadas simulações para os quatro tipos de vizinhanças com e sem tais limites. Apresentam-se, a seguir, apenas os resultados relativos à melhor solução encontrada na geração 25 do AG. Observe, na figura 5.4, que a imposição desses limites provocou, ao longo dos anos, uma variação mais gradual nas concentrações de suscetíveis e de recuperados do que aquela mostrada na figura 5.1. Na tabela IX, seguem os valores das probabilidades dessa solução-candidata ($MG25 - \eta_{M2} - 6PA - CL$; ver apêndice 2) que tem eficiência de 50,2% (note ela possui vizinhança de Moore com raio 2). Na figura 5.5, são encontradas as séries temporais geradas pelo ACP em quatro simulações e a série temporal real. Os números dos infectados obtidos nessas quatro simulações são apresentados na tabela X.

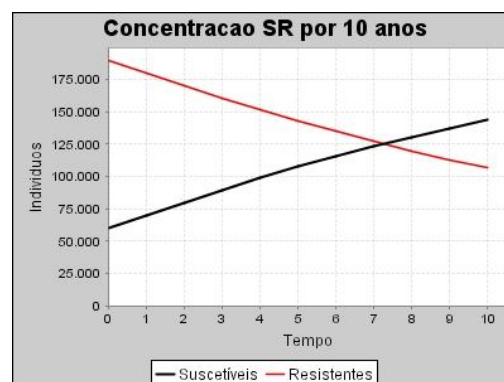
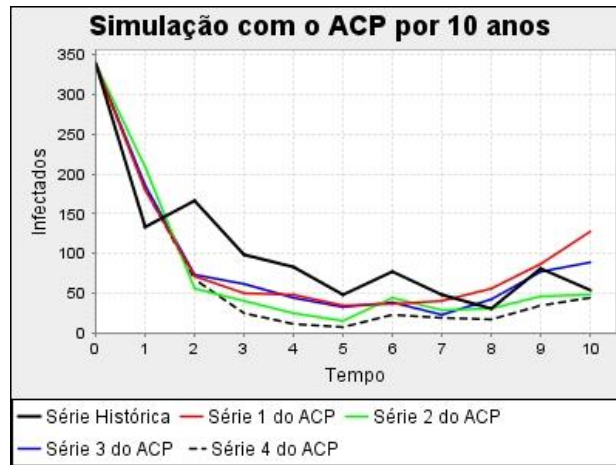


Figura 5.4 – Concentração de suscetíveis e recuperados ao longo de 10 anos.

Tabela IX – Probabilidades da solução-candidata ($MG25 - \eta_{M2} - 6PA - CL$).

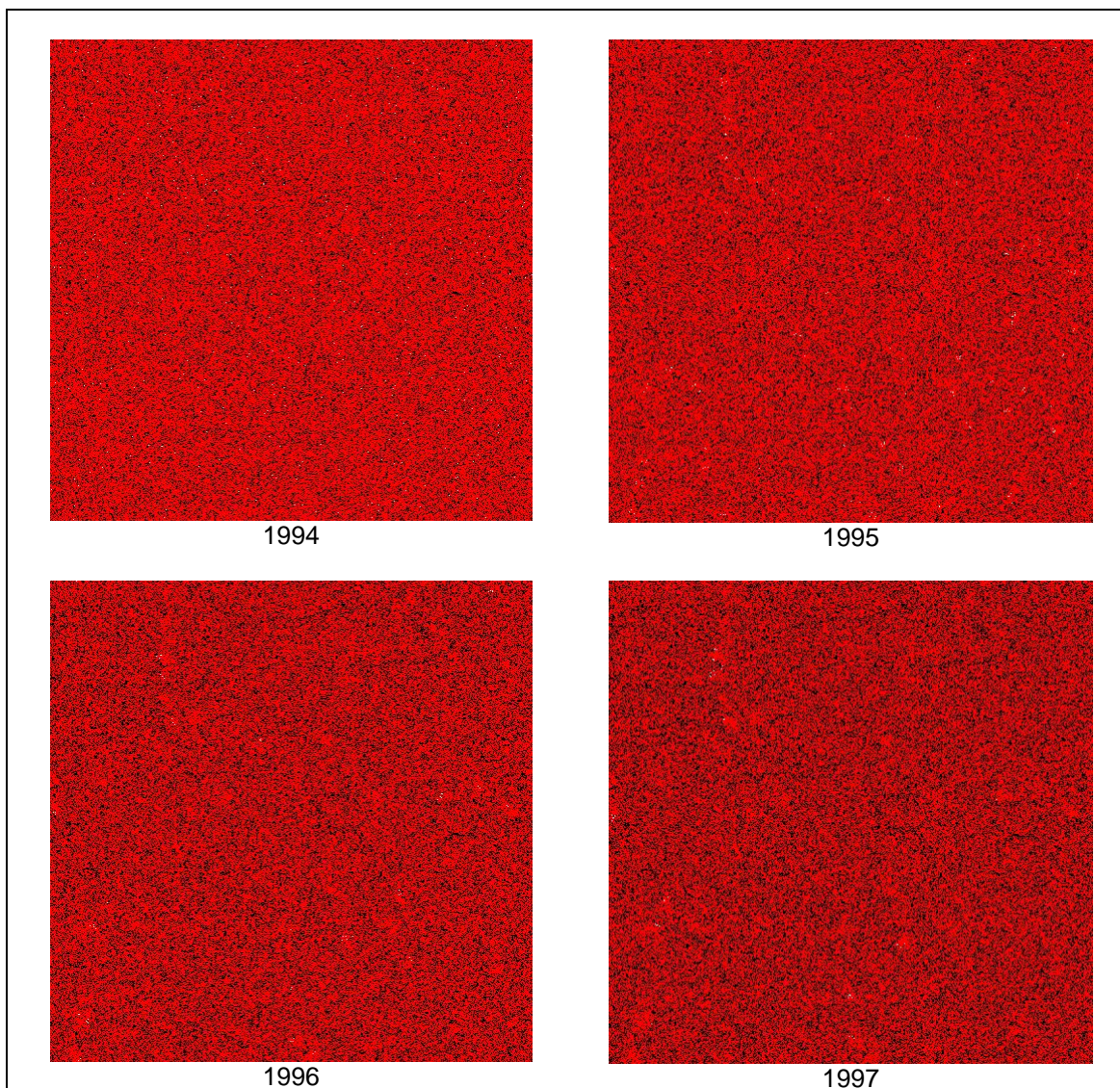
<i>Prob.</i>	<i>Valor</i>	<i>Prob.</i>	<i>Valor</i>	<i>Prob.</i>	<i>Valor</i>
$P_1(0)$	0,0000	$P_1(11)$	0,4112	$P_1(22)$	0,6663
$P_1(1)$	0,1487	$P_1(12)$	0,4200	$P_1(23)$	0,7380
$P_1(2)$	0,1835	$P_1(13)$	0,4365	$P_1(24)$	0,7740
$P_1(3)$	0,2271	$P_1(14)$	0,4499	$P_1(25)$	0,8132
$P_1(4)$	0,2271	$P_1(15)$	0,4795	$P_1(26)$	0,8649
$P_1(5)$	0,2309	$P_1(16)$	0,5938	$P_1(27)$	0,8809
$P_1(6)$	0,2325	$P_1(17)$	0,6027	$P_1(28)$	0,9924
$P_1(7)$	0,2472	$P_1(18)$	0,6085	$P_1(29)$	0,9999
$P_1(8)$	0,2583	$P_1(19)$	0,6242	$P_1(30)$	0,9999
$P_1(9)$	0,2615	$P_1(20)$	0,6284	$P_1(31)$	0,9999
$P_1(10)$	0,3107	$P_1(21)$	0,6596	$P_1(32)$	0,9999
P_{MI}	0,0000	P_{MN}	0,0100	P_C	0,7586

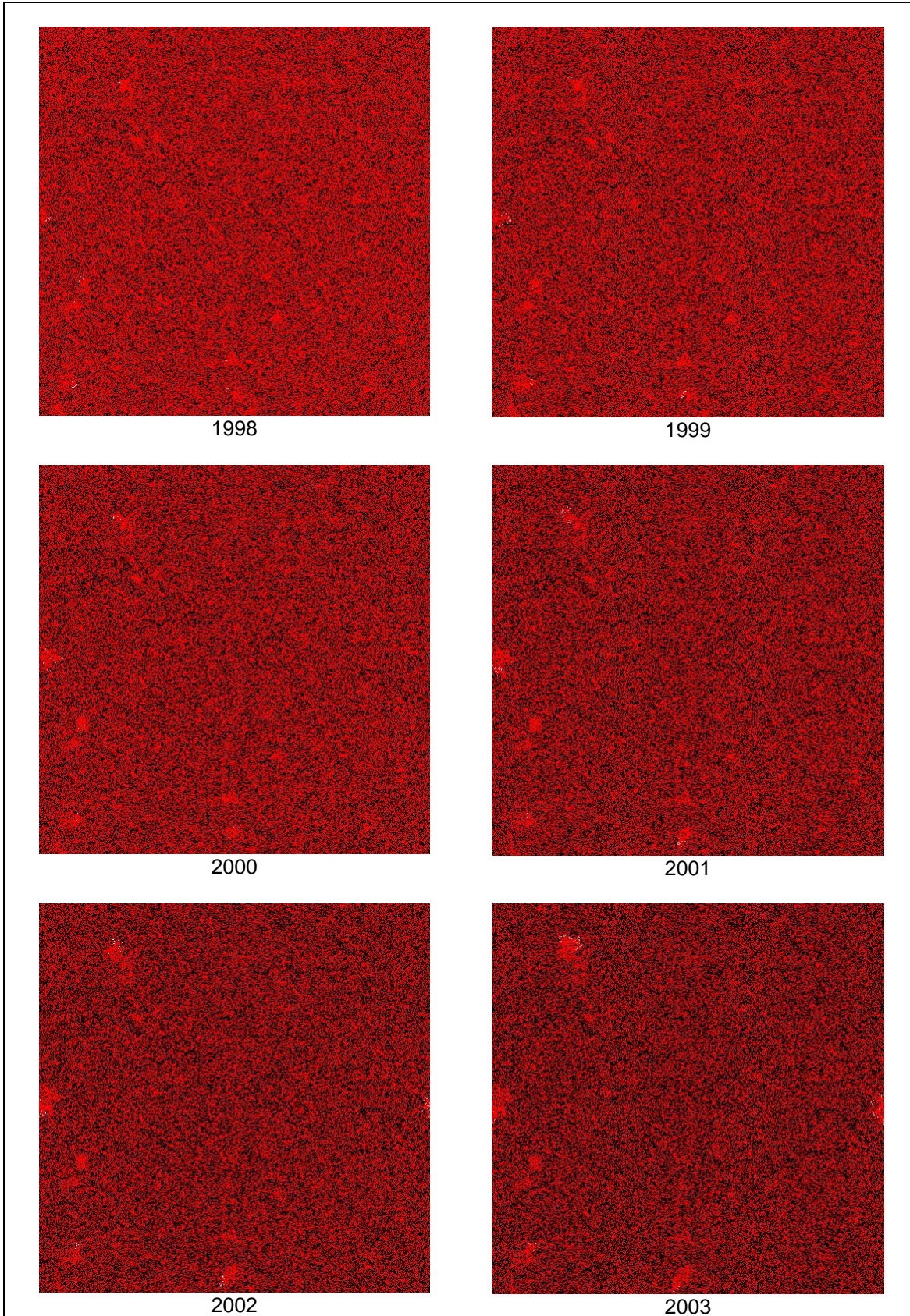
Figura 5.5 – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{M2} - 6PA - CL$).Tabela X – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{M2} - 6PA - CL$).

Série Histórica	Série 1 do ACP	Série 2 do ACP	Série 3 do ACP	Série 4 do ACP
339	339	339	339	339
133	179	208	185	182
166	71	56	73	68
99	49	41	61	25
83	48	24	43	11
48	34	14	33	8
76	37	43	39	22
47	40	29	23	18
30	56	30	42	17
81	86	46	76	34
54	128	47	89	44

Note que essa doença, segundo a tabela IX, não mata ($P_{MI}=0$) e apenas 76% dos infectados ($P_C = 0,76$) estão curados após 2 meses.

A seqüência de imagens correspondente ao ACP para $MG25 - \eta_{M2} - 6PA - CL$, mostrando a variação temporal do número de suscetíveis, infectados e recuperados, ao longo dos anos e do espaço, é mostrada na figura 5.6 abaixo. Perceba que em algumas áreas há foco da doença.





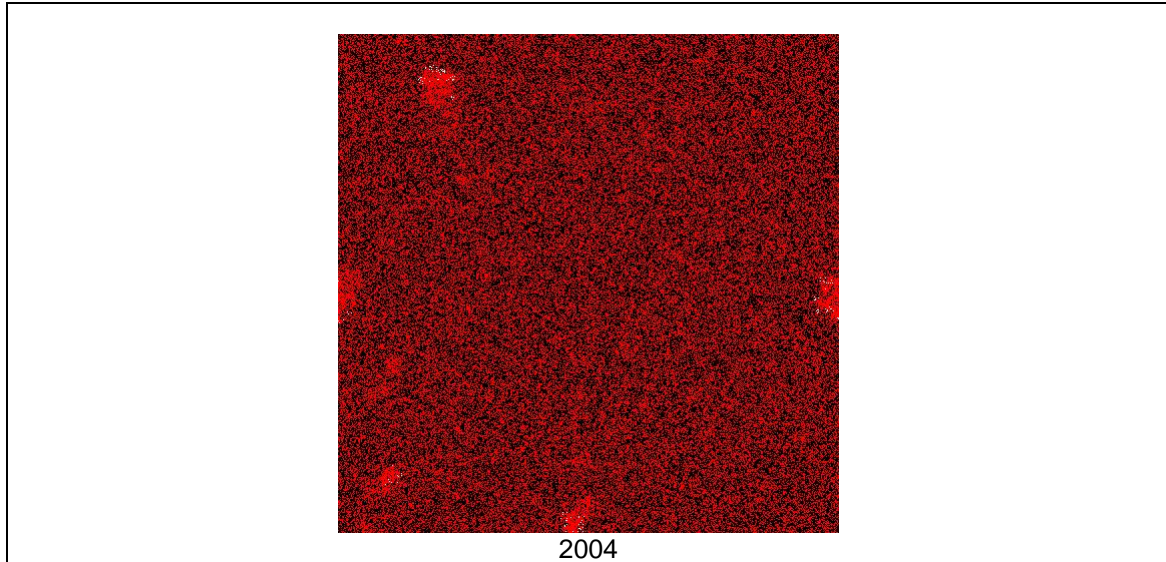


Figura 5.6 – Seqüência de imagens para o ACP ($MG25 - \eta_{M2} - 6PA - CL$).

Nessas simulações, um passo de tempo do ACP equivale a 2 meses de tempo real. Com o intuito de se obterem valores de probabilidade mais realistas, foram realizadas simulações em que cada passo de tempo corresponde a 1 mês. O melhor resultado da geração 25 (levando em conta as quatro vizinhanças possíveis e a imposição de limites adicionais, explicada anteriormente) corresponde à solução-candidata $MG25 - \eta_{V2} - 12PA - CL$ (encontrada no apêndice 4). Seguem as figuras 5.7 e 5.8 e as tabelas XI e XII, com as informações usuais sobre probabilidades e evolução temporal do ACP. Essa solução alcançou eficiência de 18,75%, um valor bem baixo, apesar de os valores de as probabilidades de morte e de cura estarem mais próximos dos esperados *a priori*. Isso ocorre porque, nas simulações com o ACP, a doença se extingue naturalmente (o número de infectados cai a zero após o primeiro ano), o que é claramente ruim. Além disso, tem-se $P_{MI}=12\%$, um valor muito alto.

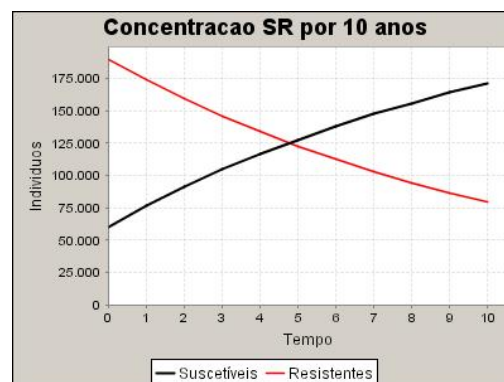
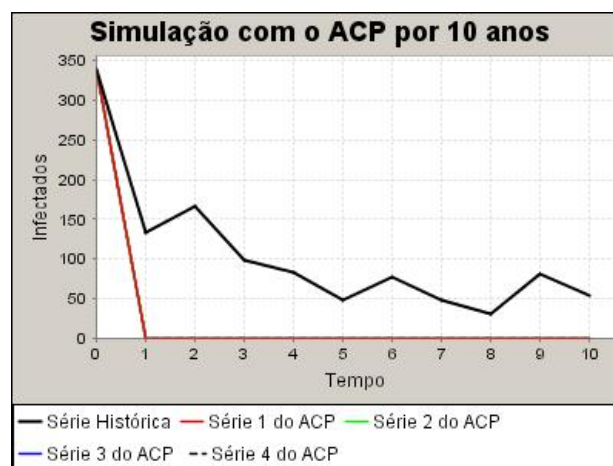


Figura 5.7 – Concentração de suscetíveis e recuperados ao longo de 10 anos.

Tabela XI – Probabilidades da solução-candidata ($MG25 - \eta_{v2} - 12PA - CL$).

Prob.	Valor	Prob.	Valor	Prob.	Valor	Prob.	Valor
$P_I(0)$	0,0000	$P_I(4)$	0,3962	$P_I(8)$	0,6004	$P_I(12)$	0,9999
$P_I(1)$	0,0000	$P_I(5)$	0,4801	$P_I(9)$	0,6592	P_{MI}	0,1205
$P_I(2)$	0,0763	$P_I(6)$	0,4893	$P_I(10)$	0,7426	P_{MN}	0,0072
$P_I(3)$	0,2465	$P_I(7)$	0,4938	$P_I(11)$	0,8947	P_C	0,9999

Figura 5.8 – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{v2} - 12PA - CL$).Tabela XII – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{v2} - 12PA - CL$).

Série Histórica	Série 1 do ACP	Série 2 do ACP	Série 3 do ACP	Série 4 do ACP
339	339	339	339	339
133	0	0	0	0
166	0	0	0	0
99	0	0	0	0
83	0	0	0	0
48	0	0	0	0
76	0	0	0	0
47	0	0	0	0
30	0	0	0	0
81	0	0	0	0
54	0	0	0	0

Uma nova tentativa foi feita para se encontrar valores de probabilidades compatíveis com o esperado e de modo a explicar a série temporal real. Assim, resolveu-se impor restrições extras (mais rigorosas) ao ACP. Tais restrições são: $0,00001 \leq P_{MN} \leq 0,01$; $0,00001 \leq P_{MI} \leq 0,01$, e $P_C \geq 0,70$. As probabilidades e as evoluções temporais correspondentes à melhor solução-candidata da geração 25 ($MG25 - \eta_{v2} - 6PA - RE$, encontrada no apêndice 5) são mostradas nas figuras 5.9 e 5.10 e nas tabelas XIII e XIV (RE significa restrições extras). Essa solução candidata possui eficiência de 36,41%. Note que as probabilidades de morte e de cura têm valores mais razoáveis do que aqueles obtidos com restrições mais frouxas ($MG25 - \eta_{v2} - 6PA - CL$, encontrada no apêndice 2) que alcançou apenas 18,75% de eficiência. Entretanto, as séries temporais obtidas (ilustradas na figura 5.10) ainda são insatisfatórias: do segundo ano em diante, todas ficam abaixo da série histórica (a exceção de uma, no último ano).

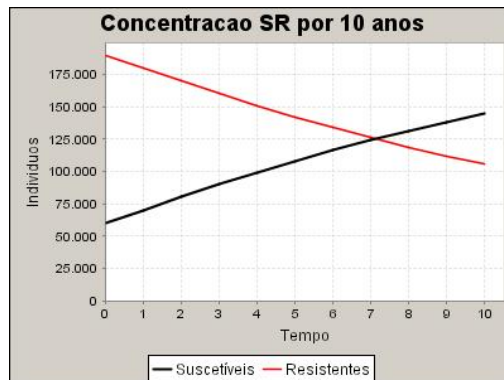


Figura 5.9 – Concentração de suscetíveis e recuperados ao longo de 10 anos.

Tabela XIII – Probabilidades da solução-candidata ($MG25 - \eta_{v2} - 6PA - RE$).

<i>Prob.</i>	<i>Valor</i>	<i>Prob.</i>	<i>Valor</i>	<i>Prob.</i>	<i>Valor</i>	<i>Prob.</i>	<i>Valor</i>
$P_I(0)$	0,0000	$P_I(4)$	0,5748	$P_I(8)$	0,7222	$P_I(12)$	0,9892
$P_I(1)$	0,4523	$P_I(5)$	0,5748	$P_I(9)$	0,7661	P_{MI}	0,0025
$P_I(2)$	0,5037	$P_I(6)$	0,5748	$P_I(10)$	0,7792	P_{MN}	0,0100
$P_I(3)$	0,5267	$P_I(7)$	0,6965	$P_I(11)$	0,9824	P_C	0,7000

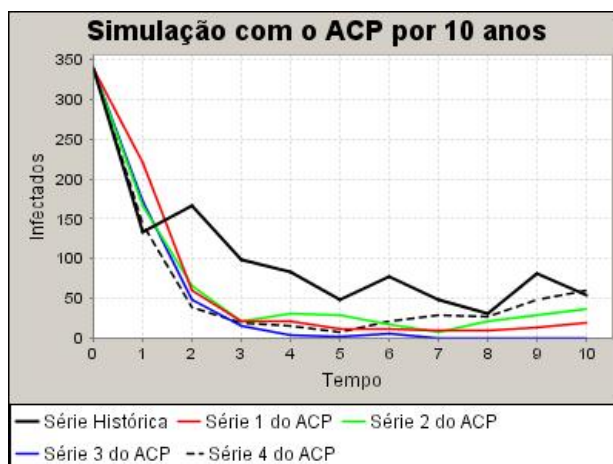


Figura 5.10 – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{V2} - 6PA - RE$).

Tabela XIV – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{V2} - 6PA - RE$).

Série Histórica	Série 1 do ACP	Série 2 do ACP	Série 3 do ACP	Série 4 do ACP
339	339	339	339	339
133	220	167	172	142
166	60	66	47	39
99	21	21	14	19
83	21	31	3	15
48	11	28	1	7
76	11	16	6	21
47	9	8	0	28
30	9	20	0	26
81	12	29	0	48
54	19	36	0	60

Por fim, investigou-se a influência da escala espacial do ACP no nosso experimento numérico. Lembre que, como a população original é de 5.000.000 e o ACP representa 250.000 indivíduos, então há um fator de escala de 1/20. Com esse intuito, foram realizados experimentos em reticulados 1000×1000 (fator de escala 1/5).

Considerando as restrições extras descritas, investigaram-se, para 6 passos por ano, apenas a vizinhança de Moore de raio 2; e para 12 passos por ano, apenas a vizinhança de Von Neumann de raio 2, pois essas foram as combinações que deram melhores resultados para o caso 250×250. E o ponto de partida do AG foi a última geração (geração 25) do caso 250×250 correspondente.

Esses experimentos revelaram que esse fator de escala interfere sim nos resultados. A solução-candidata obtida na geração 25 na escala 1/5 que deu melhor resultado é a com vizinhança de Von Neumann com raio 2 e 12 passos por ano ($MG25 - \eta_{V2} - 12PA - RE - ESC1/5$, encontrada no apêndice 8), que tem 61,6% de eficiência. As probabilidades e a evolução temporal relacionadas com essa solução são mostradas nas figuras 5.11 e 5.12 e nas tabelas XIII e XIV.

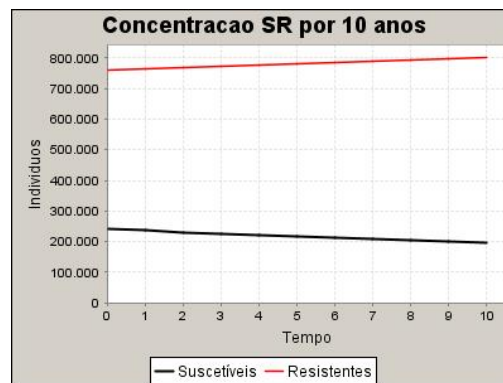


Figura 5.11 – Concentração de suscetíveis e recuperados ao longo de 10 anos.

Tabela XV – Probabilidades da solução-candidata ($MG25 - \eta_{V2} - 12PA - RE - ESC1/5$).

<i>Prob.</i>	<i>Valor</i>	<i>Prob.</i>	<i>Valor</i>	<i>Prob.</i>	<i>Valor</i>	<i>Prob.</i>	<i>Valor</i>
$P_I(0)$	0,0000	$P_I(4)$	0,2824	$P_I(8)$	0,5352	$P_I(12)$	0,88660
$P_I(1)$	0,0104	$P_I(5)$	0,3436	$P_I(9)$	0,6290	P_{MI}	0,00001
$P_I(2)$	0,0118	$P_I(6)$	0,4290	$P_I(10)$	0,6290	P_{MN}	0,00001
$P_I(3)$	0,1788	$P_I(7)$	0,4290	$P_I(11)$	0,8306	P_C	0,99999

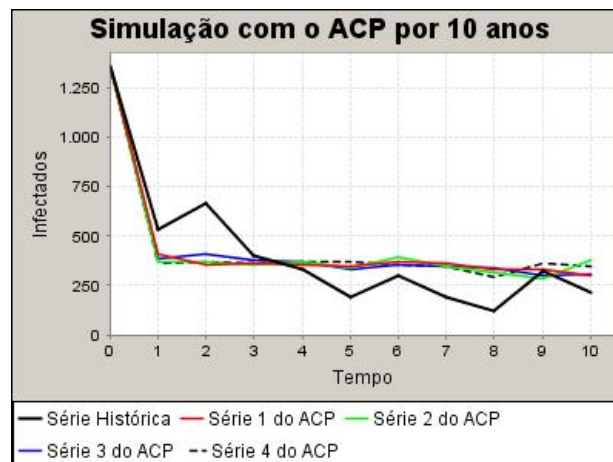


Figura 5.12 – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{V2} - 12PA - RE - ESC1/5$).

Tabela XVI – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{V2} - 12PA - RE - ESCI/5$).

Série Histórica	Série 1 do ACP	Série 2 do ACP	Série 3 do ACP	Série 4 do ACP
1359	1359	1359	1359	1359
532	410	372	386	364
665	358	374	407	372
398	359	358	378	362
335	354	368	367	367
192	348	340	333	368
304	367	396	353	352
190	359	346	349	349
121	331	313	340	292
324	334	287	304	361
218	304	377	309	351

Repare que, apesar de os valores das probabilidades serem mais razoáveis, as séries temporais geradas com o ACP, após o primeiro ano, praticamente estabilizaram num valor constante, não reproduzindo as oscilações observadas na série real.

Nessa escala 1/5, também se investigaram os casos com vizinhança de Moore de raio 1, com 6 e 12 passos por ano, pois essas foram as combinações que deram melhores resultados para o reticulado 250×250 sem limites sobre as probabilidades. Novamente, o ponto de partida do AG foi a última geração (geração 25) do caso 250×250 correspondente.

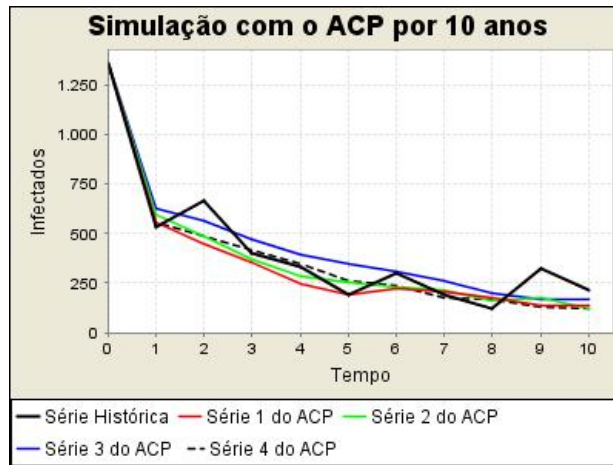
A solução-candidata obtida na geração 25 na escala 1/5, no caso sem limite, que deu melhor resultado, é a com vizinhança de Moore com raio 1 e 6 passos por ano ($MG25 - \eta_{MI} - 6PA - SL - ESCI/5$, encontrada no apêndice 7), que tem 70,46% de eficiência. Note que os valores das probabilidades de morte e de cura, nesse caso, não são realistas ($P_{MN} = 100\%$!!!), mas as evoluções temporais estão bem próximas da série real. As figuras 5.13 e 5.14 e as tabelas XVII e XVIII ilustram esses resultados.



Figura 5.13 – Concentração de suscetíveis e recuperados ao longo de 10 anos.

Tabela XVII – Probabilidades da solução-candidata ($MG25 - \eta_{MI} - 6PA - SL - ESC1/5$).

<i>Prob.</i>	<i>Valor</i>	<i>Prob.</i>	<i>Valor</i>	<i>Prob.</i>	<i>Valor</i>
$P_I(0)$	0,0000	$P_I(4)$	0,3905	$P_I(8)$	0,9533
$P_I(1)$	0,1736	$P_I(5)$	0,3905	P_{MI}	0,4315
$P_I(2)$	0,2266	$P_I(6)$	0,6799	P_{MN}	1,0000
$P_I(3)$	0,3157	$P_I(7)$	0,7158	P_C	0,7020

Figura 5.14 – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{MI} - 6PA - SL - ESC1/5$).Tabela XVIII – Séries encontradas pelo ACP ($MG25 - \eta_{MI} - 6PA - SL - ESC1/5$).

Série Histórica	Série 1 do ACP	Série 2 do ACP	Série 3 do ACP	Série 4 do ACP
1359	1359	1359	1359	1359
532	554	593	627	557
665	446	490	561	484
398	356	374	473	420
335	248	285	390	345
192	193	257	349	261
304	220	230	305	236
190	210	215	265	175
121	174	160	200	166
324	138	174	170	130
218	137	124	166	121

Num computador com processador Pentium 4, 1 Gb de RAM e clock de 3,2GHz, cada geração do AG consumia cerca de 90 minutos, numa população de 250×250 . Numa população de 1000×1000 , consumia cerca de 180 minutos.

6 CONCLUSÃO

Nosso modelo epidemiológico baseado em ACP usa vizinhanças de Von Neumann e de Moore com raios 1 e 2, condições de contorno periódicas e reticulado de 500×500 células. Com esse modelo, obtiveram-se, inicialmente, valores de probabilidades de transição de estados que não fazem sentido biologicamente, mas cujas séries temporais correspondentes se aproximam satisfatoriamente da série histórica. Quando se impuseram limites aos valores dessas probabilidades, as séries temporais encontradas pelo ACP se afastaram da série histórica.

O reticulado de 500×500 células representa a população do Arizona numa escala espacial de $1/20$. Quando se aumentaram as dimensões do reticulado para 1000×1000 , o que dá um fator de escala de $1/5$, o ACP apresentou um número de infectados mais próximo do desejado, mesmo quando restrições foram impostas aos valores de probabilidades de morte e de cura.

Uma contribuição relevante deste trabalho, a nosso ver, foi o desenvolvimento de uma forma de mensurar e comparar a qualidade das soluções-candidatas obtidas em tamanhos de reticulado diferentes.

Suspeita-se que alguns fatores que tenham levado o ACP a não representar fielmente a série temporal histórica sejam: a população do estado do Arizona foi considerada constante, homogeneamente distribuída pelo reticulado (o que é obviamente não-realista) e não se levou em conta vacinação.

Por isso, como trabalhos futuros, sugerem-se investigar os efeitos de: vacinação, crescimento populacional, condições de contorno fixas, acoplamentos aleatórios entre vizinhos (por exemplo, do tipo *mundos pequenos*), permitir que grupos de células formem aglomerados com poucas conexões com outros grupos de células (a fim de representar as cidades de um estado) e introduzir o conceito de densidade populacional para as células do reticulado (ou seja, cada célula seria caracterizada por dois números reais entre 0 e 1, indicando a proporção de S, I e R naquela célula. Assim, uma célula representaria uma família ou uma rua e não mais um único indivíduo.). Considerar essas não-homogeneidades espaciais (encontradas no sistema real) pode ajudar a obter probabilidades de transição de estados mais precisas e previsões sobre a propagação de doenças contagiosas mais próximas do observado.

BIBLIOGRAFIA

- [1] N. Taylor, Review of the use of models in informing disease control policy development and adjustment, A report for DEFRA (Veterinary Epidemiology and Economics Research Unit, School of Agriculture, Policy and Development The University of Reading Earley Gate), 2003.
- [2] D.J. Daley e J. Gani, Epidemic Modelling: An Introduction (Cambridge University Press), 1999.
- [3] K. Dietz e J.A.P. Heesterbeek, Daniel Bernoulli's epidemiological model revisited, *Mathematical Biosciences*, v. 180, p.1-21, 2002.
- [4] E. Massad, R.X. Menezes, P.S.P. Silveira e N.R.S. Ortega, *Métodos Quantitativos em Medicina* (Editora Manole), 2004.
- [5] B. Dixon, *Microbiology Lessons*, *Microbe*, v. 1, p. 206-207, 2006.
- [6] http://nobelprize.org/nobel_prizes/medicine/laureates/1902/ross-bio.html
- [7] W.O. Kermack e A.G. McKendrick, A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics, *Bulletin of Mathematical Biology*, v. 53, p.33-55, 1991 (republicação). Publicação original: *Proceedings of the Royal Society of London. Series A*, v. 115, p. 700-721, 1927
- [8] H.W. Hethcote, The Mathematics of Infectious Diseases, *SIAM Review*, v. 42, p.559-653, 2000.
- [9] J. Satsuma, R. Willox, A. Ramani, B. Grammaticos, A. S. Carstea, Extending the SIR epidemic model, *Physica A: Statistical and Theoretical Physics*, 3-4, v. 336, p. 369-375, 2004.
- [10] P. Sarkar, A brief history of cellular automata, *ACM Computing Surveys*, v. 32, p. 80-81, 2000.
- [11] L.H.A. Monteiro, H.D.B. Chimara e J.G. Chaui Berlinck, Big cities: shelters for contagious diseases. *Ecological Modelling*, v. 197, p. 258-262, 2006.
- [12] M.A. Fuentes e M.N. Kuperman, Cellular automata and epidemiological models with spatial dependence. *Physica A*, v. 267, p. 471-486, 1999.
- [13] E. Ahmed, H.N. Agiza e S.Z. Hassan. On modeling Hepatitis B transmission using cellular automata. *Journal of Statistical Physics*, v. 92, p. 707-712, 1998.

- [14] M.L. Martins, G. Ceotto, S.G. Alves, C.C.B. Bufon e J.M. Silva. Cellular automata model for citrus variegated chlorosis. *Physical Review E*, v. 62, 7024-7030, 2000.
- [15] M. Melanie, *An Introduction to Genetic Algorithms* (The MIT Press), 1998.
- [16] Y.X. Yang e S.A. Billings, Identification of probabilistic cellular automata, *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics B*, v. 33, p. 225-236, 2003.
- [17] T. Back e R. Breukelaar, Using genetic algorithms to evolve behavior in cellular automata, *Lecture Notes in Computer Science*, v. 3699, p. 1-10, 2005.
- [18] T. Back, R. Breukelaar e L. Willmes, Inverse design of cellular automata by genetic algorithms: An unconventional programming paradigm, *Lecture Notes in Computer Science*, v. 3566, p. 161-172, 2005.
- [19] N. Ganguly, P. Maji, B.K. Sikdar e P.P. Chaudhuri, Design and characterization of cellular automata based associative memory for pattern recognition, *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics B*, v. 34, p. 672-679, 2004.
- [20] M. Mitchell, J.P. Crutchfield e P.T. Hraber, Evolving cellular automata to perform computations: mechanisms and impediments, *Physica D*, v. 75, p. 361-391, 1994.
- [21] P.P.B. de Oliveira, J.C. Bortot e G.M.B. Oliveira. The best currently known class of dynamically equivalent cellular automata rules for density classification. *Neurocomputing*, v. 70, p. 35-43, 2006.
- [22] M. Alpert, Not just fun and games, *Scientific American*, v. 280. p. 40-42, abril de 1999.
- [23] S. Wolfram, Articles on cellular automata. Encontrado livremente no *link*: <http://www.stephenwolfram.com/publications/articles/ca/> (acessado em 25 de julho de 2008).
- [24] E. Domany e W. Kinzel, Equivalence of cellular automata to Ising models and directed percolation, *Physical Review Letters*, v. 53, p. 311-314, 1984.
- [25] Arizona Department of Health Services. Encontrado livremente no *link*: http://www.azdhs.gov/phs/oids/data_reports.htm (acessado em 7 de agosto de 2007).
- [26] Ministério da Saúde, Vigilância Epidemiológica de Doenças Transmissíveis. Encontrado livremente no *link* (acessado em 23 de julho de 2007): http://portal.saude.gov.br/portal/svs/area.cfm?id_area=604

- [27] U.S. Census Bureau. Encontrado livremente no *link* (acessado em 30/05/2008): <http://quickfacts.census.gov/qfd/states/04000.html>
- [28] IBGE, Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, <http://www.ibge.gov.br>. (acessado em 04/06/2008).
- [29] L.H.A. Monteiro, Sistemas Dinâmicos (2ª Ed, Livraria da Física), 2006.
- [30] Wikipedia. Encontrado livremente o link: <http://en.wikipedia.org/wiki/Measles> (acessado em 20/07/2008).

APÊNDICE 1 – Simulações 6PA - SL

Tabela XIX – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações (6PA - SL)

Vizinhança	η_{V1}				η_{V2}				η_{M1}				η_{M2}			
Geração	f0	f1	f2	ef	f0	f1	f2	ef	f0	f1	f2	ef	f0	f1	f2	ef
0	7381984	461374	16	30,00	2255067	132651	17	28,75	78175	3127	25	18,75	46767	2227	21	28,70
1	54519	3207	17	28,75	65562	3122	21	23,75	55043	2897	19	26,25	39338	2314	17	31,94
2	54519	3207	17	28,75	61551	2931	21	23,75	45008	2813	16	30,00	30198	1438	21	44,66
3	54519	3207	17	28,75	59420	2971	20	25,00	24128	1856	13	46,20	28674	1593	18	45,27
4	54519	3207	17	28,75	36180	2010	18	36,84	20784	1732	12	49,96	28674	1593	18	45,27
5	44194	2326	19	29,20	36180	2010	18	36,84	20784	1732	12	49,96	28674	1593	18	45,27
6	44194	2326	19	29,20	36180	2010	18	36,84	17940	1380	13	55,83	28674	1593	18	45,27
7	44194	2326	19	29,20	35136	2196	16	35,58	17514	1251	14	57,19	24361	1433	17	49,76
8	44194	2326	19	29,20	16744	1196	14	58,30	17514	1251	14	57,19	24320	1216	20	50,40
9	41634	2313	18	30,71	16744	1196	14	58,30	18460	1420	13	55,02	24320	1216	20	50,40
10	41634	2313	18	30,71	16744	1196	14	58,30	18112	1132	16	57,10	24320	1216	20	50,40
11	36918	2051	18	36,01	16744	1196	14	58,30	18816	1344	14	55,31	23280	1552	15	49,85
12	33138	1841	18	40,26	16744	1196	14	58,30	16320	1088	15	59,24	23280	1552	15	49,85
13	33138	1841	18	40,26	16256	1016	16	59,44	16320	1088	15	59,24	23280	1552	15	49,85
14	33138	1841	18	40,26	16256	1016	16	59,44	17880	1490	12	54,86	21451	1129	19	53,41
15	33138	1841	18	40,26	16256	1016	16	59,44	18139	1067	17	57,16	20144	1259	16	54,53
16	27105	1807	15	44,70	16256	1016	16	59,44	16492	1178	14	58,67	20144	1259	16	54,53
17	27105	1807	15	44,70	16256	1016	16	59,44	17752	1268	14	56,85	20144	1259	16	54,53
18	27105	1807	15	44,70	16256	1016	16	59,44	16320	1020	16	59,36	23443	1379	17	50,85
19	22032	1296	17	52,53	15630	1042	15	60,17	16932	1411	12	56,46	20349	1197	17	54,53
20	22032	1296	17	52,53	15630	1042	15	60,17	16536	1272	13	58,02	20349	1197	17	54,53
21	22032	1296	17	52,53	15000	1000	15	61,02	16728	984	17	58,84	21454	1262	17	53,22
22	21896	1564	14	50,86	15000	1000	15	61,02	15568	973	16	60,31	20258	1447	14	53,23
23	19824	1239	16	54,93	15000	1000	15	61,02	14052	1171	12	61,31	16176	1011	16	59,55
24	19824	1239	16	54,93	11604	967	12	65,44	12180	1015	12	64,47	16176	1011	16	59,55
25	19824	1239	16	54,93	11604	967	12	65,44	9560	956	10	68,16	15081	1371	11	58,51

A tabela XIX contém os valores de f_0 , f_1 , f_2 e ef da melhor solução-candidata de cada geração. A figura A1.1 apresenta esses valores em forma de gráfico (a primeira geração foi desconsiderada por ser de ordem de grandeza muito diferente maior da dos demais. O objetivo dessa exclusão foi facilitar a visualização dos resultados.). A tabela XX mostra os valores das probabilidades (encontradas pelo AG) da melhor solução-candidata na última geração.

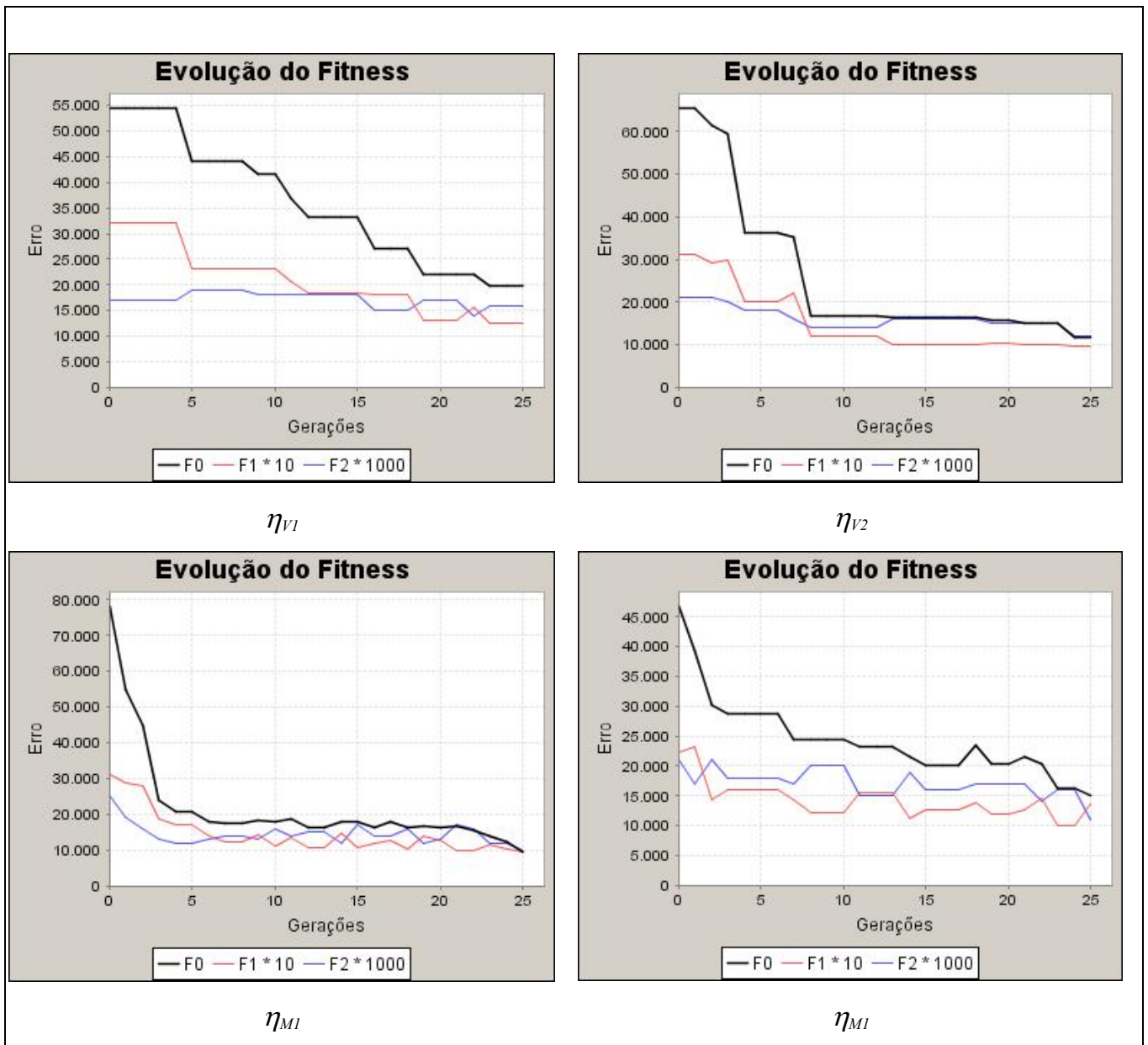


Figura A1.1 – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações ($6PA-SL$).

Tabela XX – Valores das probabilidades (6PA - SL)

Vizinhança	η_{V1}	η_{V2}	η_{M1}	η_{M2}
P_{MI}	0,3151	0,1893	0,0444	0,2199
P_{MN}	0,2900	0,4891	0,8948	0,5804
P_C	0,7666	0,5201	0,8644	0,2219
$P_I(0)$	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
$P_I(1)$	0,3799	0,1189	0,1736	0,0173
$P_I(2)$	0,5389	0,1555	0,2400	0,0597
$P_I(3)$	0,8589	0,1617	0,3157	0,0924
$P_I(4)$	0,8589	0,2263	0,5493	0,1144
$P_I(5)$		0,3895	0,7158	0,1171
$P_I(6)$		0,4630	0,7222	0,1258
$P_I(7)$		0,5338	0,7249	0,1831
$P_I(8)$		0,6915	0,7549	0,2159
$P_I(9)$		0,7129		0,2446
$P_I(10)$		0,8326		0,2495
$P_I(11)$		0,9422		0,3333
$P_I(12)$		0,9999		0,3812
$P_I(13)$				0,3819
$P_I(14)$				0,4227
$P_I(15)$				0,4276
$P_I(16)$				0,4542
$P_I(17)$				0,4550
$P_I(18)$				0,5939
$P_I(19)$				0,6147
$P_I(20)$				0,6148
$P_I(21)$				0,6617
$P_I(22)$				0,7208
$P_I(23)$				0,7308
$P_I(24)$				0,7793
$P_I(25)$				0,7797
$P_I(26)$				0,8311
$P_I(27)$				0,8695
$P_I(28)$				0,9100
$P_I(29)$				0,9646
$P_I(30)$				0,9661
$P_I(31)$				0,9728
$P_I(32)$				0,9882

APÊNDICE 2 – Simulações 6PA - CL

Tabela XXI – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações (6PA - CL)

Vizinhança	η_{V1}				η_{V2}				η_{M1}				η_{M2}			
Geração	f0	f1	f2	ef	f0	f1	f2	ef	f0	f1	f2	ef	f0	f1	f2	ef
0	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	76925	3077	25	18,75
1	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	76375	3055	25	18,75
2	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	72960	3040	24	20,00
3	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	72960	3040	24	20,00
4	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	69368	3016	23	21,25
5	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	64966	2953	22	22,50
6	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	64966	2953	22	22,50
7	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	50094	2783	18	27,50
8	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	39482	2078	19	34,21
9	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	39482	2078	19	34,21
10	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	38980	1949	20	35,57
11	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	38980	1949	20	35,57
12	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	36774	2043	18	36,17
13	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	36043	1897	19	37,88
14	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	36043	1897	19	37,88
15	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	37278	2071	18	35,61
16	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	37206	2067	18	35,69
17	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	37206	2067	18	35,69
18	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	33082	1946	17	39,38
19	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	36360	1818	20	38,22
20	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	33507	1971	17	38,88
21	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	33218	1954	17	39,22
22	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	32453	1909	17	40,13
23	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	31960	1880	17	40,72
24	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	31752	1764	18	41,82
25	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	21541	1657	13	50,23

A tabela XXI contém os valores de f_0 , f_1 , f_2 e ef da melhor solução-candidata de cada geração. A figura A2.1 apresenta esses valores em forma de gráfico. A tabela XXII mostra os valores das probabilidades (encontradas pelo AG) da melhor solução-candidata na última geração.

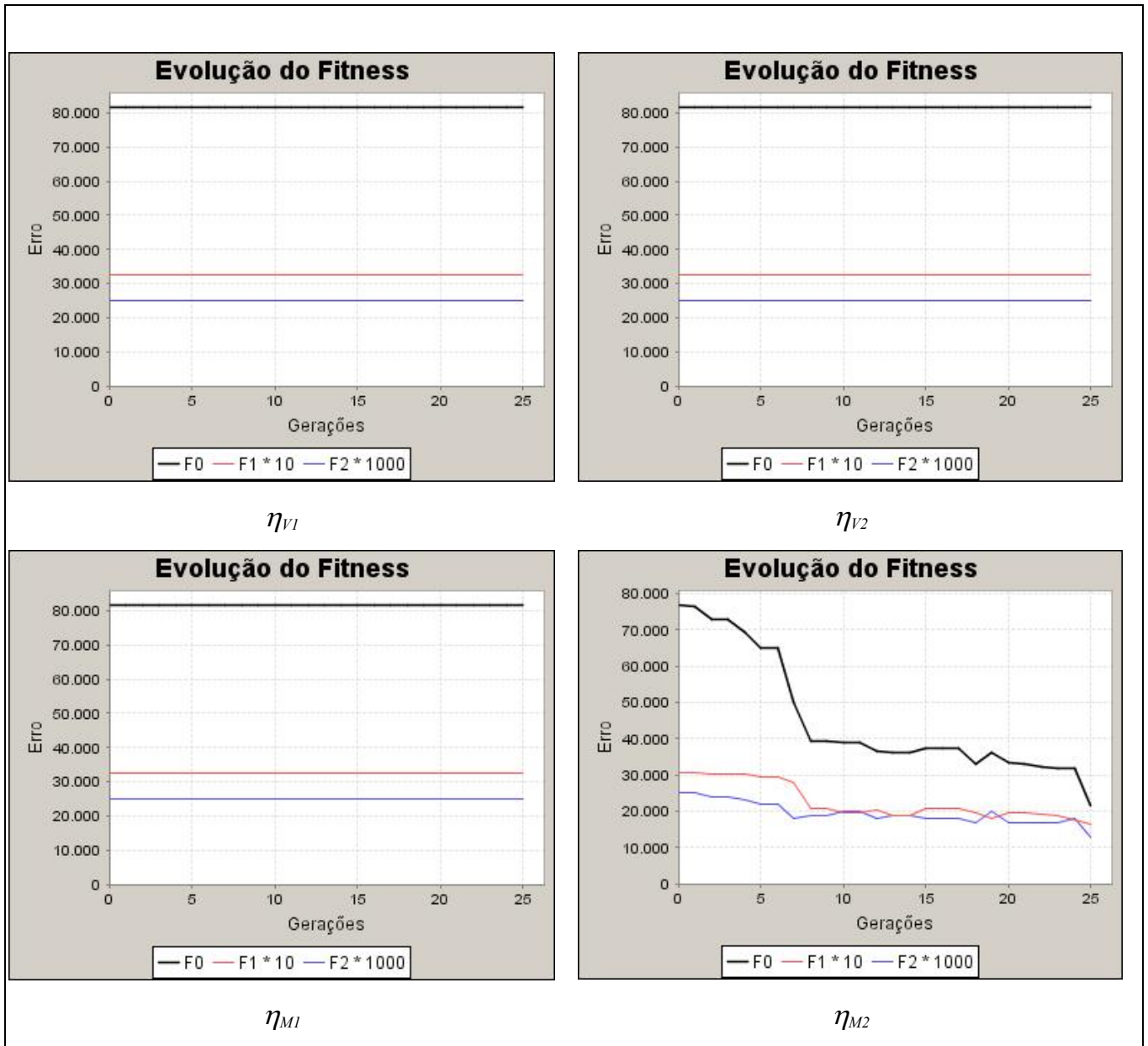


Figura A2.1 – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações (6PA-CL).

Tabela XXII – Valores das probabilidades (6PA - CL)

Vizinhança	η_{V1}	η_{V2}	η_{M1}	η_{M2}
P_{MI}	0,0759	0,3000	0,0908	0,0000
P_{MN}	0,0036	0,0031	0,0000	0,0100
P_C	0,9999	0,9333	0,9582	0,7586
$P_I(0)$	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
$P_I(1)$	0,2293	0,0000	0,0292	0,1487
$P_I(2)$	0,2881	0,0501	0,0671	0,1835
$P_I(3)$	0,3564	0,1083	0,3827	0,2271
$P_I(4)$	0,5897	0,1957	0,4614	0,2271
$P_I(5)$		0,2163	0,5187	0,2309
$P_I(6)$		0,2409	0,5615	0,2325
$P_I(7)$		0,4319	0,6210	0,2472
$P_I(8)$		0,6355	0,7244	0,2583
$P_I(9)$		0,6625		0,2615
$P_I(10)$		0,7212		0,3107
$P_I(11)$		0,9384		0,4112
$P_I(12)$		0,9638		0,4200
$P_I(13)$				0,4365
$P_I(14)$				0,4499
$P_I(15)$				0,4795
$P_I(16)$				0,5938
$P_I(17)$				0,6027
$P_I(18)$				0,6085
$P_I(19)$				0,6242
$P_I(20)$				0,6284
$P_I(21)$				0,6596
$P_I(22)$				0,6663
$P_I(23)$				0,7380
$P_I(24)$				0,7740
$P_I(25)$				0,8132
$P_I(26)$				0,8649
$P_I(27)$				0,8809
$P_I(28)$				0,9924
$P_I(29)$				0,9999
$P_I(30)$				0,9999
$P_I(31)$				0,9999
$P_I(32)$				0,9999

APÊNDICE 3 – Simulações 12PA - SL

Tabela XXIII – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações (12PA - SL)

Vizinhança	η_{V1}				η_{V2}				η_{M1}				η_{M2}			
Geração	f0	f1	f2	ef	f0	f1	f2	ef	f0	f1	f2	ef	f0	f1	f2	ef
0	44080	2320	19	29,32	1492000	93250	16	30,00	65450	2975	22	22,50	59363	2581	23	22,50
1	44080	2320	19	29,32	62286	2966	21	23,75	42330	2490	17	28,75	43054	2266	19	28,75
2	37152	2064	18	35,75	61160	3058	20	25,00	18465	1231	15	56,35	43054	2266	19	56,35
3	36702	2039	18	36,25	61160	3058	20	25,00	18465	1231	15	56,35	43054	2266	19	56,35
4	30991	1823	17	41,87	38175	2545	15	31,25	18465	1231	15	56,35	34362	1909	18	56,35
5	27569	1451	19	46,90	38175	2545	15	31,25	18465	1231	15	56,35	32912	2057	16	56,35
6	27569	1451	19	46,90	38175	2545	15	31,25	18465	1231	15	56,35	32912	2057	16	56,35
7	27569	1451	19	46,90	38175	2545	15	31,25	18465	1231	15	56,35	32912	2057	16	56,35
8	27569	1451	19	46,90	35836	2108	17	36,11	18465	1231	15	56,35	32912	2057	16	56,35
9	28139	1481	19	46,29	33236	2374	14	34,48	18465	1231	15	56,35	32912	2057	16	56,35
10	28139	1481	19	46,29	20640	1720	12	50,21	18465	1231	15	56,35	31773	1869	17	56,35
11	28080	1560	18	45,94	20640	1720	12	50,21	20048	1253	16	54,65	31773	1869	17	54,65
12	28080	1560	18	45,94	20640	1720	12	50,21	18377	1081	17	56,88	32200	1610	20	56,88
13	26146	1538	17	47,64	20640	1720	12	50,21	17488	1093	16	57,89	32200	1610	20	57,89
14	26146	1538	17	47,64	20448	1136	18	54,52	18377	1081	17	56,88	31184	1949	16	56,88
15	25884	1438	18	48,41	20448	1136	18	54,52	16944	1412	12	56,44	31184	1949	16	56,44
16	25551	1503	17	48,34	19686	1158	17	55,32	16944	1412	12	56,44	31184	1949	16	56,44
17	25650	1425	18	48,67	19448	1144	17	55,61	16860	1124	15	58,51	31140	1730	18	58,51
18	28120	1406	20	46,56	16704	1392	12	56,84	16860	1124	15	58,51	31184	1949	16	58,51
19	25398	1411	18	48,96	16704	1392	12	56,84	16860	1124	15	58,51	31184	1949	16	58,51
20	25398	1411	18	48,96	16394	1171	14	58,81	18760	1340	14	55,39	31184	1949	16	55,39
21	21364	1526	14	51,63	16394	1171	14	58,81	18756	1563	12	53,38	31184	1949	16	53,38
22	21364	1526	14	51,63	12432	1036	12	64,04	18158	1297	14	56,26	31184	1949	16	56,26
23	21364	1526	14	51,63	12432	1036	12	64,04	18158	1297	14	56,26	29296	1831	16	56,26
24	18420	1535	12	53,95	12432	1036	12	64,04	11976	998	12	64,81	29296	1831	16	64,81
25	18420	1535	12	53,95	12180	1218	10	62,86	11976	998	12	64,81	29296	1831	16	64,81

A tabela XXIII contém os valores de f_0 , f_1 , f_2 e ef da melhor solução-candidata de cada geração. A figura A3.1 apresenta esses valores em forma de gráfico (a primeira geração foi desconsiderada por ser de ordem de grandeza muito diferente maior da dos demais. O objetivo dessa exclusão foi facilitar a visualização dos resultados.). A tabela XXIV mostra os valores das probabilidades (encontradas pelo AG) da melhor solução-candidata na última geração.

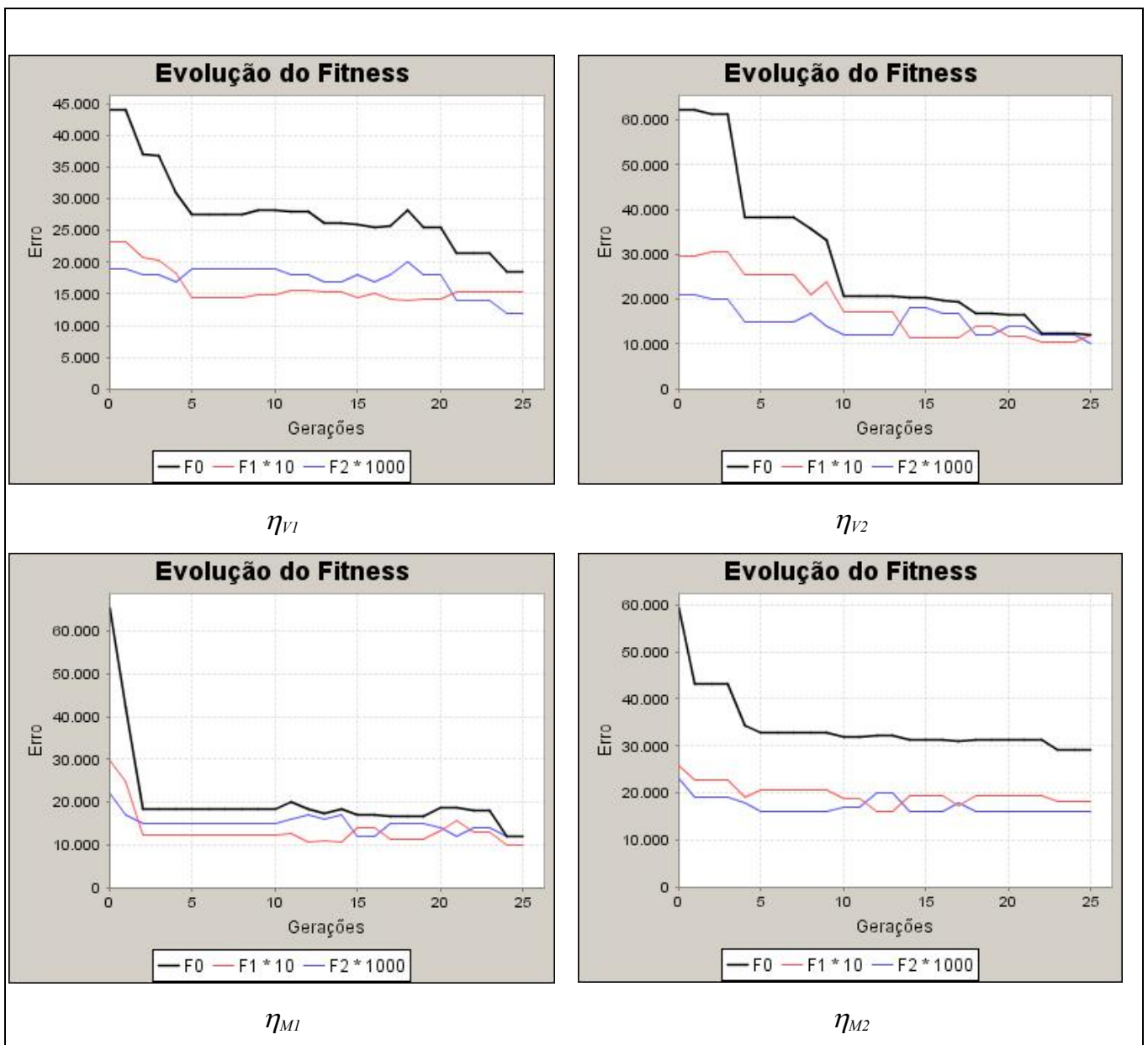


Figura A3.1 – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações (*12PA-SL*).

Tabela XXIV – Valores das probabilidades (12PA - SL)

Vizinhança	η_{V1}	η_{V2}	η_{M1}	η_{M2}
P_{MI}	0,0000	0,0000	0,3132	0,6340
P_{MN}	0,6567	0,2681	0,3327	0,7948
P_C	0,9505	0,0000	0,1187	0,0853
$P_I(0)$	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
$P_I(1)$	0,0101	0,0000	0,1082	0,0220
$P_I(2)$	0,1943	0,0945	0,1570	0,0714
$P_I(3)$	0,2930	0,0945	0,2085	0,0872
$P_I(4)$	0,3900	0,0945	0,4154	0,1540
$P_I(5)$		0,0952	0,6124	0,1811
$P_I(6)$		0,1235	0,6488	0,1995
$P_I(7)$		0,1632	0,6951	0,2046
$P_I(8)$		0,2150	0,7974	0,2091
$P_I(9)$		0,2581		0,2227
$P_I(10)$		0,6141		0,2446
$P_I(11)$		0,7806		0,2502
$P_I(12)$		0,9999		0,3025
$P_I(13)$				0,5082
$P_I(14)$				0,5089
$P_I(15)$				0,5230
$P_I(16)$				0,5602
$P_I(17)$				0,5692
$P_I(18)$				0,5873
$P_I(19)$				0,5881
$P_I(20)$				0,5945
$P_I(21)$				0,6894
$P_I(22)$				0,7804
$P_I(23)$				0,7847
$P_I(24)$				0,7871
$P_I(25)$				0,8002
$P_I(26)$				0,8215
$P_I(27)$				0,8368
$P_I(28)$				0,9065
$P_I(29)$				0,9106
$P_I(30)$				0,9633
$P_I(31)$				0,9671
$P_I(32)$				0,9896

APÊNDICE 4 – Simulações 12PA - CL

Tabela XXV – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações (12PA - CL)

Vizinhança	η_{V1}				η_{V2}				η_{M1}				η_{M2}			
Geração	f_0	f_1	f_2	ef	f_0	f_1	f_2	ef	f_0	f_1	f_2	ef	f_0	f_1	f_2	ef
0	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
1	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
2	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
3	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
4	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
5	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
6	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
7	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
8	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
9	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
10	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
11	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
12	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
13	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
14	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
15	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
16	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
17	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
18	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
19	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
20	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
21	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
22	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
23	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
24	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
25	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75

A tabela XXV contém os valores de f_0 , f_1 , f_2 e ef da melhor solução-candidata de cada geração. A figura A4.1 apresenta esses valores em forma de gráfico. A tabela XXVI mostra os valores das probabilidades (encontradas pelo AG) da melhor solução-candidata na última geração.

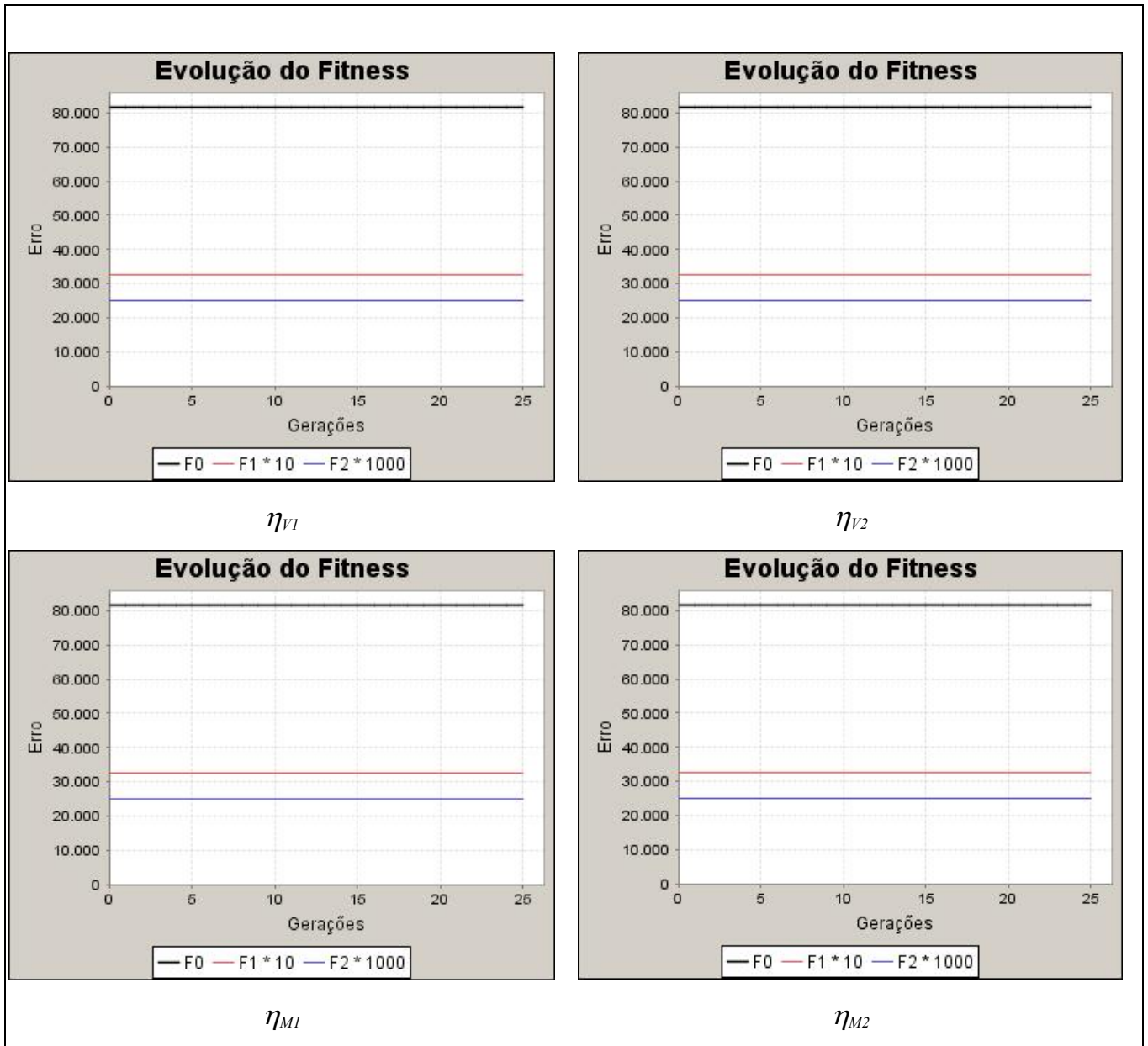


Figura A4.1 – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações (I2PA-CL).

Tabela XXVI – Valores das probabilidades (12PA - CL)

Vizinhança	η_{V1}	η_{V2}	η_{M1}	η_{M2}
P_{MI}	0,2947	0,0000	0,2293	0,0863
P_{MN}	0,0000	0,0000	0,0100	0,0100
P_C	0,9999	0,9999	0,6600	0,9284
$P_I(0)$	0,3348	0,0016	0,0000	0,0000
$P_I(1)$	0,4690	0,0539	0,0000	0,0000
$P_I(2)$	0,4715	0,0746	0,1439	0,0000
$P_I(3)$	0,5142	0,1166	0,2380	0,0000
$P_I(4)$	0,9728	0,2461	0,3757	0,0000
$P_I(5)$		0,3334	0,4875	0,0000
$P_I(6)$		0,3945	0,8252	0,1118
$P_I(7)$		0,4996	0,9846	0,1806
$P_I(8)$		0,5160	0,9999	0,1920
$P_I(9)$		0,5645		0,1981
$P_I(10)$		0,6261		0,2339
$P_I(11)$		0,7052		0,2671
$P_I(12)$		0,9999		0,2968
$P_I(13)$				0,3046
$P_I(14)$				0,3268
$P_I(15)$				0,3478
$P_I(16)$				0,3494
$P_I(17)$				0,4266
$P_I(18)$				0,4567
$P_I(19)$				0,5367
$P_I(20)$				0,6500
$P_I(21)$				0,6588
$P_I(22)$				0,7402
$P_I(23)$				0,7522
$P_I(24)$				0,8535
$P_I(25)$				0,8826
$P_I(26)$				0,8874
$P_I(27)$				0,8944
$P_I(28)$				0,9398
$P_I(29)$				0,9999
$P_I(30)$				0,9999
$P_I(31)$				0,9999
$P_I(32)$				0,9999

APÊNDICE 5 – Simulações 6PA - RE

Tabela XXVII – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações (6PA - RE)

Vizinhança	η_{V1}				η_{V2}				η_{M1}				η_{M2}			
Geração	f0	f1	f2	ef	f0	f1	f2	ef	f0	f1	f2	ef	f0	f1	f2	Ef
0	81700	3268	25	18,75	80236	3086	26	17,50	81700	3268	25	18,75	77500	3100	25	18,75
1	81700	3268	25	18,75	73800	3075	24	20,00	81700	3268	25	18,75	77500	3100	25	18,75
2	81700	3268	25	18,75	73800	3075	24	20,00	81700	3268	25	18,75	77050	3082	25	18,75
3	81700	3268	25	18,75	73800	3075	24	20,00	81700	3268	25	18,75	77050	3082	25	18,75
4	81700	3268	25	18,75	73800	3075	24	20,00	81700	3268	25	18,75	72096	3004	24	20,00
5	81700	3268	25	18,75	69874	3038	23	21,25	81700	3268	25	18,75	71928	2997	24	20,00
6	81700	3268	25	18,75	69874	3038	23	21,25	81700	3268	25	18,75	71928	2997	24	20,00
7	81700	3268	25	18,75	69874	3038	23	21,25	81700	3268	25	18,75	71928	2997	24	20,00
8	81700	3268	25	18,75	60566	2753	22	22,50	81700	3268	25	18,75	71592	2983	24	20,00
9	81700	3268	25	18,75	57687	2747	21	23,75	81700	3268	25	18,75	71424	2976	24	20,00
10	81700	3268	25	18,75	55680	2784	20	25,00	81700	3268	25	18,75	71424	2976	24	20,00
11	81700	3268	25	18,75	55524	2644	21	23,75	81700	3268	25	18,75	55692	2652	21	23,75
12	81700	3268	25	18,75	55524	2644	21	23,75	81700	3268	25	18,75	55692	2652	21	23,75
13	81700	3268	25	18,75	50000	2500	20	25,00	81700	3268	25	18,75	55692	2652	21	23,75
14	81700	3268	25	18,75	47412	2634	18	27,50	81700	3268	25	18,75	55692	2652	21	23,75
15	81700	3268	25	18,75	48849	2571	19	26,25	81700	3268	25	18,75	53780	2689	20	25,00
16	81700	3268	25	18,75	48560	2428	20	25,88	81700	3268	25	18,75	53840	2692	20	25,00
17	81700	3268	25	18,75	47253	2487	19	26,25	81700	3268	25	18,75	55755	2655	21	23,75
18	81700	3268	25	18,75	47044	2476	19	26,25	81700	3268	25	18,75	52680	2634	20	25,00
19	81700	3268	25	18,75	39729	2091	19	33,95	81700	3268	25	18,75	52680	2634	20	25,00
20	81700	3268	25	18,75	39729	2091	19	33,95	81700	3268	25	18,75	52680	2634	20	25,00
21	81700	3268	25	18,75	37893	2229	17	33,66	81700	3268	25	18,75	50008	2632	19	26,25
22	81700	3268	25	18,75	37893	2229	17	33,66	81700	3268	25	18,75	50008	2632	19	26,25
23	81700	3268	25	18,75	37893	2229	17	33,66	81700	3268	25	18,75	47196	2622	18	27,50
24	81700	3268	25	18,75	34480	2155	16	36,41	81700	3268	25	18,75	39712	2482	16	30,00
25	81700	3268	25	18,75	34480	2155	16	36,41	81700	3268	25	18,75	39712	2482	16	30,00

A tabela XXVII contém os valores de f_0 , f_1 , f_2 e ef da melhor solução-candidata de cada geração. A figura A5.1 apresenta esses valores em forma de gráfico. A tabela XXVIII mostra os valores das probabilidades (encontradas pelo AG) da melhor solução-candidata na última geração.

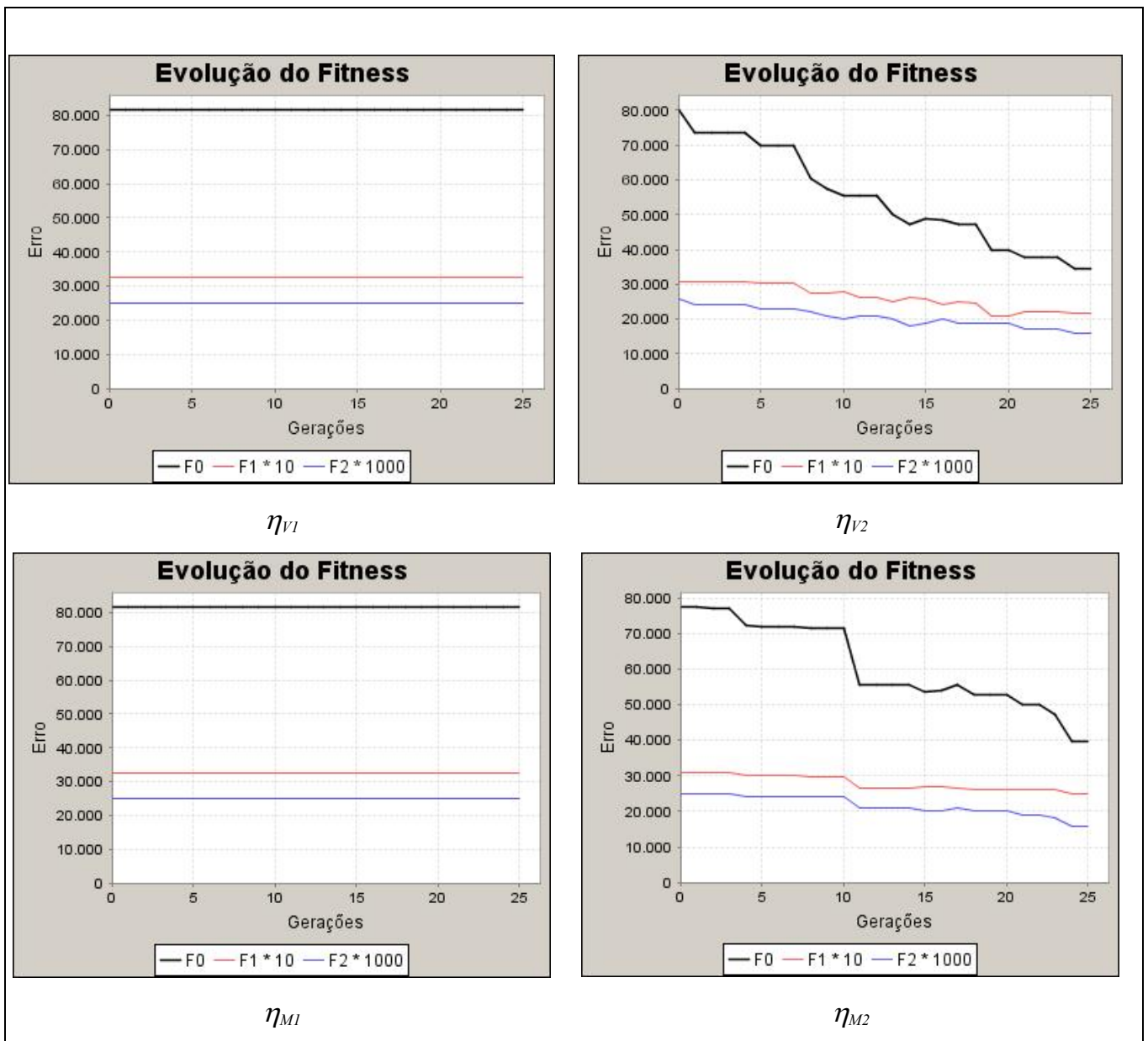


Figura A5.1 – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações (6PA-RE).

Tabela XXVIII – Valores das probabilidades (6PA - RE)

Vizinhança	η_{V1}	η_{V2}	η_{M1}	η_{M2}
P_{MI}	0,00724	0,0025	0,0035	0,0061
P_{MN}	0,00001	0,0100	0,0019	0,0061
P_C	0,95721	0,7000	0,9999	0,7000
$P_I(0)$	0,00000	0,0000	0,0000	0,0000
$P_I(1)$	0,27046	0,4523	0,0000	0,1441
$P_I(2)$	0,72871	0,5037	0,0835	0,1441
$P_I(3)$	0,73854	0,5267	0,3791	0,1527
$P_I(4)$	0,94273	0,5748	0,3954	0,1878
$P_I(5)$		0,5748	0,3994	0,1923
$P_I(6)$		0,5748	0,4663	0,2290
$P_I(7)$		0,6965	0,5341	0,2363
$P_I(8)$		0,7222	0,9966	0,2890
$P_I(9)$		0,7661		0,3259
$P_I(10)$		0,7792		0,3597
$P_I(11)$		0,9824		0,3699
$P_I(12)$		0,9892		0,3699
$P_I(13)$				0,3912
$P_I(14)$				0,4668
$P_I(15)$				0,4989
$P_I(16)$				0,5139
$P_I(17)$				0,5670
$P_I(18)$				0,5890
$P_I(19)$				0,6745
$P_I(20)$				0,6745
$P_I(21)$				0,7292
$P_I(22)$				0,7822
$P_I(23)$				0,8041
$P_I(24)$				0,8244
$P_I(25)$				0,8288
$P_I(26)$				0,8313
$P_I(27)$				0,8615
$P_I(28)$				0,8630
$P_I(29)$				0,8630
$P_I(30)$				0,9589
$P_I(31)$				0,9999
$P_I(32)$				0,9999

APÊNDICE 6 – Simulações 12PA - RE

Tabela XXIX – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações (12PA - RE)

Vizinhança	η_{V1}				η_{V2}				η_{M1}				η_{M2}			
Geração	f_0	f_1	f_2	ef	f_0	f_1	f_2	ef	f_0	f_1	f_2	ef	f_0	f_1	f_2	Ef
0	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
1	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
2	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
3	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
4	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
5	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
6	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
7	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
8	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
9	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
10	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
11	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
12	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
13	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
14	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
15	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
16	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
17	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
18	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
19	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
20	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
21	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
22	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
23	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
24	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75
25	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75	81700	3268	25	18,75

A tabela XXIX contém os valores de f_0 , f_1 , f_2 e ef da melhor solução-candidata de cada geração. A figura A6.1 apresenta esses valores em forma de gráfico. A tabela XXX mostra os valores das probabilidades (encontradas pelo AG) da melhor solução-candidata na última geração.

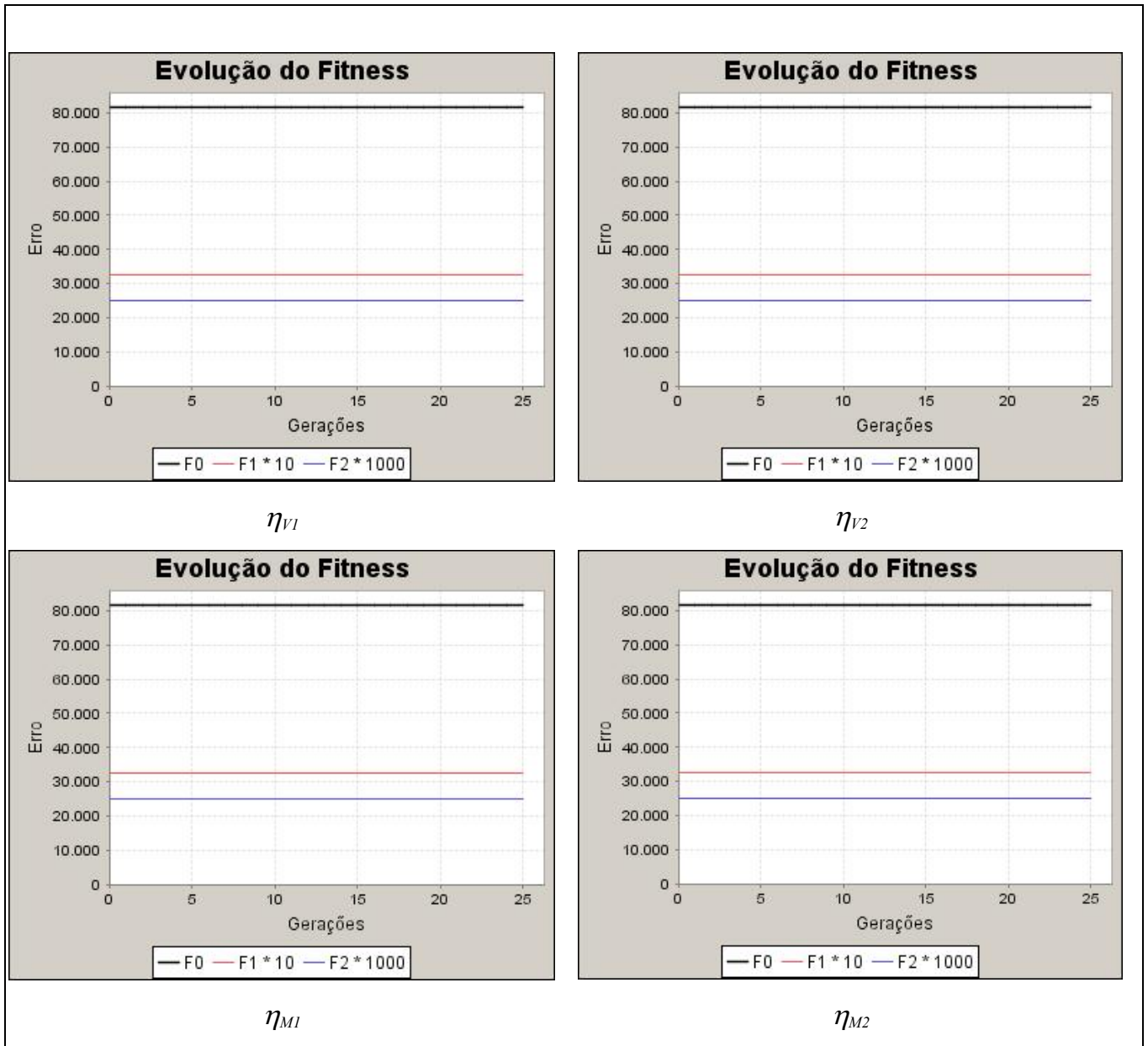


Figura A6.1 – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações (12PA-RE).

Tabela XXX – Valores das probabilidades (12PA - RE)

Vizinhança	η_{V1}	η_{V2}	η_{M1}	η_{M2}
P_{MI}	0,0051	0,0043	0,0076	0,0073
P_{MN}	0,0059	0,0100	0,0018	0,0065
P_C	0,9874	0,9999	0,9285	0,9999
$P_I(0)$	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
$P_I(1)$	0,2934	0,0000	0,0000	0,0000
$P_I(2)$	0,4065	0,0000	0,0977	0,0357
$P_I(3)$	0,4969	0,0000	0,2444	0,0451
$P_I(4)$	0,9999	0,1336	0,2765	0,1310
$P_I(5)$		0,1845	0,4464	0,2064
$P_I(6)$		0,1853	0,5296	0,2540
$P_I(7)$		0,4284	0,6736	0,2626
$P_I(8)$		0,4889	0,7239	0,2834
$P_I(9)$		0,5052		0,2887
$P_I(10)$		0,8087		0,3016
$P_I(11)$		0,8233		0,3634
$P_I(12)$		0,9999		0,4265
$P_I(13)$				0,4309
$P_I(14)$				0,4818
$P_I(15)$				0,4880
$P_I(16)$				0,5316
$P_I(17)$				0,5923
$P_I(18)$				0,6432
$P_I(19)$				0,7224
$P_I(20)$				0,7262
$P_I(21)$				0,7530
$P_I(22)$				0,7543
$P_I(23)$				0,7846
$P_I(24)$				0,8308
$P_I(25)$				0,9307
$P_I(26)$				0,9999
$P_I(27)$				0,9999
$P_I(28)$				0,9999
$P_I(29)$				0,9999
$P_I(30)$				0,9999
$P_I(31)$				0,9999
$P_I(32)$				0,9999

APÊNDICE 7 – Simulações 6PA ESCI/5

Tabela XXXI – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações (6PA ESCI/5)

Vizinhança	$\eta_{M1} - SL - ESCI/5$				$\eta_{M2} - RE - ESCI/5$			
Geração	f_0	f_1	f_2	ef	f_0	f_1	f_2	Ef
0	32610	3261	10	71,02	128862	7159	18	41,32
1	38896	3536	11	68,38	128862	7159	18	41,32
2	34920	3492	10	69,85	133874	7046	19	40,64
3	32725	2975	11	71,21	130590	7255	18	40,84
4	39360	3280	12	68,42	129998	6842	19	41,68
5	28624	3578	8	71,92	129998	6842	19	41,68
6	35690	3569	10	69,46	129998	6842	19	41,68
7	35255	3205	11	70,05	128656	7568	17	40,51
8	36421	3311	11	69,52	129998	6842	19	41,68
9	33350	3335	10	70,64	129998	6842	19	41,68
10	34857	3873	9	69,18	129998	6842	19	41,68
11	34430	3443	10	70,10	129636	7202	18	41,11
12	41305	3755	11	67,27	129998	6842	19	41,68
13	43260	3605	12	66,78	129672	7204	18	41,10
14	43342	3334	13	66,90	129998	6842	19	41,68
15	42192	3516	12	67,23	126871	7463	17	41,04
16	43082	3314	13	67,00	126774	7043	18	41,91
17	43610	3115	14	66,76	126774	7043	18	41,91
18	43652	3118	14	66,74	119520	7470	16	42,25
19	43652	3118	14	66,74	119520	7470	16	42,25
20	40066	3082	13	68,17	129675	6825	19	41,76
21	39171	3561	11	68,25	131290	6910	19	41,33
22	39171	3561	11	68,25	132056	7768	17	39,50
23	34375	3125	11	70,46	129942	7219	18	41,02
24	34375	3125	11	70,46	115344	7209	16	43,57
25	34375	3125	11	70,46	111248	6953	16	44,86

A tabela XXXI contém os valores de f_0 , f_1 , f_2 e ef da melhor solução-candidata de cada geração. A figura A7.1 apresenta esses valores em forma de gráfico. A tabela XXXII mostra os valores das probabilidades (encontradas pelo AG) da melhor solução-candidata na última geração.

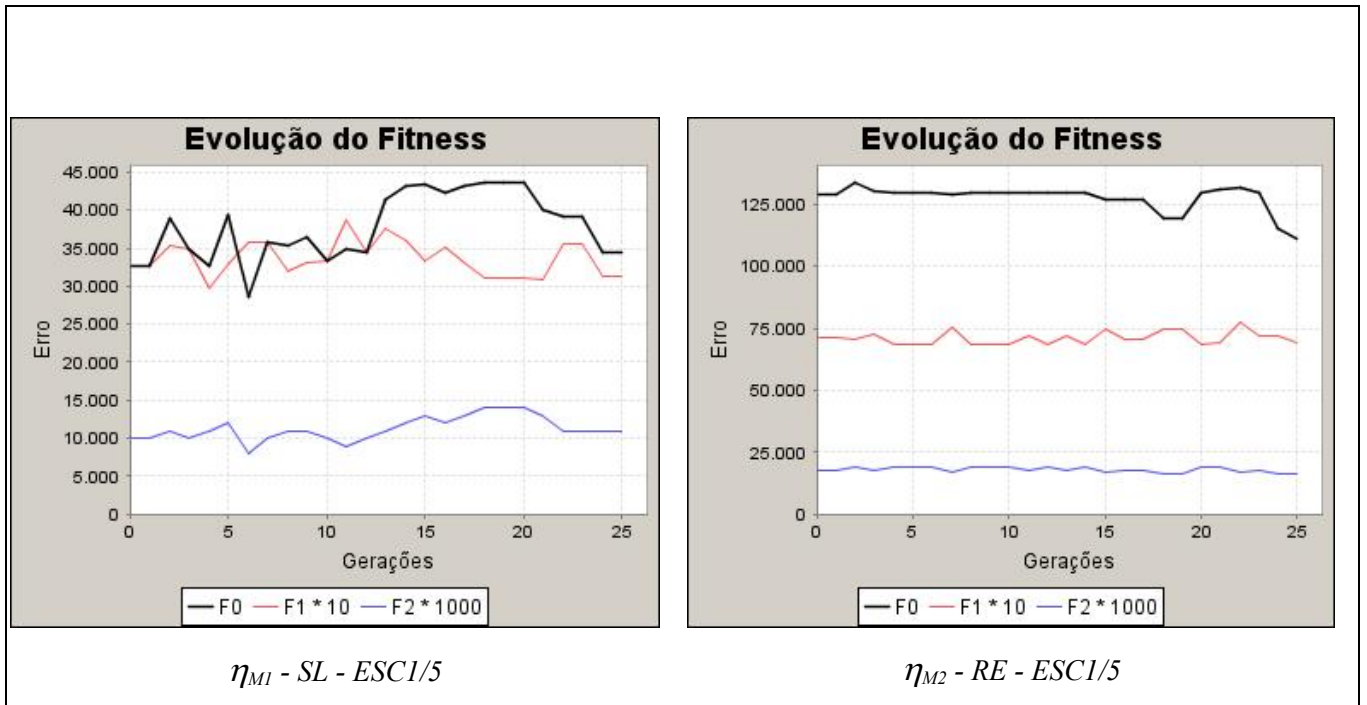


Figura A7.1 – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações (6PA - ESC1/5).

Tabela XXXII – Valores das probabilidades ($6PA\ ESCI/5$)

Vizinhança	$\eta_{M1} - SL$ $ESCI/5$	$\eta_{M2} - RE$ $ESCI/5$
P_{MI}	0,4315	0,00001
P_{MN}	1,0000	0,01000
P_C	0,7020	0,75863
$P_I(0)$	0,0000	0,0000
$P_I(1)$	0,1736	0,1487
$P_I(2)$	0,2266	0,1835
$P_I(3)$	0,3157	0,2271
$P_I(4)$	0,3905	0,2271
$P_I(5)$	0,3905	0,2309
$P_I(6)$	0,6799	0,2325
$P_I(7)$	0,7158	0,2472
$P_I(8)$	0,9533	0,2583
$P_I(9)$		0,2615
$P_I(10)$		0,4200
$P_I(11)$		0,4264
$P_I(12)$		0,4365
$P_I(13)$		0,5103
$P_I(14)$		0,5179
$P_I(15)$		0,5292
$P_I(16)$		0,5600
$P_I(17)$		0,5874
$P_I(18)$		0,5938
$P_I(19)$		0,6596
$P_I(20)$		0,7136
$P_I(21)$		0,7380
$P_I(22)$		0,7487
$P_I(23)$		0,7541
$P_I(24)$		0,7916
$P_I(25)$		0,8004
$P_I(26)$		0,8909
$P_I(27)$		0,9873
$P_I(28)$		0,9924
$P_I(29)$		0,9999
$P_I(30)$		0,9999
$P_I(31)$		0,9999
$P_I(32)$		0,9999

APÊNDICE 8 – Simulações 12PA ESC1/5

Tabela XXXIII – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações (12PA ESC1/5)

Vizinhança	$\eta_{M1} - SL - ESC1/5$				$\eta_{V2} - RE - ESC1/5$			
Geração	f_0	f_1	f_2	ef	f_0	f_1	f_2	ef
0	12364	1124	11	80,57	77712	4857	16	55,45
1	37895	3445	11	68,84	72480	4832	15	56,83
2	30770	3077	10	71,95	71115	4741	15	57,29
3	36685	3335	11	69,39	71115	4741	15	57,29
4	43452	3621	12	66,70	78240	4890	16	55,29
5	45175	3475	13	66,19	78240	4890	16	55,29
6	50850	3390	15	64,12	85338	4741	18	53,54
7	51660	3690	14	63,85	77469	4557	17	55,72
8	48312	4026	12	64,65	70800	4425	16	57,64
9	48000	3200	15	65,08	70800	4425	16	57,64
10	45864	3528	13	65,92	77469	4557	17	55,72
11	45864	3528	13	65,92	77469	4557	17	55,72
12	44603	3431	13	66,41	81940	4820	17	54,39
13	47236	3374	14	65,45	77486	4558	17	55,72
14	45276	3773	12	65,93	77486	4558	17	55,72
15	47194	3371	14	65,46	77486	4558	17	55,72
16	43992	3384	13	66,65	74490	4966	15	56,15
17	43992	3384	13	66,65	74490	4966	15	56,15
18	46553	3581	13	65,65	81940	4820	17	54,39
19	45248	3232	14	66,17	77490	5535	14	54,53
20	46267	3559	13	65,76	78642	4626	17	55,37
21	45448	3496	13	66,08	76560	4785	16	55,82
22	46596	3883	12	65,38	75495	5033	15	55,82
23	46596	3883	12	65,38	53647	4877	11	61,60
24	38676	3223	12	68,71	53647	4877	11	61,60
25	38676	3223	12	68,71	53647	4877	11	61,60

A tabela XXXIII contém os valores de f_0 , f_1 , f_2 e ef da melhor solução-candidata de cada geração. A figura A8.1 apresenta esses valores em forma de gráfico. A tabela XXXIV mostra os valores das probabilidades (encontradas pelo AG) da melhor solução-candidata na última geração.

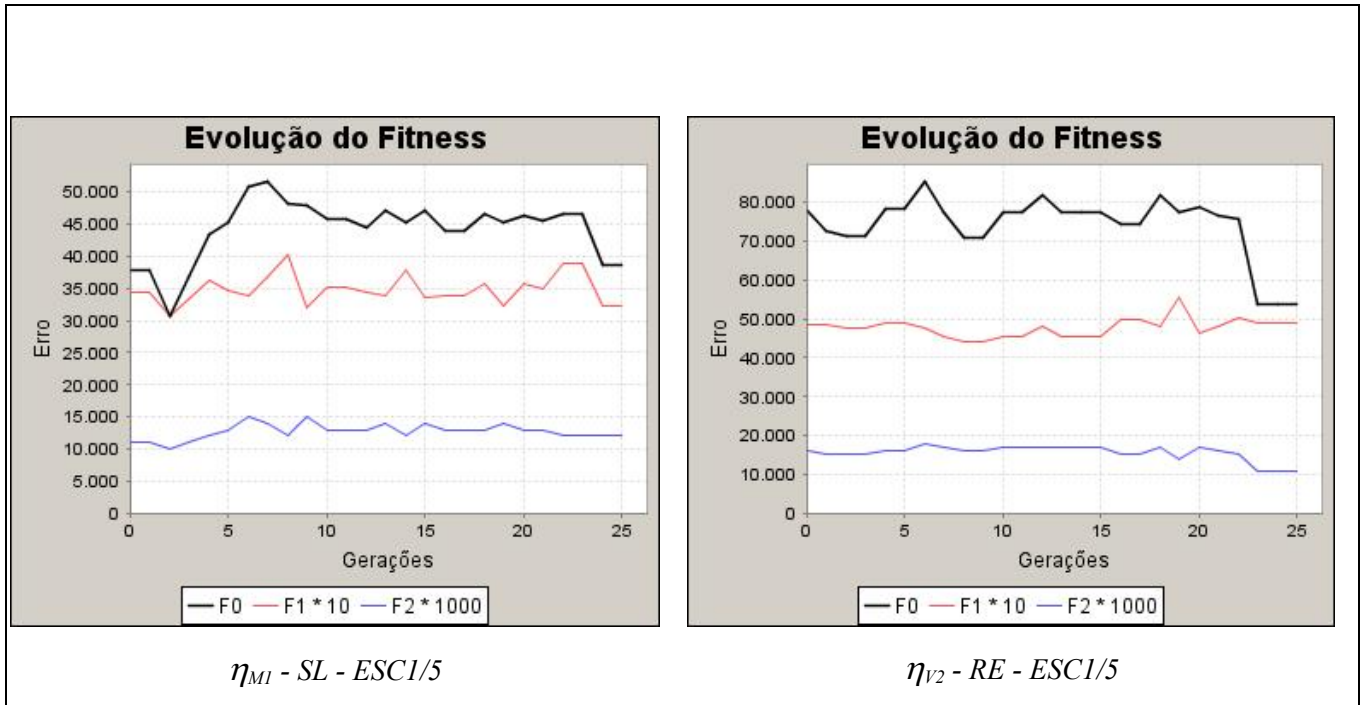


Figura A8.1 – Avaliação das soluções-candidatas nas 25 gerações (12PA ESCI/5).

Tabela XXXIV – Valores das probabilidades (12PA ESCI/5)

Vizinhança	$\eta_{M1} - SL$ ESCI/5	$\eta_{V2} - RE$ ESCI/5
P_{MI}	0,3132	0,00001
P_{MN}	0,3327	0,00001
P_C	0,1187	0,99999
$P_i(0)$	0,0000	0,0000
$P_i(1)$	0,1082	0,0104
$P_i(2)$	0,1570	0,0118
$P_i(3)$	0,2085	0,1788
$P_i(4)$	0,4154	0,2824
$P_i(5)$	0,6124	0,3436
$P_i(6)$	0,6124	0,4290
$P_i(7)$	0,6409	0,4290
$P_i(8)$	0,7653	0,5352
$P_i(9)$		0,6290
$P_i(10)$		0,6290
$P_i(11)$		0,8306
$P_i(12)$		0,8866

Livros Grátis

(<http://www.livrosgratis.com.br>)

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)
[Baixar livros de Matemática](#)
[Baixar livros de Medicina](#)
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)
[Baixar livros de Meteorologia](#)
[Baixar Monografias e TCC](#)
[Baixar livros Multidisciplinar](#)
[Baixar livros de Música](#)
[Baixar livros de Psicologia](#)
[Baixar livros de Química](#)
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)
[Baixar livros de Serviço Social](#)
[Baixar livros de Sociologia](#)
[Baixar livros de Teologia](#)
[Baixar livros de Trabalho](#)
[Baixar livros de Turismo](#)