

ÁREAS PROTEGIDAS



REPENSANDO ESCALAS DE ATUAÇÃO

Alex Bager
editor

ÁREAS PROTEGIDAS

REPENSANDO AS ESCALAS DE ATUAÇÃO

Editor
Alex Bager

SUMÁRIO



Reflexões sobre o momento atual para as áreas protegidas

M. J. Dourojeanni

Página 1



Unidades de conservação: elas estão protegendo?

L. L. Simões e L. R. N. de Oliveira

Página 26



Fauna selvagem e atropelamento.- diagnóstico do conhecimento científico brasileiro

A. Bager; S. R. N. Piedras; T. San Martins e Q. Hóbus

Página 39



Desenvolvimento de ferramentas computacionais baseadas na evolução natural para aplicação em ecologia

M. S. de Aguiar e A. Bager

Página 52



Estudo de viabilidade para implantação de unidades de conservação no subsistema Baixo Camaquã, RS, Brasil

M. A. F. Hansen; V. L. Bastos; I. M. da Silva e P. C. Antúñez

Página 73



O ICMS ecológico como instrumento de gestão das Unidades de Conservação

W. Loureiro

Página 92



Una visión indígena de la conservación y el desarrollo: la red de parques indígenas Mapu Lahual en Chile

R. R. Carreño

Página 108



Avances de Zonificación para un Area Protegida en la Laguna Merin

Probides

Página 121



Aplicação de técnicas de geoprocessamento na classificação de áreas úmidas em prioridades de conservação

S. Klippel; M. B. Peres e S. K. Lui

Página 145



Valoração econômica de impactos ambientais de dutos de efluentes em UCs – estudo de caso do Parna Jurubatiba

M. I. P. Ferreira; G. S. Terra; G. P. Moraes; D. S. Mello e N. M. Santos

Página 161



Emille Durkheim e as áreas protegidas: proposta de “nomia” para a “anomia sócio-ambiental” do industrialismo

P. S. Sena

Página 176



CAPÍTULO 4

DESENVOLVIMENTO DE FERRAMENTAS COMPUTACIONAIS BASEADAS NA EVOLUÇÃO NATURAL PARA APLICAÇÃO EM ECOLOGIA

MARILTON S. DE AGUIAR E ALEX BAGER





RESUMO

O termo computação evolucionária abrange uma grande quantidade de metodologias inspiradas pela evolução natural que são utilizadas para resolver problemas difíceis. Este artigo pretende apresentar algumas aplicações de autômatos celulares e algoritmos genéticos em Ecologia.

ABSTRACT

The term evolutionary computation comprehends a horde of methodologies inspired by natural evolution that are applied to solve hard problems. This paper pretends to show some applications of Cellular Automata and Genetic Algorithms in Ecology.

INTRODUÇÃO

Entre os anos 50 e 60, vários cientistas da computação estudaram sistemas evolucionários com a idéia de que a evolução poderia ser usada como uma ferramenta de otimização para problemas na engenharia. Os sistemas desenvolvidos pretendiam gerar uma população de candidatos à solução para um dado problema. BOX (1957) e BARICELLI (1967) desenvolveram algoritmos inspirados na *evolução natural* para problemas de otimização e aprendizagem de máquina. Entretanto, seus trabalhos não possuíam qualquer tipo de atenção às estratégias de evolução, programação evolucionária e algoritmos genéticos atuais. Os algoritmos genéticos foram inventados por John Holland nos anos 60 e desenvolvidos por seus alunos na Universidade de Michigan em meados de 1970. O principal objetivo de Holland não foi desenvolver algoritmos para solucionar problemas específicos, mas dedicar-se ao estudo formal do fenômeno de evolução, como ocorre na natureza, e desenvolver maneiras de importá-lo aos sistemas de computação.

O conceito original de autômato celular está fortemente associado ao cientista e matemático John Von Neumann. De acordo com a história re-escrita por Burks (NEUMANN 1966), Von Neumann estava interessado nas conexões entre biologia e a então nova



ciência dos dispositivos computacionais chamada de *Teoria dos Autômatos*. Nos seus estudos, predominava a idéia do fenômeno biológico da auto-reprodução (do inglês, *self-reproducing*). Ainda, a questão que ele apresentava era: "Que tipo de organização lógica é suficiente para um autômato ser capaz de reproduzir a si próprio?". Von Neumann acreditava que uma teoria geral de computação em *redes complexas de autômatos*, como autômatos celulares, seria essencial para o entendimento de sistemas complexos da natureza e, também, para o desenvolvimento de sistemas artificiais complexos. Nas próximas seções serão apresentados os principais conceitos de algoritmos genéticos e autômatos celulares, algumas aplicações destas heurísticas em problemas na Ecologia.

ALGORITMOS GENÉTICOS

Segundo GOLDBERG (1994b), existem muitas maneiras de encarar os algoritmos genéticos. Talvez a maioria dos usuários recorram aos algoritmos genéticos procurando por um solucionador de problemas (JONG 1993), mas esta é uma visão restritiva e muito superficial. Um algoritmo genético pode ser visto como um grupo de diferentes funções: 1) como solucionador de problemas (GOLDBERG 1994a; RAMOS 1994); 2) como embasamento competente para aprendizagem de máquina (GOLDBERG 1989); 3) como modelo computacional da inovação e criatividade; 4) como modelo computacional para sistemas de inovação (SARGENT 1993); 5) como jogos técnicos de descobrimento (GOLDBERG 1993), e 6) como guia filosófico (CSIKSZENTMIHALYI 1990).

Um algoritmo genético trabalha com uma população (um conjunto) de algumas cadeias de bits (0's e 1's) denominados indivíduos (aqui, um indivíduo é constituído por um cromossomo). Semelhante à natureza, o sistema evoluía até o melhor cromossomo para atender um problema específico, mesmo sem saber que tipo de problema estava sendo solucionado. A habilidade de uma população de cromossomos explorar o espaço de busca e combinar o melhor resultado encontrado mediante qualquer mecanismo de reprodução é intrínseca à evolução natural e é explorada pelos algoritmos genéticos (GOLDBERG 1989; HOLLAND 1975).

O princípio adotado pelos algoritmos genéticos é o processo de evolução por seleção natural, ou seja, os indivíduos mais adaptados



ao meio ambiente tem mais chances de sobreviver. As características da evolução natural podem ser enumeradas como segue (LAGUNA E MOSCATO 1996): 1) a evolução é um processo que modifica as estruturas que compõem um indivíduo, podendo incidir indiretamente no comportamento dele; 2) os processos de seleção natural proporcionam que determinadas estruturas, se selecionadas, sejam reproduzidas mais freqüentemente do que as não selecionadas; 3) as mutações possibilitam que os cromossomos gerados tenham informações diferentes dos cromossomos antecessores que os geraram, permitindo aos processos de recombinação introduzirem cromossomos diferentes na população; 4) evolução biológica não possui memória e sabe como produzir estruturas que se adaptam melhor ao seu meio ambiente.

As mutações provêem certa variação e *ocasionalmente* introduzem alterações benéficas aos cromossomos. A inversão é um mecanismo de alteração pela inversão do código do cromossomo. O cruzamento é o responsável pelo intercâmbio de material genético proveniente dos cromossomos geradores. Evidentemente, é o *crossover* que influi na eficiência dos algoritmos genéticos e o destaca nitidamente de outras meta-heurísticas. Usando o cruzamento, as chances das características ideais se perpetuarem durante o processamento aumentam, devido os pais com graus de adaptações maiores se reproduzirem com maior freqüência (AGUIAR E TOSCANI 1997).

Um algoritmo genético básico funciona da seguinte forma: (1) uma população de cromossomos se mantém ao longo de todo o processo; (2) a cada um dos cromossomos associa-se um valor de adaptação que está diretamente relacionado com o valor da função objetivo a otimizar; (3) cada cromossomo codifica um ponto no espaço de busca do problema; (4) dois cromossomos são selecionados de acordo com seus valores de adaptação para serem os geradores de duas novas configurações mediante um processo de reprodução; (5) estas novas configurações ocupam, reservam, seu espaço na nova geração (AGUIAR 1996). Este processo é repetido tantas vezes quantas forem necessárias. Um algoritmo genético, em forma de pseudo-código, é mostrado no Quadro 1.

Independente da sofisticação, o formato de um algoritmo genético pode ser descrito através dos seguintes componentes: 1) uma representação, em termos de cromossomos, das configurações assumidas no problema; 2) parâmetros de entrada do algoritmo



genético, como: tamanho da população, número de gerações, taxas relativas aos operadores genéticos; 3) um mecanismo de criar e/ou inicializar as configurações assumindo a idéia de população inicial; 4) uma função de avaliação que permita ordenar, classificar, valorar, os cromossomos de acordo com o objetivo do algoritmo, e 5) operadores genéticos que gerem, produzam e/ou alterem a composição dos cromossomos durante a reprodução (DAVIS 1991).

Quadro 1 – Pseudo-código do algoritmo genético

procedimento AG

```

início
  t: = 0
  inicializa população(t);
  avalia indivíduos da população(t);
  enquanto condição de término não satisfeita faça
    t: = t + 1;
    seleciona população(t) da população(t-1);
    recombina indivíduos na população(t);
    avalia indivíduos na população(t);
  fim-enquanto

fim.
    
```

Na seleção dos pais, como numa roleta, os cromossomos possuem partes proporcionais de acordo com as suas avaliações. Naturalmente um mau cromossomo, com menor grau de adaptação, pode ser selecionado, mas isto apenas contribui para uma maior diversidade genética no modelo. Importante observar que o número de pais a serem selecionados é, geralmente, o mesmo número de indivíduos a serem substituídos. Um exemplo pode ser observado na Tabela 1.

Tabela 1 – Técnica da Roleta

Cromossomos	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Avaliações	10	8	6	7	9	5	3	2	4	1
Avaliação Acumulada	10	18	24	31	40	45	48	50	54	55
N ^{os} Sorteados	23, 49, 16, 13, 1, 27, 47, 1, 33 e 36.									
Selecionados	3, 8, 2, 2, 1, 4, 7, 1, 5 e 5.									



O módulo de *reprodução* é utilizado nos pais selecionados para efetivar a reprodução, garantindo a próxima geração. O módulo é composto por quatro seções, a saber: i) técnica de reprodução: a técnica mais utilizada é a da reprodução por gerações, em que a nova geração substitui inteiramente o lugar da primeira e outros processos, ditos de otimização, também são utilizados, como: elitismo e a reprodução em estado constante; ii) técnica de seleção de operadores: as situações mais freqüentes são: usar o primeiro, ou usar a técnica da roleta; iii) lista de operadores: geralmente são utilizados os operadores de cruzamento em um ponto e mutação, devido às facilidades de implementação e da alta confiabilidade; e, iv) técnica de deleção: implícita na rotina de cruzamento e mutação, quando o vetor de população recebe os filhos resultantes da reprodução dos pais escolhidos, a população anterior é automaticamente destruída.

A mutação incide sobre cada bit da cadeia, podendo trocar o seu valor. A função de mutação está associada a taxa de mutação, que é um dos parâmetros do programa. O desempenho do algoritmo está diretamente associado à taxa de mutação. A função dispara um número aleatório entre 0 e 1. Se o número for menor ou igual à taxa de mutação estipulada, o bit muda de valor. Um exemplo pode ser observado na Tabela 2, neste caso a taxa é de 0.008, ou seja, o bit tem 8 em 1000 chances de trocar de valor e os cromossomos têm 4 bits. Os números aleatórios destacados (entre parênteses) são menores que a taxa de mutação, portanto, os bits correspondentes foram modificados.

Tabela 2 – Exemplo do Operador Mutação

Antes	Bits Sorteados			Depois	
1001	0401	0100	2066	0323	1001
1110	0890	(0007)	(0005)	2840	1000

O *cruzamento em um ponto* corresponde a uma divisão do material genético dos pais em um ponto aleatório para misturá-los e gerar o novo cromossomo que pertencerá ao filho. A seleção natural responde pelo ajuste dos cromossomos e a seleção dos pais, enquanto que a mutação e o cruzamento respondem pela diversidade genética dos filhos. Um exemplo pode ser observado na Tabela 3, utilizando cromossomos de 6 bits e a partir de um número aleatório (no exemplo, 5, escolhido entre 1 e comprimento da cadeia)



divide-se o cromossomo. Uma observação importante a respeito do cruzamento é que se pode gerar filhos completamente diferentes dos pais e mesmo assim contendo diversas características em comum. Outra questão é que o cruzamento não modifica um bit na posição em que os pais tem o mesmo valor, considerada uma característica cada vez mais importante com o passar das gerações.



Tabela 3 – Exemplo do Operador de Cruzamento

Pais	Cruzamento		Filhos
1 1 1 1 1 1	1 1 1 1-1 1	1 1 1 1-0 0	1 1 1 1 0 0
0 0 0 0 0 0	0 0 0 0-0 0	0 0 0 0-1 1	0 0 0 0 1 1

AUTÔMATOS CELULARES

Os autômatos celulares são modelos matemáticos simples de sistemas naturais. Eles são constituídos de uma malha, ou reticulado, de células (do inglês, *site*) idênticas e discretas, onde cada célula tem seu valor sobre um conjunto finito, por exemplo, de valores inteiros. Os valores evoluem, em passos de tempo discretos, de acordo com regras determinísticas que especificam os valores de cada célula em termos dos valores das células vizinhas.

Segundo WOLFRAM (1994), os autômatos celulares podem ser considerados como idealizações discretas das equações diferenciais parciais freqüentemente utilizadas para descrever sistemas naturais. Essa natureza discreta também permite a analogia com computadores digitais, pois os autômatos celulares podem ser vistos como computadores de processamento paralelo de construção simplificada.

Como exemplo, considera-se uma linha (vetor) de células com valores 0 ou 1, conforme a Figura 1. O valor de uma célula na posição i no tempo t é a_i^t . Uma regra muito simples para a evolução no tempo dos valores das células é: o valor de uma célula em particular é dada pela soma módulo 2 (ou, equivalentemente ao *ou exclusivo* da álgebra booleana) dos valores de suas células vizinhas à esquerda e à direita no passo de tempo anterior.



Figura 1 – Esquema típico de um autômato celular



A Figura 2 mostra o padrão gerado pela evolução em poucos passos utilizando a regra *ou exclusivo* a partir de uma semente (do inglês, *seed*) consistindo de apenas uma célula com o valor 1 e todas as demais com o valor 0. A Figura 3 mostra o padrão gerado após 500 passos de tempo. A geração deste padrão requer a aplicação da regra a cerca de 250 mil valores de células.



Figura 2 – Evolução pela regra *ou exclusivo* em poucos passos

O padrão das Figuras 2 e 3 apresentam algumas regularidades, uma destas é a auto-similaridade (do inglês, *self-similarity*). Como mostrado na Figura 3, porções do padrão, quando aproximadas, são indistinguíveis do todo. Este padrão auto-similar é freqüentemente chamado de *fractal* e pode ser caracterizado pela sua dimensão. Muitos sistemas naturais exibem padrões deste tipo, e por isso, podem ser gerados através de autômatos celulares ou processos análogos.

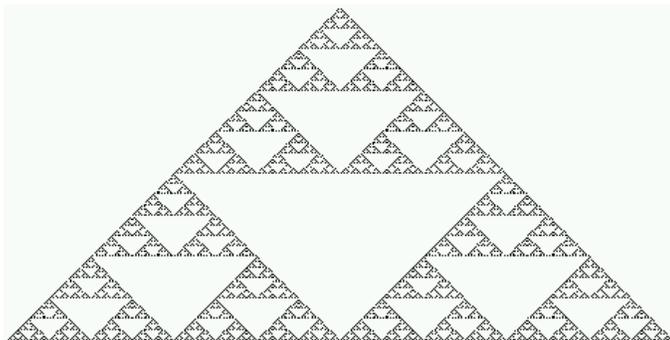


Figura 3 – Evolução pela regra *ou exclusivo* em 500 passos

A Figura 4 mostra a evolução de acordo com a regra *ou exclusivo* a partir de um estado inicial desordenado. Os valores das



células e seu estado inicial é escolhido aleatoriamente, cada célula tem a mesma probabilidade de ter valor 0 ou 1, independentemente dos valores das outras células. Mesmo que o estado inicial não tenha estrutura, a evolução manifesta alguma estrutura que formam alguns *claros triangulares*. O aparecimento espontâneo destes *claros* é um exemplo de *auto-organização* (do inglês, *self-organization*).

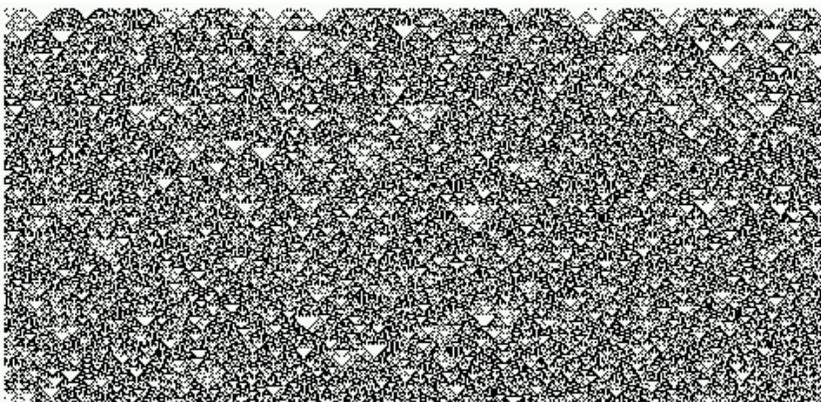


Figura 4 – Evolução pela regra *ou exclusivo* a partir de um estado inicial desordenado

Até agora, concentrou-se em uma regra para autômato celular em particular dada pelo *ou exclusivo*. Esta regra pode ser generalizada de várias formas. Uma família de regras é obtida permitindo que o valor da célula seja uma função dos valores da própria célula e das suas duas vizinhas mais próximas no passo de tempo anterior.

A Figura 5 ilustra a notação que associa um número (chamado *número de regra*) a cada uma das 256 regras deste tipo. O número da regra apresentada na Eq. 1 é 90, por esta notação.

111	110	101	100	011	010	001	000	$\leftarrow a_{i-1}^t a_i^t a_{i+1}^t$
↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓	$\leftarrow F$ (função de transição)
0	1	0	1	1	0	1	0	$\leftarrow a_i^{t+1}$



$$01011010_2 = 90_{10}$$

← número da regra

Figura 5 – Exemplo de Notação



ALGUMAS EXPERIÊNCIAS COM ALGORITMOS GENÉTICOS

A necessidade da rápida tomada de decisão e a magnitude dos impactos antrópicos tem influenciado a construção de cenários atuais e preditivos do uso e ocupação do solo em escalas locais, regionais, nacionais e até internacionais. Esses cenários são fundamentais na elaboração de estratégias de conservação focadas nos diferentes níveis hierárquicos, considerando desde populações a biomas inteiros.

Nesse contexto, a utilização de ferramentas computacionais, sobretudo aquelas que viabilizam a incorporação de inúmeras variáveis, relacionadas ou não a um ambiente geográfico, tem sido cada vez mais desenvolvidas e implementadas em estudos da área ambiental.

Trabalhos relacionando algoritmos genéticos e estudos ambientais têm sido realizados com dinâmica populacional de insetos (SÁ 2003), modelos de exploração de recursos naturais (CAMPOS et al. 2005; VAN DEUSEN 2001), produção fitoplanctônica relacionada ao gerenciamento de recursos costeiros (PEREIRA 2002), seleção de áreas com potencial agrícola (TSURUTA et al. 2001), uso de recursos hídricos (BORGES 2003; SOARES 2003), sedimentologia (SILVA 2005), entre outros.

A maior parte de nós busca o melhor de dois mundos, a incorporação de novas técnicas de análise de dados ao nosso cotidiano, sem a necessidade de um aprofundamento em conceitos teóricos. Esse fato se torna ainda mais evidente quando tais conceitos são baseados em modelos matemáticos de difícil absorção por grande parte da comunidade científica associada a área biológica e/ou ambiental.

Visando minimizar nossos esforços e permitir a aplicação de modelos baseados em algoritmos genéticos, alguns pesquisadores e centros de pesquisa pelo mundo tem gerado programas amigáveis que incorporam essa tecnologia.

Alguns desses programas, que acreditamos estarem se destacando nos segmentos para os quais foram desenvolvidos e que são de livre acesso são o DesktopGarp e o OpenModeller.



DesktopGarp: é um programa que auxilia a predição e análise de distribuição de espécies selvagens se utilizando de algoritmo GARP (Genetic Algorithm for Rule-Set Prediction). GARP é um algoritmo genético que gera modelos de nicho ecológico baseados em localidades (pontos) de presença/ausência da espécie e de uma série de cartas temáticas que representam os parâmetros ambientais existentes na região. Ele busca correlações não randômicas dessas ocorrências e os parâmetros físicos/biológicos das cartas temáticas. Esses dados, associados segundo regras específicas (atomic, logistic regression, bioclimatic envelope e negated bioclimatic envelope) determinam a precisão dos modelos de distribuição gerados. Tem sido utilizado em trabalhos envolvendo modelos de distribuição potencial (ILLOLDI-RANGEL et al. 2004; ANDERSON et al. 2002), priorização de áreas para conservação (PETERSON E NAVARRO-SIGÜENZA 1999; ORTEGA-HUERTA E PETERSON 2004), diferenciação populacional (COSTA et al. 2002), evolução de nicho (PETERSON et al. 1999), entre outros (<http://www.lifemapper.org/desktopgarp>).

OpenModeller: segue na mesma linha do DesktopGarp, sendo mais flexível, mas um pouco mais complicado de implementar (<http://openmodeller.sourceforge.net>). Um dos pontos interessantes desse programa é a sua união com o Quantum Gis, um sistema de informações geográfica de código fonte livre (<http://qgis.org>).

Aqueles que desejam se iniciar na "arte" dos modelos baseados em algoritmos genéticos, sugerimos que procurem o Centro de Referência em Informação Ambiental (CRIA) (<http://www.cria.org.br>). Eles são colaboradores nos programas acima e certamente poderão auxiliar no esclarecimento de inúmeras dúvidas.

UM ESTUDO DE CASO: MODELO NUMÉRICO DO TERRENO DA LAGOA PEQUENA, PELotas - RS

Esta seção descreve o sistema HPC-ICTM e algumas aplicações em desenvolvimento pelo GMFC¹ (Grupo de Matemática e Fundamentos da Computação) da UCPel em cooperação com o Laboratório de Manejo e Conservação Ambiental, da mesma Universidade. Este sistema implementa um modelo de autômato celular intervalar² categorizador bi-dimensional para análise da

¹Mais detalhes em <http://descartes.ucpel.tche.br/>

²Utiliza Matemática Intervalar para o tratamento dos erros de discretização e aritméticos.

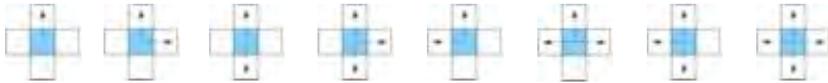


declividade de regiões geográficas. A análise da declividade embutida nas regras do autômato fornece a situação de cada segmento de área com relação à área total considerada, de acordo com os estados assumidos pelas células do autômato, possibilitando, assim, uma subdivisão da região em sub-regiões com características semelhantes. Como o modelo é inerentemente paralelo, uma implementação voltada para utilização em agregados de computadores permite a manipulação de uma malha com uma grande quantidade de dados obtidos de imagens de satélite. A formalização do modelo matemático pode ser encontrada em AGUIAR et al. (2002).

Após a definição da malha e da obtenção dos dados topográficos, monta-se uma matriz com dados espectrais. Muitos dos dados levantados são irrelevantes devido à abundância de informações oriundas das imagens do satélite. Então se realiza uma média dos valores levantados pela tomada dos dados topográficos e o resultado desta média de valores forma um espectro de valores.

A partir do modelo numérico do terreno, é possível determinar para cada célula da malha, seu estado em relação às vizinhas, conforme o crescimento da função que mapeia o relevo. Conforme pode ser observado da Figura 6, para uma vizinhança definida a partir de quatro células (norte, sul, leste e oeste), a célula pode assumir até 16 estados diferentes. Se a célula estiver a uma altura mais abaixo do que as suas células vizinhas, então ela assumirá o estado 15. Caso contrário, se ela for um topo de um monte, poderá assumir o estado 0. Entretanto, se ela estiver no estado 0, poderá ser o topo do monte (como o caso anterior) ou um *flat*, a análise das suas células vizinhas possibilitará determinar seu estado corretamente. Depois de determinar o *status* de cada célula, é possível detectar as bordas de cada região, com propriedades semelhantes na topografia, por exemplo, separar as regiões cujas células têm apenas um determinado estado, como um *active* numa determinada direção.

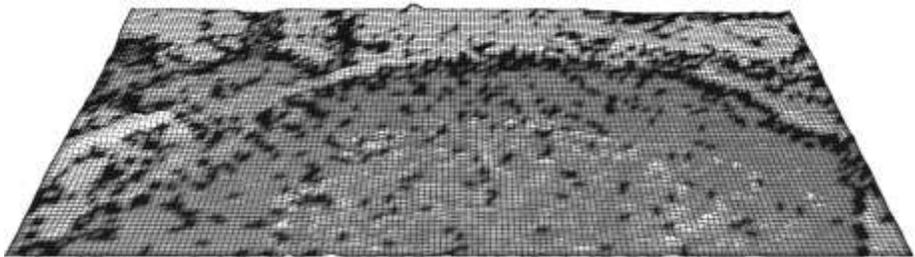




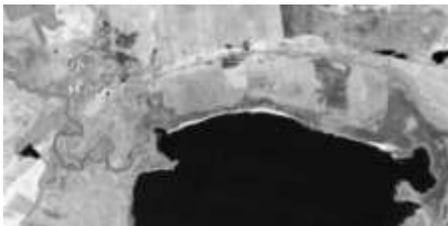
Estado 8 Estado 9 Estado 10 Estado 11 Estado 12 Estado 13 Estado 14 Estado 15

Figura 6 – Conjunto de estados possíveis das células do autômato

A Figura 7 apresenta algumas imagens manipuladas na ferramenta ICTM, por exemplo: (a) as bordas das regiões detectadas conforme os estados das células a partir da composição (b) da imagem do LANDSAT e do (c) Modelo de Elevação Digital (DEM), da mesma região.



(a)



(b)



(c)

Figura 7 – Figuras extraídas da ferramenta ICTM

Uma outra ferramenta presente no Sistema HPC-ICTM é um classificador de imagens de sensoriamento remoto baseado em algoritmos genéticos (MOREIRA 2004). Este aplicativo foi desenvolvido inicialmente para fazer o mapeamento das classes de uso da região em torno da Lagoa Pequena, região situada na zona sul do RS, próxima à Lagoa dos Patos, na divisa dos municípios de Pelotas e Turuçu.

A Lagoa tem sido apontada por inúmeros órgãos governamentais nacionais e internacionais (como a MMA e a JICA) como uma área de extrema relevância a conservação e uso



sustentável dos seus recursos naturais (Ver KLIPPEL et al., Capítulo 9 deste livro). O mapeamento é feito através da fragmentação dessa região em unidades homogêneas considerando algumas de suas características como, por exemplo: (i) formações herbáceas naturais antropizadas, (ii) formações arbustivas naturais e (iii) formações herbáceas naturais. Além dos banhados, a região apresenta uma grande variedade de tipos de vegetações como: campo, mata de restinga, mata de pinus, aluvial, solo exposto. Apresenta área urbana e grande número de regiões onde é cultivado arroz, além delas apresenta locais que estão em repouso que posteriormente serão cultivados novamente, pois entre um cultivo e outro é necessário a espera de três ou quatro anos.

O sistema foi implementado em três módulos. A primeira parte foi chamada de *segmentação*, e ocorre sempre antes dos próximos módulos desse projeto. Esse módulo tem por objetivo agregar métodos que sejam capazes de desenvolver as principais etapas do algoritmo genético, como inicialização aleatória da população, *crossover*, mutação e testes dos critérios de parada, bem como fazer com que a segmentação ou divisão recursiva da imagem em quadrantes menores de acordo com a similaridade das tonalidades dos *pixels*.

O algoritmo inicia o processo com todo o espaço de soluções, sorteia alguns *pixels*¹ e verifica o grau de similaridade entre estes *pixels*. Caso a similaridade não seja a desejada, aplicam-se os operadores genéticos sobre estes candidatos a fim de gerar novos candidatos mais representativos da região. Após um número pré-definido de gerações se o grau de similaridade não foi atingido o espaço de soluções é particionado² em quatro quadrantes, e o processo é repetido em cada um destes quadrantes. O algoritmo para a segmentação dos quadrantes da imagem só cessa o seu funcionamento quando obter determinadas condições, onde se considera que o algoritmo genético encontrou uma solução aceitável ou tenha fracassado no processo de busca.

Os outros dois módulos são baseados nas técnicas de classificação de sensoriamento remoto. A classificação não-supervisionada utiliza os arquivos gerados ao término da fase de

¹O número de candidatos é definido *a priori* de acordo com uma percentagem da área total.

²Este processo é inspirado nas *quad-trees* geralmente utilizadas em segmentação de imagens.



segmentação do Sistema Classificador, para que se tenham as informações de localização de quadrante e os tons médios dos *pixels* e assim associá-los a uma tonalidade. Baseado no fato que um método é dito não-supervisionado quando o classificador não utiliza nenhum conhecimento sobre as classes existentes na imagem e define sem a influência externa quando o *pixel* pertence a uma determinada classe, o algoritmo trabalha de forma independente, sem que anteriormente tenha sido treinado.

Por isso, nessa fase do Sistema não é necessário informar qual o tipo da composição da imagem inicial informado como parâmetro na fase de segmentação. Visto que a classificação Supervisionada é utilizada quando se tem um conhecimento prévio da área analisada, o algoritmo implementado foi treinado com base nas imagens aéreas da região e as imagens geradas no software Spring. Isso permite a seleção de intervalos para as classes com o objetivo de tornar a classificação mais confiável. Essa parte do sistema foi desenvolvida para a manipulação das composições das bandas do satélite LANDSAT 345 e 234, onde cada classe possui um intervalo para que os *pixels* sejam associados a uma dessas. Ao iniciar a execução dessa fase do sistema, deverá ser informado como parâmetro de entrada qual tipo de composição a imagem que foi segmentada possui. Ambas classificações utilizam os arquivos gerados na fase de segmentação e ao término dessa classificação com todos os quadrantes associados a uma classe obtém-se uma imagem TIFF classificada.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os algoritmos evolutivos têm se mostrado, em resultados preliminares, como ótimas alternativas aos softwares de sistemas de informações geográficas convencionais. Além de produzirem resultados qualitativamente mais importantes, pois são facilmente modificados para modelar problemas específicos, geralmente são mais rápidos, pois são grandes otimizadores de funções. Do ponto de vista computacional, outra característica importante inerente aos modelos evolutivos é a sua permissividade de execução de tarefas em paralelo. É possível aumentar a sua performance quando executados em agregados de computadores.



REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGUIAR, M.S. 1996. Tratamento de problemas NP-completo: trabalho individual. Porto Alegre: PPGC/UFRGS, (TI-570)
- AGUIAR, M.S. E TOSCANI, L.V. 1997. Algoritmos Genéticos. In: WORKSHOP SOBRE MÉTODOS FORMAIS E QUALIDADE DE SOFTWARE, 1997, Porto Alegre. Anais Porto Alegre: PPGC/UFRGS, p.78-87.
- AGUIAR, M.S.; COSTA, A.C.R.; DIMURO, G.P. 2002. ICTM: an Interval Tessellation-Based Model for Reliable Topographic Segmentation. In: Proceedings of SCAN 2002 – 10th GAMM-IMACS, Paris.
- ANDERSON, R.P.; GÓMEZ-LAVERDE, M. E PETERSON, A.T. 2002. Geographical distributions of spiny pocket mice in South América: insights from predictive models. *Global Ecology & Biogeography*, 11:131-141.
- BORGES, V.M.N.A. 2003. Acoplamento de um modelo de previsão de demanda de água a um modelo simulador em tempo real – estudo de caso: sistema adutor metropolitano de São Paulo. Dissertação. Universidade de São Paulo: Pós-Graduação em Engenharia. 206p.
- BOX, G.E.P. 1957. Evolutionary operation: A method for increasing industrial productivity. *Applied Statistics*, 6(2):81-101.
- CAMPOS, V.O.; FEITOSA, R.Q.; MOTA, G.L.A.; PACHECO, M.A.C. E COUTINHO, H.L.C. 2005. Um método para modelagem do conhecimento multitemporal no processo de classificação automática de imagens de sensores remotos. *Revista Brasileira de Cartografia*, 57(1):28-35.
- COSTA, J.; PETERSON, A.T. E BEARD, C.B. 2002. Ecologic niche modeling and differentiation of populations os *Triatoma brasiliensis* Neiva, 1911, the most important chagas´disease vector in northeastern Brazil (Hemiptera, Reduviidae, Triatominae). *Am. J. Trop. Med. Hyg.*, 67(5):516-520.
- CSIKSZENTMIHALYI, M. 1990. Flow: The psychology of optimal experience. New York: Harper & Row.
- DAVIS, L. 1991. Handbook of genetic algorithms. New York: Van Nostrand Reinhold.
- GOLDBERG, D. 1989. Genetic algorithms in search, optimization & machine learning. [S.l.]: Addison Wesley.
- GOLDBERG, D. 1993. Making genetic algorithms fly: A lesson from the Wright Brothers. *Advanced Technology for Developers*, [S.l.], 2:1-8.
- GOLDBERG, D. 1994. Genetic and evolutionary algorithms come of age. *Communications of the ACM*, New York, 37(3):113-119.



- GOLDBERG, D. 1994. The existential pleasures of genetic algorithms. Urbana-Champaign: University of Illinois, (Report 94010).
- HOLLAND, J. H. 1975. Adaptation in natural and artificial systems. Ann Arbor: University of Michigan Press.
- ILLOLDI-RANGEL, P.; SÁNCHEZ-CORDERO, V. E PETERSON, A.T. 2004. Predicting distributions of mexican mammals using ecological niche modeling. *Journal of Mammalogy*, 85(4):658-662.
- JONG, K. A. 1993. Genetic algorithms are not function optimizers. *Foundations of Genetic Algorithms*. p:5-17.
- LAGUNA, M. E MOSCATO, P. 1996. Algoritmos genéticos. In: DIAZ, B. A. (Ed.). *Optimizacion heuristica y redes neuronales*. Madri: Paraninfo.
- MOREIRA, M.I.G. 2004. Um Sistema Classificador de Imagens de Sensoriamento Remoto baseado em Algoritmos Genéticos. Pelotas: UCPel, (trabalho de conclusão).
- NEUMANN, J.V. 1966. In: BURKS A.W. (Ed.). *Theory of Self-Reproducing Automata*. Urbana: University of Illinois Press.
- ORTEGA-HUERTA, M. E PETERSON, A.T. 2004. Modelling spatial patterns of biodiversity for conservation prioritization in north-eastern Mexico. *Biodiversity and Distributions*. 10:39-54.
- PEREIRA, G.C. 2002. Previsão da variabilidade dos fatores químicos e biológicos em área de ressurgência de Arraial do Cado através de redes neurais. Tese. Universidade Federal do Rio de Janeiro: Pós-Graduação em Engenharia. 78p.
- PETERSON, A.T. E NAVARRO-SIGUENZA, A.G. 2004. Alternate species concepts as bases for determining priority conservation areas. *Conservation Biology*, 13(2):427-431.
- PETERSON, A.T.; SOBERÓN, J. E SÁNCHEZ-CORDERO, V. 1999. Conservatism of ecological niches in evolutionary time. *Science*, 285:1265-1267.
- RAMOS, A. 1994. Aplicação de algoritmos genéticos em problemas de otimização. Porto Alegre: PPGC/UFRGS, (TI-403).
- SÁ, C.B.P. 2003. Calibração automática de modelos ecológicos baseados em equações diferenciais ordinárias utilizando algoritmos genéticos. Tese. Universidade Federal do Rio de Janeiro: Pós-Graduação em Engenharia. 261p.
- SARGENT, T. J. 1993. Bounded rationality in macroeconomics. Oxford: Clarendon Press.



- SILVA, R.M. 2005. Previsão hidrossedimentológica numa bacia periurbana através do acoplamento de modelos climáticos e hidrológicos. Dissertação. Universidade Federal da Paraíba: Pós-graduação em Engenharia Urbana. 171p.
- SOARES, A.K. 2003. Calibração de modelos de redes de distribuição de água para abastecimento considerando vazamentos e demandas dirigidas pela pressão. Dissertação. Universidade de São Paulo: Pós-Graduação em Hidráulica e Saneamento. 153p.
- TSURUTA, J.H.; HOSHI, T. E SUGAI, Y. 2001. Seleção de áreas adaptativas ao desenvolvimento agrícola, usando-se algoritmos genéticos. Embrapa, Brasília. 45p.
- VAN DEUSEN, P.C. 2001. Scheduling spatial arrangement and harvest simultaneously. *Silva Fennica*, 35:85-92
- WOLFRAM, S. 1994. Cellular automata and complexity: collected papers. Readings: Addison-Wesley.