

# Formação de padrões biológicos através de modelos discretos de reação-difusão

Luiz Alberto Díaz Rodrigues, Denílson José Seidel\*

Programa de Pós-Graduação em Modelagem Matemática  
Depto de Física, Estatística e Matemática, DeFEM, UNIJUÍ,  
Rua São Francisco, 501, Bairro São Geraldo,  
98700-000, Ijuí, RS

E-mail: luizdiaz@smail.ufsm.br, denilson.seidel@detec.unijui.tche.br,

## Introdução

Desde a antiguidade o ser humano preocupase em desvendar os mecanismos desencadeadores de fenômenos da natureza. Um desses fenômenos que desperta interesse no meio científico é o processo de formação de padrões e formas em Biologia. O mecanismo proposto por Alan Turing [8] representa uma das mais importantes contribuições matemáticas para os estudos teóricos sobre a formação de estruturas em Biologia (morfogênese). Turing sugere que, sob certas condições, populações podem interagir e se dispersar de alguma maneira produzindo padrões heterogêneos estáveis. É importante destacar que os padrões resultantes são determinados unicamente pelas taxas de reação e difusão das substâncias químicas envolvidas no processo e não por algum outro mecanismo externo.

Na última década, a formação de padrões modelada por sistemas de reação-difusão tem sido alvo de intensa pesquisa, como pode ser visto nos trabalhos de Murray [7] para formação de listras em zebras, Kondo e Asai [4] e Asai *et al.* [1] que modelam a pigmentação de peixes marinhos e Meinhardt [5] sobre os padrões em conchas do mar.

Neste sentido, muitos modelos têm sido propostos, tanto discretos como contínuos. Há várias razões para se focalizar o estudo em modelos discretos, dentre as quais destaca-se a facilidade e a agilidade em implementá-los e desse modo reproduzir o comportamento dos modelos contínuos para uma gama de parâmetros e distribuições espaciais iniciais.

## O modelo

Neste trabalho analisamos a formação de padrões espaciais heterogêneos estáveis na interação de duas espécies. Consideramos um modelo discreto espacialmente estruturado no qual os indivíduos de ambas populações são distribuídos em um domínio bidimensional dividido em um reticulado quadrado

de células ou “patches”. A dinâmica do sistema incorpora uma fase de reação e uma fase de dispersão, resultado da interação e da movimentação de ambas espécies [3].

A dinâmica de reação será descrita em cada região discreta do espaço (“patch”) pelo seguinte sistema de equações a diferenças:

$$N'_{i,t} = f(N_{i,t}, P_{i,t}), \quad (1)$$

$$P'_{i,t} = g(N_{i,t}, P_{i,t}), \quad (2)$$

onde  $N_{i,t}$  e  $P_{i,t}$  são as densidades populacionais no “patch”  $i$  e no instante  $t$  e  $N'_{i,t}$  e  $P'_{i,t}$  as densidades populacionais após a dinâmica local de reação.

Suponhamos que existe um estado estacionário para o sistema acima, no qual as espécies estão bem misturadas e uniformes. A idéia de Turing é simples: na ausência da difusão,  $N_{i,t}$  e  $P_{i,t}$  aproximam-se de um estado de equilíbrio uniforme linearmente estável quando  $t \rightarrow \infty$ . Então, a partir de uma pequena perturbação causada pela introdução da difusão, padrões espacialmente não homogêneos podem ocorrer. Este mecanismo é conhecido como “instabilidade difusiva” [2],[7].

Com a finalidade de mimetizar o mecanismo de Turing utilizando o sistema de equações a diferenças proposto, introduzimos a difusão clássica de Fick através das seguintes equações:

$$N_{i,t+1} = (1 - \mu_N)N'_{i,t} + \mu_N \bar{N}'_{i,t}, \quad (3)$$

$$P_{i,t+1} = (1 - \mu_P)P'_{i,t} + \mu_P \bar{P}'_{i,t}, \quad (4)$$

onde  $\mu_N$  e  $\mu_P$  representam as frações populacionais que abandonam seus “patches” a cada geração para colonizar equitativamente os quatro “patches” mais próximos.  $\bar{N}'_{i,t}$  e  $\bar{P}'_{i,t}$  são as médias tomadas sobre os quatro vizinhos mais próximos do “patch”  $i$ .

## Simulações

Nas simulações apresentadas, consideramos um sistema presa-predador no qual a presa apresenta

\*bolsista de pós-graduação CNPq

efeito Allee [9]. Escolhemos,

$$f(N, P) = \frac{rN^2}{1 + (r - 1)N^2} e^{-aP} \quad (5)$$

$$g(N, P) = cNP, \quad (6)$$

para descrever a dinâmica vital, onde  $r$ ,  $a$  e  $c$  são constantes positivas.

As simulações foram realizadas em um reticulado de  $50 \times 50$  com os seguintes valores para os parâmetros:  $r = 3,8$ ,  $a = 0,01$  e  $c = 1,2$ . Estes parâmetros foram escolhidos dentro da região de estabilidade do ponto de equilíbrio do sistema sem difusão. Além disso, escolhemos  $\mu_N = 0,1$  e  $\mu_P = 0,9$  pois o mecanismo de instabilidade difusiva requer uma taxa de movimentação muito maior para o predador do que para a presa.

Inicialmente, ao estado de equilíbrio espacialmente homogêneo de cada população é imposta uma pequena perturbação periódica. Assumimos ainda condições reflexivas na fronteira do habitat, extensões do modelo para outras condições de fronteira são diretas.

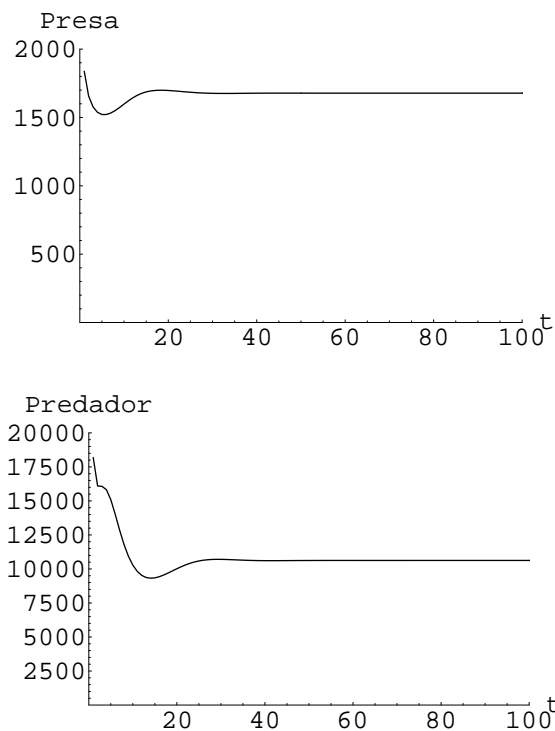


Figura 1: População total de presas e predadores

A Figura 1 mostra a população total de presas e a população total de predadores em função do tempo. Observamos que inicialmente há um declínio da população total para ambas espécies. Com o aumento de  $t$ , as populações rapidamente aproximam-se de valores constantes.

Os padrões espaciais estáveis resultantes estão ilustrados na Figura 2. As regiões mais escuras

(claras) correspondem a densidades populacionais mais baixas (altas).

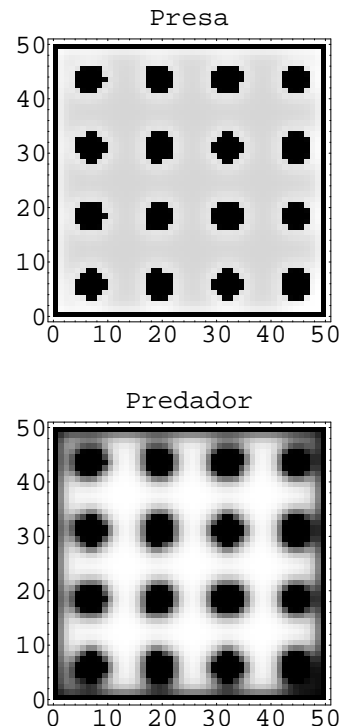


Figura 2: Padrão espacial da população de presas e da população de predadores.

### Conclusões

As simulações iniciais do modelo mostram que o sistema discreto reproduz comportamentos qualitativamente similares aos apresentados por modelos contínuos de reação-difusão.

Quando analisamos a formação de padrões espaciais em um sistema presa-predador, com efeito Allee na dinâmica vital das presas, as simulações desenvolvidas mostram que o modelo proposto pode produzir padrões espaciais heterogêneos estáveis a partir de pequenas perturbações em torno de um equilíbrio espacialmente homogêneo. Os padrões espaciais obtidos estão fortemente relacionados com o tipo de perturbação inicialmente imposta à população de presas.

Os resultados iniciais obtidos confirmam a importância dos modelos discretos como uma valiosa ferramenta disponível para o estudo de sistemas biológicos de reação-difusão. Eles podem reproduzir, com significativas vantagens do ponto de vista computacional, importantes resultados obtidos a partir de Equações Diferenciais Parciais.

### Referências

- [1] R. Asai *et al.*, Zebrafish leopard gene as a component of the putative reaction-diffusion sys-

- tem, *Mech Dev*, 89 (1999) 87-92.
- [2] L. Edelstein-Keshet, “Mathematical Models in Biology”, Random House, New York, 1988.
  - [3] M.P. Hassel, H.N. Comins e R.M. May, Spatial structure and chaos in insect population dynamics, *Nature*, 353 (1991) 255-258.
  - [4] S. Kondo, R. Asai, A reaction-difusion wave on the skin of the marine angelfish pomacanthus, *Nature*, 376 (1995) 765-768.
  - [5] H. Meinhardt, “The Algorithmic Beauty of Sea Shells”, Springer-Verlag, Berlin, 1995.
  - [6] T. Miura, P. K. Maini, Periodic pattern formation in reaction-diffusion systems: An introduction for numerical simulation, *Anatomical Science International*, 79 (2004) 112-123.
  - [7] J.D. Murray, “Mathematical Biology”, Springer-Verlag, Berlin, 2003.
  - [8] A. M. Turing, The chemical basis of morphogenesis, *Phil. Trans. Roy. Soc. Lond B*, 237 (1952) 37-72.
  - [9] M.H. Wang *et al.*, Integrodifference equations, Allee effects and invasions, *Mathematical Biology*, 44 (2002) 150-168.