



10º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC 2016
02 a 04 de agosto de 2016 – Campinas, São Paulo
ISBN 978-85-7029-135-6

ASPECTOS INTRODUTÓRIOS DE UM MODELO BASEADO NO INDIVÍDUO PARA ESTUDO DA DINÂMICA ESPACIAL DO HLB DO CITROS

Gabriela **Servidone**¹; Sônia **Ternes**²; Rafael **Vilamiu**³; Francisco Ferraz **Laranjeira**⁴

Nº 16604

RESUMO – O Huanglongbing (HLB) é uma doença incurável que afeta plantas de citros em todo o país. Como o Brasil é um dos maiores produtores de citros do mundo, essa doença pode causar um grande impacto econômico na agricultura brasileira. Visando contribuir para novas estratégias de controle da doença, estão sendo realizados estudos focados na modelagem baseada no indivíduo (MBI) para avaliar a propagação espaço-temporal da doença em áreas de plantio com a presença de um novo hospedeiro alternativo mais atrativo. Este trabalho tem como objetivo desenvolver a estrutura computacional de um MBI, utilizando o software R e o pacote Shiny que possibilita executar as simulações via web, a partir de premissas e estudos biológicos prévios da doença. As simulações iniciais indicam que a estrutura computacional concebida possibilita uma melhor visualização da progressão da doença, bem como facilita o teste de diferentes geometrias de plantio envolvendo os hospedeiros principal e alternativo.

Palavras-chaves: Modelagem baseada no indivíduo, HLB, citrus, Software R, R Shiny.

1 Autor, Bolsista CNPq (PIBIC): Graduação em Matemática Aplicada e Computacional, UNICAMP, Campinas-SP; gabi.servidone@gmail.com

2 Orientador: Pesquisador da Embrapa Informática Agropecuária, Campinas-SP; sonia.ternes@embrapa.br.

3 Colaborador, Prof. Dr. CEFET - Angra dos Reis, Angra dos Reis - RJ.

4 Colaborador, Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas-BA.



ABSTRACT – *The Huanglongbing (HLB) is an incurable disease that affects citrus plants across the country. Since Brazil is one of the biggest producers of oranges in the world, the disease can cause a big economic impact on the Brazilian agriculture. For analyzing new disease control, strategies are being conducted focused on individual based model approach (IBM) to evaluate the spatio temporal spread of the disease in areas with the presence of a more attractive alternative host. This work aims to develop the computational structure of an IBM using the R software and Shiny package, which allows to perform the simulations as a web application, based on some assumptions and previous biological studies of HLB. Initial simulations indicate that the designed computational structure allows a better visualization of the disease progression, as well as facilitates testing tasks of different geometries involving the main and alternative hosts.*

Keywords: Individual based model, HLB, citrus, Software R, R Shiny.

1 INTRODUÇÃO

Citrus é um gênero de plantas que compreende várias espécies e híbridos naturais e cultivados, tais como: laranjas, tangerinas e limões (JUNIOR et al., 2005), originários de regiões tropicais e subtropicais da Ásia. No Brasil, a citricultura ocorre principalmente no Estado de São Paulo, chegando em 2011 a produzir mais de 13 milhões de toneladas de laranjas, e alcançando 16 milhões de toneladas, se considerarmos outros estados com produções menores (IBGE, 2013). Este setor econômico gerou mais de 4 bilhões de dólares tal como a criação de cerca de 350 mil empregos, tornando a citricultura uma das atividades de maior importância para a economia brasileira.

A doença conhecida por Huanglongbing (HLB) é atualmente uma grande preocupação entre produtores de citros. O HLB é uma doença incurável causada pela bactéria *Candidatus liberibacter* e, no Brasil, é transmitida pelo psílídeo (*Diaphorina citri*), quando se alimenta de plantas infectadas (Bové, 2006). Seus principais sintomas são o amarelamento das folhas e a redução na produtividade. Uma política pública de contenção da doença (MAPA, 2012) é a remoção periódica de plantas sintomáticas a cada 3 meses. Entretanto, pelo período de incubação da doença ser longo apresentando plantas assintomáticas, o trabalho de remoção se torna menos eficaz, o que vem sendo indicado por trabalhos recentes (VILAMIU et al, 2012), baseados em modelos matemáticos determinísticos.



10º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC 2016
02 a 04 de agosto de 2016 – Campinas, São Paulo
ISBN 978-85-7029-135-6

Em 2015, o projeto HLB Biomath 2 (BARBOSA, 2015) foi iniciado na Embrapa visando estudar novas estratégias para a diminuição da propagação da doença a partir da inserção de um hospedeiro mais atrativo na área de plantio, denominado murta-de-cheiro (*Murraya paniculat*). Assim, complementando a abordagem de desenvolvimento de modelos determinísticos clássicos previamente obtidos (VILAMIU *et al*, 2013), este projeto visa usar uma nova abordagem no estudo na dinâmica do HLB do citros. Tal abordagem, denominada modelagem baseada no indivíduo (MBI), permite explorar mais facilmente os aspectos espaciais da dinâmica da doença e a variabilidade das características de cada indivíduo das populações envolvidas. Essa abordagem se mostra mais apropriada para os estudos previstos no projeto HLB Biomath 2, pois além de permitir a avaliação de questões relacionadas à preferência de voo dos insetos, também facilita a análise espaço-temporal, já que serão desenvolvidos vários cenários de simulação com diferentes configurações de áreas de plantio envolvendo o hospedeiro alternativo (*M. paniculat*) e o hospedeiro principal (citros).

O objetivo deste trabalho é definir e desenvolver uma estrutura computacional adequada para a representação de um modelo baseado no indivíduo da dinâmica de propagação do HLB em plantações de citros, considerando as mesmas premissas e parâmetros biológicos estabelecidos nos modelos determinísticos desenvolvidos por Vilamiu *et al* (2012, 2013).

2 MATERIAIS E MÉTODOS

Seguindo a metodologia apresentada em Nepomuceno (2005), na construção do MBI aqui proposto são necessárias: a) definição das populações representadas no MBI; b) definição das características e seus respectivos valores (categorias) para cada população; c) definição dos processos estocásticos representando as dinâmicas de evolução temporal e/ou espacial de cada população.

Nesta primeira etapa de desenvolvimento do modelo foram consideradas três populações para representar os principais aspectos do patossistema inicial “citros - *D. citri* - HLB”: 1) citros; 2) inseto vetor na fase de ninfa; 3) inseto vetor adulto. As características de cada população estão apresentadas na Tabela 1. Nota-se que ambas as populações do inseto vetor tem mesmas características, entretanto, essa diferenciação faz-se necessária, pois os parâmetros de transmissão da doença pelo inseto adulto e pelo inseto na fase de ninfa são diferentes.

De modo geral, numa modelagem baseada no indivíduo representando aspectos epidemiológicos, os principais processos estocásticos envolvidos são o de nascimento e morte para as populações, transmissão da doença para o hospedeiro e infectividade do vetor. Entretanto,



pele projeto ainda estar em fase inicial, este trabalho tem seu enfoque na definição e desenvolvimento da estrutura do modelo computacional. Uma boa definição desta estrutura é essencial para a execução eficaz das futuras simulações, pois o problema real envolve milhares de plantas e milhões de insetos, o que pode tornar a execução da simulação e visualização dos resultados lenta e inviável. Portanto, nesta etapa os processos estocásticos foram simplificados, priorizando-se o processo de transição dos estados epidemiológicos do hospedeiro.

Tabela 1. Populações e características dos indivíduos considerados no MBI.

População	Características	Categoria
H: Hospedeiro (citros)	Estado epidemiológico	<ul style="list-style-type: none"> • 0: suscetível • $0 < x < \tau$: infectado assintomático (incubação), com x igual ao número de dias no período de incubação • $x = \tau$: infectado sintomático • -1: removido
	Localização geográfica	Localização na área de plantio (i,j)
	Identificação de existência	<ul style="list-style-type: none"> • 0: ausência de planta na célula • 1: presença de planta na célula
N: inseto vetor (<i>D. citri</i>) em estágio de ninfa	Estado epidemiológico	<ul style="list-style-type: none"> • 0: não infectivo • 1: infectivo
	Localização geográfica	Localização na área de plantio (sobre cada planta) (i,j)
	Idade	Número de dias na fase de ninfa
A: inseto vetor (<i>D. citri</i>) adulto	Estado epidemiológico	<ul style="list-style-type: none"> • 0: não infectivo • 1: infectivo desde a fase de ninfa • 2: infectivo a partir da fase adulta
	Localização geográfica	Localização na área de plantio (sobre uma planta) (i,j)
	Idade	Número de dias desde a fase de ninfa

O MBI proposto representa uma área de plantio de dimensões 20x42 (totalizando 840 plantas na área), onde cada célula (i,j) representa a localização de uma planta. Esses valores estão de acordo com o tamanho real do pomar estudado no Recôncavo baiano. Na Figura 1, é apresentada uma simplificação de como o modelo MBI foi idealizado. Desse modo, cada célula (i,j)

da matriz possui ou não um hospedeiro e há entrada de insetos vetores unicamente no canto superior direito da área de plantio.

O modelo computacional foi desenvolvido no software R (R, 2015) usando o framework Shiny (CHANG et al., 2015), o qual permite que a simulação possa ser acessada e visualizada pela web.

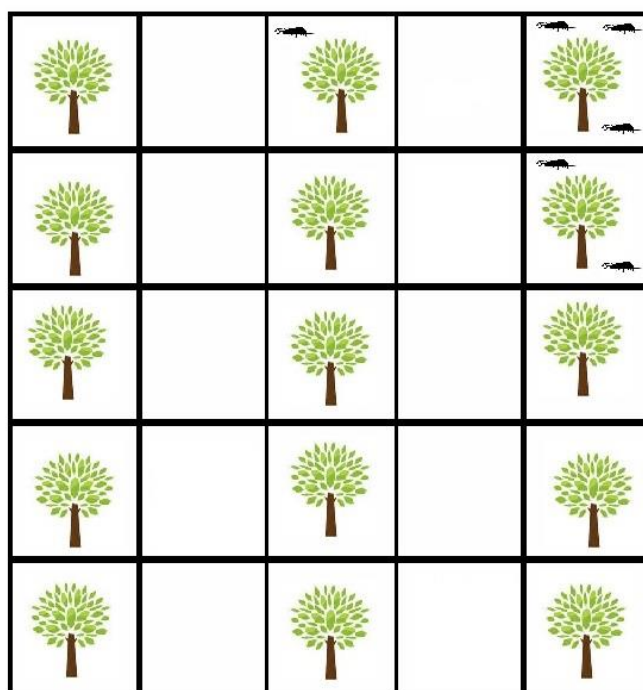


Figura 1. Visualização simplificada do modelo baseado no indivíduo (MBI) em desenvolvimento para simular aspectos da dinâmica espacial do Huanglongbing.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A Figura 2 apresenta a forma estática da aplicação web desenvolvida. Do lado esquerdo há o menu onde o usuário insere as informações necessárias para que a simulação seja executada: a) tempo de incubação da planta (6 a 18 meses); b) tempo de simulação (1 a 20 anos) e c) frequência de visualização da animação (a cada 7, 10 ou 30 dias).

Como dito anteriormente, pelo fato da planta não manifestar nenhum sintoma durante o tempo de incubação da doença, determinar seu valor exato se torna complexo. Portanto, o usuário pode, dentro de uma faixa de valores conhecida, realizar várias simulações para diferentes valores do tempo de incubação da doença na planta, avaliando a sensibilidade do modelo.



Os dois parâmetros seguintes no menu também são essenciais para a simulação, pois permite ao usuário testar suas hipóteses escolhendo por quantos anos deseja que a simulação ocorra, e com qual frequência prefere visualizar os resultados da dinâmica (semanalmente, mensalmente ou quinzenalmente).

Ressalta-se que quando os processos estocásticos de atualização das diferentes características das populações estiverem implementados com todas as regras de propagação desenvolvidas, estima-se que a simulação terá uma complexidade computacional alta, tornando a visualização do resultado muito lenta. Para contornar esta situação, foi incluído na aplicação web o botão “Processar” para que, após a seleção de todos os valores do menu, o modelo completo seja executado e armazenado. Somente após a conclusão deste processamento é que o resultado da simulação será mostrado mediante o clique no botão “Play” (representado no Shiny por um triângulo azul ao final do menu), seguindo a frequência de visualização escolhida.

Do lado direito da tela da aplicação, é mostrado um *grid* onde cada elemento da matriz representa um hospedeiro com suas características: a) estado epidemiológico, onde verde significa uma planta de citros suscetível, laranja representa a planta em estado infeccioso assintomático e vermelho representa planta sintomática; b) localização dada pelos índices da matriz e c) a identificação de existência de hospedeiro na célula (i,j), ou seja, onde há cor branca não há citros.

Modelagem Baseada no Indivíduo - HLB



Figura 2. Visualização da tela da aplicação correspondente ao início da simulação.



4 CONCLUSÃO

Com base em testes de desempenho, pode-se afirmar que o principal aspecto de eficiência da estrutura computacional proposta é o tempo de resposta da visualização da animação. Esse é um requisito importante, pois quando todos os processos estocásticos de atualização da dinâmica das populações estiverem concluídos, o código fonte terá maior complexidade em comparação ao desenvolvido até o momento.

A flexibilidade para se trabalhar com *grids* maiores é outro aspecto que se destaca na solução implementada, uma vez que o problema real completo a ser modelado possui 9 vezes a dimensão considerada neste trabalho (9 pomares de tamanho 20x42 cada), com a possibilidade de milhões de insetos sobrevoando os 9 pomares.

Atualmente, toda vez que uma simulação é executada, todo o processo de cálculo é refeito do início, mesmo que este já tenha sido simulado anteriormente. Futuramente, as simulações já concluídas serão salvas num banco de dados para que possam ser consultadas posteriormente, facilitando assim a comparação de diferentes cenários de simulação de modo eficaz. A estrutura computacional implementada já foi concebida prevendo essa funcionalidade futura.

5 AGRADECIMENTOS

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo suporte financeiro (Processo 160212/2015-4).

6 REFERÊNCIAS

BARBOSA, F. F. L. **HLB BioMath fase 2: abordagem bio-matemática como suporte à defesa fitossanitária e avaliação ex-ante de tecnologias de manejo**. Cruz das Almas: Centro Nacional de Pesquisa de Mandioca e Fruticultura, 2015. 26 p.(Embrapa. Macroprograma 2 - Código SEG 02.13.03.007.00.000). Projeto em andamento: BioMath2.

BOVÉ J. M. **Huanglongbing: a destructive, newly-emerging, century-old disease of citrus**. Journal of Plant Pathology, v.88, p. 7-37, 2006.

CHANG, W.; CHENG, J.; ALLAIRE, J. J.; XIE, Y.; MCPHERSON, J. Shiny: **Web application framework for R**. 2015. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=shiny>>. Acesso em: 15 out. 2015.

Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE). Banco de dados disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/tabela/protabl.asp?c=1613&z=t&o=11&i=P>>



10º Congresso Interinstitucional de Iniciação Científica – CIIC 2016
02 a 04 de agosto de 2016 – Campinas, São Paulo
ISBN 978-85-7029-135-6

JUNIOR D. M., NEGRI J. D., FIQUEIREDO J. O. E JUNIOR J. P. **CITROS: Principais informações e recomendações de cultivo.** Boletim técnico 200 (IAC). 17 de mar. 2005.

MAPA. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento: Instrução Normativa Nº. 53, de 16 de outubro de 2008. Disponível em: <<http://extranet.agricultura.gov.br/sislegis-consulta/consultarLegislacao.do?operacao=visualizar&id=19130>> Acesso em: 12 Junho. 2012.

NEPOMUCENO E. G. **Dinâmica, modelagem e controle de epidemias.** 2005. Tese de doutorado, UFMG, Belo Horizonte.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing.** Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2015. Disponível em: <<http://www.R-project.org/>>. Acesso em: 15 out. 2015.

VILAMIU, R. G. d'A.; TERNES, S.; BRAGA, G. A.; LARANJEIRA, F. F. **A model for Huanglongbing spread between citrus plants including delay times and human intervention.** AIP conference proceedings, New York, v. 1479, p. 2315-2319, 2012.

VILAMIU, R. G. d'A.; TERNES, S.; LARANJEIRA, F. F.; SANTOS, T. T. de C. **Modelling the effect of an alternative host population on the spread of citrus Huanglongbing.** AIP conference proceedings, New York, v. 1558, p. 2504-2508, 2013.