

Proceeding Series of the Brazilian Society of Computational and Applied Mathematics

Um protótipo para simulação da dinâmica espaço-temporal do HLB do citros usando modelos baseados no indivíduo

Gabriela Servidone¹

Instituto de Matemática, Estatística e Computação Científica, UNICAMP, Campinas, SP

Sônia Ternes²

Embrapa Informática Agropecuária, Campinas, SP

Francisco Ferraz Laranjeira³

Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA

1 Introdução

O HLB do citros, doença de grande importância para a citricultura nacional, é causado pela bactéria *Candidatus liberibacter* e transmitido no Brasil pelo psilídeo *Diaphorina citri*, quando se alimenta de plantas infectadas [3]. A Embrapa vem realizando estudos [4] sobre a dinâmica espaço-temporal de propagação do HLB no Recôncavo Baiano visando avaliar, entre outros aspectos, o papel do hospedeiro alternativo denominado murta-de-cheiro (*Murraya paniculata*), como fator de atração ou repulsão (*push and pull*) de insetos vetores em áreas de cultivo. A modelagem baseada no indivíduo (MBI) [1] mostra-se adequada para esse estudo, pois permite explorar os aspectos espaciais do patossistema, considerando as características de cada indivíduo das populações envolvidas. Este trabalho tem como objetivo apresentar um protótipo em desenvolvimento para simulações do MBI, usando recursos da linguagem R e interface gráfica Shiny [2].

2 Modelo Baseado no Indivíduo (MBI)

O MBI foi concebido para representar todas as relações entre as populações de citros, hospedeiro alternativo e inseto vetor. Nesta primeira versão do protótipo são consideradas as seguintes populações e características: a) citros: posição no pomar, estado epidemiológico, idade, capacidade de suporte; b) vetor adulto (psilídeo) e c) vetor na fase de ninfa: posição no pomar (planta), estado epidemiológico e idade. A análise da dinâmica de evolução espaço-temporal de cada população é dada por processos do tipo nascimento, morte, transmissão da doença, migração do vetor e remoção de plantas, que evoluem estocasticamente no tempo. Na Figura 1 as cores no quadrado, que representa um único

¹gabi.servidone@gmail.com²sonia.ternes@embrapa.br³francisco.laranjeira@embrapa.br

pomar com citrus (20 x 42 plantas), indicam o estado do hospedeiro: branco (sem planta), preto (planta removida), verde (citrus suscetível), verde claro (infectado em estado de latência), amarelo (infectado assintomático) e vermelho (infectado sintomático). Os valores dos parâmetros biológicos para a calibração do modelo são derivados da literatura e de experimentos conduzidos pela Embrapa [4]. Esse protótipo em R-Shiny tem se mostrado eficiente para a validação e teste do modelo e, futuramente, permitirá avaliar cenários de simulação de diferentes paisagens agrícolas.

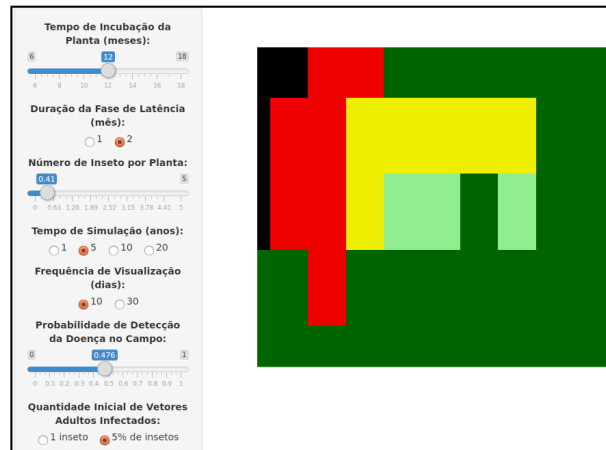


Figura 1: Visualização da tela do protótipo correspondente ao meio de uma simulação.

Agradecimentos

Ao CNPq pelo suporte financeiro (PIBIC - Processo 160212/2015-4).

Referências

- [1] V. Grimm and S. F. Railsback. Individual-based modeling and ecology. Princeton: Princeton University Press, 2005
- [2] W. Chang, J. Cheng, J. J. Allaire, Y. Xie, and J. Mcpherson. Shiny: Web application framework for R. 2015. Disponível em: <http://CRAN.R-project.org/package=shiny>. Acesso em: 18 mar 2017.
- [3] M. J. Bové. Huanglongbing: a destructive, newly-emerging, century-old disease of citrus, *Journal of Plant Pathology*, 88: 7–37, 2006.
- [4] L. F. F. Barbosa. 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: Bio-Math2.