



VISUALIZAÇÃO DE DADOS 3D NA SIMULAÇÃO COMPUTACIONAL DA DINÂMICA DE PROPAGAÇÃO DO HLB DOS CITROS

Samuel Nascimento **Souza**¹; Sônia **Ternes**²; Marcos Cezar **Visoli**³; Francisco Ferraz **Laranjeira**⁴

Nº 21603

RESUMO – O controle da propagação da doença conhecida como HLB dos citros é atualmente um grande desafio para a citricultura brasileira. Ferramentas biomatemáticas têm sido desenvolvidas pela Embrapa para testar, via simulações computacionais, diferentes cenários de controle da doença, considerando várias configurações espaciais de pomares contendo citros e hospedeiros alternativos (murta, caju, manga, arruda) e técnicas de manejo, como a aplicação periódica de inseticidas e a remoção obrigatória de plantas sintomáticas. É fundamental que os resultados das simulações possam ser visualizados de modo próximo à realidade do campo, para auxiliar seus usuários a perceber os padrões de propagação da doença e, conseqüentemente, propor novas ações de controle. Este trabalho apresenta as etapas de desenvolvimento e os resultados obtidos na construção de um visualizador 3D para o simulador HLB-MBI3, com o uso do software Blender. Esse software se mostrou uma ferramenta robusta, com baixa curva de aprendizado, desempenho aceitável e um ambiente de desenvolvimento amigável, com métodos para a implementação e a geração de vídeos para o usuário final.

Palavras-chaves: Greening, modelo baseado no indivíduo, simulação, Blender.

1 Bolsista CNPq (PIBIC): Graduação em Ciência da Computação, Unicamp, Campinas-SP; samuel.ns.souza@gmail.com

2 Orientadora, Pesquisadora da Embrapa Informática Agropecuária, Campinas-SP; sonia.ternes@embrapa.br

3 Pesquisador da Embrapa Informática Agropecuária, Campinas-SP

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



ABSTRACT – Controlling the spread of the disease known as citrus HLB is currently a major challenge for the Brazilian citriculture. Biomathematical tools have been developed by Embrapa to test, via computer simulations, different scenarios of disease control, considering various spatial configurations of orchards containing citrus and alternative hosts (myrtle, cashew, mango, rue) and management techniques, such as periodic application of insecticides and mandatory removal of symptomatic plants. It is essential that the results of the simulations can be visualized in a way that is close to the field reality, to help its users to understand the patterns of disease spread and, consequently, propose new control actions. This paper presents the development stages and the results achieved in the construction of a 3D viewer for HLB-MBI3 simulator, using the Blender software. This software proved to be a robust tool, with a low learning curve, acceptable performance, and a friendly development environment, with methods for implementing and generating videos for the end user.

Keywords: Greening, individual based model, simulation, Blender.

1. INTRODUÇÃO

A estimativa da safra de laranja do cinturão citrícola de São Paulo e Triângulo Mineiro para 2021/2022 é de 284,17 milhões de caixas de 40,8 kg (FUNDECITRUS, 2021). Dentre os desafios da citricultura nacional destaca-se a viabilidade econômica e a sanidade dos pomares, sendo a doença Huanglongbing (HLB) ou Greening sua principal ameaça, pois além de aumentar os custos de produção, também reduz a qualidade e a quantidade de frutos (BOVÉ, 2006). Causado pela bactéria *Candidatus Liberibacter asiaticus* e tendo como principal vetor de propagação no Brasil o psílídeo *Diaphorina citri*, o HLB é uma praga quarentenária, para qual não há controle curativo ou variedades resistentes. A praga foi identificada no país em meados dos anos 2000, está presente nos três principais estados produtores de citros (São Paulo, Minas Gerais e Paraná) e por lei as plantas sintomáticas necessitam ser removidas do pomar (BRASIL, 2021), causando grandes danos econômicos.

Desde 2011 a Embrapa desenvolve projetos para auxiliar a conter o avanço do HLB. Dentre as várias ações de pesquisa, ferramentas biomatemáticas têm sido desenvolvidas para testar, via simulações computacionais, diferentes cenários de controle da doença.



No âmbito do projeto “HLB Biomath fase 2” (BARBOSA, 2015) foi desenvolvido um simulador apoiado num modelo baseado no indivíduo (GRIMM; RAILSBACK, 2005) para avaliar *in silico* a dinâmica de propagação do HLB em condições similares aos pomares de citros do Recôncavo baiano. O simulador (HLB-MBI2) permite o teste de diferentes configurações espaciais de citros e murta (*Murraya paniculatus*), hospedeiro alternativo da *D. citri*, visando a análise ex-ante de configurações *push and pull* (atrator-repulsor). O simulador é composto por duas partes. A primeira (HLB-Model 1.0) realiza a chamada do modelo MBI, implementado em linguagem Python, a partir de um arquivo com os parâmetros de entrada do simulador. Os resultados do modelo são processados e são produzidos arquivos de dados que representam o estado epidemiológico das plantas do pomar a cada 10 dias de simulação. A segunda parte (HLB-Visual 1.0) é o software de visualização via web, desenvolvido em JavaScript. O software permite varrer em sequência todos os arquivos de dados correspondentes ao resultado do MBI, representando visualmente o espalhamento do vetor e a conseqüente contaminação do pomar. Por meio das simulações verificou-se não haver diferenças significativas na dinâmica de propagação da doença nos pomares contendo só citros em comparação com aqueles contendo diferentes configurações espaciais de citros e murta.

Em 2019 teve início o projeto “HLB Biomath fase 3” (BARBOSA, 2019), que contempla a evolução do simulador HLB-MBI2 para possibilitar o teste de novas estratégias de *push and pull*, considerando configurações espaciais de pomares contendo plantas interferentes repelentes (murta, manga e caju) e atraente (arruda), além de considerar o uso de inseticidas a cada 15 dias e a entrada diária de novos vetores no pomar. Além disso, faz-se necessária a modernização de tecnologias usadas na primeira versão do simulador, de modo a oferecer ao usuário uma forma de visualização mais eficiente e intuitiva dos resultados dos diversos cenários de simulação, para facilitar a identificação e seleção de configurações de plantio mais promissoras para o controle do HLB.

Assim, este trabalho apresenta os avanços relativos ao uso do Blender (BLENDER..., 2021) como ferramenta de visualização 3D do simulador HLB-MBI3 em desenvolvimento no escopo do projeto “HLB Biomath fase 3”.

2. MATERIAL E MÉTODOS

No âmbito dos projetos “HLB Biomath fase 2” e “HLB Biomath fase 3” foram desenvolvidos simuladores computacionais compostos por duas partes: modelo MBI (HLB-Model) e visualizador

dos resultados (HLB-Visual). A Figura 1 apresenta o esquema de interação via arquivos entre o HLB-Model e o HLB-Visual.

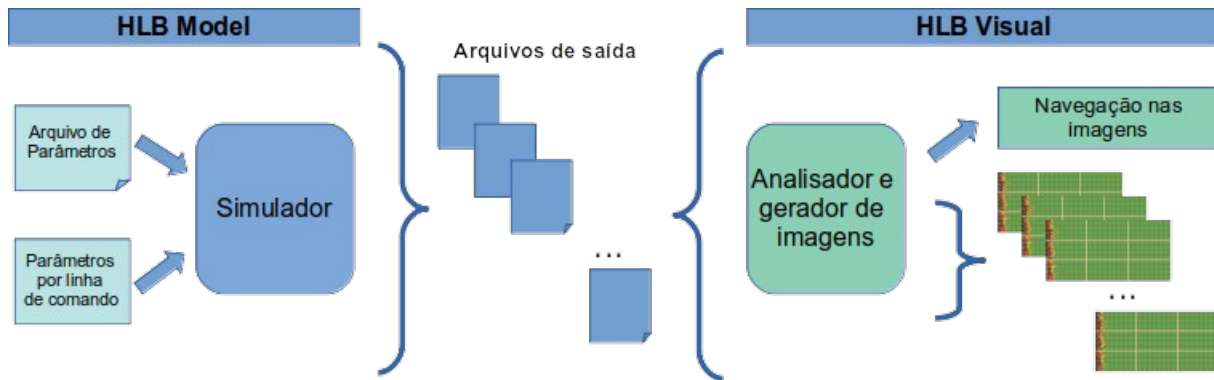


Figura 1 - Interação entre o HBL-Model e o HLB-Visual.

O HLB-Model pode ser executado por linha de comando e recebe os parâmetros de entrada diretamente por linha de comando ou por meio de um arquivo. A Tabela 1 apresenta os parâmetros de entrada que o usuário pode escolher para a simulação. A execução do HLM-Model gera como resultado uma série de arquivos textuais devidamente formatados, que contém informação sobre o estado epidemiológico de cada hospedeiro do pomar. O número de arquivos gerados pelo HLB-Model depende do tempo de simulação total escolhido pelo usuário e retrata, sequencialmente, a situação do pomar a cada 10 dias de simulação. Assim, para um ano de simulação são gerados 36 arquivos, para 2 anos são 72 arquivos e assim sucessivamente.

O HLB-Visual, por sua vez, processa os arquivos de saída do HLB-Model e produz imagens em 2D para cada um dos arquivos, na mesma sequência, e os organiza para visualização no navegador web. As imagens são visualizadas uma a uma ou numa sequência, por meio de instruções JavaScript.

As imagens produzidas pelo HLB-Visual, construídas para representar os resultados numéricos contidos nos arquivos gerados pelo HLM-Model, representam os hospedeiros como círculos e usam cores distintas para mimetizar o estado epidemiológico da planta. O pomar é composto por 9 talhões (20x42 plantas cada) e os carregadores que separam os talhões também são representados por uma cor específica.



Tabela 1. Parâmetros de entrada para o HLB-Model

Parâmetro	Valores
Cenário do pomar	Somente Citros, Citros com murta
Modo de simulação	Simple ou Mult
Tempo de simulação (anos)	1, 2 ou 5 anos
Tempo de latência	30 ou 60 dias
Tempo de incubação	Número entre 60 e 180 dias
Quantidade inicial de insetos	Número entre 0 e 1000
Quantidade inicial de insetos na imigração diária	Número entre 0 e 1000
Fração de insetos migrantes bacterilíferos	Número entre 0.001 e 0.3
Probabilidade de detecção de sintomáticas	0 ou 0.476
Aplicação de pesticida	0 - não; 1 - sim
Largura do carreador	1 ou 2

A Figura 2 apresenta exemplo de tela de uma simulação e mostra de maneira simples os componentes da interface: uma seção para visualização do pomar, uma seção para navegação entre os vários períodos da simulação, opção para apresentar o pomar completo ou apenas o talhão alvo, os valores dos parâmetros utilizados e a legenda do estado epidemiológico das plantas.

O HLB-Visual na atual versão se mostrou eficaz como ferramenta básica para a visualização dos resultados de simulação, tanto por representar em imagens a situação epidemiológica do pomar em cada momento estabelecido (10 dias), como por permitir acompanhar as cenas na sequência, mimetizando a dinâmica de propagação do HLB no pomar, conforme os parâmetros de simulação escolhidos pelo usuário.

Entretanto, como toda ferramenta em desenvolvimento, faz-se necessário evoluir e incorporar novos requisitos ao modelo, novos recursos computacionais e atualizar a plataforma tecnológica. Nesse sentido, um dos principais recursos a serem explorados é visualizar o efeito do HLB no pomar da forma mais real possível, permitindo que o usuário perceba a dinâmica de propagação considerando o espaço tridimensional, da mesma forma como seria no pomar.

Portanto, um dos requisitos de evolução do HLB-Visual é a incorporação de recursos para visualização 3D.

HLB Biomath3 - Simulador MBI

Mapa da dinâmica de infecção

Embrapa - v. 3.0 - 2021

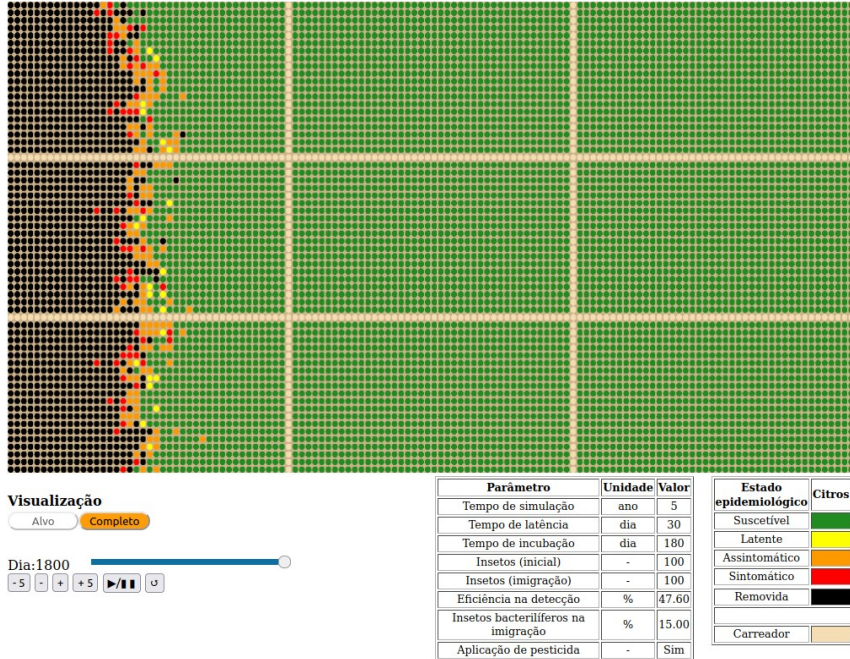


Figura 2 - Tela do resultado de uma simulação no dia 1800.

Uma alternativa que se mostrou promissora para atender esse novo requisito foi a utilização do Blender, um software de código aberto aplicado principalmente para a construção de jogos e animações 3D, com suporte à modelagem, renderização e edição de vídeo, dentre outras funções. Por ser uma ferramenta gratuita possui uma ampla comunidade de usuários ativa, com fóruns onde as funcionalidades do software são exploradas e explicadas por desenvolvedores mais experientes. Além disso, vários objetos já modelados anteriormente por usuários e empresas possuem licença gratuita ou com preço mais acessível do que os softwares de modelagem concorrentes, o que acaba por facilitar várias etapas na produção de um determinado projeto. É importante destacar ainda que o Blender possui integração com o Python, que pode ser utilizado por meio de métodos externos ao programa, o que permite manter uma das principais funcionalidades da versão anterior: a facilidade de execução do HLB-Visual por meio de linha de comando.



O método de aprendizagem e desenvolvimento com o uso Blender foi composto de várias etapas, desde a configuração de iluminação e ângulos de câmera para se exportar o vídeo, até a automatização do processo por meio de instruções em Python. Desse modo, a metodologia de trabalho adotada é interativa e incremental, iniciando os testes num cenário menos complexo (pomar reduzido, de dimensão 4x4, com 16 plantas no total) até um cenário de maior complexidade (pomar completo, com 7.560 plantas). A primeira etapa priorizada foi a implementação da leitura dos arquivos de saída do HLB-Model por meio de métodos do ambiente de desenvolvimento do Blender, assim como a execução de testes para saber se os métodos são executáveis por linha de comando, requisito necessário para a automação. Quando o primeiro pomar reduzido atendeu a todos os requisitos iniciais e foi exportado corretamente em um arquivo de vídeo, as próximas etapas de expansão e suas prioridades foram sendo definidas e priorizadas.

Para a montagem dos cenários de simulação foi utilizado o sistema operacional Linux Ubuntu Desktop na versão 20.04 (Focal Fossa). O software Blender utilizado está na versão 2.93.0. Todos os testes de tempo de execução e performance da nova versão denominada HLB-Visual 2.0 foram realizados em uma máquina contendo as configurações presentes na Tabela 2.

Tabela 2. Configurações da máquina utilizada para a montagem e execução dos cenários.

Componente	Especificação
Processador	i5-8400 Coffee Lake
GPU	GTX 1060 6GB DDR5
Memória RAM	16GB DDR4

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Conforme o planejamento descrito na seção anterior foi construído no Blender, de forma manual, o cenário para um pomar reduzido com apenas 16 árvores, apresentado na Figura 3. O objetivo foi explorar todos os recursos necessários em um projeto mais reduzido e analisar a viabilidade, dificuldade para construção, recursos computacionais necessários e desempenho.

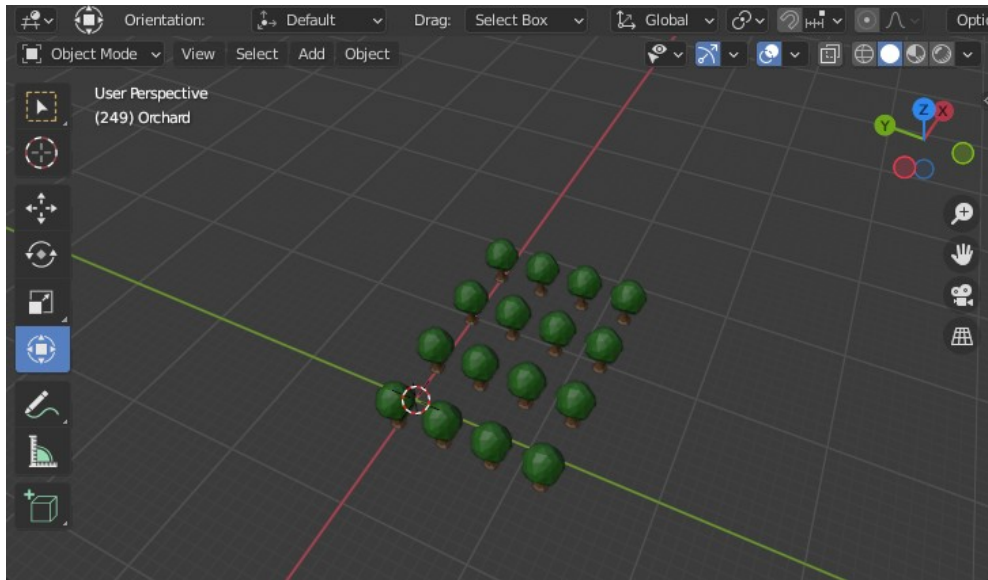


Figura 3: Pomar reduzido montado para testes.

Após esta etapa os esforços se concentraram na automação do processo de geração do pomar, utilizando os arquivos de dados exportados pelo HLB-Model. Dessa forma, iniciou-se a escrita do primeiro programa em Python elaborado no ambiente do Blender, apresentado na Figura 4, para produzir de forma automatizada o pomar 3D a partir de um único objeto de árvore usado como modelo, respeitando o espaçamento padrão entre cada planta.

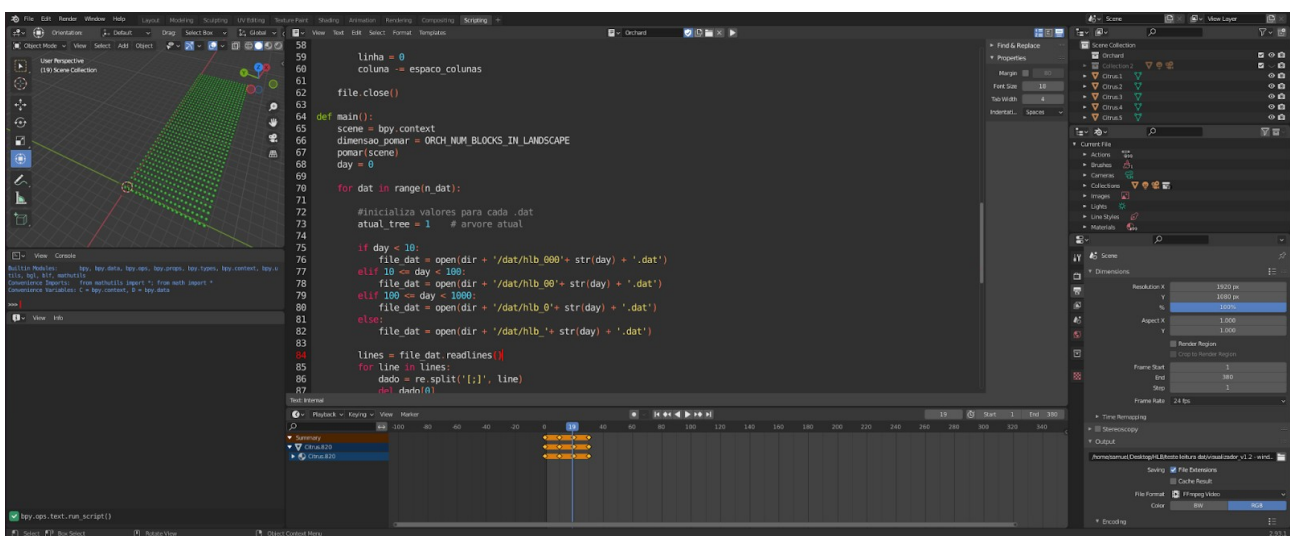


Figura 4: Ambiente de desenvolvimento do Blender e programa de montagem automática do pomar.

Após a geração automática do pomar o programa foi evoluído para automatizar a leitura dos arquivos de saída do HLB-Model. A partir deste momento foi possível explorar a mudança de cores da árvore correspondente ao estado epidemiológico da planta.

A etapa seguinte foi a geração do talhão de citros na dimensão 4x4, com uma transição simples entre hospedeiro saudável e removido (citros), nas cores verde e preta, para representar possíveis estados epidemiológicos. Além disso, os dados das mudanças de estado foram provenientes de arquivos no formato de saída do HLB-Model, porém em escala reduzida. Por último, foi possível exportar, por linha de comando e diretamente do terminal Linux, um vídeo *.mkv* com 40 *frames*. Como citado anteriormente, a câmera e a iluminação foram pré-definidas no arquivo de configuração do Blender antes da execução do programa. A expansão desse pomar pode ser observada na Figura 5, que mostra o dia 270 de uma simulação real do HLB-Model para um talhão completo com 840 plantas.

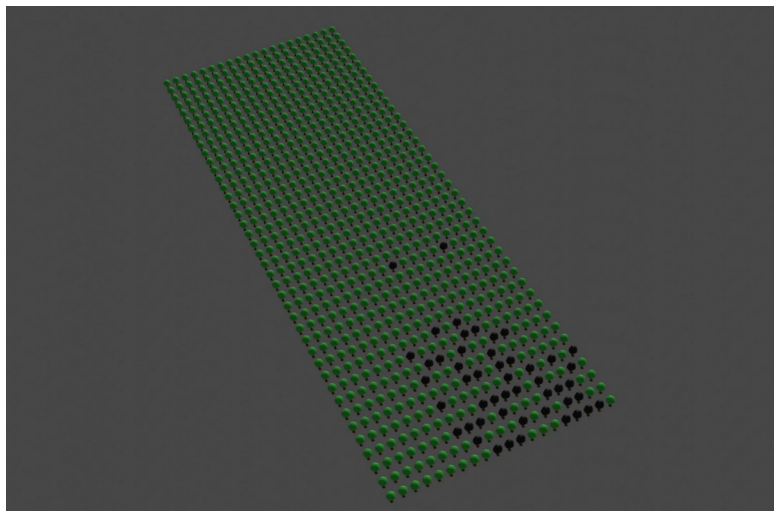


Figura 5: *Frame* referente ao dia 270 da simulação de um talhão com dimensão 20x42.

Com os resultados obtidos o passo seguinte foi gerar o pomar completo, com 9 talhões, na dimensão 62 x 128 e um total de 7.560 árvores. Um total de 380 *frames* foi gerado, com 36 arquivos de dados correspondente a 1 ano de simulação produzida pelo HLB-Model, refletindo a dinâmica real de um pomar completo. A Figura 6 mostra a geração automatizada do talhão completo no Blender.

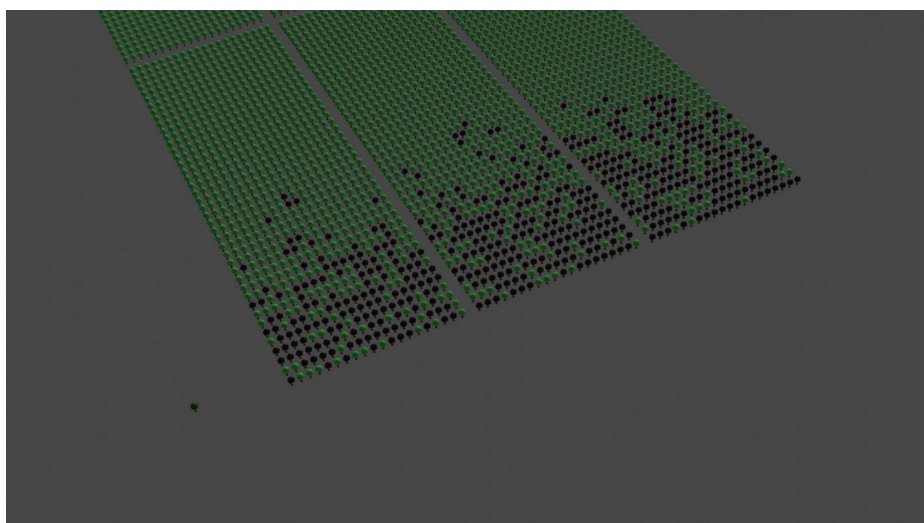


Figura 6: *Frame* referente ao último dia da simulação de um pomar com dimensão 62 x 128.

A Tabela 3 apresenta os tempos de execução para os vários cenários de simulação mostrados nas figuras 3, 5 e 6, com o objetivo de mensurar a necessidade da capacidade de processamento e estimativa de tempo para a produção de vídeos. Apesar de se observar uma diferença de tempo considerável entre cada simulação, todos os vídeos foram produzidos sem problemas identificados no ambiente de desenvolvimento do Blender, indicando uma robustez necessária para a continuidade do trabalho usando esta tecnologia.

Tabela 3. Tempo de execução para cada simulação

Pomar	Arquivos de dados	Frames	Tempo para geração de um <i>frame</i>	Tempo total
4x4	4	40	1s53ms	1m04s
20x42	4	40	5s06ms	1m48s
20x42	37	380	5s02ms	33m37s
62x128	37	380	13s02ms	1h32m07s



4. CONCLUSÃO

Com base nos resultados obtidos pode-se afirmar que a utilização da modelagem 3D como forma de visualização para o simulador HLB-MBI3 apresenta-se promissora. O Blender se mostrou uma ferramenta robusta para esse propósito, com todo suporte para produção de vídeos em diferentes cenários, sempre mantendo a automação necessária com um desempenho aceitável para o projeto. Além disso, a escolha do Blender como base para o HLB-Visual 2.0 contribuiu para a agilidade de desenvolvimento, uma vez que sua comunidade de desenvolvedores e usuários é ativa, presente em diversos fóruns e sites, e disponibiliza uma grande quantidade de informação, o que auxilia na redução da curva de aprendizado da ferramenta.

Atualmente, toda vez que o HLB-Visual 2.0 é executado, há uma transição de 10 *frames* entre cada representação de um arquivo de saída do HLB-Model, o que reflete em uma animação mais fluida na visualização da simulação. Entretanto, como cada *frame* adicionado demanda capacidade de processamento há um aumento no tempo de geração do vídeo. Sendo assim, a melhor configuração entre custo de processamento e melhora visual vem sendo estudada, além de outras formas de otimização do código atual, que terão impacto nas próximas versões. A estrutura de mudança de cores para representar os estados epidemiológicos dos hospedeiros está implementada de modo a permitir evoluções futuras com o menor número de modificações possíveis no programa. Além disso, alguns ajustes de câmera precisam ser explorados para os cenários maiores, como por exemplo o uso de mais de uma câmera para cada cenário. Outra alternativa seria movimentar a câmera enquanto as plantas vão sendo removidas no pomar, permitindo ao usuário acompanhar facilmente a dinâmica de propagação da doença no pomar.

Além do desenvolvimento e dos testes com as configurações abordadas neste trabalho, outras formas de montagem e edição da paisagem no Blender estão sendo avaliadas para permitir a otimização ou melhorias visuais. Dessa maneira, novos objetos e formas de representação das plantas estão sendo estudados como, por exemplo, animações de remoção de um hospedeiro infectado.

Por fim, é importante ressaltar que essa nova versão do HLB-Visual foi apresentada aos especialistas do domínio que participam do projeto “HLB-Biomath fase 3”, os quais se mostraram extremamente satisfeitos com os resultados já obtidos nesta versão, validando a proposta inicial de inclusão do requisito de visualização 3D no simulador HLB-MBI3, com destaque para o impacto positivo desta funcionalidade para o usuário final do simulador.



5. AGRADECIMENTOS

Ao CNPq pelo suporte financeiro (PIBIC - Processo 125278/2020-9).

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 concluído: BioMath2.

BARBOSA, F. F. L. **HLB BioMath fase 3: biomatemática aplicada à otimização de tecnologias de interposição de barreiras, modificação microambiental e exclusão para manejo do Huanglongbing dos citros**. Cruz das Almas: Centro Nacional de Pesquisa de Mandioca e Fruticultura, 2019. 40 p. (Embrapa. Tipo II – Desenvolvimento e Validação - Código SEG 20.18.03.044.00.00). Projeto em andamento: HLB BioMath 3.

BLENDER 2.93 LTS is here! An incredible closure to a series 20 years in the making. Disponível em: <<https://www.blender.org/>>. Acesso em: 12 jun. 2021.

BOVÉ, M. J. Huanglongbing: a destructive, newly-emerging, century-old disease of citrus. **Journal of Plant Pathology**, n. 88, v. 1, p. 7–37, 2006. DOI:10.4454/jpp.v88i1.828.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e do Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. Portaria nº 317, de 21 de maio de 2021. Institui o Programa Nacional de Prevenção e Controle à doença denominada Huanglongbing (HLB) – PNCHLB, e dá outras providências. **Diário Oficial da União**, Brasília, DF, 25 maio 2021. Seção 1, p. 17.

FUNDECITRUS. **Estimativa da Safra de Laranja Parque Citrícola de São Paulo e Triângulo/Sudoeste Mineiro**. Disponível em: <<https://www.fundecitrus.com.br/pes/estimativa>>. Acesso em: 28 jun. 2021

GRIMM, V; RAILSBACK, S.F. **Individual-based modeling and ecology**. Princeton: Princeton University Press, 2005. 448 p. (Princeton series in theoretical and computational biology).