



A IMPORTÂNCIA DO AJUSTE FINO DE DISTRIBUIÇÕES DE PROBABILIDADE EM MODELOS BASEADOS NO INDIVÍDUO

Matheus Mendes **Galvão**¹; Francisco Ferraz Laranjeira **Barbosa**²; Sônia **Ternes**³

Nº 18602

RESUMO – O Huanglongbing (HLB) é atualmente a principal doença para a citricultura mundial e no Brasil ela é transmitida principalmente pelo inseto vetor *Diaphorina citri*. A Embrapa vem realizando estudos para compreender o patossistema HLB – *D. citri* – citros, fazendo uso de modelos matemáticos computacionais seguindo a abordagem da modelagem baseada no indivíduo (MBI). Num MBI é possível representar as características de cada indivíduo da população e seus processos (nascimento, reprodução, morte, estados epidemiológicos), os quais evoluem estocasticamente e discretamente no tempo. O ajuste de distribuições de probabilidade e a garantia da aleatoriedade nos processos do modelo são muito importantes em um MBI, uma vez que o comportamento final da população emerge a partir das ocorrências associadas a cada um dos indivíduos que a compõe. No MBI desenvolvido pela Embrapa foi verificado uma grande sensibilidade do modelo com relação à distância de voo do inseto vetor em simulações representando as condições de pomares no Recôncavo baiano. Neste trabalho são descritas as alternativas usadas no projeto para melhor estimar a distribuição de voo da *D. citri*, com base na literatura e em dados recentes obtidos em experimentos realizados no âmbito do projeto. O ajuste realizado neste trabalho permitiu a obtenção de um modelo mais realista para as condições dos pomares do Recôncavo baiano.

Palavras-chaves: MBI, distribuições de probabilidade, modelagem matemática, Huanglongbing, citricultura.

1 Autor, Bolsista CNPq (PIBIC): Graduação em Estatística, UNICAMP, Campinas-SP; matheusmendesgalvao@gmail.com.

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

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



ABSTRACT – *Citrus HLB is currently the main disease for the citriculture worldwide, and in Brazil it is mainly transmitted by the insect vector *Diaphorina citri*. Embrapa has been carrying out studies to understand the HLB - *D. citri* - citrus pathosystem, making use of computational mathematical models following the approach of the individual-based modeling (IBM). In an IBM it is possible to represent the characteristics of each individual of the population and their processes (birth, reproduction, death, epidemiological states), which evolve stochastically and discretely in time. The adjustment of probability distributions and the assurance of randomness in the model processes are very important in an MBI, since the final behavior of the population emerges from the occurrences associated with each one of the individuals that compose it. In the IBM developed by Embrapa it was verified a great sensitivity of the model with respect to the flight distance of the insect vector in simulations representing the conditions of orchards in the Bahia Recôncavo. This work describes the alternatives used in the project to better estimate the *D. citri* flight distribution, based on literature and recent data obtained from experiments carried out under the project. The adjustment made in this work allowed to obtain a more realistic model for the conditions of the orchards of the Bahia Recôncavo.*

Keywords: IBM, probability distributions, mathematical modeling, Huanglongbing, citriculture.

1. INTRODUÇÃO

A modelagem baseada no indivíduo (MBI) passou a ser utilizada na década de setenta, porém obteve seu reconhecimento apenas em meados dos anos oitenta, com publicações de grande impacto na época e com o constante avanço da capacidade de processamento dos computadores (Giacomini, 2007).

Em um MBI cada indivíduo da população em estudo é representado explicitamente e possui características e comportamentos que evoluem estocasticamente e discretamente no tempo (nascimento, morte, reprodução, migração, estado epidemiológico, etc), em contraposição aos modelos determinísticos clássicos contínuos no tempo, onde as características da população são representadas pelos valores médios de seus indivíduos. Além disso, a abordagem MBI permite representar facilmente a influência da localização espacial (área de plantio, efeito de borda, etc) na dinâmica das populações em estudo.



O ajuste de distribuições de probabilidade, fundamentado adequadamente a partir de dados biológicos, é de extrema importância em um MBI. Como o comportamento final da população emerge a partir das ocorrências associadas a cada um dos indivíduos que a compõe, é fundamental garantir a aleatoriedade para que o modelo não impute tendências incorretas ao resultado final.

A Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) (Laranjeira *et al.*, 2015) vem desenvolvendo um MBI para auxiliar no estudo da dinâmica de propagação espaço-temporal do HLB do citros, que é atualmente a maior ameaça para a citricultura mundial, e em especial para os produtores desta cultura no Brasil (Bové, 2006). O HLB é causado pela bactéria *Candidatus Liberibacter ssp.* e no Brasil seu principal inseto vetor é o psílideo *Diaphorina citri* (Hemiptera: Liviidae).

No MBI em desenvolvimento pela Embrapa verificou-se grande sensibilidade do modelo ao parâmetro relacionado à distância de voo do inseto vetor da doença.

O objetivo deste trabalho é descrever o processo de ajuste da distribuição de probabilidade referente ao parâmetro de alcance de voo do inseto *D. citri*, com base em dados coletados em experimentos em áreas de plantio do Recôncavo Baiano, a partir do estudo realizado por Kobori *et al.* (2011), onde o alcance de voo da *D. citri* foi analisado de forma a condizer com a realidade dos pomares de citros japoneses.

2. MATERIAL E MÉTODOS

O MBI desenvolvido pela Embrapa para avaliar a dinâmica espaço-temporal do HLB do citros em pomares onde há presença de hospedeiro alternativo (murta) em diferentes proporções considera três populações no sistema: o inseto vetor na fase ninfa; o inseto vetor na fase adulta e o hospedeiro (citros e/ou murta). Para representar o pomar de citros, o modelo computacional é composto por nove talhões (formando uma matriz 3x3, com o talhão alvo localizado ao centro), e cada talhão possui uma dimensão de 20x42 plantas, com espaçamento 4x6m entre plantas, totalizando 840 plantas por talhão e 7.560 plantas no total.

A simulação se inicia com uma quantidade pré-determinada de insetos localizados aleatoriamente nas duas primeiras fileiras dos talhões da esquerda e todas as plantas em estado “sucessível” (sadias). A quantidade de insetos no sistema, bem como a proporção de insetos com



infecção primária, são definidos pelo usuário. A cada passo de simulação (dia) os insetos tomam “decisões” sobre voo, reprodução e morte de acordo com determinadas probabilidades. Tais “decisões” afetam a dinâmica de propagação da doença, alterando o estado epidemiológico das plantas e dos insetos do sistema.

O problema em estudo envolve diferentes escalas de tempo nas populações (geração da população de insetos em dias x perenidade da cultura de citros em anos). Por isso, uma pequena variação num parâmetro biológico relacionado a um indivíduo pode levar a uma grande variação na dinâmica final da doença em estudo ao longo do tempo. Isso foi observado na execução das primeiras simulações, quando os resultados preliminares mostraram a sensibilidade do modelo com relação à dinâmica de voo dos insetos.

Tendo como base o trabalho de Kobori *et al.* (2011) foi ajustada inicialmente uma distribuição exponencial com média 5,52m para o alcance de voo do inseto vetor. Com o decorrer do projeto novos estudos em campo foram realizados (Argôlo, 2018), os quais, apesar de não medirem diretamente o alcance de voo dos insetos, fornecem subsídios para entender o comportamento do inseto relativo à sua tomada de decisão de voar ou não, que necessitam ser considerados no ajuste deste parâmetro.

Argôlo (2018) verificou que dos insetos que voam 88% não chegam até a próxima planta (permanecem no mesmo hospedeiro) e 12% voam entre 4 e 18m. Assim, experimentos computacionais foram realizados em Python para se chegar a um ajuste da distribuição exponencial para representar adequadamente essa proporção no parâmetro de voo a partir das curvas iniciais obtidas por Kobori *et al.* (2011). Para tal foram utilizadas as bibliotecas do Python denominadas *numpy*, *random* e *matplotlib*, e testes com a distribuição exponencial com diferentes parâmetros de entrada, até ser encontrado o mais apropriado para representar o padrão obtido por Argôlo (2018).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O programa em Python indicou que o valor de 2,8m era o mais apropriado para modelar o parâmetro de voo do inseto vetor.

Com apenas esse ajuste no alcance de voo da *D. citri*, as simulações mostram que a velocidade de dispersão do HLB diminuiu consideravelmente, apresentando valores mais condizentes com o observado para a doença em condições reais.

A Figura 1 ilustra as curvas exponenciais obtidas para o primeiro ajuste considerando apenas o estudo de Kobori et al. (2011), com a média 5,52m, e para o ajuste final com a média 2,8m, que representa mais adequadamente a realidade dos campos de citros no Recôncavo baiano.

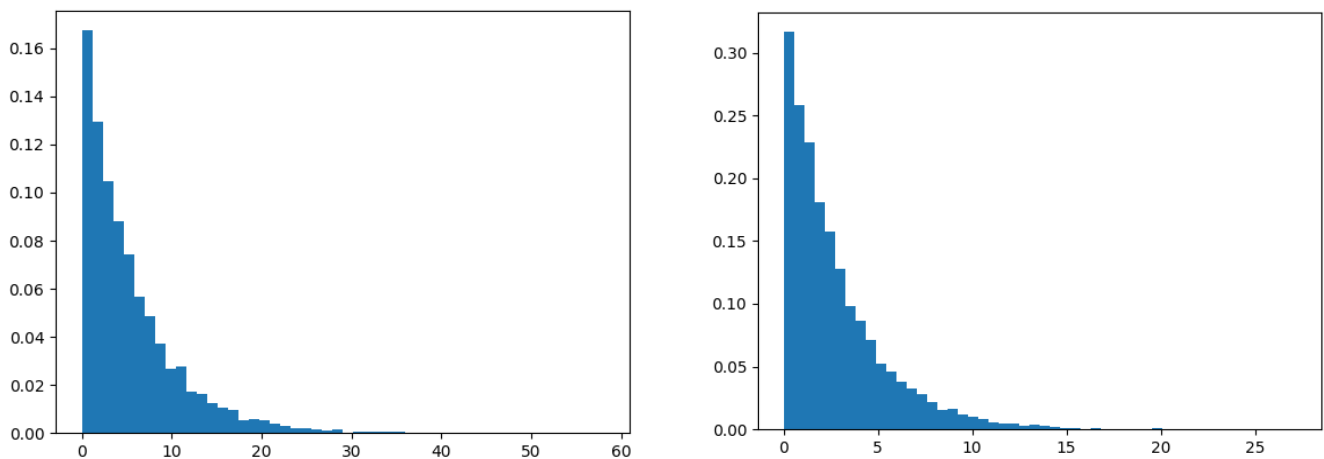


Figura 1. Curva exponencial para ajuste da distribuição de voo do inseto vetor: à esquerda curva exponencial com média 5,52m e à direita curva exponencial com média 2,8m. Eixo das abcissas corresponde à distância do alcance de voo em metros.

4. CONCLUSÃO

Após o ajuste com base nos experimentos de Argôlo (2018) constatou-se que a alteração da média da curva exponencial referente à distância de voo do inseto foi de grande importância para os resultados do projeto HLB-BioMath2. O ajuste fino realizado permitiu a obtenção de um modelo mais realista para as condições dos pomares do Recôncavo baiano.

Portanto, é possível concluir que um Modelo Baseado no Indivíduo, apesar de mais complexo para sua concepção e implementação, permite observar mais precisamente cada indivíduo da população e, como consequência, o impacto pontual dos processos envolvidos no patossistema em estudo como, por exemplo, a influência do alcance de voo do inseto vetor.



Assim, no MBI, uma pequena alteração no parâmetro de uma distribuição de probabilidade de um processo executado por um indivíduo pode trazer uma enorme diferença no comportamento final da população. Vale ressaltar que em contraposição, no modelo matemático clássico (baseado em equações diferenciais) o enfoque do ajuste dos parâmetros está focado nos valores do comportamento médio da população, o que minimiza possíveis erros de ajustes de parâmetros.

Outros testes de campo e cenários de simulação tem sido criados para finalização do ajuste dos parâmetros do modelo MBI.

5. AGRADECIMENTOS

Ao CNPq pelo suporte financeiro (PIBIC - Processo 161156/2017-7).

6. REFERÊNCIAS

ARGÔLO, R.S. Dispersão de *Diaphorina citri*, Vetor do HLB dos citros, em microcosmos e comportamento migratório entre plantas hospedeiras e interferentes. **Dissertação em Microbiologia Agrícola (UFRB)**, 2018.

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

GIACOMINI, H. C. Sete motivações teóricas para o uso da modelagem baseada no indivíduo em ecologia. **Acta Amazonica** 37(3): 431 – 446, 2007.

KOBORI, Y.; NAKATA, T.; OHTO, Y.; TAKASU, F. Dispersal of adult Asian citrus psyllid, *Diaphorina citri* Kuwayama (Homoptera: Psyllidae), the vector of citrus greening disease, in artificial release experiments. **Applied Entomology and Zoology** 46(1): 27-30, 2011.

LARANJEIRA, F. F. et al. HLB BioMath fase 2: abordagem bio-matemática como suporte a 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.