

CONSTRUÇÃO DE ROTINA COMPUTACIONAL PARA MONITORAMENTO DE PRAGAS AGRÍCOLAS

Augusto dos Santos Freitas

asfisfsa@yahoo.com.br

Antônio Marcos Silva de Lima

maiksueu@gmail.com

Daiane Pereira Santos

daiane.mat@hotmail.com

Iranildes Silva Melo Neto

Iranildesneto@gmail.com

Resumo: O estudo da propagação de pragas agrícolas ou de processos epidêmicos vem crescendo nos últimos anos, motivado principalmente pelo potencial de aplicação dos resultados obtidos na determinação dos parâmetros importantes para a caracterização da propagação de pragas e ou doenças infecciosas. Algumas dessas pesquisas obtiveram como resultado interessante a semelhança entre tais processos e aqueles que governam, por exemplo, a disseminação de informação num grupo de indivíduos, pragas agrícolas ou a propagação de vírus de computador em redes, a exemplo da *web*. Neste trabalho foram utilizados dois modelos de equações diferenciais, os modelos S.I.R e S.I.S.. O ponto de partida foi a resolução das equações diferenciais associadas aos modelos por meio do *software* livre (licença GNU) Octave, sendo que os resultados obtidos foram comparados aos disponíveis relacionados à disseminação de doenças e pragas agrícolas. Em seguida foi desenvolvida rotina computacional em GNU/Octave para monitorar a evolução de pragas com o objetivo de evitar ou diminuir danos causados pelo processo de infestação de determinada lavoura. Aqui foram descritas teoricamente curvas epidêmicas (evolução do número de infectados como função do tempo), através da resolução numérica de equações diferenciais não lineares e comparados os resultados obtidos com dados disponíveis sobre o número de casos de doenças.

Palavras-Chave: Modelo S.I.R.; modelo SIS; propagação de pragas; epidemias.

INTRODUÇÃO

O contato entre indivíduos (pessoas, animais, plantas, etc) infectados pertencentes a um determinado grupo ou população é o principal fator de desencadeamento de processos epidêmicos, ou seja, que envolvem a disseminação de determinadas doenças infecciosas ou pragas. Tais indivíduos, de uma maneira simplificada, podem ser divididos entre aqueles suscetíveis à contaminação (os que ainda não desenvolveram a moléstia, mas podem vir a desenvolvê-la), os já contaminados e os que, após o período em que a infecção se mantém instalada nos mesmos, ou conseguiram se recuperar ou morreram. Apesar de desprezar diversas peculiaridades no que diz respeito à transmissão da doença por meio do contato entre os indivíduos ou mesmo devido a fatores externos, é possível se ter uma visão geral de como esses processos evoluem com o tempo.

Para o presente trabalho foram utilizadas como ferramentas equações diferenciais para modelar o problema dos casos de pragas agrícolas e de doenças infecciosas. A razão pelo uso dessa ferramenta matemática é que ela permite observar a evolução de um sistema

Os modelos utilizados nesse estudo foram o S. I. R. (Suscetíveis, Infectados e Removidos/Recuperados) o qual leva em

conta a variação de indivíduos do grupo com o passar do tempo de acordo o estado da sua saúde; e o S. I. S. (Susceptíveis, Infectados e Susceptíveis). O modelo S.I.R., por exemplo, foi descrito por Kermack e Mckendrick em 1927 (BARROS, 2013).

O modelo utilizado aqui toma como base tal simplificação e é conhecido como modelo S. I. R. - cuja sigla significa Suscetíveis, Infectados e Removidos (recuperados ou mortos) – com nascimentos e mortes e em sua primeira versão um número fixo para a população, sem levar em conta a quantidade de nascimento/mortes. As funções que representam os indivíduos suscetíveis, $S(t)$, infectados, $I(t)$, e removidos/recuperados, $R(t)$, relacionam-se com suas respectivas taxas da variação temporal a partir do sistema de equações diferenciais:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta SI + \mu(N - S) \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I - \mu R \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R\end{aligned}$$

Equação 1: Sistema de equações diferenciais a ser resolvido para determinação das grandezas de interesse no modelo S. I. R.. em que N é número de indivíduos num tempo t , β é o número de contaminações por unidade de tempo, γ é a taxa de recuperação média ($1/\gamma$ é o período em que a infecção se mantém) e μ é a taxa de nascimentos/mortes, sendo que as funções $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$ obedecem à seguinte condição:

$$S+I+R=1$$

Nesse modelo há as seguintes classificações: Suscetíveis, $S(t)$: O indivíduo que pode ser contaminado; Infectados, $I(t)$: O indivíduo que possui a doença e que pode transmiti-la; Removidos/recuperados, $R(t)$: O individuo recuperado e imune ou aquele que morreu após ser infectado. Nas equações as constantes “ β ” e “ γ ” representam a taxa de infecção e a taxa de recuperação,

respectivamente e “ μ ” a taxa de nascimento/mortes, em que “ N ” é o número de indivíduos.

Este modelo é apropriado para doenças que se espalham rapidamente e que conferem imunidade aos sobreviventes [5], mas pode, sem perda de generalidade, ser utilizado para descrever a instalação de pragas agrícolas ou disseminação de vírus de computadores em redes das mais variadas topologias, por exemplo, já que os processos de propagação, da doença ou informação, são muito parecidos. Há outros modelos que levam em conta diferenças entre os mecanismos de propagação ou mesmo uma maior complexidade na interação dos indivíduos, mas não serão tratados neste trabalho.

Para resolver o sistema de equações diferenciais (1) de forma a chegar numa solução numérica aproximada que possa apresentar o gráfico das funções $S(t)$, $I(t)$ e $R(t)$ foi necessário utilizar uma rotina computacional em linguagem *Octave* implicando na necessidade de aprofundamento e melhor manejo dessa ferramenta computacional. O modelo S.I.S. é descrito pelas duas primeiras das equações em (1), sem o termo correspondente ao número de indivíduos recuperados com função do tempo ($R(t)$).

O software *Octave* é de fácil acesso por ser de distribuição livre, seguindo os padrões de distribuição da *General Public License (GNU)* e carrega diversas utilidades, entre elas a de solucionar sistemas de equações diferenciais.

A coleta de informações sobre casos diários, semanais ou mensais de determinada infecção em seres humanos, animais ou lavouras é um importante indicador da disseminação ou não de uma praga ou epidemia, como mostra o trabalho de Generous *et al* (2014). Os autores mostraram (*ibid.*) que é possível prever a ocorrência de determinadas epidemias somente analisando buscas sobre termos relacionados às doenças disseminadas via *sites* de busca. O que se pretende neste trabalho é construir uma rotina ou *software* computacional que automatize esse processo, atuando como um

sistema virtual de monitoramento com vistas a prevenir a ocorrência de doenças e, mais especificamente, pragas agrícolas.

Há carência de sistemas de monitoramento no Brasil, um país cuja produção agrícola ocupa lugar de destaque no produto interno bruto (PIB), o que demonstra a emergência de ações que venham a corrigir esse problema. Não há, por exemplo, sistemas de busca disponíveis a qualquer cidadão brasileiro que queira informações sobre casos de disseminação de pragas agrícolas, muito embora poucas são fontes de acesso a tal informação até mesmo pelos pesquisadores. Ao propor o desenvolvimento e registro de rotina/*software* computacional pretende-se aqui ocupar essa lacuna.

O presente projeto tem por objetivo simular computacionalmente, através dos modelos epidêmicos conhecido por S. I. R. (Suscetível – Infectado – Removido) com nascimentos e mortes, a propagação de doenças infecciosas num conjunto composto por N indivíduos distintos, porém com igual probabilidade de contrair e transmitir a doença. Pretende-se aplicar os resultados obtidos ao estudo da ocorrência de pragas em plantações, disseminação de vírus em redes de computadores, propagação de informações numa população e epidemia de doenças.

MATERIAL E MÉTODOS

O modelo S. I. R. para estudo sobre a propagação de doenças infecciosas foi criado para simular situações em que a população total varia de acordo com o número de nascimentos/mortes (μ) e é dividida em três segmentos básicos: o de indivíduos sensíveis à contaminação, S; indivíduos infectados, I; e indivíduos cuja infecção foi removida, R. Além dessas informações, há outros dois parâmetros que são de suma importância para a correta previsão de uma possível contaminação em larga escala, passível de atingir a maior parte de indivíduos

que compõem o conjunto populacional considerado. Tais parâmetros são o número de contaminações por unidade de tempo (β) e o período em que a infecção se mantém num indivíduo ($1/\gamma$). É a variação desses dois parâmetros que irá determinar a ocorrência ou não da epidemia ou o estabelecimento de pragas agrícolas.

Para a simulação desses modelos, foram seguidos os passos listados abaixo:

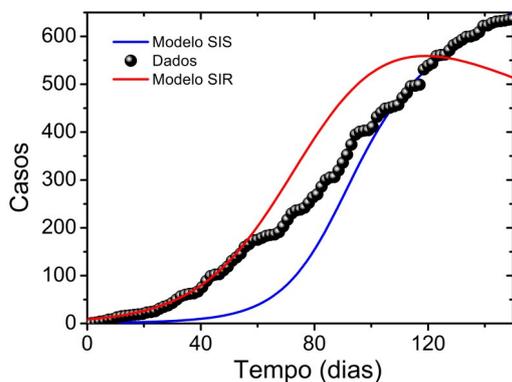
- Desenvolvimento do código em linguagem Octave para a resolução do sistema de equações diferenciais (1).
- Os valores do número de contaminações por unidade de tempo e do período de infecção foram determinados com base em estudos disponíveis na literatura especializada.
- Foi considerado que um indivíduo tem uma probabilidade igual a todos os outros indivíduos de contrair a doença, com uma taxa β .
- Casos foram estudados para diversos valores da taxa de recuperação média, γ .
- O valor da taxa de mortalidade, que foi considerada igual à taxa de natalidade, foi determinado com base na literatura especializada.
- Além disso, os valores iniciais para o número de indivíduos suscetíveis, infectados e removidos foram fornecidos de modo a se manter a soma $S + I + R = 1$.

As simulações foram desenvolvidas na versão 4.0.0 do *software* GNU/Octave, enquanto que os gráficos foram plotados no próprio *Octave* e a resolução do sistema de equações diferenciais será obtida por meio da função *lsode*, que é nativa ao programa. Portanto, não houve necessidade de se criar um módulo adicional para o tratamento numérico das equações que descrevem o modelo epidêmico estudado.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

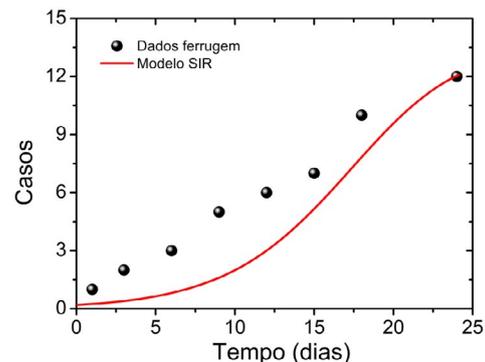
Foi possível encontrar as soluções do sistema de equações através da utilização da ferramenta *Octave*. A partir da resolução computacional do sistema de equações que descreve o modelo adotado nesse projeto, foram plotados os gráficos nas Figuras 1 e 2 que representam o número de indivíduos infectados ao longo de certo intervalo de tempo, ou seja, eles representam o ciclo da epidemia. No que diz respeito à propagação da praga denominada “ferrugem” (CONSÓRCIO FERRUGEM, 2019), o modelo que melhor concorda com os dados obtidos é o SIR, aqui utilizado. Há excelente concordância na primeira metade do ciclo epidêmico (que descreve o crescimento exponencial do número de casos em função do tempo), mas o modelo prevê o início da queda no número de casos antes do registrado pelos dados. A previsão desse início do decaimento no número de casos é mais precisa quando é comparada a previsão obtida pela resolução do sistema (1) de equações diferenciais com os dados disponíveis para o acumulado do período 02/2019 – 03/2019 do estado da Bahia.

Figura 1 - Comparação entre curvas obtidas via resolução das equações associadas aos modelos epidêmicos (SIR e SIS) e os dados sobre a praga denominada “ferrugem”, que ataca a soja.



Fonte: <http://www.consorcioantiferrugem.net/#!/numeros>. Dados das ocorrências acumuladas da ferrugem em todo o país entre 11/2017 e 04/2018.

Figura 2 - Comparação entre curvas obtidas via resolução das equações associadas aos modelos epidêmicos (SIR e SIS) e os dados sobre a praga denominada “ferrugem”, que ataca a soja.



Fonte: <http://www.consorcioantiferrugem.net/#!/numeros>. Dados das ocorrências acumuladas da ferrugem no estado da Bahia entre 02/2019 e 03/2019.

Foi possível descrever não somente o ciclo dos indivíduos infectados ao longo de certo intervalo de tempo, que é o próprio ciclo da epidemia e a variação dos indivíduos suscetíveis ao longo do tempo, foi comparado os resultados para diferentes intervalos de variação de temperatura como mostra os gráficos. Um modelo geral foi encontrado que possibilita descrever eventos que podem culminar ou evitar o surgimento de epidemias típicas de países tropicais (dengue e malária, por exemplo) bem como a ocorrência de pragas agrícolas.

A comparação entre modelo teórico e dados de pragas agrícolas por meio da rotina computacional desenvolvida ainda é incipiente e precisa de ajustes, acréscimos de variáveis que tornem o modelo mais realista (variação temporal no número de nascimentos e mortes) e capaz de descrever e/ou prever a ocorrência de epidemias mais facilmente, mas os primeiros resultados apontam na possibilidade do uso dessa técnica para a descrição de processos epidêmicos.

CONCLUSÕES

O estudo de modelos teóricos que descrevem processos epidêmicos e propagação de pragas agrícolas vem se desenvolvendo bastante nas últimas décadas, em especial pelo seu potencial não somente para aplicação na descrição da propagação de doenças infecciosas, mas também na caracterização de processos que envolvem disseminação de informação em redes sociais e vírus em redes de computadores. Aqui se procurou mostrar a utilidade de uma rotina computacional desenvolvida com base em tais modelos na determinação das variáveis importantes que influenciam o desencadeamento de um processo epidêmico e aplicar os resultados à descrição ou mesmo previsão de pragas agrícolas.

REFERÊNCIAS

- ALVARENGA, Lucymara de Resende. **Modelagem de Epidemias Através de Modelos Baseados em Indivíduos**. 2008. 130 f. Dissertação (Pós-graduação em engenharia elétrica) - Curso de Programa de Pós-graduação em Engenharia Elétrica, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.
- BARROS, Alessandro Silva de. **Dinâmica Estocástica para modelar o Efeito da Reinfecção em Doenças de Transmissão Direta**. 2013. 103 f. Dissertação (Pós-graduação em Física) – Universidade Federal da Bahia., Salvador.
- BLANFORD, Justine I. et al. Implications of temperature variation for malaria parasite development across Africa. **Scientific reports**, v. 3, p. 1300, 2013.
- CONSÓRCIOANTIFERRUGEM. Disponível em: <http://www.consorcioantiferrugem.net> . Acessado em: 30/03/2019.
- GENEROUS, Nicholas et al. Global disease monitoring and forecasting with Wikipedia. *PLoS computational biology*, v. 10, n. 11, p. e1003892, 2014.
- KEELING, M. J.; ROHANI, P. **Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals**. Princeton University Press. 2008.
- MINISTÉRIO DA SAÚDE. Disponível em: <http://portalms.saude.gov.br/saude-de-a-z/dengue/situacaoepidemiologica-dados>. Acessado em 21 out. 2018.
- LABORATÓRIO COSTA LIMA. Disponível em: <http://www.cnpma.embrapa.br/unidade/index.php3?id=308&func=pesq>. Acessado em 20 de fev. de 2018.
- LUIZ, Mônica Helena Ribeiro. **Modelos Matemáticos em Epidemiologia**. 2012. 77 f. Dissertação (Pós-graduação em matemática) – Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, São Paulo.
- PACHI, C. G. F. Modelo matemático para o estudo da propagação de informações por campanhas educativas e rumores. Tese de doutorado. USP. São Paulo. 2006.
- SCHIMIT, Pedro Henrique Triguís. **Modelagem e controle de propagação de epidemias usando autômatos celulares e teoria de jogos**. 2010. 83f. Tese (Doutorado em engenharia elétrica) - Universidade de São Paulo.