



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

## USO DO R-SHINY PARA EXECUÇÃO DE MODELOS MATEMÁTICOS VIA WEB: ESTUDO DE CASO SOBRE A DINÂMICA DE PROPAGAÇÃO DO HLB DO CITROS

Bernardo França **Rocha**<sup>1</sup>; Sônia **Ternes**<sup>2</sup>

Nº 16601

**RESUMO** – O Huanglongbing (HLB ou Greening) é a doença mais importante e destrutiva da citricultura mundial. Presente de forma endêmica nos continentes asiático e africano há várias décadas, essa doença foi constatada no Brasil em 2004, sendo transmitida pelo psíldeo *Diaphorina citri* e causada por bactérias de floema *Candidatus Liberibacter spp.* Para auxiliar o estudo da doença, foram desenvolvidos modelos matemáticos para avaliação da propagação do HLB Citros. Este trabalho tem por objetivo a criação de um sistema para execução via web de um destes modelos, permitindo aos profissionais de diversas formações, em especial os das áreas biológicas, que são os especialistas do domínio em estudo, acesso rápido aos resultados fornecidos pelo modelo matemático, eliminando ainda a necessidade de conhecimento prévio em alguma linguagem de programação ou de métodos de resolução de equações diferenciais. O sistema foi completamente implementado em R, tendo sido o pacote *deSolve* usado para solução do modelo matemático e o framework web *Shiny* para a interface com usuário, sendo todos *open source*.

**Palavras-chaves:** Greening, psíldeo, Computação Científica, Equação Diferencial com Delay, Doenças em plantas.

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

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



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

**ABSTRACT** – *The Huanglongbing (HLB or Greening) is the most important and destructive disease of citrus worldwide. Being endemic in Asia and Africa for several decades, the disease was detected in Brazil in 2004, being transmitted by psyllids *Diaphorina citri* and caused by bacteria *Candidatus Liberibacter phloem* spp. To assist the disease study in the context of research it was developed a mathematical model to evaluate the spread of the HLB Citrus. This work aims to create a system that permits the mathematical model to be executed via web, allowing professionals from diverse backgrounds, particularly those from the biological areas who are the domain experts, to have easy and fast access to the results provided by the simulation model and with no need of having previous knowledge in programming language or differential equations. The system was fully implemented in R and its package *deSolve* was used to solve the mathematical model and as its web framework *Shiny* was used for the user interface construction. Note that all of them are open source.*

**Keywords:** Greening, psyllids, Scientific Computing, Delay Differential Equation, Plant disease.



## **INTRODUÇÃO**

A citricultura é uma atividade estratégica para o Brasil. O país detém 30% da produção mundial de laranja e 59% da produção de suco de laranja (BRASIL, 2013), sendo assim o maior produtor mundial de citros, um negócio que gera 4,5 bilhões de dólares por ano e é responsável por cerca de 400 mil empregos diretos e indiretos.

A doença conhecida como Huanglongbing (HLB) é a mais importante e destrutiva da citricultura mundial. Foi identificada em 2004 no Estado de São Paulo, maior região produtora brasileira, e é atualmente a grande preocupação entre os produtores de citros. No Brasil, o HLB é transmitido pelo psílídeo *Diaphorina citri*, que adquire a bactéria (*Candidatus Liberibacter*) ao se alimentar de plantas infectadas. O HLB é incurável, afeta todas as variedades de citros e seu vetor transmissor é encontrado em todo o país, colocando em risco esse importante setor do agronegócio brasileiro.

No âmbito de um projeto de pesquisa liderado pela Embrapa Mandioca e Fruticultura, no qual este trabalho se insere, Vilamiu et al (2012) desenvolveram um modelo matemático compartimental determinístico para representar a dinâmica de infecção do HLB em plantações de citros no Recôncavo baiano. Para execução de simulações sobre esse modelo é necessário conhecimento em linguagem de programação e métodos de resolução de equações diferenciais.

O objetivo deste trabalho é a criação de um sistema computacional para execução via web de simulações desse modelo matemático de propagação do HLB, permitindo aos profissionais das áreas biológicas executar as simulações e avaliar os resultados fornecidos pelo modelo matemático de maneira fácil, sem necessitar de conhecimentos matemáticos e computacionais prévios.

## **MATERIAIS E MÉTODOS**

O modelo matemático compartimental determinístico para representar a dinâmica de infecção do HLB em plantações de citros adotado foi desenvolvido por Vilamiu *et al.* (2012), sendo representado na Equação 1 por meio de um sistema de Equações Diferenciais com Delay (EDD).

Os compartimentos considerados no modelo são representados:  $Sh(t)$ : hospedeiros (citros) suscetíveis;  $Eh(t)$ : hospedeiros infecciosos e assintomáticos (fase de incubação);  $Ih(t)$ : hospedeiros sintomáticos;  $Sv(t)$ : insetos adultos (*Diaphorina citri*) não infectivos;  $Iav(t)$ : adultos infectivos que adquiriram o HLB na fase adulta;  $Inv(t)$ : insetos adultos infectivos que adquiriram o HLB na fase de ninfa.



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

Os parâmetros envolvidos nas equações diferenciais são:  $\tau_h$  : tempo de duração da incubação do HLB na planta;  $\tau_v$ : tempo de duração do ciclo ovo-ninfa do inseto;  $\varphi_v(t)$ : função de crescimento intrínseco dos insetos adultos não infectivos;  $\varepsilon_v(t)$ : função de crescimento intrínseco dos insetos adultos que adquiriram o HLB durante a fase de ninfa;  $\lambda_h(t)$ : a força de infecção de insetos para plantas;  $\lambda_v(t)$ : força de aquisição do HLB pelo vetor. O sistema compartimental pode ser representado pelo sistema de Equações Diferenciais Ordinárias demonstrado na Equação 1 (VILAMIU et al, 2012).

$$\begin{cases} \frac{dSh(t)}{dt} = -\lambda_h(t)Sh(t) \\ \frac{dEh(t)}{dt} = \lambda_h(t)Sh(t) - \lambda_h(t - \tau_h)Sh(t - \tau_h) \\ \frac{dIh(t)}{dt} = \lambda_h(t - \tau_h)Sh(t - \tau_h) \\ \frac{dSv(t)}{dt} = \varphi_v(t - \tau_v) - \lambda_v(t)Sv(t) - \mu_v(t)Sv(t) \\ \frac{dIav(t)}{dt} = \lambda_v(t)Sv(t) - \mu_v(t)Iav(t) \\ \frac{dInv(t)}{dt} = \varepsilon_v(t - \tau_v) - \mu_v(t)Inv(t) \end{cases} \quad (1)$$

Para o desenvolvimento do simulador que implementa o modelo de equações acima foi usado o framework web do software de análise estatística e computação científica R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2016) conhecido como Shiny (CHANG et al, 2016).

O simulador foi desenvolvido utilizando-se os recursos de solução de EDDs do R, especificamente o pacote deSolve (SOETAERT et al, 2010). A Figura 2 mostra a interface do R Studio (R STUDIO TEAM, 2016) acessada pelo desenvolvedor do sistema, onde estão inseridos trechos de códigos que representam as equações do modelo e a da interface do protótipo. Para a construção da interface com o usuário utilizou-se bibliotecas gráficas presentes no framework web Shiny.

```
98 > derivs <- function(t,y,parms) {  
99  
100     #possiveis delays  
101  
102     if (t > t1) lambdacd1 <- lagvalue(t - t1) else lambdacd1  
103     if (t > t1) scd1 <- lagvalue(t - t1) else scd1 <- yinit  
104     if (t > ti) lambdacdi <- lagvalue(t - ti) else lambdacdi  
105     if (t > ti) scdi <- lagvalue(t - ti) else scdi <- yinit  
106     if (t > t1) lambdamd1 <- lagvalue(t - t1) else lambdamd1  
107     if (t > t1) smd1 <- lagvalue(t - t1) else smd1 <- yinit  
108  
109     dsc = -lc*sc  
110     dEc = lc*sc - lambdacd1[1]*scd1[1]  
111     dI1c = lambdacd1[1]*scd1[1] - lambdacdi[2]*scdi[2]  
112     dI2c = lambdacdi[2]*scdi[2]  
113     dSm = -lm*Sm  
114
```

Figura 2. Trecho do código-fonte no ambiente de desenvolvimento R Studio.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A interface da versão de teste do protótipo em desenvolvimento é mostrada na Figura 3. A Figura 4 exhibe de forma mais nítida como o usuário pode controlar o modelo a partir de interação com os botões disponibilizados na interface. Cada um desses botões representa uma variável do modelo determinístico e, para cada alteração que o usuário faz no valor desses botões, o protótipo refaz, em background e de forma invisível ao usuário, os cálculos necessários para a solução da EDD que representa o modelo, e o resultado é mostrado automaticamente em forma gráfica.

Ressalta-se que para utilizar o simulador, o usuário final necessita somente de um navegador web e conhecimento no campo de estudo do HLB Citros sendo, portanto, mais simples de se utilizar do que os simuladores que exigem alteração no código fonte exigindo, portanto, que o usuário final possua conhecimentos de linguagem de programação e de métodos de resolução de EDDs.

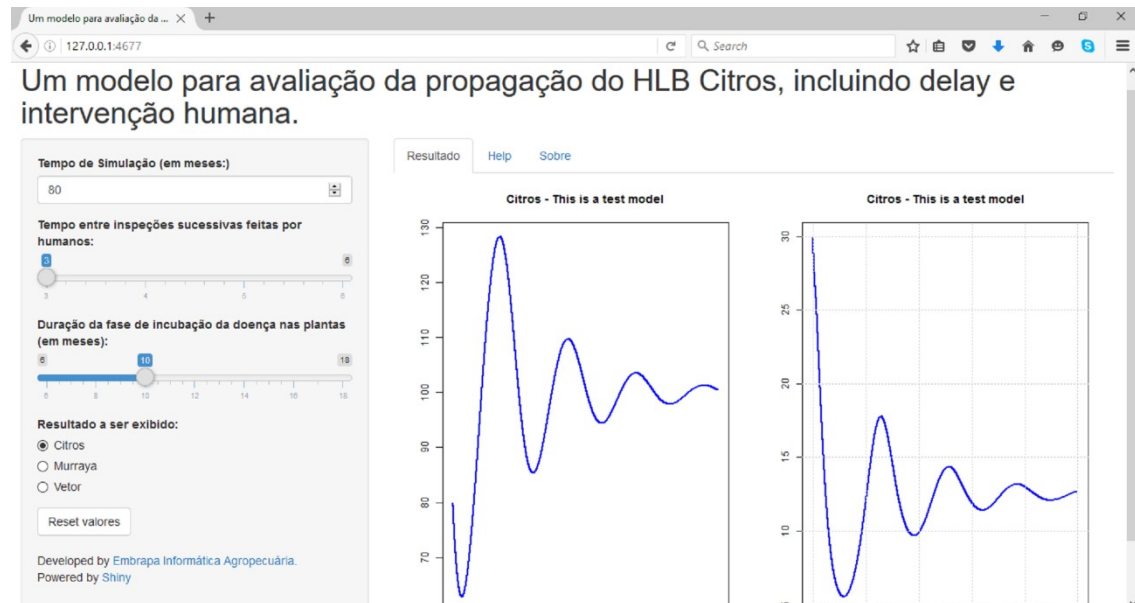


Figura 3. Interface, em fase de teste, que será disponibilizada ao usuário final.

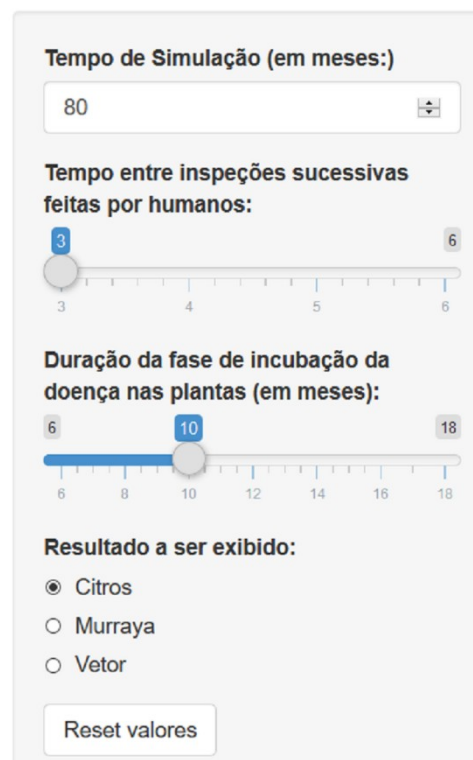


Figura 4. Exemplo de opções de interação que serão disponibilizadas ao usuário final.



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

Devido às características do R e do Shiny, a qualquer momento o protótipo pode ser customizado de forma a atender futuras demandas, aumentando assim a robustez do sistema e sua vida útil. Por exemplo, existe a possibilidade de melhorias na interface gráfica utilizando as tecnologias HTML, CSS e Java Script ou ainda a incorporação ao sistema de códigos desenvolvidos em outras linguagens de programação comumente usadas em computação científica, como C/C++.

## **CONCLUSÃO**

O software R e seu framework web Shiny se destacam para a construção de simuladores para análise de propagação de doenças, devido à facilidade de uso pelo programador e flexibilidade de execução pelos usuários finais, uma vez que podem executar as simulações via web.

Assim, o desenvolvimento desse aplicativo web para estudo da dinâmica de propagação do HLB Citros facilita aos pesquisadores das áreas biológicas a execução de diferentes cenários de simulação da doença.

Como trabalho futuro, pretende-se disponibilizar a aplicação web para acesso aos pesquisadores parceiros, visando a realização de diversos testes e a validação da interface com o usuário, facilitando ao máximo a execução das simulações de acordo com o perfil dos especialistas do domínio da aplicação.

## **AGRADECIMENTOS**

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo suporte financeiro (Processo 113993/2015-3).

## **REFERÊNCIAS**

BRASIL. Ministério da Pesca e Aquicultura. **Assessoria de Gestão Estratégica, Projeções do agronegócio: Brasil 2012/2013 a 2022/2023**: Brasil 2013. Brasília, DF.

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: 16 jun. 2016.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: a language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2016. Disponível em: <<http://www.R-project.org/>>. Acesso em: 16 jun. 2016.



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

R STUDIO TEAM. RStudio: integrated development for R. Boston, 2015. Disponível em: <<http://www.rstudio.com>>. Acesso em: 16 jun. 2016.

SOETAERT, K.; PETZOLDT, T.; SETZER, W. R. Solving differential equations in R: Package deSolve. Journal of Statistical Software, v. 33, n. 9, p. 1-25, Feb. 2010. Disponível em: <<http://www.jstatsoft.org/v33/i09/>>.

VILAMIU, R. G.; TERNES, S; BRAGA, A.; LARANJEIRA, F.F. A model for Huanglongbing spread between citrus plants including delay times and human intervention. In: AIP Conf. Proc. 1479, 2315 (2012); doi: 10.1063/1.4756657.