

IV SEMANA DO CONHECIMENTO

COMPARTILHANDO E FORTALECENDO
REDES DE SABERES

6 A 10 DE NOVEMBRO DE 2017



Marque a opção do tipo de trabalho que está inscrevendo:

(X) Resumo

() Relato de Caso

MODELO DE SIMULAÇÃO GENÉRICO DE DOENÇAS DE PLANTAS EM C++

AUTOR PRINCIPAL: Fábio Augusto Antunes de Oliveira.

CO-AUTORES: Carlos Amaral Hölbig, José Maurício Cunha Fernandes

ORIENTADOR: Willingthon Pavan

UNIVERSIDADE: Universidade de Passo Fundo.

INTRODUÇÃO:

Modelos de simulação de culturas capazes de prever o rendimento final têm sido estudados em várias partes do mundo. Estes representam a simulação dinâmica do crescimento de culturas por meio da integração numérica com a ajuda de computadores [1]. A modularização, característica altamente desejável no desenvolvimento de sistemas, facilita o acoplamento, reaproveitamento e substituição. Muitos modelos de simulação desenvolvidos não usam este padrão, sendo muitas vezes escritos em linguagens de programação antigas, dificultando a comunicação com outras linguagens e o acoplamento de diferentes modelos, quando necessário.

Este trabalho apresenta um modelo genérico de simulação de doenças desenvolvido na linguagem C++, capaz de representar epidemias em hospedeiros, respondendo a definição parametrizada dessas epidemias. O fato de ser escrito em C++, possibilita o seu reuso/acoplamento com modelos de culturas, podendo, assim, representar dinamicamente o efeito da doença no hospedeiro.

DESENVOLVIMENTO:

O desenvolvimento do modelo genérico de doenças de plantas seguiu a técnica da implementação modular. Esta técnica de programação consiste em implementar partes do sistema de forma independente, podendo testá-las separadamente, seguindo um desenvolvimento modular e dinâmico, possibilitando o reaproveitamento, substituição ou descarte dos módulos sem a necessidade de reescrita de código [2].

IV SEMANA DO CONHECIMENTO

COMPARTILHANDO E FORTALECENDO
REDES DE SABERES

6 A 10 DE NOVEMBRO DE 2017



O modelo desenvolvido é composto pelos módulos Simulator (Simulador), InitialCondition (Condições Iniciais), Plant (Planta), Organ (Órgão), Disease (Doença), Cloud (Nuvem), CloudO (Nuvem do órgão), CloudP (Nuvem da planta), CloudF (nuvem do campo), LesionCohort (Grupos de lesões), CropInterface (Interface de integração), Weather (Clima), Statistic (Estatísticas) e Basic (Interface de implementação para os demais módulos) [1].

Para a implementação dos módulos foi utilizada a linguagem de programação C++, uma linguagem que permite a escrita de código próxima da representação do mundo real, utilizando a orientação a objetos onde classes descrevem os objetos presentes no sistema [3, 4].

A escolha da linguagem de programação C++ se deve pela necessidade de acoplamento do modelo de doenças com modelos de crescimento e desenvolvimento de plantas. Muitos desses modelos de crescimento foram desenvolvidos em linguagens de programação como o Fortran. Por isso, necessita-se de uma ferramenta que possibilite uma interoperabilidade entre as linguagem de programação, por meio de uma forma eficiente a fim de realizar o acoplamento entre estes modelos.

O modelo de doenças teve como objetivo simular o maior número de doenças possível, utilizando-se a parametrização de seus coeficientes específicos a fim de representar as observações feitas em campo, de maneira que seja o mais próximo da realidade [1].

O acoplamento do modelo de epidemias com modelos de crescimento e de desenvolvimento de plantas expandiu a aplicabilidade dos modelos. Este acoplamento, feito por intermédio das linguagens de programação, permitiu que a troca de dados entre os modelos fosse feita em tempo de execução, onde o crescimento da planta é afetado pela doença, formando-se um ciclo dinâmico.

A utilização de técnicas adequadas de modelagem, engenharia de software e orientação a objetos permitiu que o desenvolvimento do modelo de doenças tivesse maior atenção aos processos biológicos. Dessa forma, fitopatologistas e especialistas de outras áreas podem, por meio de diagramas de classes, visualizar e entender o relacionamento dos componentes do modelo de simulação [1].

CONSIDERAÇÕES FINAIS:

Modelos de simulação de doenças de plantas são muitos importantes para o apoio na tomada de decisão, buscando a redução de custos, menor efeito à natureza, obtenção de produtos com melhor qualidade e com menos resíduos químicos. Esses modelos, se acoplados a modelos de crescimento e desenvolvimento de plantas, expandem ainda mais a aplicabilidade dos mesmos, obtendo resultados mais precisos.

REFERÊNCIAS:

IV SEMANA DO CONHECIMENTO

COMPARTILHANDO E FORTALECENDO
REDES DE SABERES

6 A 10 DE NOVEMBRO DE 2017



[1] PAVAN, Willingthon, Técnicas de engenharia de software aplicadas à modelagem e simulação de doenças de plantas. 2007. 182 p. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade de Passo Fundo, 2007.

[2] PAPAJORGJI, P. J.; PARDALOS, P. M. Software Engineering Techniques Applied to Agricultural System - An Object-Oriented and UML Approach. [S.l.]: Springer, 2006. ISBN 0-387-28170-3.

[3] BECK, H. et al. Object-oriented approach to crop modeling: Concepts and issues. Proceedings of the World Congress of Computers in Agriculture and Natural Resources, ASAE, Iguacu Falls, Brazil, p. 297–305, 2002.

[4] C++. Cplusplus. 2017. Disponível em: <<http://www.cplusplus.com>>. Acesso em: 30 ago. 2017.

NÚMERO DA APROVAÇÃO CEP OU CEUA (para trabalhos de pesquisa): Número da aprovação.

ANEXOS:

Poderá ser apresentada somente uma página com anexos (figuras e/ou tabelas), se necessário.