

Aplicação de modelagem computacional para cadeias tróficas

Alice V. Kageyama,¹ Ana Clara S. Brandão,² Pedro Thomazelli,³
Ilum Escola de Ciência, C. N. Pesquisa em Energia e Materiais, 13.087-548,
Campinas/SP.

Resumo. As cadeias tróficas representam, na ecologia de comunidades, a forma de organização e interação entre diferentes populações; coexistindo e compartilhando o mesmo espaço e fazendo ainda fluir energia, como em qualquer sistema natural. Na biomatemática modela-se, a partir de equações diferenciais, o comportamento de populações com base em parâmetros pré-estabelecidos - a chave para definir quais relações serão tratadas. O modelo de Lotka-Volterra, um sistema de equações diferenciais, descreve relações presa-predador em populações. Este modelo inicial foi, neste estudo, incrementado para descrever mais encontros entre diferentes populações a fim de estudar a propagação de doenças em uma teia trófica. Uma análise matemática inicial para uma cadeia constituída por dois consumidores primários, sendo um suscetível à contaminação por patógenos e o outro imune, um consumidor secundário e outro terciário, mostrou que, na presença de uma doença fatal, as populações tendem à extinção por um fator de dependência característico do modelo Lotka-Volterra. O modelo computacional apresentou um resultado semelhante, onde, uma vez que as populações de consumidores primários é afetada negativamente pelo patógeno, havendo muitas mortes em um curto período de tempo, o consumidor secundário tende também a ser extinto. Ambas as abordagens, embora não idênticas, mostraram resultados coerentes, evidenciando o declínio das populações mais afetadas pela doença.

Palavras-chave: Cadeia alimentar; epidemia; modelos populacionais; simulação.

¹alice220049@ilum.cnpem.br

²ana220069@ilum.cnpem.br

³pedro220058@ilum.cnpem.br

1. Introdução

Na natureza, todo ecossistema se organiza em níveis tróficos - sistema que descreve a forma e direção pela qual a energia deve transitar dentro da comunidade ecológica em questão. Em uma comunidade com diferentes espécies, a massa e a energia deve fluir dos seres autótrofos para os consumidores de maior escala. Desta forma, enquanto plantas, algas e alguns organismos unicelulares produzem energia através da luz solar, outros organismos utilizam desses seres em próprio benefício - e estes consumidores, por sua vez, também podem servir de fonte de energia para consumidores maiores, formando assim uma cadeia baseada na alimentação (Geographic, 2023).

As classificações de cada organismo dentro desta cadeia se dá dos níveis inferiores para os superiores, assim, os seres autotróficos são chamados de produtores primários; seres herbívoros são consumidores secundários; e carnívoros são consumidores terciários. É claro que, ao analisar cadeias específicas, mais classificações podem surgir com base no número de espécies e organização do sistema. A relação de consumo, principalmente quando está relacionada a animais, é frequentemente referida como atividade predativa, ou relação presa-predador.

É viável relacionar ecossistemas à ideia de organização, contudo, sistemas naturais na realidade tendem a ser caóticos e imprevisíveis, de modo que pequenas mudanças podem gerar grandes consequências, como, por exemplo, a extinção de espécies (Eilersen et al., 2020). Por isso, é comum, em diversos ramos científicos, buscar modelos que simulem situações reais as quais se mostram mais complexas de se analisar. Neste contexto, modelagem computacional é um método bastante utilizado na física e na química para estudar sistemas modelos, principalmente quando há muitas variáveis envolvidas, ou até mesmo na construção de sistemas teóricos antes de executar, de fato, um método experimental.

Na esfera dos estudos biológicos, tem-se dedicado várias décadas ao desenvolvimento de modelos matemáticos destinados à caracterização do comportamento de comunidades e populações. A disciplina emergente conhecida como biomatemática representa, assim, um ramo especializado da matemática que se aplica, comumente, a diversas investigações - abrangendo tópicos como a poluição de corpos d'água, o dimensionamento de populações de peixes, o crescimento de colônias bacterianas ou mesmo fenômenos meteorológicos. Estes modelos são concebidos para aproximar de maneira eficaz o comportamento

desses sistemas quando dotados de conjuntos específicos de parâmetros.

Dessa forma, a modelagem de populações é um tema frequente na biomatemática, tendo diversos modelos bastante conhecidos - como os de Malthus e Verhulst. Esses modelos buscam estimar como algumas populações crescem ao longo do tempo, e podem ser simples ou complexos, dependendo de cada caso. A maioria dos modelos possui limitações, como interferências externas ou internas ao sistema, de forma que comunidades biológicas reais sejam mais complexas de se modelar com algo próximo da exatidão. Contudo, interações específicas podem ser aproximadas como um sistema isolado, sendo este o objetivo deste estudo.

Um componente amplamente estudado na biomatemática é a maneira como doenças endêmicas afetam certos ecossistemas. Billings e Schwartz (2001) aplicam um modelo SEIR (Suscetíveis, Expostos, Infectados e Recuperados) para estudar o comportamento epidêmico de doenças infantis, por exemplo. Além disto, o estudo de Hastings e Powell (1991) utiliza de um modelo matemático para estudar a propagação de doenças patógenas em uma cadeia alimentar.

Posto isso, foi proposta neste trabalho uma abordagem na qual uma simulação computacional é combinada com o estudo de ecossistemas, com o objetivo de avaliar a propagação de uma doença por diferentes níveis tróficos. Para isso, adotou-se um ecossistema contendo quatro espécies, sendo dois consumidores primários, herbívoros; um consumidor secundário, tratando de um carnívoro que se alimenta de herbívoros; e, por fim, um carnívoro que se alimenta de outro carnívoro, o que caracteriza nesse sistema um consumidor terciário.

Na figura 1, temos representada uma cadeia alimentar na qual foi baseado o modelo. Dentro desta cadeia os dois consumidores primários são representados por um coelho e um rato, sendo este segundo o suscetível a uma contaminação por patógeno. O consumidor secundário é representado por um gato selvagem, e o consumidor terciário por um leão. Nesta cadeia não está representado nenhum organismo classificado como produtor primário.

A presença de um patógeno que afeta uma das presas, enquanto a outra é imune, é o ponto de partida para o estudo, pois, uma vez que uma das presas na base da cadeia é suscetível a uma doença, os organismos nos níveis superiores se tornam também suscetíveis. Esta é uma condição imposta a este sistema, de forma que, além do contato por área, a atividade predativa também é um

fator para a propagação do patógeno.

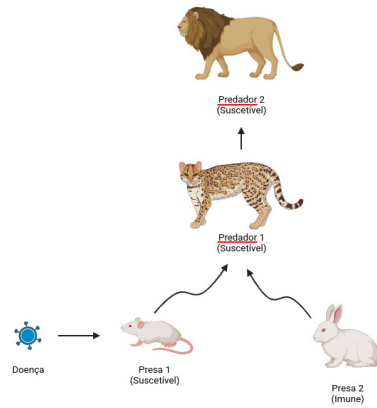


Figura 1: Representação gráfica de um modelo de cadeia alimentar, na qual estão presentes dois consumidores primários - representados por um rato, que está suscetível a contaminação de uma doença, e um coelho, imune ao contaminador. Os níveis seguintes são representados por um gato selvagem como consumidor secundário e um leão como consumidor terciário.

2. Metodologia

O presente estudo foi realizado a partir de uma simulação da cadeia alimentar descrita anteriormente, a qual foi realizada através de recursos computacionais e baseando-se no modelo Lotka-Volterra, a fim de observar as interações do sistema definido, na presença de um patógeno e em um ambiente controlado.

O ecossistema em questão, mais uma vez, pode ser descrito pelo diagrama na figura 1, contando com dois consumidores primários (presas) - sendo uma suscetível à doença e a outra imune; um consumidor secundário - o qual preda as duas primeiras populações; e um consumidor terciário - responsável por preda a população de consumidores secundários.

2.1. Modelo de Lotka-Volterra

Para dinâmicas populacionais, existem diversos modelos que se adaptam a diferentes condições. Um dos primeiros modelos propostos foi o de Thomas

Malthus, que indicava o crescimento exponencial da população com o tempo. Além deste, outro modelo comum é o de Verhulst, que adiciona ao malthusiano uma capacidade de suporte, de modo que o crescimento da população se limite até esse ponto (Tavoni e Oliveira, 2013).

Apesar de simples, esses modelos servem como base para a construção de sistemas mais complexos, de forma que outras variáveis - tais quais outras populações, taxa de mortalidade e atividades predativas - possam ser consideradas. Um modelo com essas implementações foi apresentado pelos matemáticos italianos Vito Volterra, em 1920, e Alfred J. Lotka, em 1925 (Pata e Cara, 2017). Ambos deduziram, de forma semelhante, equações que consideram interações entre diferentes espécies. O primeiro propôs um modelo, considerado simples, para explicar o comportamento oscilatório de peixes no Mar Adriático; enquanto Lotka propôs o modelo para reações com concentrações de elementos químicos periódicos.

O modelo de Lotka-Volterra é amplamente utilizado para a descrição de sistemas de presa-predador. Eilersen et al. (2020), por exemplo, utilizaram o modelo para descrever a propagação de doenças em uma cadeia alimentar formada por duas presas (uma imune e a outra suscetível) e um predador. Além disto, Hastings e Powell (1991) usam de uma técnica semelhante para modelar uma cadeia com três espécies e três níveis tróficos. Ambos os trabalhos foram direcionados para a detecção de caos nas dinâmicas de cadeias tróficas - desta forma, o modelo de Lotka-Volterra se mostra adequado para o problema proposto.

As equações de Lotka-Volterra possuem como forma geral:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = \alpha x - \beta xy, \\ \frac{dy}{dt} = \gamma xy - \lambda y. \end{cases} \quad (2.1)$$

Nesse sistema, descrito em função do tempo t , x representa a população de presas, y representa a população de predadores, α e β representam, respectivamente, a taxa de crescimento da população de presas e o efeito da presença do predador, e λ e γ o crescimento da população de predadores e o encontro da presa com o predador. A interação rege os sinais, assim, como o predador come a presa, o efeito do predador sobre a presa é positivo. No entanto, como a presa é predada pelo predador, o efeito deste sobre a presa é negativo.

Esse modelo geral considera a interação entre duas populações, contudo,

o modelo estudado no presente trabalho tratou de quatro populações. As interações entre as espécies e o efeito da doença em cada população foi modelado segundo a lógica de Lotka-Volterra, considerando taxas diferentes para cada relação - de forma que a taxa de infecção seja menor nos níveis mais altos da cadeia trófica. Ademais, a fatalidade da doença é 100% para todos os infectados, ou seja, não há indivíduos recuperados, como considerado no modelo SEIR.

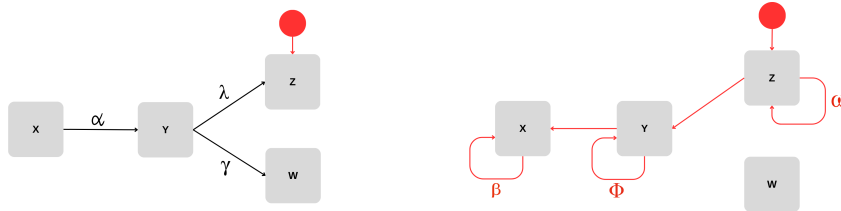
Dada toda a definição do sistema, o modelo utilizado se dá por:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = \alpha xy - \beta x_s x_i - Ax, \\ \frac{dy}{dt} = -\alpha yx - \phi y_s y_i + \lambda yz + \gamma yw + By, \\ \frac{dz}{dt} = -\lambda yz - \omega z_s z_i + Cz, \\ \frac{dw}{dt} = -\gamma wy + Dw. \end{cases} \quad (2.2)$$

Nessa:

- x, y, z, w = representam as populações totais do predador 2, predador 1, presa 1 e presa 2, respectivamente;
- x_i, y_i, z_i = representam as populações de infectados pelo patógeno;
- x_s, y_s, z_s = representa as populações suscetíveis à doença;
- α = taxa de interação entre predador 1 e predador 2;
- λ = taxa de interação do predador 1 com a presa 1;
- γ = taxa de interação do predador 1 com a presa 2;
- β = taxa de infecção da doença na população de predadores 2;
- ϕ = taxa de infecção da doença na população de predadores 1;
- ω = taxa de infecção da doença na população de presa 1;
- A = Diferença da taxa de natalidade e mortalidade do consumidor terciário;

- B = diferença entre a taxa de bônus caso todas as presas morram e mortalidade do consumidor secundário;
- C = Diferença da taxa de natalidade e mortalidade do consumidor primário 1;
- D = Diferença da taxa de natalidade e mortalidade do consumidor primário 2.



(a) Primeiro diagrama.

(b) Segundo diagrama.

Figura 2: Diagramas compartimentais de interações no ecossistema simulado. O sentido das setas indicam interações negativas de predação (setas pretas) - fig.2(a) e transmissão de doença (setas vermelhas) - fig.2(b).

Na figura 2 são indicadas as interações entre as populações por meio de diagramas compartimentais. Nela, os ícones em vermelho indicam contaminação pelo patógeno, enquanto os em preto representam interações de predação. A figura 2(a) trata especificamente da relação trófica da cadeia, na qual o fluxo das setas vai dos níveis superiores (população de predadores) para os inferiores (população de presas). No diagrama ainda são indicados as taxas de cada interação de grupos.

Já a figura 2(b) trata da contaminação pela doença entre as populações. No modelo, a transmissão entre espécies acontece no momento da preda, desta forma, a taxa de contaminação entre os níveis da cadeia é equivalente ao encontro presa-predador, definidos na equação 2.2 e representados na figura 2(a). Além da contaminação entre diferentes populações, o modelo também considera transmissões internas em cada espécie, assim, quando um indivíduo de uma população é contaminado pelo patógeno, a população é dividida em suscetíveis e infectados, e o encontro entre os dois subgrupos gera um crescimento da infecção. Esse comportamento é representado pelas taxas β , ϕ e ω na figura

2(b). Por fim, sendo a população w imune à doença, nesta representação, ela fica se encontra isolada do sistema.

2.2. Modelagem computacional

Para simular o sistema, foi utilizado um modelo computacional baseado no encontro entre as quatro populações descritas. Essa simulação foi desenvolvida utilizando uma ferramenta semelhante àquela da chamada dinâmica molecular - uma técnica de simulação que permite analisar numericamente colisões e movimentos físicos entre átomos ou moléculas em um determinado sistema.

Neste modelo, cada indivíduo é representado por uma esfera em movimento constante, contida dentro de uma caixa na simulação. Da mesma maneira, a colisão entre duas esferas representa uma interação entre dois indivíduos.

Uma vez no mesmo ambiente, cada encontro entre indivíduo está suscetível a uma interação, as quais foram definidas de acordo com os parâmetros do modelo Lotka-Volterra; podendo resultar em uma interação neutra, de predação, ou mesmo infecção dependendo das características específicas dos indivíduos interagindo. Desta simulação foram então coletados dados referentes à evolução de cada população no tempo, equivalentes ao número de indivíduos de cada espécie.

É importante, no entanto, considerar o aspecto randômico desse tipo de simulação; afinal as posições e velocidades das esferas, ainda que possam ser pré-definidas, não são uma representação precisa da realidade. Dessa forma, ao rodar uma mesma simulação diversas vezes, pode-se notar uma pequena diferença nos resultados finais, os quais podem se comportar de maneira semelhante, mas nunca idêntica.

3. Resultados

3.1. Método de Runge-Kutta

O primeiro passo para o entendimento do sistema foi encontrar a solução numérica para o modelo. Várias abordagens poderiam ter sido tomadas para isso, contudo a escolhida e que melhor se adequou ao que foi apresentado, foi

a utilização do método de Runge-Kutta. Esse método numérico, consiste em uma série de iterações, que busca estimar a solução em um ponto futuro.

A partir disso, utilizou-se o Método de Runge-Kutta de Quarta Ordem, que segue o seguinte formato (Ruggiero e Rocha, 2008):

$$y_{n+1} = y_n + \frac{h}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4) \quad (3.3)$$

Com:

- $k_1 = hf(x_n, y_n)$;
- $k_2 = hf(x_n + \frac{h}{2}, y_n + \frac{k_1}{2})$;
- $k_3 = hf(x_n + \frac{h}{2}, y_n + \frac{k_2}{2})$;
- $k_4 = hf(x_n + h, y_n + k_3)$.

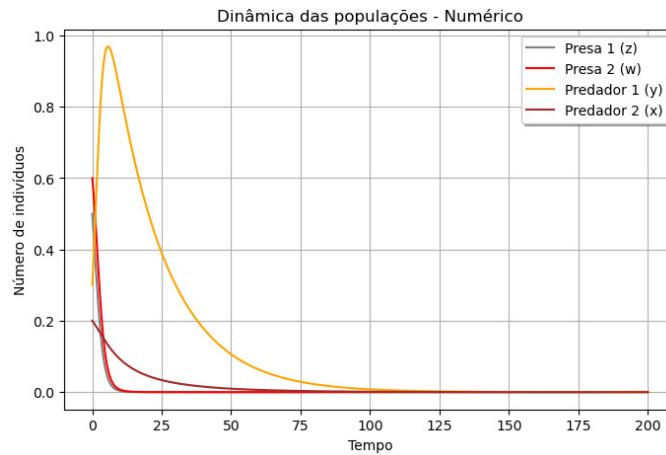


Figura 3: Gráfico da solução numérica encontrada a partir de Runge-Kutta para o modelo de cadeia trófica.

A figura 3 mostra o resultado numérico obtido para o modelo. Observa-se com o gráfico que todas as populações tenderam a extinção após certo período de tempo. Analisando o caso do predador 1, destaca-se que, no início do estudo, a população cresce, atingindo um máximo. A partir de então temos um decaimento pronunciado. O crescimento inicial pode ter ocorrido pelo decaimento do predador 2, que era seu competidor direto tanto na relação presa-predador

quanto na preda de outras espécies. Contudo, foi observado que ambas as presas tendem a decair, seja pela predação ou pela morte causada pela doença. Assim, o predador 2 fica sem alimentos, o que leva a sua extinção. Isso em concomitância a doença, que pode levar a morte de uma parcela da população.

3.2. Modelo computacional

Obtido o resultado numérico, foi realizada a simulação computacional, de modo a verificar se o sistema se assemelhava ao que foi observado pelo resultado de Runge-Kutta. Para isso, foram atribuídos valores as taxas: $\alpha = 0.004$; $\beta = 0.05$; $\phi = 0.10$; $\lambda = 0.50$; $\gamma = 0.60$; $\psi = 0.15$; $A = 0.04$; $B = 0.052$; $C = 0.06$; $D = 0.04$. Essas taxas foram definidas de maneira arbitrária, contudo buscou-se seguir uma proporção semelhante à ocorrência na realidade (Ex: coelhos se reproduzem mais do que leões).

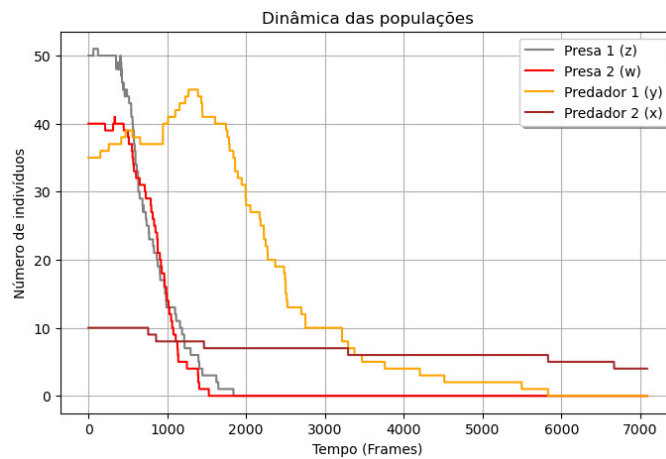


Figura 4: Gráfico obtido a partir da simulação apresentando o comportamento das populações com o tempo.

Desse modo, observando a Figura 4, percebemos que os predadores 1 tem um crescimento logo no início da simulação, tendo um decaimento brusco com o tempo. Isso se dá pela disponibilidade de presas inicialmente, além do decaimento dos predadores 2. Contudo, percebe-se o decaimento dos gatos com o tempo - isso ocorreu devido a falta de alimentos, uma vez que ratos e coelhos tiveram um decaimento, além da doença, que também acomete os

gatos, levando-os a morte.

4. Conclusões

A partir da simulação executada, foi possível criar um modelo computacional com comportamento relativamente similar àquele apresentado pela solução numérica. Ambos os modelos apresentaram oscilação nas populações, de modo que o número de indivíduos da espécie do predador 1 inicialmente cresce, devido à disponibilidade de recursos e falta de predadores, e depois tende à extinção, uma vez que ambas as presas são extintas.

Com isso, entende-se que o modelo poderá servir como um material de apoio para outros estudos que busquem entender como populações se comportam com o tempo, sem deixar de considerar alguns aspectos de imprecisão relacionados à natureza aleatória da simulação computacional implementada.

Referências

- Billings, L. e Schwartz, I. B. (2001). Exciting chaos with noise: unexpected dynamics in epidemic outbreaks. *Mathematical Biology*, 44:31–48.
- Eilersen, A., Jensen, M. H., e Sneppen, K. (2020). Chaos in disease outbreaks among prey. *Scientific Reports*, 10.
- Geographic, N. (2023). Food chain. Disponível em <https://education.nationalgeographic.org/resource/food-chain/> Acesso em: 26/10/2023.
- Hastings, A. e Powell, T. (1991). Chaos in a three-species food chain. *Ecological Society of America*, 72(3):896–903.
- Pata, R. B. e Cara, E. R. (2017). Modelo de Lotka-Volterra: A dinâmica predador-presa. In *Salão Internacional de Ensino, Pesquisa e Extensão, Nov 21-23*, volume 9, Santana do Livramento/RS, Brasil. Universidade Federal do Pampa.
- Ruggiero, M. A. G. e Rocha, V. L. (2008). *Cálculo numérico: aspectos teóricos e computacionais*. Pearson Makron Books, S. Paulo.

Tavoni, R. e Oliveira, R. Z. G. (2013). Os modelos de crescimento populacional de malthus e verhulst - uma motivação para o ensino de logaritmos e exponenciais. *Revista Eletrônica Paulista de Matemática*, 2.

Apêndice

Abaixo encontra-se o link do repositório no qual consta a simulação computacional utilizada neste projeto, desenvolvida em Python, contando com o auxílio da biblioteca VPython para a representação gráfica do modelo:

<https://github.com/alicevk/biomatematica.com>