High Plains Wheat Mosaic Virus (HPWMoV) en cultivos de maíz y trigo

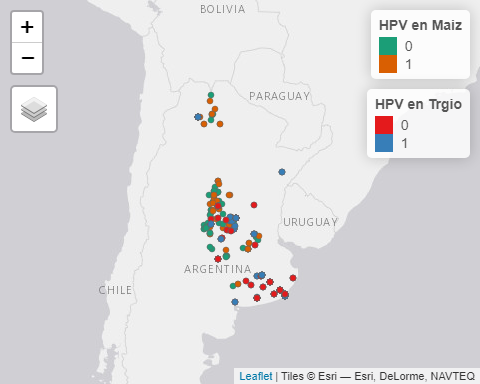
# Presentación de los Datos

* Se sistematizó información desde la primera detección en el pais del virus.
* Se generó un registro de presencia/ausencia georreferenciado según año y localidad de muestreo.
* Contamos con 169 observaciones para HPWMoV en maíz y 451 obsevaciones en trigo.
* Las observaciones no estan alineadas

suppressPackageStartupMessages({  
library(sf)  
library(dplyr)  
library(tmap)   
library(tidyr)  
library(INLA)  
library(inlabru)  
library(ggplot2)  
})  
source("src/spde-book-functions.R")  
tmap\_mode("view")

trigo\_maiz <- st\_read("data/trigo\_maiz\_26\_09\_22.gpkg",quiet = TRUE)  
st\_geometry(trigo\_maiz) <- 'geometry'   
trigo\_maiz$HPV <- as.factor(trigo\_maiz$HPV)  
   
  
hpv\_maiz <- trigo\_maiz |>   
 filter(Especie == "Maíz" & !is.na(HPV))  
hpv\_maiz <-  
 hpv\_maiz[!hpv\_maiz$Provincia %in%  
 c('Catamarca',  
 'Santa Fe',  
 'Tucumán',  
 'Chaco',  
 'Santiago del Estero',  
 'San Luis','Jujuy'),]  
  
  
hpv\_trigo <- trigo\_maiz |>   
 filter(Especie == "Trigo" & !is.na(HPV))

tm\_shape(hpv\_maiz)+  
 tm\_dots("HPV", title = "HPV en Maiz", pal = "Dark2" )+  
 tm\_shape(hpv\_trigo)+  
 tm\_dots("HPV", title = "HPV en Trgio", pal = "Set1")



Complementariamente, se obtuvieron 117 variables biometeorológicas, usando la plataforma ERA5, en el periodo comprendido entre agosto del año en que se tomo la muestra y agosto del año siguiente.

# Selección de variables

Se identificó la importancia de cada variable climática para cada patosistema con el algoritmo boruta y la selección de variables stepwise.

Las variables biometeorológicas que favorecieron la presencia de HPWMoV en Maiz fueron las precipitaciones elevedas en el mes de Enero y temperatura de punto de rocio alta en el mes de Mayo

En trigo HPWMov se vio favorecido por precipitaciones elevadas en Enero y temperaturas bajas en Junio.

# Modelación

La distribución de la presencia de estos virus se modeló con una regresión bayesiana de efectos mixtos y estructura espacial conjunta de las muestras sobre Trigo y Maíz estimada via SPDE considerando una malla común.

$$
\log{\left(\frac{p\_{i.maíz}(S)}{1-p\_{i.maiz}(S)}\right)} = \\
\alpha\_{maíz} + x\_{i1}(S)\beta\_{1.maíz} + x\_{i2}(S)\beta\_{2.maíz} + x\_{i3}(S)\beta\_{3.maíz} +
Z\_{maíz}(S) + e\_{maíz}(S)
$$

$$
\log{\left(\frac{p\_{i.trigo}(S)}{1-p\_{i.trigo}(S)}\right)} = \\
\alpha\_{trigo} + x\_{i1}(S)\beta\_{4.trigo} + x\_{i5}(S)\beta\_{5.trigo} + \lambda Z\_{maíz}(S) +
Z\_{trigo} (S) + e\_{trigo} (S)
$$

donde es la funcion de enlace. es el total de precipitaciones del mes de enero, es la temperatura punto rocío del mes de mayo y es el año en el que se tomo la muestra y es la temperatura del mes de junio. es el efecto espacial

## Armado del modelo

### Cargamos la base de datos

trigo\_hpv\_sf2 <- st\_read("data/trigo\_hpv.gpkg",quiet = TRUE)  
st\_geometry(trigo\_hpv\_sf2) <- 'geometry'

### Cargamos los limites de la region donde hay datos

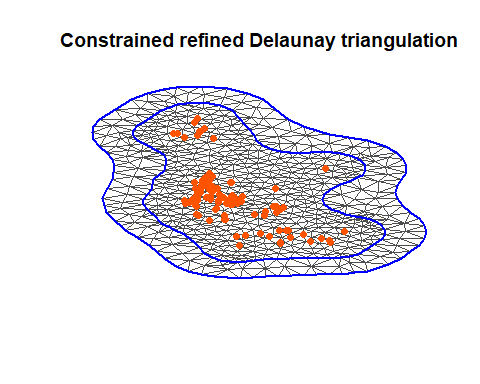
limites2 <- st\_read("data/limites2.gpkg", quiet = TRUE)  
st\_geometry(limites2) <- 'geometry'

### Boundary

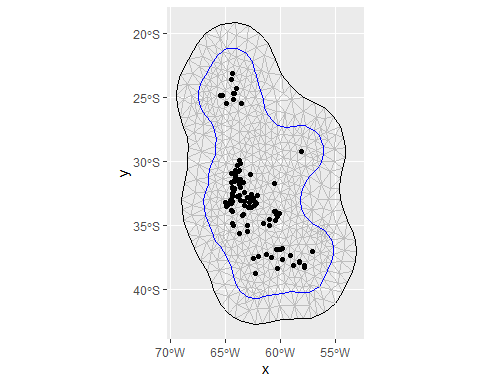
base\_maiz <- trigo\_hpv\_sf2 |>   
 drop\_na(HPV\_maiz)  
  
base\_maiz <- base\_maiz[!base\_maiz$Provincia %in%  
 c('Catamarca',  
 'Santa Fe',  
 'Tucumán',  
 'Chaco',  
 'Santiago del Estero',  
 'San Luis','Jujuy'),]  
  
loc.maiz <- base\_maiz |>   
 st\_coordinates()  
  
  
base\_trigo <- trigo\_hpv\_sf2 |>   
 drop\_na(HPV\_trigo)   
  
loc.trigo <- base\_trigo |>   
 st\_coordinates()  
  
loc.obs <- rbind(st\_coordinates(base\_trigo),st\_coordinates(base\_maiz))  
  
boundary <- list(  
 inla.nonconvex.hull(loc.obs,2),  
 inla.nonconvex.hull(loc.obs, 4)  
)

### Mesh

mesh <- inla.mesh.2d(boundary=boundary,  
 max.edge=c(0.4, 0.8),  
 min.angle=c(30, 21),  
 max.n=c(480, 160),   
 max.n.strict=c(128000, 128000),  
 cutoff=0.03,   
 offset=c(2, 4))  
  
plot(mesh)  
points(loc.obs, pch=16, col="#FF5300")



ggplot(rbind(base\_maiz,base\_trigo)) + gg(mesh) + geom\_sf()



### SPDE - Modelo espacial

spde <- inla.spde2.pcmatern(  
 mesh = mesh,  
 prior.range = c(1000, 0.01), # P(range < rangemin) = 0.01  
 prior.sigma = c(10, 0.01))

### Formula

form <- y ~ -1 +  
 intercept\_hpv\_maiz+  
 intercept\_hpv\_trigo +  
   
 Precipitacion\_Jan\_maiz +   
 Punto.rocio\_May\_maiz +   
 anio\_maiz +   
   
 Precipitacion\_Jan\_trigo +   
 Temperatura\_Jun\_trigo +  
   
 f(s1, model = spde) +   
 f(s2, model = spde) +   
 f(s12, copy = "s1", fixed = FALSE)

### Matrices de Proyeccion

Amaiz <- inla.spde.make.A(mesh,loc.maiz)  
  
Atrigo <- inla.spde.make.A(mesh, loc.trigo)

### Stacks

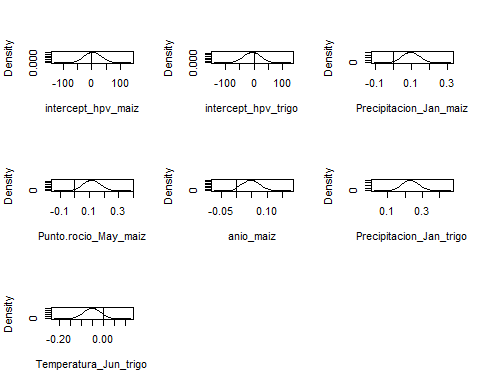
stackMaiz <- inla.stack(  
 data = list(y = cbind(NA, base\_maiz$HPV\_maiz)),  
 A = list(Amaiz,1),  
 effects = list(  
 list(s1 = 1:spde$n.spde),  
 list(intercept\_hpv\_trigo = rep(1, nrow(base\_maiz)),  
   
 Precipitacion\_Jan\_maiz = base\_maiz$Precipitacion\_Jan,  
 Punto.rocio\_May\_maiz = base\_maiz$Punto.rocio\_May,  
 anio\_maiz = base\_maiz$Año.de.Colecta,  
   
 Precipitacion\_Jan\_trigo = rep(NA, nrow(base\_maiz)),  
 Temperatura\_Jun\_trigo = rep(NA, nrow(base\_maiz))  
 )  
   
 ),  
 tag = "WSMV\_maiz")  
  
  
stackTrigo <- inla.stack(  
 data =list(y = cbind(base\_trigo$HPV\_trigo,NA)),  
 A = list(Atrigo,1),  
 effects = list(  
 list(s2 = 1:spde$n.spde, s12 = 1:spde$n.spde),  
 list(intercept\_hpv\_maiz = rep(1, nrow(base\_trigo)),  
   
 Precipitacion\_Jan\_maiz = rep(NA, nrow(base\_trigo)),  
 Punto.rocio\_May\_maiz = rep(NA, nrow(base\_trigo)),  
 anio\_maiz = rep(NA, nrow(base\_trigo)),  
   
 Precipitacion\_Jan\_trigo = base\_trigo$Precipitacion\_Jan,  
 Temperatura\_Jun\_trigo = base\_trigo$Temperatura\_Jun   
 )  
 ),  
 tag = "WSMV\_trigo")  
  
  
stack <- inla.stack(stackTrigo,stackMaiz)

### Resultados

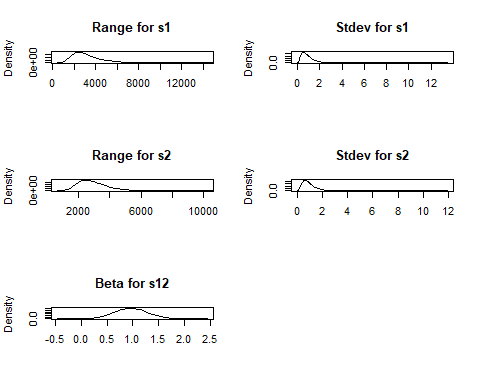
set.seed(123)  
result <- inla(form,rep('binomial',2),  
 data = inla.stack.data(stack),  
 control.predictor = list(compute = TRUE,  
 A = inla.stack.A(stack), link = 1),  
   
 control.compute = list(return.marginals=TRUE,  
 return.marginals.predictor=TRUE,  
 hyperpar=TRUE  
 )  
)  
  
result$summary.fixed  
  
result$summary.hyperpar

## mean sd 0.025quant 0.5quant  
## intercept\_hpv\_maiz 3.06244626 31.36089955 -58.526863592 3.09517858  
## intercept\_hpv\_trigo -5.97251121 31.15178850 -66.898170482 -6.02897370  
## Precipitacion\_Jan\_maiz 0.09609822 0.04876401 0.002190707 0.09548135  
## Punto.rocio\_May\_maiz 0.11535072 0.06066441 -0.002599736 0.11498833  
## anio\_maiz 0.04787371 0.02907662 -0.007416195 0.04741078  
## Precipitacion\_Jan\_trigo 0.23154670 0.05128397 0.133259474 0.23072643  
## Temperatura\_Jun\_trigo -0.05207521 0.04043054 -0.131122272 -0.05216150  
## 0.975quant mode kld  
## intercept\_hpv\_maiz 64.46870378 3.16263383 1.149682e-09  
## intercept\_hpv\_trigo 55.26916850 -6.14506852 4.523306e-09  
## Precipitacion\_Jan\_maiz 0.19351269 0.09426913 7.407073e-09  
## Punto.rocio\_May\_maiz 0.23536205 0.11427451 3.489276e-07  
## anio\_maiz 0.10589597 0.04652766 2.666798e-07  
## Precipitacion\_Jan\_trigo 0.33449640 0.22911637 1.428071e-07  
## Temperatura\_Jun\_trigo 0.02746117 -0.05233298 9.724779e-07  
## mean sd 0.025quant 0.5quant 0.975quant  
## Range for s1 3212.387972 1420.8880486 1290.8249188 2933.0193750 6773.583940  
## Stdev for s1 1.003311 0.7411048 0.2140887 0.8083059 2.956980  
## Range for s2 2985.392907 1039.6203823 1457.3682005 2813.8648039 5546.138954  
## Stdev for s2 1.064914 0.7093357 0.2692509 0.8861555 2.923663  
## Beta for s12 0.966747 0.3361185 0.3064591 0.9641206 1.644808  
## mode  
## Range for s1 2449.9324574  
## Stdev for s1 0.5180448  
## Range for s2 2496.3102208  
## Stdev for s2 0.6142042  
## Beta for s12 0.9527771

par(mfrow = n2mfrow(length(names(result$marginals.fixed)), asp = 1))  
invisible(  
 sapply(names(result$marginals.fixed), function(x) {  
   
 plot(result$marginals.fixed[[x]], type = 'l',   
 xlab = x, ylab = 'Density')  
 abline(v = 0)  
 })  
)



par(mfrow = n2mfrow(length(names(result$marginals.hyperpar)), asp = 1))  
for (j in names(result$marginals.hyperpar)) {  
 ii <- result$marginals.hyperpar[[j]][,2] > sqrt(.Machine$double.eps)  
 plot(result$marginals.hyperpar[[j]],   
 type = 'l',   
 xlim = range(result$marginals.hyperpar[[j]][ii, 1]),   
 xlab = names(result$marginals.hyperpar)[j],   
 ylab = 'Density',  
 main = j)  
}



Para validar el modelo se realizó un validacion cruzada k-fold, con un k = 10, para cada cultivo.

Los resultados indicaron que la modelación conjunta permitió aumentar la capacidad predictiva de la presencia de virus en el cultivo de trigo en relación al clima, respecto a la obtenida en el modelo marginal con las mismas regresoras.

| HPWMoV |
| --- |
|  |
|  |
| Maíz |
| Trigo |