

UNIVERSIDAD DE SAN CARLOS DE GUATEMALA
FACULTAD DE AGRONOMÍA
ÁREA TECNOLÓGICA
SUBÁREA DE PROTECCIÓN DE PLANTAS
LABORATORIO DE EPIDEMIOLOGÍA VEGETAL
MANUAL DE PRÁCTICAS NUMÉRICAS

AUTOR: Dr. Sc. Ezequiel Abraham López Bautista
Profesor Titular VIII
Subárea de Métodos de Cuantificación e Investigación

ECOLOGÍA Y EPIDEMIOLOGÍA EN R: Progreso de la enfermedad a lo largo del tiempo

Tomado de:

Ecology and Epidemiology in R: Disease Progress Over Time
[A.H. Sparks¹](#), [P.D. Esker¹](#), [M. Bates²](#), [W. Dall'Acqua¹](#), [Z. Guo¹](#), [V. Segovia¹](#),
[S.D. Silwal³](#), [S. Tolos⁴](#), and [K.A. Garrett¹](#)

- ¹Dept. of Plant Pathology, Kansas State University, Manhattan, KS
- ²Dept. of Horticulture, Forestry, and Recreation Resources, Kansas State University, Manhattan, KS
- ³Dept. of Mathematics, Kansas State University, Manhattan, KS
- ⁴Dept. of Statistics, Kansas State University, Manhattan, KS
- Current address of P. D. Esker: Dept. of Plant Pathology, University of Wisconsin, Madison, WI, USA

Fuente:

<https://www.apsnet.org/edcenter/disimpactmngmnt/topc/EcologyAndEpidemiologyInR/DiseaseProgress/Pages/default.aspx>

Fecha de la consulta: 01 al 31 de agosto de 2024

Objetivos de aprendizaje de los estudiantes

Luego de completar este módulo:

- Los estudiantes comprenderán:
 1. La diferencia entre severidad e incidencia de las enfermedades,
 2. Como evaluar el progreso de la enfermedad,
 3. Como elegir un modelo apropiado para describir el progreso de la enfermedad.

- Los estudiantes adquirirán estas habilidades:
 1. Aplicarán códigos R que ilustran progreso de la enfermedad,
 2. Modificarán los códigos R para ejecutar ejemplos,
 3. Comprobar el ajuste de los modelos

Comentarios

Agradeceríamos sus comentarios para mejorar este documento e información sobre cómo se ha utilizado para el estudio y la enseñanza. Favor de enviar sus comentarios a los autores de la fuente original a: kgarrett@ksu.edu. Incluya el siguiente texto en la línea de asunto del correo electrónico, "Comentarios sobre los módulos R", para asegurarse de que sus comentarios sean recibidos.

Introducción

Comprender cómo aumentan o disminuyen los niveles de enfermedades con el tiempo es uno de los elementos más básicos de la epidemiología y ecología de las enfermedades de las plantas. A menudo se aplican modelos estadísticos para resumir y describir esta complejidad, de modo que los procesos patológicos se puedan entender más fácilmente (Arneson 2006; Madden et al. 2007). Por ejemplo, las comparaciones entre patrones de progreso de enfermedades para diferentes enfermedades, cultivares, estrategias de manejo o entornos ambientales pueden ayudar a determinar la mejor manera de manejar las enfermedades de las plantas. El propósito de este documento es presentar e ilustrar la base matemática y biológica del progreso de las enfermedades con el tiempo. Para ello, presentamos varios ejemplos de estudios publicados sobre el progreso de las enfermedades y utilizamos el entorno de programación R v. 4.3.1 y el ambiente de desarrollo integrado RStudio para ilustrar varias formas de describir el progreso de las enfermedades con el tiempo.

Con este documento aprenderá a utilizar R, disponible gratuitamente en <http://www.cran.r-project.org/>, para ilustrar el progreso de una enfermedad a lo largo del tiempo en diferentes sistemas y comprender mejor cómo interactúan los factores para provocarla. Para obtener más información sobre el uso de R, consulte una introducción a R preparada para acompañar estos ejercicios disponibles en el sitio del Centro de Telemática (CETE) de la Facultad de Agronomía.

Comenzaremos analizando algunos ejemplos básicos de modelado de relaciones entre variables y revisaremos fundamentos matemáticos que son útiles para modelar el progreso de enfermedades. Luego se presentarán ejemplos de progreso de enfermedades a lo largo del tiempo para diferentes patosistemas de plantas.

Notas:

- Traducción libre del inglés al español
- Los materiales de apoyo están disponibles en el sitio del CETE (cete.fausac.gt)

Ejemplos y discusión de progreso de la enfermedad a lo largo del tiempo

Comprender cómo aumentan las poblaciones de diferentes tipos de patógenos vegetales en los patosistemas de las plantas es fundamental para desarrollar métodos de manejo adecuados. Las bacterias y los virus son capaces de acumular enormes poblaciones en muy poco tiempo, tan solo días o incluso horas en las condiciones adecuadas. Los hongos también pueden reproducirse rápidamente, en cuestión de días o semanas, lo que es importante para los patógenos fúngicos que causan enfermedades policíclicas, es decir, hongos que se reproducen varias veces por temporada. Los nematodos, por su parte, suelen tardar un año o más en completar su ciclo reproductivo. Estas diferentes características influirán en gran medida en el progreso de la enfermedad a lo largo del tiempo.

La medida más útil del progreso de una enfermedad depende tanto del huésped como del patógeno de interés. La incidencia de la enfermedad, o el número de plantas enfermas expresado como proporción del número total de plantas evaluadas, es una medida común. La incidencia de la enfermedad es a menudo una medida útil para cuantificar enfermedades en cultivos perennes, como los cítricos, o para estimar las pérdidas de cultivos debido a una enfermedad como la podredumbre del tallo en el maíz, donde es posible la muerte de toda la planta a partir de una sola infección.

La severidad de la enfermedad, generalmente definida como el porcentaje (área) de tejido enfermo presente en una planta afectada, es otra medida común, en particular para la evaluación de enfermedades foliares donde la cantidad de enfermedad presente en la planta puede correlacionarse con una estimación de pérdida de rendimiento. Los nematodos se cuantifican típicamente en términos de su tamaño de población, a menudo el número de nematodos por volumen de suelo. El daño de los nematodos está bien correlacionado con los niveles de población para varios cultivos diferentes. A pesar de las diferencias en cómo se mide una enfermedad, se pueden aplicar métodos similares para describir y resumir las curvas de progreso de la enfermedad para una variedad de patosistemas de plantas. La medida de la incidencia o severidad de una enfermedad se representa normalmente en el eje Y en función del tiempo, que se representa en el eje X. Estas curvas de progresión de la enfermedad permiten comparar la enfermedad a lo largo de los años o lugares.

En las siguientes secciones se examinarán diferentes tipos de patógenos vegetales y cómo sus poblaciones o las enfermedades que causan evolucionan a lo largo del tiempo, utilizando el entorno de programación R para ilustrar y modelar el progreso de las enfermedades. También es presentada una serie de enfoques para resumir y comparar las curvas de progreso de las enfermedades. A medida que estudie los diferentes métodos, considere las siguientes preguntas.

¿Cuáles son las características importantes de la curva de progreso de una enfermedad que desea capturar mediante modelos u otros resúmenes estadísticos?

¿Qué características puede capturar con un método en particular y qué no logra capturar el método?

Ejemplo 1

Nematodo de aguijón (*Belonolaimus longicaudatus*) en céspedes

Dinámica de la población de nematodos

"...if all the matter in the universe except the nematodes were swept away, our world would still be dimly recognizable...we would find its mountains, hills, valleys, rivers, lakes, and oceans represented by a film of nematodes" N.A. Cobb, 1914

Bekal, S. and Becker, J.O. 2000. [Population dynamics of the sting nematode in California turf grass](#). *Plant Disease* 84:1081-1084



Daños en el césped causados por nematodos de aguijón, *Belonolaimus longicaudatus*, en el césped de un campo de golf y nematodo de aguijón en el recuadro. Fotografía de daños en el césped cortesía de Megan Kenelly, imagen de *B. longicaudatus* cortesía de Tim Todd, Departamento de Fitopatología, Universidad Estatal de Kansas, Manhattan, KS

Los nematodos son los gusanos multicelulares más numerosos que se encuentran en la Tierra. Si bien la mayoría de los nematodos no son parásitos, algunos son parásitos de insectos, plantas o animales y, por lo tanto, pueden causar enfermedades y pérdidas importantes en los cultivos. Los nematodos fitopatógenos causan daños mecánicos al

penetrar y moverse a través de los tejidos de las plantas, cambios celulares, necrosis celular, cambios en el crecimiento celular y cambios fisiológicos en los huéspedes. Estas lesiones interrumpen la absorción y el flujo de agua y nutrientes en la planta y crean aberturas para la entrada de otros microorganismos. Los nematodos también pueden interactuar con otros patógenos, actuar como vectores de patógenos y aumentar la susceptibilidad al estrés ambiental (Agrios, 2004).

En general, el ciclo de vida de un nematodo se compone de seis etapas, con una etapa de huevo, cuatro etapas juveniles o larvarias y la etapa adulta. Las etapas juveniles no tienen órganos reproductivos, mientras que la etapa adulta es sexualmente madura y posee un sistema reproductivo completo. Los nematodos son poiquilotermos, de sangre fría, por lo que su tasa metabólica varía según la temperatura de su entorno.

La eliminación de los nematodos es extremadamente difícil una vez que se introducen en un campo. La mejor estrategia de manejo es mantener las plantas en buen estado de salud mediante el control de la fertilidad del suelo, el pH y la humedad. El control de otras plagas, enfermedades y malezas también puede ayudar. La implementación de prácticas sanitarias reduce el riesgo de propagación de nematodos a nuevas áreas no infestadas. La dispersión de los nematodos se produce principalmente a través de: agua corriente (lluvia o escorrentía de riego) y el movimiento de seres humanos, equipos agrícolas, restos de tierra y material vegetal contaminado por nematodos, quistes o huevos. Si se dispone de variedades de cultivos resistentes, pueden ayudar a reducir el aumento de la población y, de manera similar, las rotaciones de cultivos pueden reducir la alimentación y la reproducción. Los nematicidas se utilizan con mayor frecuencia en cultivos de alto valor como las fresas, pero también se utilizan con frecuencia en la producción de papa, algodón y remolacha azucarera.

Los nematodos de aguijón, los más dañinos del género *Belonolaimus*, están vinculados a la clorosis y muerte del césped, así como de muchas otras especies de plantas (Crow y Han 2005). Bekal y Becker (2000) monitorearon las densidades de población de *Belonolaimus longicaudatus* a intervalos mensuales en tres campos de golf diferentes. Las infestaciones se asociaron con condiciones ambientales favorables, incluido el suelo cálido y arenoso y el riego frecuente. La información sobre la dinámica de la población puede orientar el manejo de los nematodos. Se recolectaron muestras de *B. longicaudatus* en la ubicación 'TM' a una profundidad del suelo de 0 a 15 cm, y en las ubicaciones 'AE' y 'DI' a una profundidad de 0 a 15 y de 15 a 30 cm.

La dinámica de la población de nematodos de aguijón fue similar en las tres localidades y los tamaños de las poblaciones se correlacionaron con la temperatura del suelo. Durante 1993 a 1994, la densidad de población más alta en la localidad 'TM' se produjo en octubre, con aproximadamente 1.000 nematodos por 100 cc de suelo. El **ejercicio 1** ilustra la relación entre la temperatura del suelo y las poblaciones de nematodos, así como algunas técnicas para construir gráficos con múltiples series en R.

Configure el vector de datos de población de nematodos

```
npop <- c(220,180,150,250,270,300,500,580,580,1000,380,100)
```

Configure el vector de caracteres relacionado con los meses del año

```
names(npop) <-c (
  "En",
  "Feb",
  "Mar",
  "Abr",
  "May",
  "Jun",
  "Jul",
  "Agt",
  "Sep",
  "Oct",
  "Nov",
  "Dic"
)
```

Configure el gráfico de barras de las poblaciones de nematodos, utilice help(barplot) para más información

```
barplot(
  npop,
  axes=FALSE,
  main="Población de nematodos",
  ylim=c(0,1200),
  col="orange",
  xlab="Mes",
  ylab="Nematodos por 100 cc suelos")
axis(2,seq(0,1200,by=200))
)
```

Configure el nuevo gráfico que se dibujará encima del gráfico de barras, utilice help(par) para más información

```
par(new=T)
```

```
# Esto establece la temperatura media mensual
# Para la línea por encima de la población
```

```
y <-c (15,17,20,24,26,28,30,31,30,28,19,16)
```

```
# Esto posiciona los puntos en el eje X
# Correctamente en el medio sobre la parte superior del gráfico de barras..
```

```
y2 <-c (0.5,1.45,2.45,3.5,4.5,5.35,6.5,7.6,8.5,9.55,10.65,11.5)
```

Grafique los puntos de temperatura

```
plot(  
  y2,  
  y,  
  ylim=c(0,35),  
  xlab=NA,  
  ylab=NA,  
  xlim=c(0,12),  
  axes=FALSE,  
  type="o",  
  pch=22,  
  col="mediumblue"  
)  
  
axis(  
  4,  
  seq(0,35,by=5),  
  labels=FALSE  
)
```

Establezca los puntos para la temperatura

```
points(  
  y2,  
  y,  
  pch=22,  
  col="mediumblue"  
)
```

Etiquete el eje derecho, consulte help(mtext) para obtener más información

```
mtext(  
  c("0C", "5C", "10C", "15C", "20C", "25C", "30C", "35C"),  
  4,  
  at=seq(0,35,by=5),  
  line=.25  
)
```

Etiquete el eje derecho, consulte help(mtext) para obtener más información

```
mtext(  
  "Temperatura promedio del suelo",  
  4,  
  line=1,  
  cex=1  
)
```

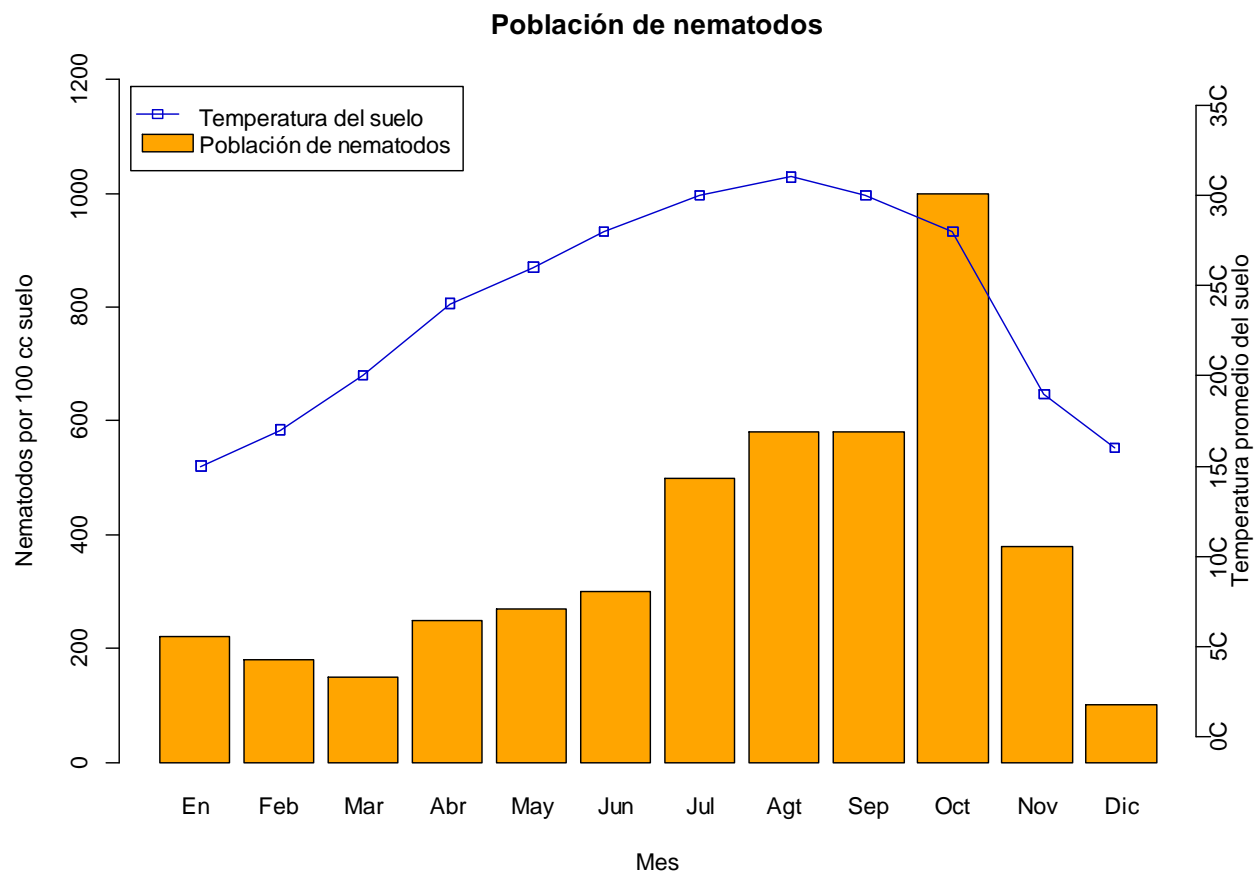
Debe crear la leyenda

```
legend(  
  "topleft",  
  c("Temperatura del suelo", "Población de nematodos"),  
  pch=c(22,NA),  
  lty=c(1,NA),  
  col=c("mediumblue",NA),  
  inset=0.01  
)
```

```
## Cree un rectángulo naranja junto a la etiqueta
## Población de nematodos para la leyenda
```

```
rect(-0.2, 32.4, 0.4, 33.4, col="orange")
```

Salida



El gráfico generado en R muestra la tendencia de la población de nematodos junto con la temperatura del suelo.

Un análisis más detallado de este tipo de datos podría incluir un análisis de series temporales que lleve en consideración tanto la autocorrelación temporal potencial como la temperatura.

Ejemplo 2

Cálculo del área bajo la curva de progreso de la enfermedad para cuantificar el progreso de la enfermedad

El área bajo la curva de progreso de la enfermedad (AUDPC) es un resumen cuantitativo de la intensidad de la enfermedad a lo largo del tiempo, para compararla entre años, ubicaciones o tácticas de manejo. El método más utilizado para estimar el AUDPC, es el método trapezoidal, que consiste en discretizar la variable de tiempo (horas, días, semanas, meses o años) y calcular la intensidad media de la enfermedad entre cada par de puntos de tiempo adyacentes (Madden et al. 2007). Podemos considerar los puntos de tiempo de la muestra en una secuencia $\{t_i\}$, donde el intervalo de tiempo entre dos puntos de tiempo puede ser consistente o puede variar, y también tenemos medidas asociadas del nivel de enfermedad $\{y_i\}$. Definimos $y(0) = y_0$ como la infección inicial o el nivel de la enfermedad en $t = 0$ (es decir, la primera observación de la severidad de la enfermedad en nuestro estudio). $A(t_k)$, el AUDPC en el momento $t = t_k$, es porción total acumulada de la enfermedad bajo $t = t_k$, dada por:

$$A_k = \sum_{i=1}^{N_i-1} \frac{(y_i + y_{i+1})}{2} (t_{i+1} - t_i)$$

Para ilustrar estos conceptos, el ejercicio siguiente muestra el área rectangular S_i como el incremento en la cantidad de la enfermedad acumulada durante el intervalo de tiempo a partir de t_{i-1} to t_i , $S_1 = A_1$ and $A_i = A_{i-1} + S_i$, $i \geq 2$.

Para los propósitos de este ejercicio fue digitada nuestra función de AUDPC. El paquete [Agricolae](#) para R también incluye una función AUDPC. A continuación, se presenta una ilustración de la función para calcular el AUDPC y la gráfica.

```
# Configure las mediciones del porcentaje de severidad de la enfermedad;
# puede cambiarlos en análisis posteriores para ver cómo afecta
# el AUDPC
ds0<-1
ds1<-2
ds2<-7
ds3<-7.5

# Coloque estos valores en un vector sin realizar algún cambio
disease.severity<-c(ds0,ds1,ds2,ds3)

# Puntos temporales en los que se harán mediciones
# de la severidad de la enfermedad,
# cámbielos en los análisis posteriores
# vea cómo afecta al valor de AUDPC
t0<-0
t1<-2
t2<-5
t3<-6
```

```
# Coloque el periodo de tiempo en un vector
## No cambie esos valores

time.period<-c(t0,t1,t2,t3)

# Refresque su memoria sobre cómo funciona la función plot

help(plot)

#Ahora genere la gráfica de la curva de la severidad de la enfermedad bajo el
#tiempo
Windows(10,10)
plot(time.period,
      disease.severity,
      ylim=c(0, (ds3+1)),
      xlim=c(0, (t3+0.5)),
      xlab="Tiempo",
      ylab="Severidad de la enfermedad (%)",
      type="o",
      pch=19,
      col="mediumblue")

#Agregue el título y subtítulo al gráfico (main= título principal)

title(main="Ilustración del cálculo del AUDPC",
      sub="Figura 1")

#Agregue el texto a las etiquetas de x definiendo los periodos de tiempo
#definidos en el texto

mtext("=t0",1,at=0.3,1)
mtext("=t1",1,at=2.3,1)
mtext("=t2",1,at=5.3,1)
mtext("=t3",1,at=6.3,1)

#Illustre el área bajo el progreso de la enfermedad
#la curva con rectangulos.

## No cambie esos valores

rect(t0,0,t1,((ds0+ds1)/2),border="orange")

#Agregue texto al rectángulo para describirlo

text(1,1,"A1")

#Agregue segmento al eje Y
#Y así sucesivamente

rect(t1,0,t2,((ds1+ds2)/2),border="orange")
text(((t1+t2)/2),(((ds1+ds2)/2)/2),"S2")

#Dibuje la línea en el eje X y etiquétela con el valor

segments(.4,((ds1+ds2)/2),t2,((ds1+ds2)/2),
          col="black",lty="18")
text(0,((ds1+ds2)/2),((ds1+ds2)/2))
```

```
rect(t2,0,t3,((ds2+ds3)/2),border="orange")
text(((t2+t3)/2),(((ds2+ds3)/2)/2),"S3")
segments(0.4,((ds2+ds3)/2),t2,((ds2+ds3)/2),
         col="black",lty="18")
text(0,((ds2+ds3)/2),((ds2+ds3)/2))

#Construya una función para calcular el AUDPC
#El corchete izquierdo indica el comienzo
#de la función

audpc <- function(disease.severity,time.period){

#n es el tamaño del período de tiempo, o
#el número total de muestras

n <- length(time.period)

#meanvec es el vector (matriz de una dimensión)
#que contendrá la media del porcentaje de infección
#Se inicializa conteniendo -1 para todas las entradas
#Este tipo de inicialización es a veces útil
#para depurar

  meanvec <- matrix(-1,(n-1))

#intvec es el vector que contendrá el tamaño del
#tiempo entre fechas de muestreo

  intvec <- matrix(-1,(n-1))

#El bucle (proceso que se repite indefinidamente) va de la primera a la
#penúltima entrada
#El corchete izquierdo indica el comienzo de
#los comandos en el bucle

for(i in 1:(n-1)){

#la entrada ith en meanvec es reemplazada por el
#porcentaje promedio de la infección
#entre la muestra del tiempo i y la muestra del tiempo i+1

meanvec[i] <- mean(c(disease.severity[i],
                    disease.severity[i+1]))

#La entrada i-ésima en intvec se sustituye por la longitud (tamaño del
#vector)del intervalo de tiempo entre el tiempo i y el tiempo i+1

intvec[i] <- time.period[i+1] - time.period[i]

#El corchete derecho termina el bucle
}

#Los dos vectores se multiplican juntos
#Una entrada a la vez

infprod <- meanvec * intvec
```

```
#la suma de las entradas en el vector resultante
#proporcionar el AUDPC

    sum(infprod)

#El corchete derecho finaliza la función
}

#Ahora aplique la función a los datos de ejemplo y ponga
#el resultado en un nuevo objeto llamado 'AUDPCexample'

audpc(disease.severity,time.period) -> AUDPCexample

#Despliegue el valor del AUDPC
#Dibuje el rectángulo en torno al valor

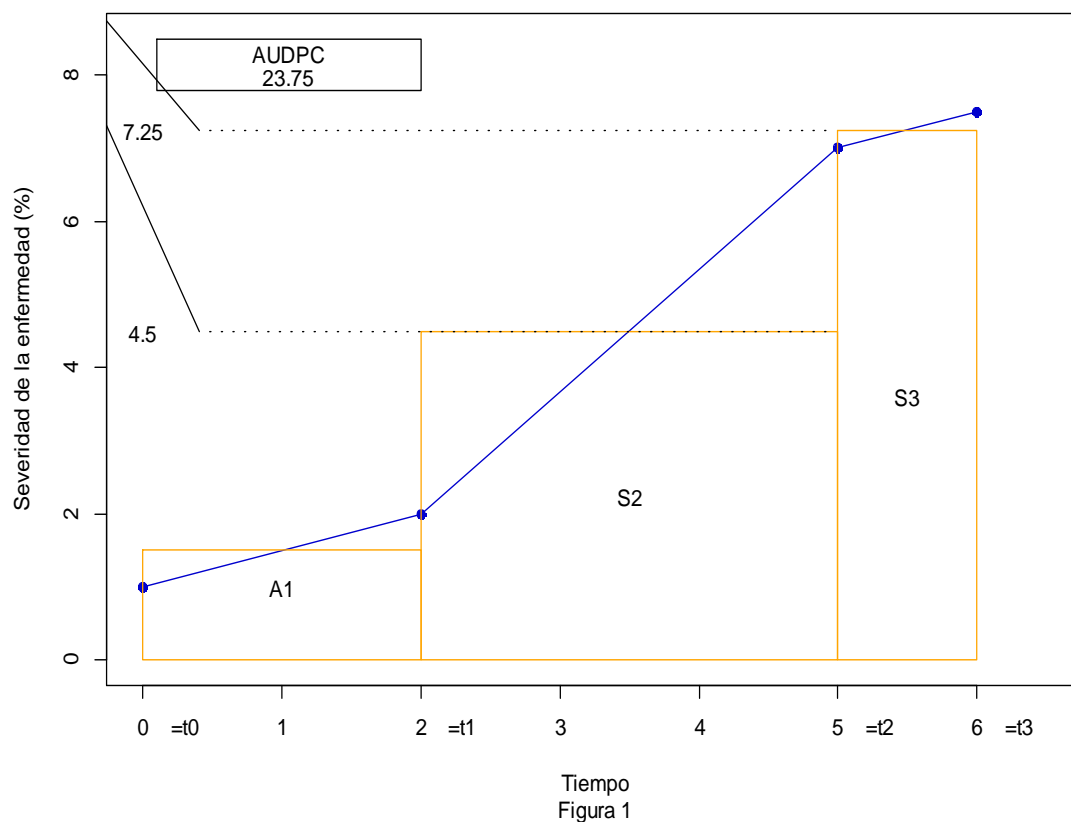
rect(0.1, (ds3+.3), 2, (ds3+1), border="black")

#Texto AUDPC

text(1.05, (ds3+0.8), "AUDPC")
text(1.05, (ds3+0.5), AUDPCexample)
```

Salida

Ilustración del cálculo del AUDPC



Puede usar el código de R anterior para ilustrar otros ejemplos reemplazando los valores de ds_0 a ds_4 y de t_0 a t_4 , como se comenta en el script de R anterior. La función para calcular el AUDPC, `audpc`, se puede utilizar con otros conjuntos de datos para los que el número de observaciones de enfermedades es igual al número de puntos de tiempo y para los que los puntos de tiempo aparecen en orden.

Dado que es posible que tenga sus propios datos sobre el progreso de la enfermedad, este sería un buen momento para revisar cómo usar la función `read.csv`. Refiérase a [An Introduction to the R Programming Environment](#) para un breve tutorial sobre cómo importar datos de hojas de cálculo y otras fuentes (Garrett et al. 2007).

Ejemplo 3

Roya rayada, estriada o amarilla (*Puccinia striiformis*) del trigo

Uso del área bajo la curva de progreso de la enfermedad para comparar la gravedad de la enfermedad

Emge, R.G. and Shrum, R.D. 1976. Epiphytology of Puccinia striiformis at five selected locations in Oregon during 1968 and 1969. Phytopathology 66:1406-1412.



Lesiones ocasionadas por la roya rayada en trigo. Foto cortesía de M. Nita, Kansas State University, Manhattan, KS.

La roya rayada, estriada o amarilla es causada por *Puccinia striiformis*, un parásito obligado del trigo y otras especies de gramíneas. La infección se caracteriza por masas polvorientas (pústulas) de esporas amarillas que forman rayas en la superficie de la hoja. Las pústulas tienen un margen rasgado característico y pueden aparecer a ambos lados de las hojas, tallos y cabezas. Las pústulas pueden cubrir grandes áreas de hojas afectadas en plantas jóvenes. En las plantas más viejas, las pústulas están dispuestas en líneas paralelas. Esta disposición les da a las hojas afectadas una apariencia rayada característica. Las esporas se producen principalmente a partir de las pústulas de las hojas y, en menor grado, de las vainas y tallos.

Puccinia striiformis puede infectar las glumas (la gluma es cada una de las dos hojitas escariosas que a modo de brácteas rodean las espiguillas de las gramíneas) y aristas en la floración, lo que resulta en una acumulación de esporas en los floretes y la superficie del grano en desarrollo; Sin embargo, la roya rayada no se transmite por semillas.

Las condiciones que favorecen el establecimiento del hongo son temperaturas húmedas y frescas, aproximadamente 8-15° C, aunque puede sobrevivir a temperaturas de hasta 40° C. En consecuencia, la roya rayada es un problema grave para el trigo en regiones donde prevalecen temperaturas frías durante la temporada de crecimiento del trigo. Es especialmente frecuente en Europa y el noroeste del Pacífico de los EE. UU. Es un problema ocasional en otros lugares, como las Grandes Llanuras de EE. UU., durante principios o mediados de la primavera.

El progreso de la enfermedad durante 1968 y 1969 en el estado de Oregón, en cinco localidades que difieren climatológicamente, fue estudiado por Emge y Shrum (1979). Consulte su artículo para obtener detalles específicos del experimento. Las parcelas experimentales fueron de 0.2 hectáreas (42.75 m x 45.75 m), sembradas con trigo variedad Omar, altamente susceptible, y se aplicaron 25 g de urediosporas/hectárea en el centro de cada parcela tratada. Se colocó una lámina de plástico sobre las plantas inoculadas durante la noche para mantener niveles de humedad favorables. Los puntos de muestreo se ubicaron a lo largo de líneas que irradian desde el centro inoculado de la parcela para un total de 40 muestras por parcela.

La severidad de la roya rayada se estimó a intervalos semanales. Dado que la cantidad de pústulas de la roya rayada son discretas, es posible calcular el porcentaje de severidad con bastante facilidad. Pero en las áreas donde la roya rayada se expande, las lesiones a menudo se unen y, por lo tanto, se utilizó un código basado en el tamaño del área de esporulación y la densidad de la esporulación en una función matemática para estimar la severidad de la enfermedad. A continuación, se utilizó el AUDPC como resumen de la severidad de la enfermedad para comparar las diferencias entre las temporadas de crecimiento de 1968 y 1969. El siguiente código R proporciona un método para explorar el AUDPC para 1968 y 1969, dos años con diferentes condiciones ambientales.

Madras, Oregon, datos de roya rayada

Año	DAI*	Severidad (%)
1968	0	0
	10	0
	20	0
	30	0
	40	3
	50	20
	60	50
	70	80
	80	90
	90	100
	100	100
1969	0	0
	10	0
	20	0
	30	0
	40	0
	50	0
	60	0
	70	3
	80	6
	90	30
	100	70

#DAI = Days After Inoculation (días después de la inoculación)

Configure el vector para el gráfico de AUDPC, de la localidad de Madras

DAI = Days After Inoculation (días después de la inoculación)

```
daysAfterInoculation <- c(0,10,20,30,40,50,60,70,80,90,100)
```

```
severityYear68 <- c(0,0,0,0,3,20,50,80, 90, 100, 100)
```

```
severityYear69 <- c( 0,0,0,0,0,0,0,3,6,30,70)
```

Configure la línea de la gráfica para 1968

```
plot(
  daysAfterInoculation,
  severityYear68,
  type="o",
  pch=22,
  col="mediumblue",
  ylim=c(0,100),
```

```
xlab='Días después de la inoculación',
ylab='% Infección'
)

## Establezca el título principal

title(main="Progreso de la enfermedad en Madras, Oregon")

## Línea de superposición para el gráfico de 1969

lines(
  daysAfterInoculation,
  severityYear69,
  type="o", col="orange"
)

## Establezca la leyenda del gráfico en la esquina superior izquierda

legend(
  "topleft",
  c("1968","1969"),
  pch= c(22,21),
  lty=1,
  col = c("mediumblue","orange"),
  title="Año",
  inset=0.05
)

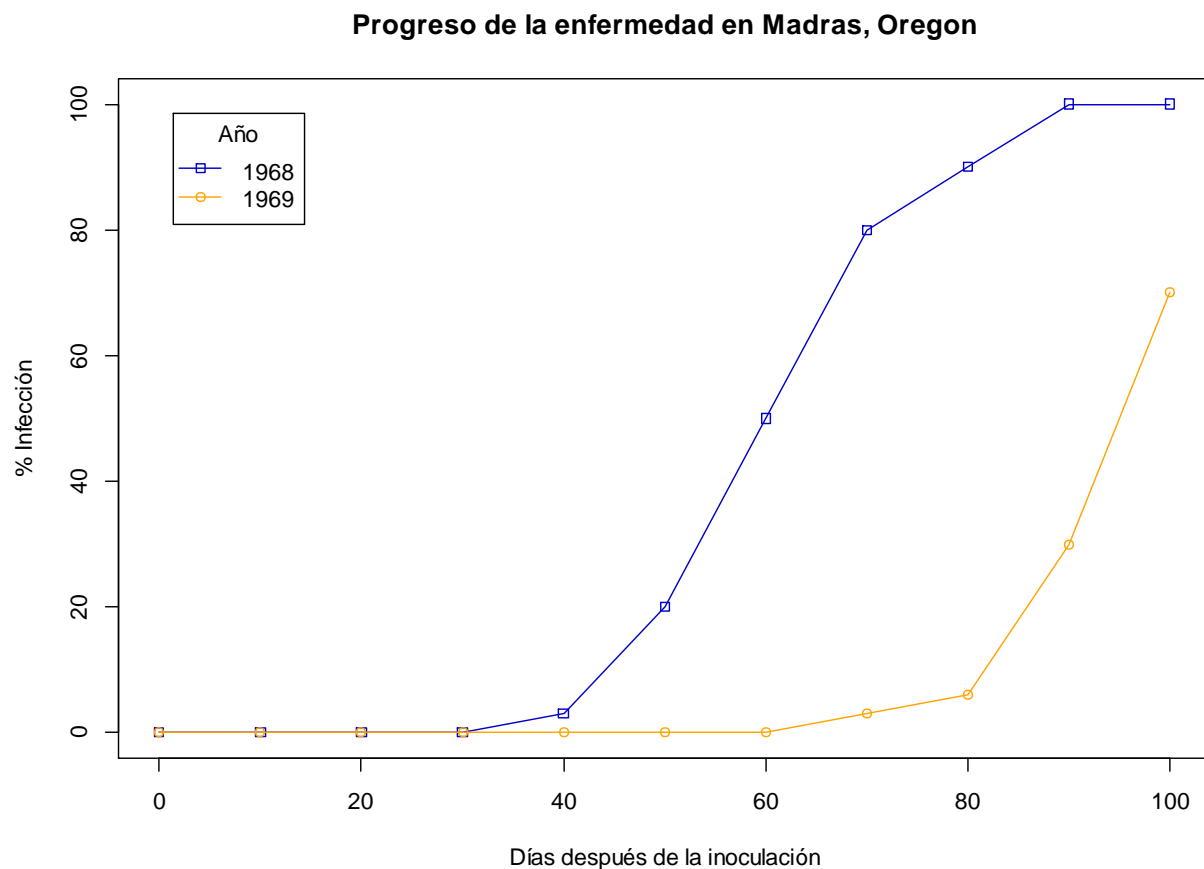
## Calcule el AUDPC usando la función llamada 'audpc' que
##      fue creada en el AUDPC exercise de este documento
## Si usted ha iniciado una nueva sesión de R y no ha salvado
##      la función usted necesitará crearla nuevamente.
## Para comprobar que tiene disponible la función, intente
##      ingresar el nombre de la función, 'audpc', en la línea de comando
##      y R retornará el contenido de la función.
# Calcule el AUDPC para 1968

audpc(severityYear68,daysAfterInoculation)

# Calcule el AUDPC para 1969

audpc(severityYear69,daysAfterInoculation)
```


Salida



Salida

```
audpc(severityYear68,daysAfterInoculation)
```

```
# [1] 3930
```

```
audpc(severityYear69,daysAfterInoculation)
```

```
# [1] 740
```

¿Proporciona el AUDPC un buen resumen de la diferencia entre estas dos curvas de progreso de la enfermedad? ¿Qué información captura y qué deja fuera?

Ejercicio sugerido

Los efectos de la resistencia a enfermedades y las aplicaciones de fungicidas en el progreso de la roya del trigo se pueden evaluar utilizando el AUDPC. Por lo general, la resistencia es la mejor manera de controlar las enfermedades foliares en el trigo, como la roya rayada y la roya de la hoja (causadas por *Puccinia triticina*). El siguiente ejemplo, basado en datos de campo de Kansas (Sparks y Stack, no publicados), ilustra la diferencia en la severidad de la enfermedad para una variedad susceptible a la roya de la hoja, Jagger, y los cultivares resistentes 2137 y Cutter. La última fecha de muestreo fue el 3 de junio, después de lo cual las plantas estaban senescentes. Usando los métodos de los ejemplos anteriores, genere una forma de comparar los niveles de enfermedad en las tres variedades de trigo.

El momento es crítico si se utiliza una aplicación de fungicida para controlar la roya de la hoja de trigo. Por lo general, se puede suponer que el fungicida será efectivo solo durante dos semanas después de la aplicación, previniendo nuevas infecciones durante ese tiempo. Las restricciones de la etiqueta prohíben la aplicación de un fungicida después de la floración. El período crítico de protección para el trigo son las dos semanas después de la floración, cuando la espiga se está llenando. La pérdida de área fotosintética en este momento provocará las mayores pérdidas de rendimiento. Una vez que ha pasado este período de dos semanas, las pérdidas por nuevas infecciones son mucho menos graves.

Descargue el siguiente archivo: [.csv file](#) (right click -> 'Save Link As' or 'Save Target As') e impórtelo al R usando el comando: `read.csv` ilustrado en: "[An Introduction to the R Programming Environment](#)". Calcule el AUDPC usando R y construya dos gráficos. Un gráfico debe incluir solo el trigo sin tratamiento fungicida para comparar los efectos de la resistencia; el otro debe incluir tanto las aplicaciones tratadas como las no tratadas.

¿Cómo se compara el tamaño del efecto fungicida con el efecto de la resistencia? ¿Sería lo mismo que la resistencia?

Dado que el fungicida generalmente solo está activo durante dos semanas después de la aplicación, después de revisar su gráfico, ¿cuándo cree que se aplicó el fungicida?

Ejemplo 4

Modelo de regresión lineal en R

El AUDPC no es el único método para resumir el progreso de la enfermedad. A menudo también se aplica el análisis de regresión. El análisis de regresión es una herramienta estadística para describir la relación entre dos o más variables cuantitativas, de modo que una variable (la variable dependiente o de respuesta) puede predecirse a partir de otras variables (la(s) variable(s) independiente(s) o predictora(s)).

Por ejemplo, si se conoce la relación entre la severidad de la enfermedad y el tiempo, la severidad de la enfermedad se puede predecir en un momento específico. Si solo tenemos una variable predictora y la respuesta y la variable predictora tienen una relación lineal, los datos se pueden analizar con un modelo lineal simple. Cuando hay más de una variable predictora, se puede utilizar la regresión múltiple. Cuando los modelos lineales no son suficientes para describir los datos, puede ser útil un modelo de regresión no lineal. En esta sección, se presentan algunos ejemplos de regresión lineal simple utilizando R.

Regresión lineal

La regresión lineal compara dos variables x y y para responder la pregunta, “¿cómo cambia y en función de x ?”. Por ejemplo, ¿cuál es el valor de severidad de la enfermedad (y) a las dos semanas (x)? O ¿cuál será el valor esperado de la severidad de una enfermedad al final del ciclo de crecimiento si no es aplicado un tratamiento?

Un modelo de regresión lineal simple tiene la siguiente forma: $y_i = \beta_0 + \beta_1 x_i + \varepsilon_i$, siendo ε_i *Normal* ($0, \sigma^2$) e iid; esto es, los términos de error son independiente e idénticamente distribuidos siguiendo una distribución normal con media 0 y varianza σ^2 . La palabra "lineal" en el modelo se refiere a la influencia lineal de los parámetros β_0 and β_1 , los cuales son los coeficientes de la regresión. Específicamente, β_1 es la pendiente o inclinación de la línea de regresión, esto es, el cambio en y correspondiente a una unidad en x . β_0 es el intercepto, o el valor de y cuando $x=0$.

EL intercepto no tiene significado práctico si la condición $x=0$ no puede ocurrir, pero es necesario especificar el modelo. En la regresión lineal la influencia del error aleatorio en el modelo solo se permite en el término de error ε . La variable predictora (o independiente), x , es considerada como una cantidad determinística. La validez del resultado para un modelo de regresión lineal típico requiere el cumplimiento de las siguientes suposiciones:

- El modelo lineal es apropiado,
- Los términos de error son independientes,
- Los términos de error son aproximadamente normalmente distribuidos,
- Y los términos de error tienen una varianza en común.

Para más discusión sobre regresión lineal el lector debe consultar un texto para el análisis de regresión (por ejemplo, Harrell 2001). Si la comprobación de un modelo de regresión lineal simple indica que un modelo lineal no es apropiado, se podría considerar la transformación, la regresión no lineal u otras opciones no paramétricas.

Cómo realizar una regresión lineal en R

R emplea la función `lm` (linear model) para realizar el análisis de regresión:

```
lm(formula, data, subset)
```

Para una descripción completa de la función consulte: `help(lm)`.

A continuación, es presentado un ejemplo simple de la relación entre la relación entre la temperatura y el nivel de severidad de una enfermedad.

Severidad de una enfermedad en función de la temperatura

```
# Variable de respuesta, severidad de la enfermedad
```

```
diseasesev<-c(1.9,3.1,3.3,4.8,5.3,6.1,6.4,7.6,9.8,12.4)
```

```
# Variable predictora (dependiente), (centígrados)
```

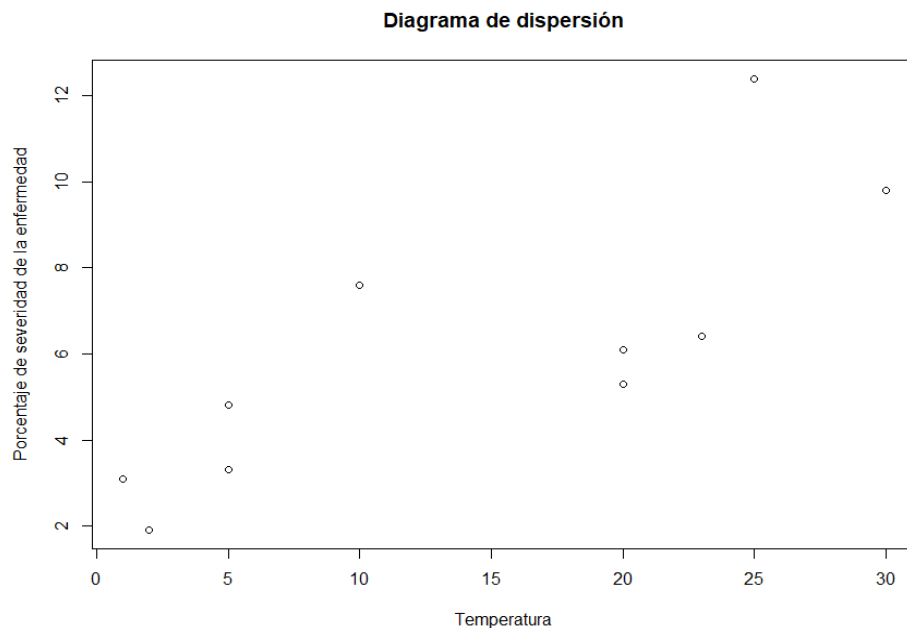
```
temperature<-c(2,1,5,5,20,20,23,10,30,25)
```

```
# Revise graficamente la tendencia
```

```
windows(10,10)
```

```
plot(temperature,diseasesev,main="Diagrama de dispersión",  
xlab="Temperatura",ylab="Porcentaje de severidad de la enfermedad")
```

Salida



Por conveniencia, el conjunto de datos puede ser convertido a un objeto tipo `data.frame` (marco de datos)

```
severity <- as.data.frame(cbind(diseasesev, temperature))
```

**## Ajuste un modelo de regresión lineal para los datos y resuma
la salida a partir de la función `lm()`**

```
severity.lm <- lm(diseasesev~temperature, data=severity)
```

Genere un resumen del modelo de regresión lineal

```
summary(severity.lm)
```

Salida

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-2.1959	-1.3584	-0.3417	0.7460	3.6957

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	2.66233	1.10082	2.418	0.04195 *
temperature	0.24168	0.06346	3.808	0.00518 **

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 2.028 on 8 degrees of freedom

Multiple R-Squared: 0.6445, Adjusted R-squared: 0.6001

F-statistic: 14.5 on 1 and 8 DF, p-value: 0.005175

Herramientas gráficas para evaluar los supuestos del modelo estadístico

Herramientas gráficas comunes para validar los supuestos incluyen gráficos para evaluar las características de los residuos, la parte de las observaciones que no es explicada por el modelo.

1. Gráfico de dispersión de los residuos contra x o los valores ajustados (predichos)
2. Gráficos de probabilidad normal de los residuos

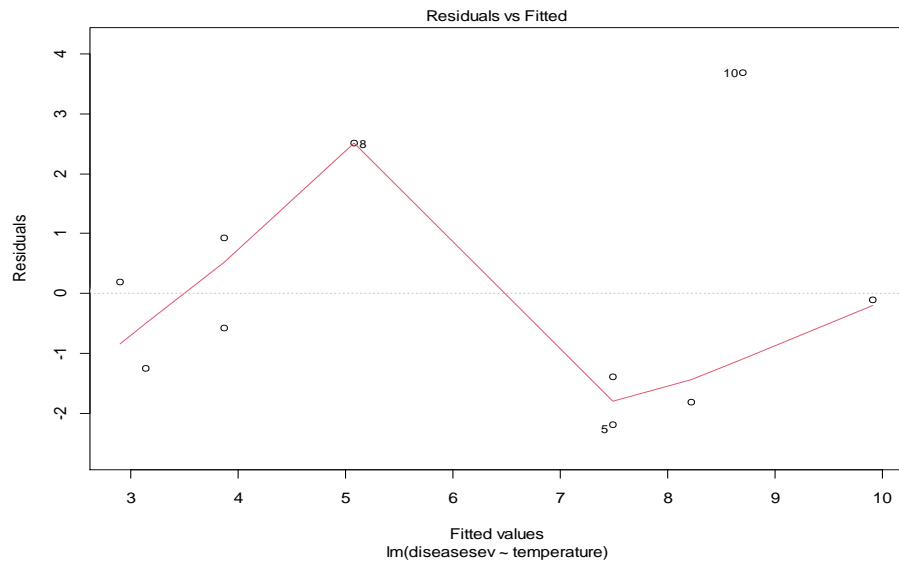
Revise si se presente un patrón de comportamiento en la gráfica, de los residuos contra los valores ajustados que puedan sugerir una varianza no constante. La igualdad de las varianzas puede estar alrededor del cero. Otros patrones de comportamiento pueden indicar que el modelo de regresión lineal no es el apropiada para el conjunto de datos. Si el patrón de comportamiento señala varianzas distintas, un modelo más complicado que especifique las varianzas distintas puede ser el apropiado, o transformando la variable y puede ser una opción.

which=1 produce una gráfica de residuos contra valores ajustados

```
plot(severity.lm, which=1)
```

El gráfico que se muestra a continuación indica un patrón en los residuos que podría explorarse más a fondo, aunque este nivel de patrón con relación a la magnitud de los cambios en los datos observados puede no ser importante.

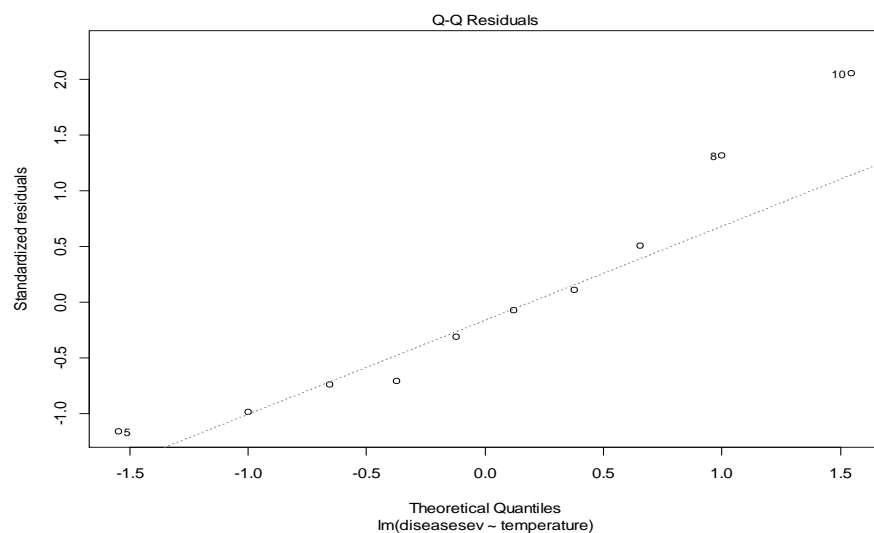
Salida



which=2 produce un gráfico de cuantil-cuantil (QQ plot)

```
plot(severity.lm, which=2)
```

Salida



Los puntos deben estar cerca de una línea en el gráfico QQ si los residuos son de una distribución normal. El gráfico QQ anterior muestra una indicación muy leve de que el residuo podría no provenir de una distribución normal, ya que las dos últimas observaciones se desvían más de la línea ajustada.

Luego de ajustar el modelo lineal la función `predict()` puede ser usada para generar los valores predichos o ajustados. La función `data.frame()` es usada a continuación para crear la tabla de datos originales y valores ajustados.

```
options(digits=4)
fit.with.se<-predict(
  severity.lm,
  se.fit=TRUE
)
data.frame(
  severity,
  fitted.value=predict(severity.lm),
  residual=resid(severity.lm),
  fit.with.se
)
```

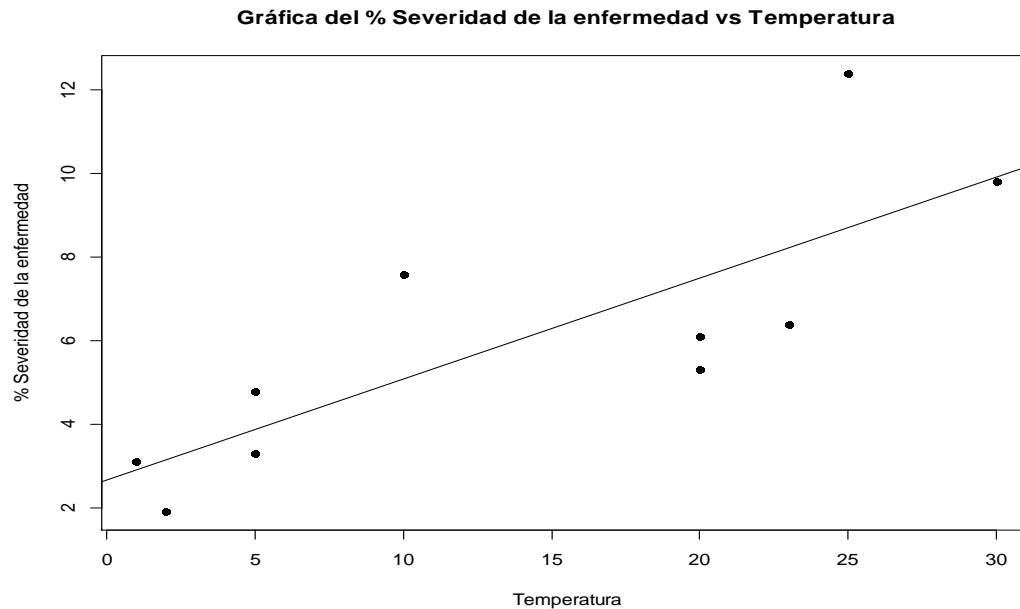
Salida

disease	temperature	fitted.value	residual	fit	se.fit	df	residual.scale	
1	1.9	2	3.146	-1.2457	3.146	1.0004	8	2.028
2	3.1	1	2.904	0.1960	2.904	1.0499	8	2.028
3	3.3	5	3.871	-0.5707	3.871	0.8629	8	2.028
4	4.8	5	3.871	0.9293	3.871	0.8629	8	2.028
5	5.3	20	7.496	-2.1959	7.496	0.7425	8	2.028
6	6.1	20	7.496	-1.3959	7.496	0.7425	8	2.028
7	6.4	23	8.221	-1.8209	8.221	0.8545	8	2.028
8	7.6	10	5.079	2.5209	5.079	0.6920	8	2.028
9	9.8	30	9.913	-0.1127	9.913	1.1955	8	2.028
10	12.4	25	8.704	3.6957	8.704	0.9432	8	2.028

También podemos graficar el conjunto de datos junto con la línea de valores ajustados

```
plot(
  diseasesev~temperature,
  data=severity,
  xlab="Temperatura",
  ylab="% Severidad de la enfermedad",
  pch=16
)
abline(severity.lm,lty=1)
title(main="Gráfica del % Severidad de la enfermedad vs Temperatura")
```

Salida



Si el proceso de revisión de los supuestos del modelo indica que el modelo de regresión lineal es adecuado, el modelo lineal puede ser empleado para predecir la variable de respuesta a partir de un valor predicho determinado.

Valores predichos severidad de la enfermedad para tres nuevas (new) temperaturas

```
new <- data.frame(temperature=c(15,16,17))
predict(
  severity.lm,
  newdata=new,
  interval="confidence"
)
```

Salida

```
fit    lwr    upr
1 6.288 4.803 7.772
2 6.529 5.025 8.034
3 6.771 5.233 8.309
```

La regresión lineal con parámetros de intersección (intercepto) y pendiente (coeficiente angular de la regresión) se puede utilizar para describir relaciones en línea recta entre variables. Para el progreso de la enfermedad medido durante un período de tiempo limitado, una línea recta puede proporcionar una descripción perfectamente adecuada. La regresión lineal que incluye parámetros adicionales se puede utilizar para describir relaciones curvas, por ejemplo, incluyendo un término al cuadrado (término cuadrático, polinomial de grado 2) en el conjunto de predictores, como el tiempo al cuadrado. Las relaciones más complicadas se pueden describir fácilmente utilizando la regresión no lineal.

Ejemplo 5

Modelo de regresión no lineal en R

La regresión no lineal es una técnica de regresión lineal extendida en la que se utiliza un modelo matemático no lineal para describir la relación entre la variable de respuesta y las variables predictoras (Bates y Watts 1988). Un modelo de regresión no lineal es un modelo que contiene al menos uno de los parámetros en una forma no lineal. Un ejemplo de un modelo no lineal es el de tipo potencial o potencia: $Y = \alpha X^\beta + e$.

La forma general de un modelo no lineal es $Y = \eta(x, \beta) + e$, siendo β un p-componente del vector de parámetros desconocidos y e es un término de error Normal $(0, \sigma^2)$; que es, como en una regresión lineal simple, los errores residuales que se asume que tienen una distribución normal con media 0 y varianza σ^2 .

Algunos modelos no lineales tienen formas lineales, llamado intrínsecamente lineal, en los cuales se usa la transformación de los datos originales. Sin embargo, si un modelo no lineal es asumido por ser apropiado para los datos, modelo no lineal debe ser usado para el análisis en lugar de la forma linealizada, ya que la suposición de normalidad para el término de error no será apropiada para los datos transformados.

El proceso de ajuste de regresión no lineal en R es similar al realizado para ajuste de modelos lineales excepto que no es explícita la fórmula para la estimación, ya que procesos iterativos son necesarios, eso también puede requerir que el usuario proporcione estimaciones iniciales de los parámetros. Para más información sobre la regresión no lineal, los lectores pueden consultar Ratkowsky (1989) y Bates y Watts (1988).

Ajuste de una regresión no lineal en R

El comando utilizado para la regresión no lineal en R es el siguiente. Tenga en cuenta que este código R es un resumen de cómo funciona la función y no se ejecutará si se ingresa en una línea de comandos de R

```
nls(  
  formula,  
  data = parent.frame(),  
  start, control = nls.control(),  
  algorithm = "default",  
  trace = FALSE,  
  subset,  
  weights,  
  na.action,  
  model = FALSE  
)
```

Para revisar la documentación completa de la función `nls` en R, digite `?nls` o `help(nls)`.

Crecimiento logístico de enfermedades de plantas

```
## Ingrese el conjunto de datos que incluye las variables tiempo,  
# ID (identificación de la planta), y severidad
```

```
time <- c(seq(0,10),seq(0,10),seq(0,10))  
plant <- c(rep(1,11),rep(2,11),rep(3,11))
```

```
## La severidad representa el número de  
## lesiones en la superficie de la hoja, estandarizada  
## como una proporción de la máxima cantidad de lesiones
```

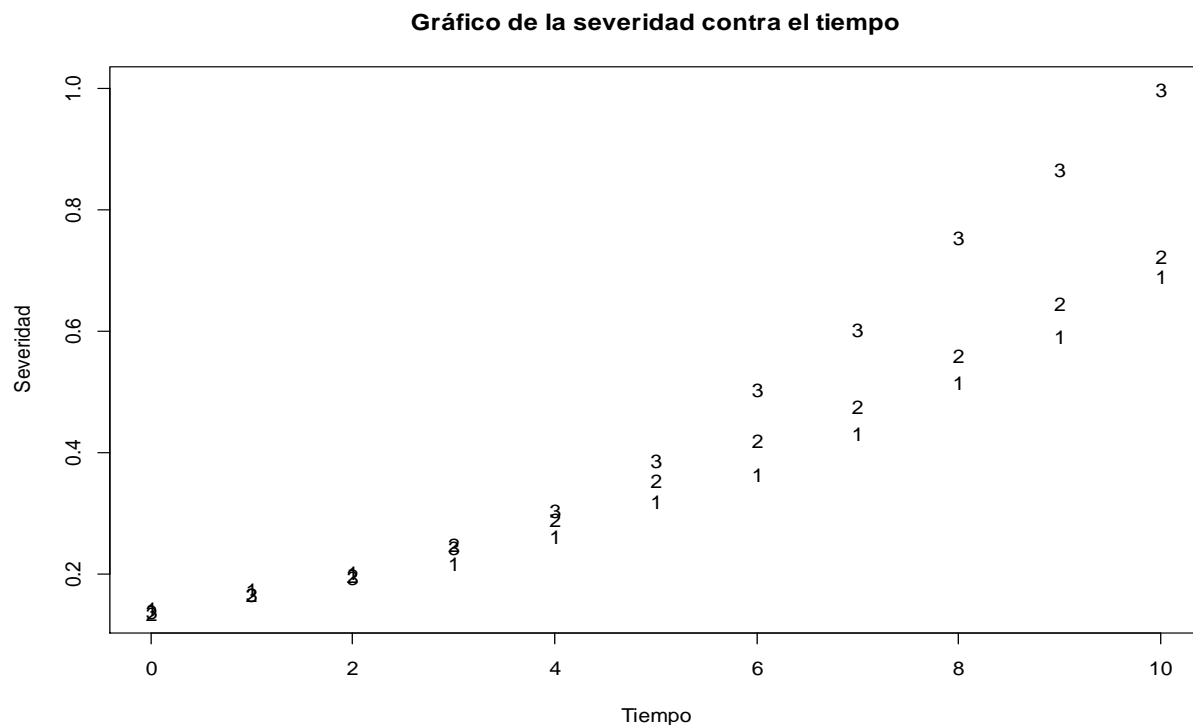
```
severity <- c(  
  42,51,59,64,76,93,106,125,149,171,199,  
  40,49,58,72,84,103,122,138,162,187,209,  
  41,49,57,71,89,112,146,174,218,250,288)/288
```

```
data1 <- data.frame(  
  cbind(  
    time,  
    plant,  
    severity  
  )  
)
```

```
## Gráfico de la severidad contra el tiempo  
## para ver la relación entre  
## las dos variables para cada planta
```

```
plot(  
  data1$time,  
  data1$severity,  
  xlab="Tiempo",  
  ylab="Severidad",  
  type="n"  
)  
text(  
  data1$time,  
  data1$severity,  
  data1$plant  
)  
title(main="Gráfico de la severidad contra el tiempo")
```

Salida



Del gráfico se concluye que, una curva logística podría ajustarse a los datos. La curva logística es:

$$y(t) = \frac{\alpha}{1 + e^{\beta - \lambda t}}$$

Para poder ajustar una curva logística, se necesitan valores iniciales de los parámetros. Para la curva logística, R tiene funciones llamadas `getInitial` y `SSlogis` para obtener el valor inicial de los parámetros. Los lectores también pueden obtener algunas ideas sobre cuál es el parámetro inicial observando el diagrama de dispersión y considerando lo que los parámetros específicos hacen a la forma de la curva. Por ejemplo, para la curva logística el parámetro α representa el límite asintótico de la severidad. El punto de inflexión se produce en $(\beta/\lambda, \alpha/2)$. Por lo tanto, a partir del diagrama de dispersión, la estimación inicial para α puede ser 300 y la estimación para β/λ es alrededor de 7, Por lo tanto, podríamos establecer la estimación inicial de β como 15 y λ como 2. Es importante tener un buen punto de partida para la estimación del parámetro. Para más información sobre los parámetros de los modelos no lineales, consulte Ratkowsky (1989).

A continuación, se muestra un ejemplo de cómo obtener el valor inicial de los parámetros mediante `getInitial` y `SSlogis`. `SSlogis` usa una parametrización diferente para el modelo logístico que hemos usado aquí, por lo que como primer paso usamos la parametrización de `SSlogis` y luego convertimos a nuestra parametrización. (Utilice `help(SSlogis)` para obtener más información.)

```
getInitial(  
  severity ~ SSlogis(time, alpha, xmid, scale),  
  data = data1  
)
```

Salida

```
alpha  xmid  scale  
2.212 12.507  4.572
```

A continuación, será ajustada una curva logística, convirtiendo a nuestra parametrización.

```
## Usando el valor inicial de los parámetros obtenidos arriba,  
## ajuste a los datos una curva logística.
```

```
para0.st <- c(  
  alpha=2.212,  
  beta=12.507/4.572, # beta en nuestro modelo es xmid/scale  
  gama=1/4.572 # gamma (o r) es 1/scale  
)  
  
fit0 <- nls(  
  severity~alpha/(1+exp(beta-gama*time)),  
  data1,  
  start=para0.st,  
  trace=T  
)
```

Salida

```
0.1621433 : 2.2120000 2.7355643 0.2187227  
0.1621427 : 2.2124095 2.7352979 0.2187056
```

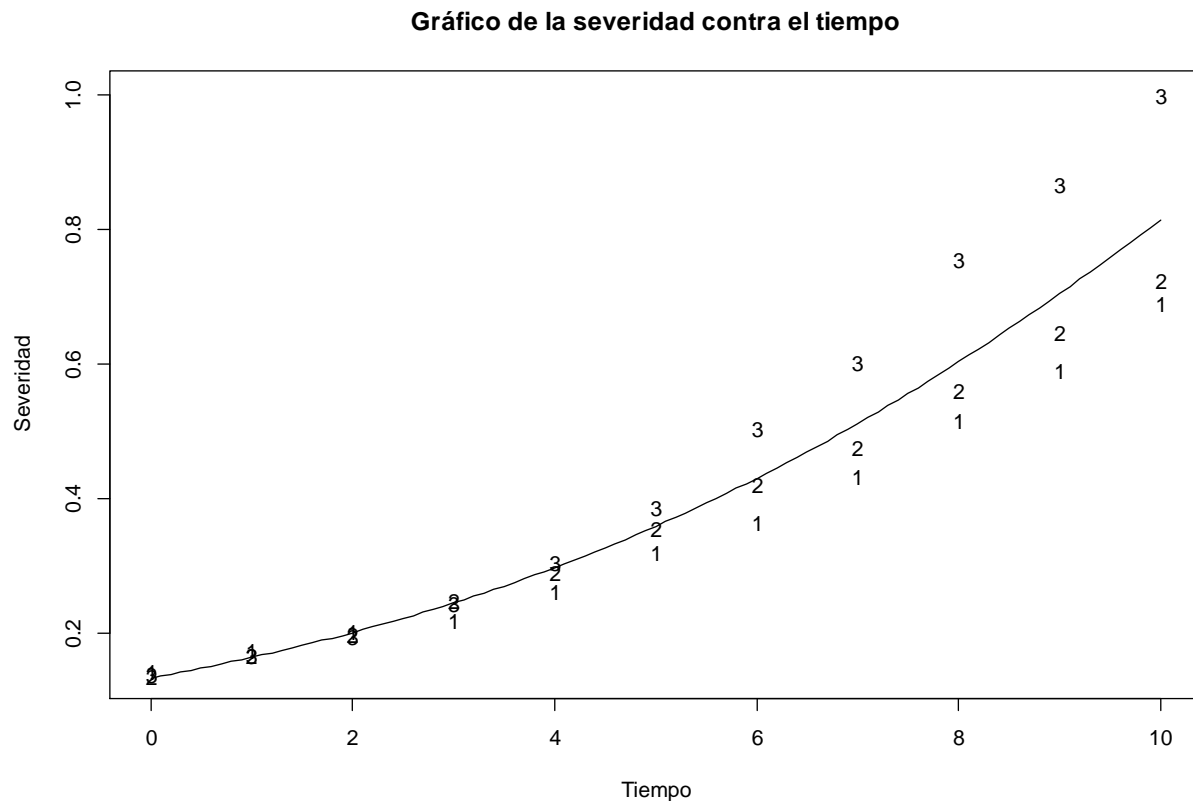
Luego revise el ajuste de la curva logística (graficada) a los datos, en el gráfico de dispersión (scatter plot).

```
## Grafique para ver cómo el modelo se ajusta a los datos;  
## grafique la curva logística en un diagrama de dispersión (scatter plot).
```

```
plot(  
  data1$time,  
  data1$severity,  
  type="n",  
  xlab="Tiempo",  
  ylab="Severidad"  
)
```

```
text(  
  data1$time,  
  data1$severity,  
  data1$plant  
)  
title(main="Gráfico de la severidad contra el tiempo")  
  
curve(  
  2.21/(1+exp(2.74-0.22*x)),  
  from=time[1],  
  to=time[11],  
  add=TRUE  
)
```

Salida



A partir de este gráfico de la curva logística, parece que el modelo logístico se ajusta muy bien a los datos. Hay muchos modelos no lineales que se pueden utilizar para analizar los datos de progreso de la enfermedad. En la siguiente sección se analizan algunos modelos conocidos. Por lo tanto, después de que se haya construido un diagrama de dispersión de los datos a lo largo del tiempo y se determine que un modelo no lineal particular se ajusta a los datos, puede usar un procedimiento similar al de este ejemplo de ajuste del modelo logístico a un conjunto de datos.

Ejemplos de modelos de crecimiento para progreso de la enfermedad en plantas

En fitopatología estamos frecuentemente interesados en estudiar progreso de la enfermedad a lo largo del tiempo, en que el tiempo (t) es modelado como una variable continua y no como una variable discreta. Se han utilizado muchos modelos diferentes de crecimiento poblacional para modelar las curvas de progreso de la enfermedad (Gilligan 1990; Madden et al. 2007). A continuación, se analizan cinco modelos comunes de curvas de crecimiento junto con sus supuestos. Para ilustrar algunos de estos modelos en R, nos remitimos a la Tabla 1 de Gottwald et al. (1989) que comparó diferentes modelos para el progreso de la enfermedad, basados en análisis de regresión no lineal. En esta tabla, la incidencia inicial de la enfermedad para naranja y pomelo es $y_0 = 1/(13 \cdot 45) = 0.0017$ y para limón de cerca (*Swinglea glutinosa*): $y_0 = 1/(15 \cdot 67) = 0.001$.

Modelos de curva de crecimiento			
Modelo	Forma de la ecuación diferencial	Forma integrada	Forma linealizada
Exponencial	$\log y = \log y_0 + rt$	$y = y_0 \exp(rt)$	$\log y = \log y_0 + rt$
Monomolecular	$\ln\{1/(1-y)\} = \ln\{1/(1-y_0)\} + rt$	$y = 1 - (1-y_0)\exp(-rt)$	$\ln\{1/(1-y)\} = \ln\{1/(1-y_0)\} + rt$
Logístico	$y = 1/[1 + \{-\ln y_0/(1-y_0) + rt\}]$	$y = 1/[1 + \exp\{-\ln y_0/(1-y_0) + rt\}]$	$\ln(y/(1-y)) = \ln\{y_0/(1-y_0)\} + rt$
Gompertz	$dy/dt = ry \ln(1/y) = ry(-\ln y)$	$y = \exp(\ln y_0 \exp(-rt))$	$-\ln(-\ln y) = -\ln(-\ln y_0) + rt$
Weibull	$dy/dt = c/b\{(t-a)/b\}^{(c-1)}\exp[-((t-a)/b)^c]$	$y = 1 - \exp[-((t-a)/b)^c]$	$\ln[\ln\{1/(1-y)\}] = -c \ln b + \ln(t-a)$

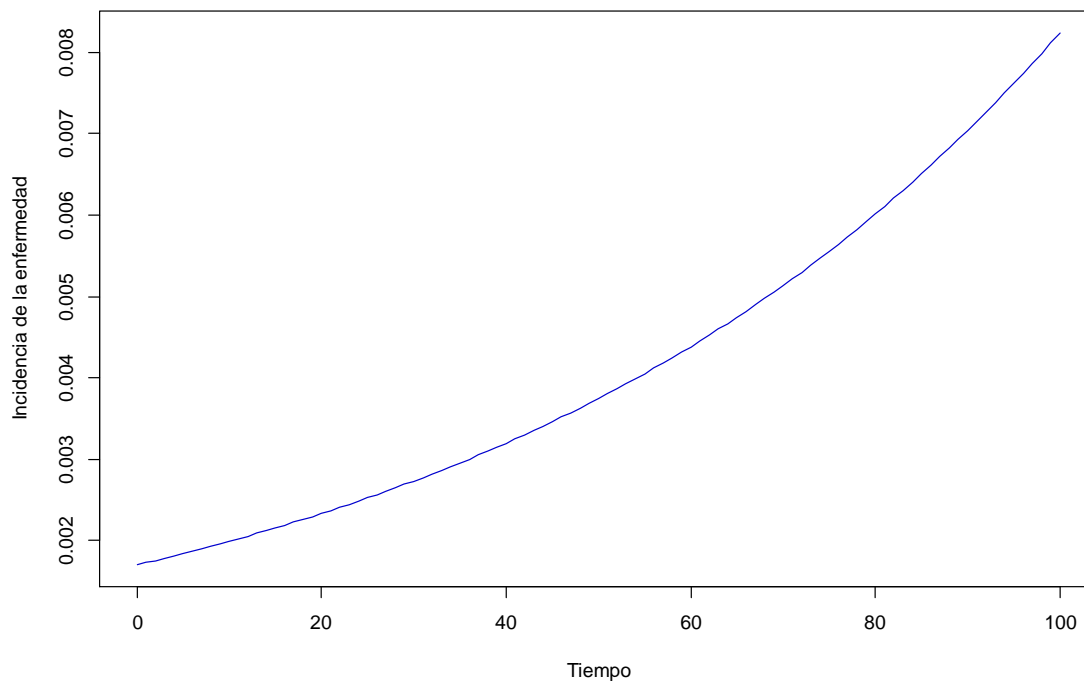
Modelo Exponencial

El modelo exponencial asume que la tasa absoluta de aumento de la enfermedad (dy/dt) es proporcional a la intensidad de la enfermedad (y). El siguiente código de R crea una función, `plotexp`, que representa una relación exponencial entre la incidencia de enfermedades y el tiempo. Después de crear la función `plotexp`, puede aplicarla utilizando diferentes valores de los parámetros para comprender mejor cómo afectan estos a la forma de la curva. En la ilustración, el parámetro y_0 se establece en 0.0017, el parámetro r se establece en 0.01579 y el tiempo máximo para la ilustración se establece en 100. Intente cambiar esos valores al aplicar la función `plotexp`.

```
## Ejemplo de modelo exponencial

plotexp <- function(y0,r,maxt){
  curve(
    y0*exp(r*x),
    from=0,
    to=maxt,
    xlab='Tiempo',
    ylab='Incidencia de la enfermedad',
    col='mediumblue')
}
plotexp(0.0017, 0.01579, 100)
```

Salida



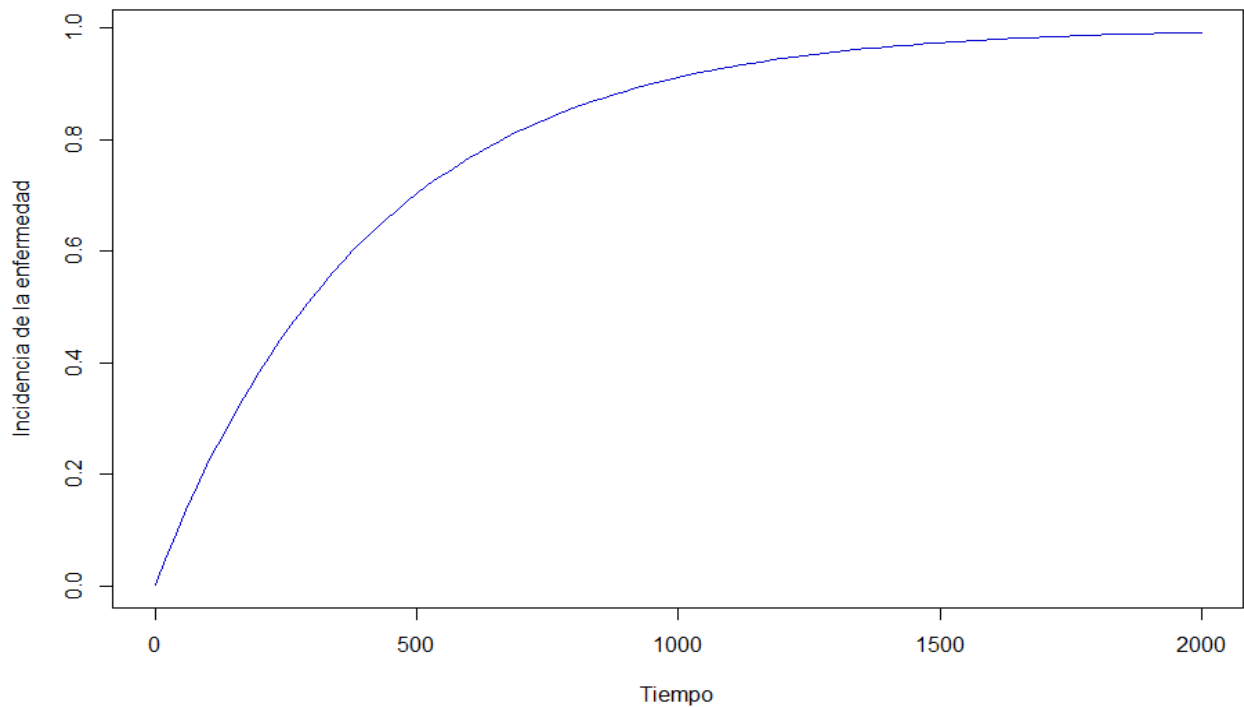
Modelo monomolecular

El modelo monomolecular asume una capacidad de carga de uno, es decir, el nivel máximo de enfermedad es uno, por lo que la severidad o incidencia de la enfermedad se mide como una proporción. El tejido vegetal enfermo solo puede estar entre cero (sano) y uno (enfermedad completa). También supone que la tasa absoluta de cambio es proporcional al tejido sano, es decir, $(1-y)$. Después de crear la función `plotmono` y probar el conjunto de ejemplos de valores de parámetros, intente reemplazar los valores de los parámetros por otros para ver cómo cambia la forma de la relación.

```
## Ejemplo de modelo monomolecular

plotmono <- function(y0,r,maxt){
  curve(
    1-(1-y0)*exp(-r*x),
    from=0,
    to=maxt,
    xlab='Tiempo',
    ylab='Incidencia de la enfermedad',
    col='mediumblue')
}
plotmono(0.0017, 0.00242, 2000)
```

Salida



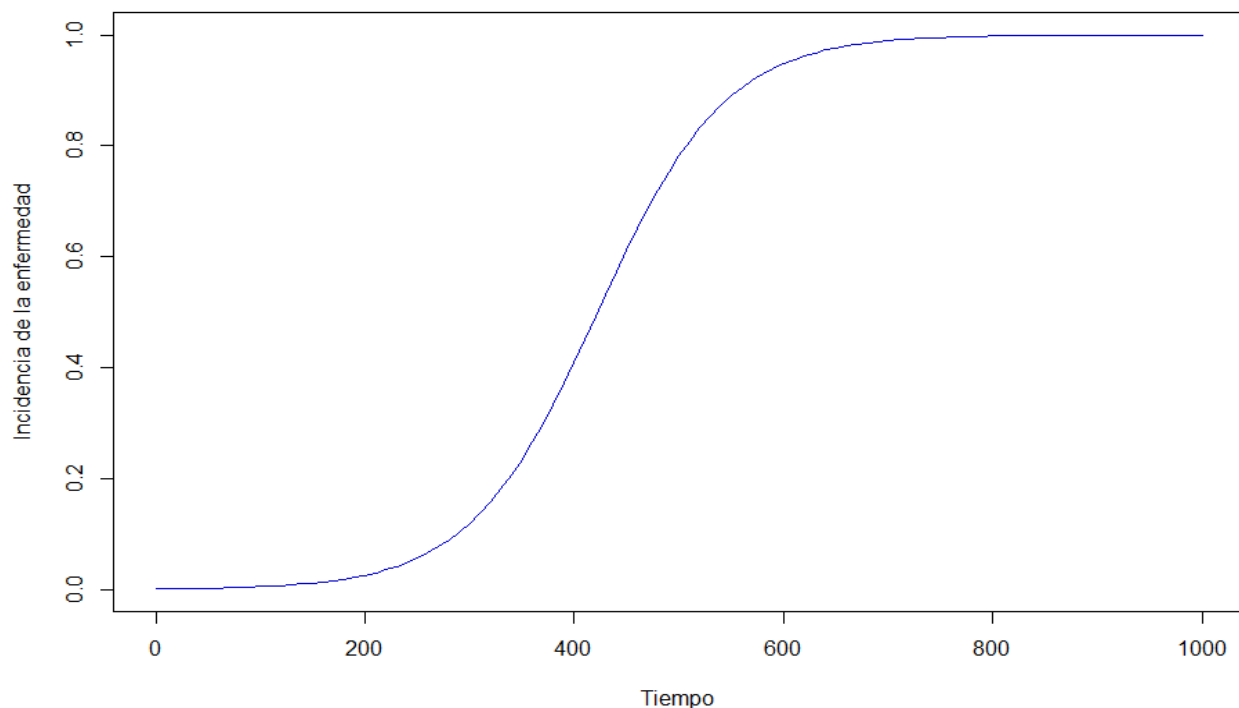
Modelo logístico

El modelo logístico asume que la tasa absoluta de cambio en el nivel de la enfermedad depende tanto del tejido sano (y) como del tejido enfermo ($1-y$) presente en ese momento. La curva es perfectamente simétrica con un punto de inflexión en el tiempo $t = 1/\ln y_0/(1-y_0)$ cuando $y = 1/2$. Esto es, dy/dt incrementos hasta $y = 1/2$ y disminuye a partir de allí. Luego debe crear la función `plotlog`, e intente aplicarla con diferentes valores de parámetros.


```
## Ejemplo de modelo logístico

plotlog <- function(y0,r,maxt){
  curve(
    1/(1+(1-y0)/y0*exp(-r*x)),
    from=0,
    to=maxt,
    xlab='Tiempo',
    ylab='Incidencia de la enfermedad',
    col='mediumblue'
  )
}
plotlog(0.001, 0.01636, 1000)
```

Salida



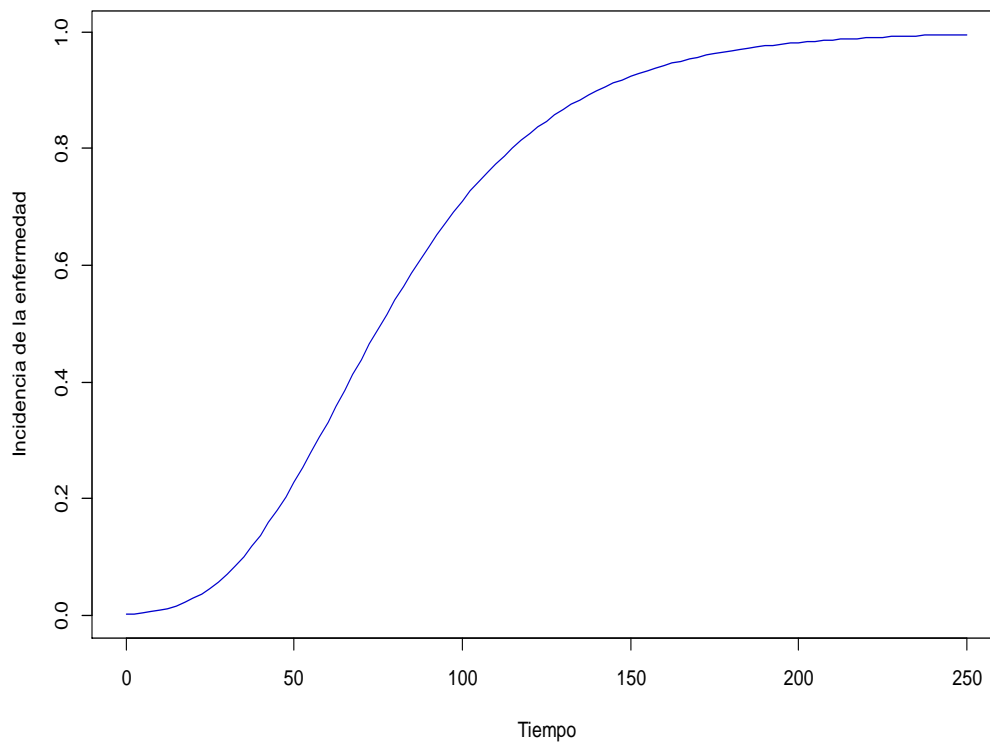
Modelo Gompertz

El modelo de Gompertz asume que la tasa absoluta de cambio depende de y y de $\ln(1/y)$ y es muy similar al modelo logístico. Sin embargo, el modelo de Gompertz es más asimétrico, con un punto de inflexión alcanzado en $0.37(1/e)$. Después de crear la función `plotgomp` y compararla con los otros modelos anteriores, intente cambiar los valores de los parámetros para ver el efecto en la forma de la curva.

```
## Ejemplo de modelo Gompertz

plotgomp <- function(y0,r,maxt){
  curve(
    exp(log(y0)*exp(-r*x)),
    from=0, to=maxt, xlab='Tiempo',
    ylab='Incidencia de la enfermedad',
    col='mediumblue'
  )
}
plotgomp(0.0017,0.02922, 250)
```

Salida



Modelo Weibull

1. El modelo de Weibull incluye un mayor número de parámetros, por lo que puede describir curvas más complicadas. Los parámetros son:
 - a* - unidades de tiempo, Indicación del momento de inicio de la enfermedad,
 - b* - el parámetro de la escala, inversamente relacionado con la tasa de aumento de la enfermedad,
 - c* - el parámetro Forma sin unidades que controla la asimetría de la curva.

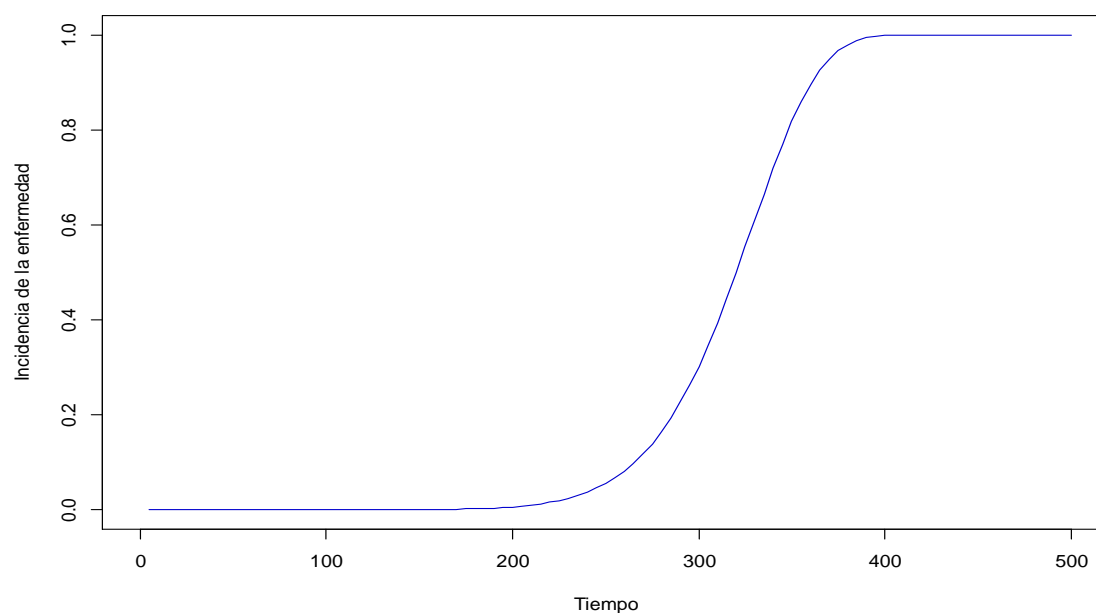
If $c = 1$, este modelo es idéntico al modelo monomolecular con la tasa del parámetro $r = 1/b$ y el nivel inicial de la enfermedad $y_0 = 1 - \exp(-a/b)$. Con valores adecuados de los parámetros 1, 2 y 3, el modelo de Weibull puede aproximar otros modelos.

Ejemplo de modelo Weibull

```
plotweib <- function(a,b,c,maxt){  
  curve(  
    1-exp(-(x-a)/b)^c),  
    from=0,  
    to=maxt,  
    xlab='Tiempo',  
    ylab='Incidencia de la enfermedad',  
    col='mediumblue'  
  )  
}
```

```
plotweib(1, 331.10, 10.04, 500)
```

Salida



Tenga en cuenta que, para algunas combinaciones de parámetros, estos modelos diferentes pueden producir curvas muy similares. Por esta razón, cuando se compara el ajuste de estas curvas para un conjunto de datos real, más de uno de los modelos puede dar un buen ajuste. En ese caso, puede ser mejor optar por el modelo más simple (principio de la parsimonia). Por otro lado, si se comparan muchos conjuntos de datos diferentes, un modelo más complicado como el de Weibull puede facilitar la obtención de ajustes razonables a todos los conjuntos de datos que se están considerando. Para una comparación más profunda de los diferentes usos de los modelos de crecimiento en fitopatología, puede consultar: Gilligan (1990) y Madden et al. (2007).

Ejemplo 6

Cáncer de los cítricos

Gottwald, T.R., Trimmer, L.W., and McGuire, R.G. 1989. Analysis of disease progress of citrus canker in nurseries in Argentina. *Phytopathology* 79:1276-1283.



Síntomas de cáncer de los cítricos en las frutas: Cáncer de los cítricos, causado por *Xanthomonas axonopodis* pv. *citri*, en toronjas.

Para este ejercicio, se recomienda revisar el trabajo de Gottwald et al. (1989) mientras lee esta sección y realiza los ejercicios. Hay algunos puntos clave ilustrados en el documento que no se presentan aquí.

La colonización bacteriana de las plantas hospederas requiere la entrada del patógeno en los tejidos del huésped, comúnmente a través de aberturas naturales en la planta como estomas, lenticelas o heridas en las superficies de la planta (Vidaver y Lambrecht 2004). Sin embargo, la entrada de patógenos también se puede lograr a través de la deposición de insectos o mecánicamente a través de un portador más grande. Las bacterias dependen principalmente de la dispersión del viento o del agua (salpicaduras) para que las poblaciones se trasladen a nuevos huéspedes. Cuando la lluvia es impulsada por vientos significativos, la tasa de progreso de la enfermedad generalmente aumenta (Gottwald 2000). Los fuertes vientos tienden a provocar la abrasión de la superficie de la planta y las condiciones húmedas suelen dar lugar a estomas abiertos, lo que favorece la entrada del patógeno en su huésped.

Xanthomonas axonopodis es el agente causal del cancro bacteriano de los cítricos (CBC). Hay tres clasificaciones principales de CBC dentro de la especie, la más prevalente de las cuales es CBC asiático causado por *X. axonopodis* pv. *citri* (Xac). Cuando se infecta con Xac, una planta huésped exhibirá lesiones en hojas, tallos y frutos. La enfermedad induce la abscisión temprana de hojas y frutos, lo que resulta en un deterioro de la salud de los árboles. La infección con Xac hace que cualquier fruta infectada sea invendible, lo que explica la importancia económica del control de este patógeno.

Para ilustrar cómo se produce el progreso de la enfermedad a lo largo del tiempo para un patógeno bacteriano, considere el ejemplo de Gottwald et al. (1989). Se compararon varios modelos para describir el progreso del CBC en tres cultivos de cítricos en un vivero, utilizando dos métodos de recopilación de datos (Gottwald et al. 1989). Los detalles del diseño experimental y los objetivos se pueden encontrar en el artículo. En este ejercicio, se utilizará R para ilustrar la comparación visual de diferentes curvas de progreso de la enfermedad.

Debido a que en investigaciones anteriores habían relacionado la propagación de la enfermedad con la lluvia impulsada por el viento, Gottwald et al. (1989) se interesaron en el efecto que este fenómeno tendría en un entorno de vivero densamente plantado. La Figura 1 de Gottwald et al. (1989) muestra tanto la incidencia de enfermedades como las precipitaciones, pero las ocasiones en las que las precipitaciones estuvieron asociadas con fuertes vientos ($>8 \text{ ms}^{-1}$) se indican con flechas. Esto es consistente con la idea de una relación directa entre el progreso de la enfermedad en el vivero y la ocurrencia de lluvias impulsadas por el viento.

Gottwald et al. (1989) consideraron una serie de modelos, incluyendo el exponencial, el monomolecular, el de Gompertz, el logístico y el de Weibull, para describir el progreso de la enfermedad en cada vivero utilizando tanto la incidencia como la severidad de la enfermedad. La Tabla 1 de Gottwald et al. (1989) muestra cada uno de estos modelos y muestra qué tan bien se ajusta cada uno de ellos a los datos de cada vivero. Al examinar la Tabla 1, observe que varios modelos diferentes hacen un buen trabajo al predecir la incidencia y la severidad de la enfermedad a lo largo del tiempo.

A continuación, usamos R para ilustrar los modelos aplicados en Gottwald et al. (1989), así como para examinar las diferentes curvas de progreso de la enfermedad y comparar qué tan bien se ajustan los diferentes modelos a los datos.

Graficando dos curvas exponenciales

Este ejemplo ilustra una comparación gráfica de dos curvas exponenciales utilizando estimaciones de los parámetros de naranja y toronja derivadas de la Tabla 1 en Gottwald et al. (1989).

- y_1 y y_2 representan la infección inicial (en el tiempo cero), determinado por la división entre el número de árboles infectados y el número total de árboles en cada parcela experimental.
- r_1 y r_2 representan los parámetros estimados por Gottwald *et al.*
- \max_1 y \max_2 representan el número de días de la enfermedad que fueron estudiados en cada cultivo.

```
##Configurando la función

plot2 <- function(y1,y2,r1,r2,max1,max2){

# La primera curva
  curve(
    y1*exp(r1*x),
    from=0,
    to=max1,
    add=FALSE,
    lty=1,
    xlab='Días',
    ylab='Incidencia de la enfermedad',
    col='red',
    xlim=c(0,400),
    ylim=c(0,1)
  )

# La segunda curva
  curve(y2*exp(r2*x),
        from=0,
        to=max2,
        add=TRUE,
        lty=1,
        col='mediumblue'
  )
}

##Ejecutando la función plot2

plot2(0.0017,0.0017,0.01579,0.01661,383,382);

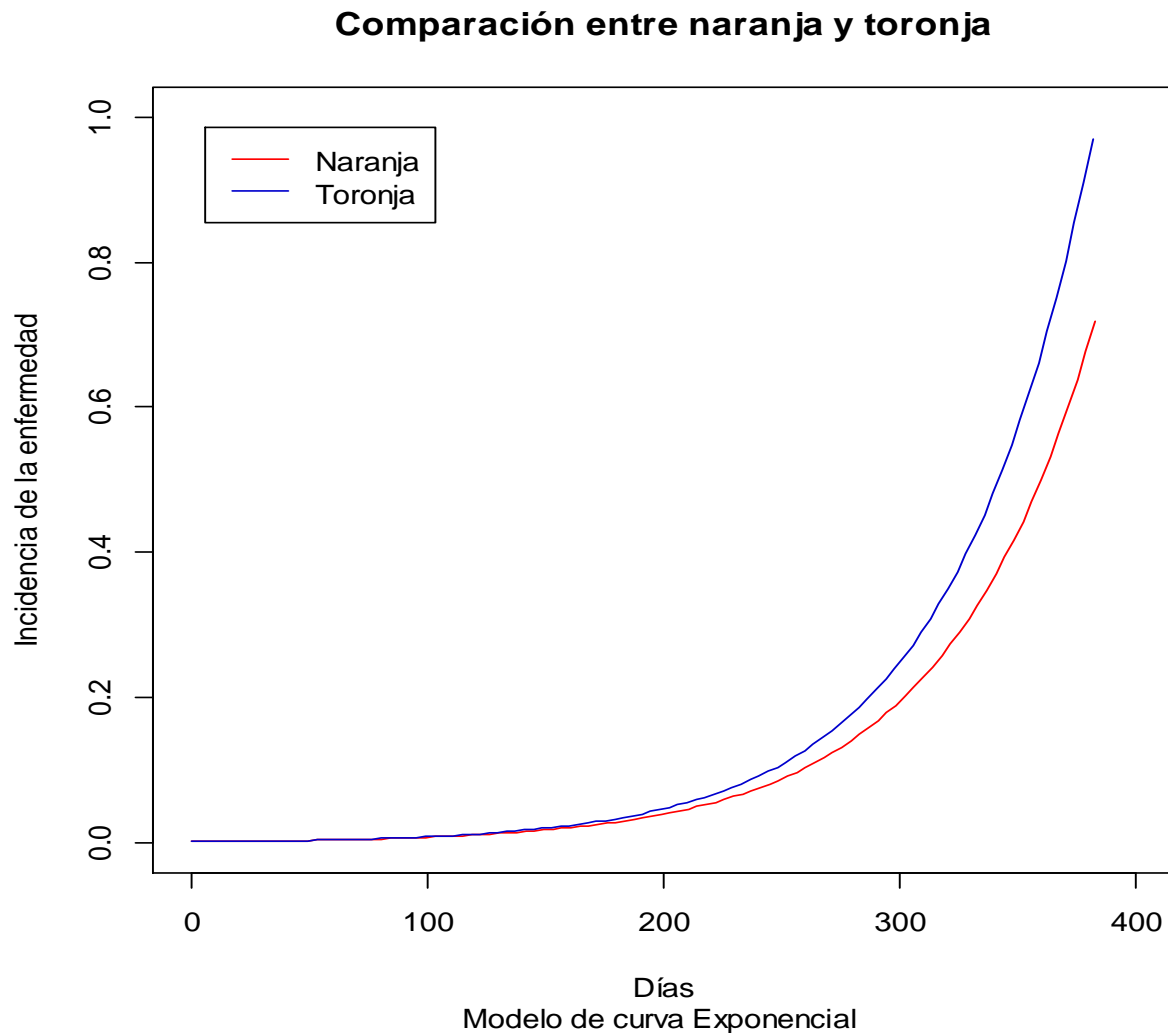
##Creando los títulos para los gráficos y subtítulos en el fondo

title(main="Comparación entre naranja y toronja",
      sub="Modelo de curva Exponential ")

##Creando las leyendas en la esquina superior izquierda
```

```
legend(  
  "topleft",  
  c("Naranja", "Toronja"),  
  lty=c(1),  
  col=c("red", "mediumblue"),  
  inset=0.05  
)
```

Salida



Graficando tres curvas exponenciales

Este ejemplo ilustra cómo trazar tres curvas exponenciales para compararlas utilizando estimaciones de los parámetros de naranja, toronja y limoncillo (*Swinglea glutinosa*) derivadas de la Tabla 1 en Gottwald et al. (1989).

```
##Configurando la función
plot3 <- function(y1,y2,y3,r1,r2,r3,max1,max2,max3){

  # La primera curva

  curve(y1*exp(r1*x),
        from=0,
        to=max1,
        add=FALSE,
        lty=1,
        xlab='Días',
        ylab='Incidencia de la enfermedad',
        col='red',
        xlim=c(0,500),
        ylim=c(0,1)
  )

  # La segunda curva

  curve(y2*exp(r2*x),
        from=0,
        to=max2,
        add=TRUE,
        lty=1,
        col='mediumblue'
  )

  # La tercera curva

  curve(y3*exp(r3*x),
        from=0,
        to=max3,
        add=TRUE,
        lty=1,
        col='orange'
  )
}

##Ejecute la función plot3
plot3(0.0017,0.0017,0.001,0.01579,0.01661,0.01466,383,382,463);

##Crear el título para la gráfica y subtítulo al fondo

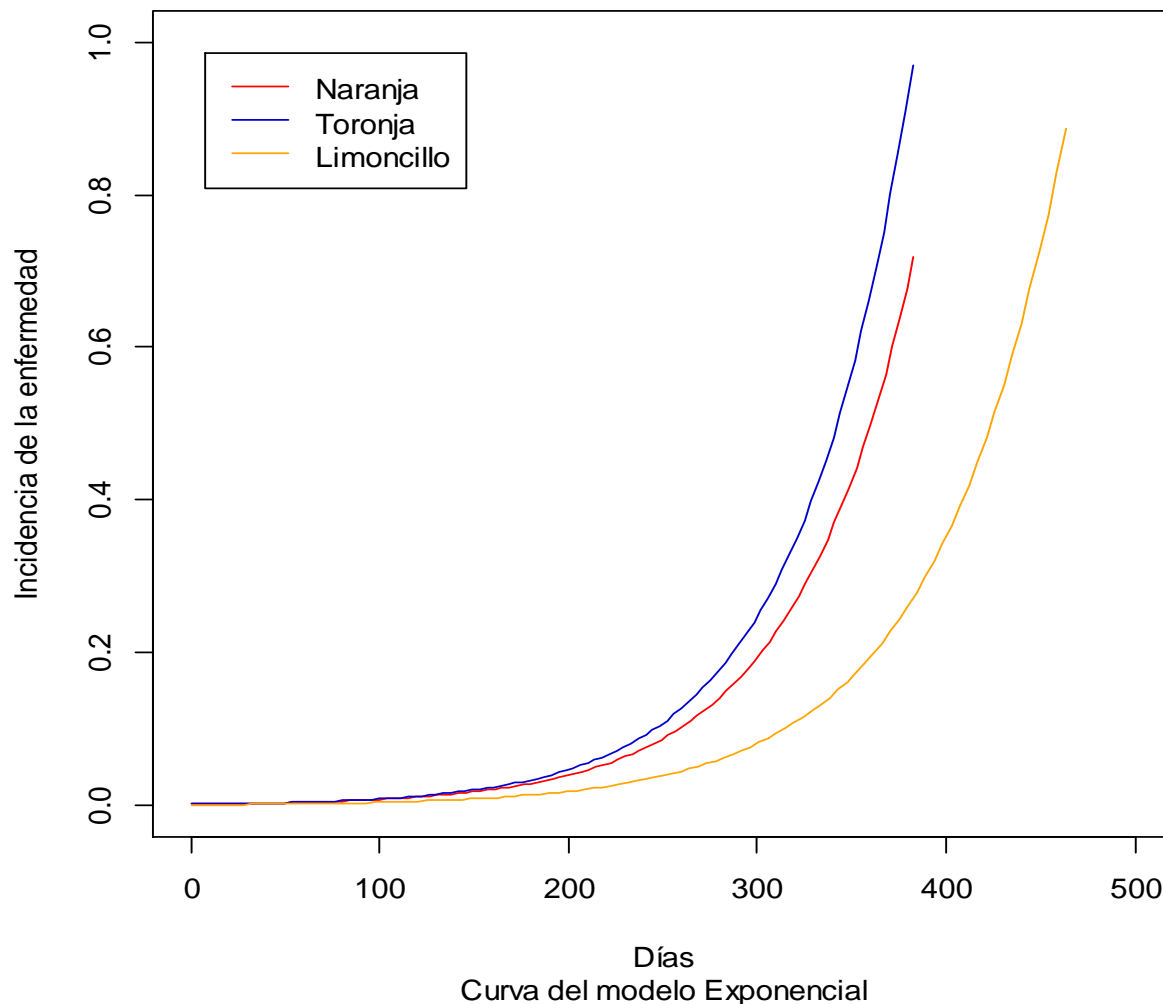
title(
  main="Comparación entre Naranja, Toronja y Limoncillo",
  sub="Curva del modelo Exponencial"
)

##Creando las leyendas en la esquina superior izquierda

legend(
  "topleft",
  c("Naranja","Toronja","Limoncillo"),
  lty=c(1),
  col=c("red","mediumblue","orange"),
  inset=0.05
)
```


Salida

Comparación entre Naranja, Toronja y Limoncillo



Ejercicios sugeridos

Ahora que tiene experiencia en el trazado de dos y tres curvas en un solo gráfico para el modelo exponencial, utilice los ejemplos dos a cinco para crear curvas monomoleculares, logísticas, de Gompertz y de Weibull de incidencia de enfermedades utilizando las siguientes estimaciones de parámetros.

TABLA 1: Parámetros estimados del progreso de la enfermedad propuestos por Gottwald *et al.* (1989).

Modelo	Vivero	Parámetro	Estimación
Exponencial	Naranja	r	0.01579
Exponencial	Toronja	r	0.01661
Exponencial	Limoncillo	r	0.01466
Monomolecular	Naranja	r	0.0018
Monomolecular	Toronja	r	0.00242
Monomolecular	Limoncillo	r	0.00097
Logístico	Naranja	r	0.01787
Logístico	Toronja	r	0.02047
Logístico	Limoncillo	r	0.01636
Gompertz	Naranja	k	0.02922
Gompertz	Toronja	k	0.03179
Gompertz	Limoncillo	k	0.0286
Weibull	Naranja	b	359.27
		c	12.23
Weibull	Toronja	b	331.1
		c	10.04
Weibull	Limoncillo	b	428.05
		c	12.27

Ejemplo 7

Enfermedad del mosaico en yuca

Fondong, V.N., Thresh, J.M., and Zok, S. 2002. Spatial and temporal spread of cassava mosaic virus disease in cassava grown alone and when intercropped with maize and/or cowpea. Journal of Phytopathology 150:365-374.



Mosaico en yuca en Uganda. Fotografía cortesía de: A. Baudoin, Virginia Tech, Blacksburg, VA.

La yuca es una fuente primaria de alimento para más de 250 millones de africanos (alrededor del 40% de la población del continente). Su raíz rica en almidón es una parte sustancial de la dieta de casi 600 millones de personas en todo el mundo. De hecho, la yuca es relativamente fácil de cultivar en condiciones de sequía y su raíz puede permanecer en el suelo hasta dos años.

La enfermedad del mosaico de la yuca (CMD) es la enfermedad más importante de la yuca en África y el subcontinente indio. La enfermedad es causada por virus del mosaico de la yuca del género Begomovirus (familia Geminiviridae) que son transmitidos por la mosca blanca, *Bemisia tabaci* (Gennadius), (Homoptera, Aleyrodidae). Para obtener más información sobre este insecto, consulte: [January 2007 APSnet.org feature](#).

Comúnmente se consideran tres enfoques para controlar la propagación del virus del mosaico de la yuca. El primero es el uso de insecticidas, con posibles impactos en organismos no objetivo. El segundo es el uso de cultivares con resistencia al virus del mosaico de la yuca. En general, el mejoramiento de cultivares resistentes lleva varios años. El tercer método es intercalar la yuca con otros cultivos como el maíz o el caupí (*Vigna unguiculata*).

Fondong et al. (2002) estudiaron la propagación de la enfermedad del mosaico de la yuca, tanto en la yuca en monocultivo como en la yuca intercalada con maíz, caupí o maíz y caupí (*Vigna unguiculata*). Después de un experimento de dos años, descubrieron que las curvas de progreso de la enfermedad en los tres tratamientos intercalados tenían una forma similar y eran menos sigmoideas que la curva de la yuca cultivada en monocultivo.

A continuación, se muestra una comparación de las curvas para el progreso de la enfermedad bajo monocultivo y cultivo intercalado usando R.

```
## Cargue los datos como un objeto tipo vector numérico

weeksAfterPlantingM <- c( 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16,
                          18, 20, 22, 24, 26, 28);

diseaseIncidenceForCassavaM <- c(0.04, 0.11, 0.18, 0.32, 0.53,
                                0.64, 0.70, 0.73, 0.75, 0.77,
                                0.78, 0.79, 0.79);

diseaseIncidenceForCassavaAndMaizeM <-
  c(0.03, 0.10, 0.17, 0.27, 0.36,
    0.43, 0.47, 0.50, 0.51, 0.60,
    0.60, 0.61, 0.61);

diseaseIncidenceForCassavaAndCowpeaM <-
  c(0.03, 0.09, 0.17, 0.27, 0.35,
    0.42, 0.43, 0.43, 0.44, 0.55,
    0.56, 0.5700, 0.57);

diseaseIncidenceForCassavaAndMaizeAndCowpeaM <-
  c(0.0200, 0.08, 0.16, 0.27, 0.35,
    0.41, 0.41, 0.42, 0.42, 0.52,
    0.53, 0.54, 0.55);

## Establezca los valores predeterminados para dibujar una gráfica

default_type = 'o';
default_pch = 22;
default_xlim = c(4, 28);
default_ylim = c(0, 1);
default_xlab = 'Semanas después de la plantación';
default_ylab = 'Incidencia de la enfermedad (%)';
default_color1 = 'orange';
default_color2 = 'blue';
default_color3 = 'green';
```

```
default_color4 = 'black';
default_lty_for_actual_data = 1;
default_lty_for_fitted_data = 2;
default_lwd_for_actual_data = 2;
default_lwd_for_fitted_data = 1;

## Grafique la incidencia de la enfermedad (y) contra las semanas después de
## la plantación

# Grafique la incidencia de la enfermedad para la yuca en monocultivo

plot(
  weeksAfterPlantingM, diseaseIncidenceForCassavaM,
  type = default_type,
  pch = default_pch,
  lwd = default_lwd_for_actual_data,
  xlim = default_xlim,
  ylim = default_ylim,
  xlab = default_xlab,
  ylab = default_ylab,
  col = default_color1
);
title(main = 'Progreso de la enfermedad del mosaico en yuca');

## Dibuje una curva ajustada dado un modelo monomolecular
# Nota: el intercepto y la pendiente ya han sido dados
#   estimadas por Fondong et al. (2002)

esti_intercept = -0.21;
esti_slope = 0.08;
temp = esti_intercept + esti_slope * weeksAfterPlantingM;
yM = (exp(temp) - 1) / exp(temp);
lines(
  weeksAfterPlantingM, yM,
  col = default_color1,
  lwd = default_lwd_for_fitted_data,
  lty = default_lty_for_fitted_data);

# Grafique la incidencia de la enfermedad para yuca intercalada con maíz

lines(
  weeksAfterPlantingM,
  diseaseIncidenceForCassavaAndMaizeM,
  type = default_type,
  lwd = default_lwd_for_actual_data,
  col = default_color2
);

# Dibuje una curva ajustada dado el modelo monomolecular

esti_intercept = -0.19;
esti_slope = 0.05;
temp = esti_intercept + esti_slope * weeksAfterPlantingM;
yM = (exp(temp) - 1) / exp(temp);
lines(
  weeksAfterPlantingM, yM,
  col = default_color2,
```

```
        lwd = default_lwd_for_fitted_data,
        lty = default_lty_for_fitted_data
    );

# Grafique la incidencia de la enfermedad para yuca intercalada con caupí

lines(
    weeksAfterPlantingM,
    diseaseIncidenceForCassavaAndCowpeaM,
    type = default_type,
    col = default_color3,
    lwd = default_lwd_for_actual_data
);

# Dibuje una curva ajustada dado el modelo monomolecular

esti_intercept = -0.15;
esti_slope = 0.05;
temp = esti_intercept + esti_slope * weeksAfterPlantingM;
yM = (exp(temp) - 1) / exp(temp);
lines(
    weeksAfterPlantingM, yM,
    col = default_color3,
    lwd = default_lwd_for_fitted_data,
    lty = default_lty_for_fitted_data
);

# Grafique la incidencia de la enfermedad para la yuca intercalada
#   con maíz y caupí

lines(
    weeksAfterPlantingM,
    diseaseIncidenceForCassavaAndMaizeAndCowpeaM,
    type = default_type,
    col = default_color4,
    lwd = default_lwd_for_actual_data
);

# Dibuje una curva ajustada dado el modelo monomolecular

esti_intercept = -0.19;
esti_slope = 0.04;
temp = esti_intercept + esti_slope * weeksAfterPlantingM;
yM = (exp(temp) - 1) / exp(temp);
lines(
    weeksAfterPlantingM, yM,
    col = default_color4,
    lwd = default_lwd_for_fitted_data,
    lty = default_lty_for_fitted_data
);

## Agregue una leyenda al gráfico

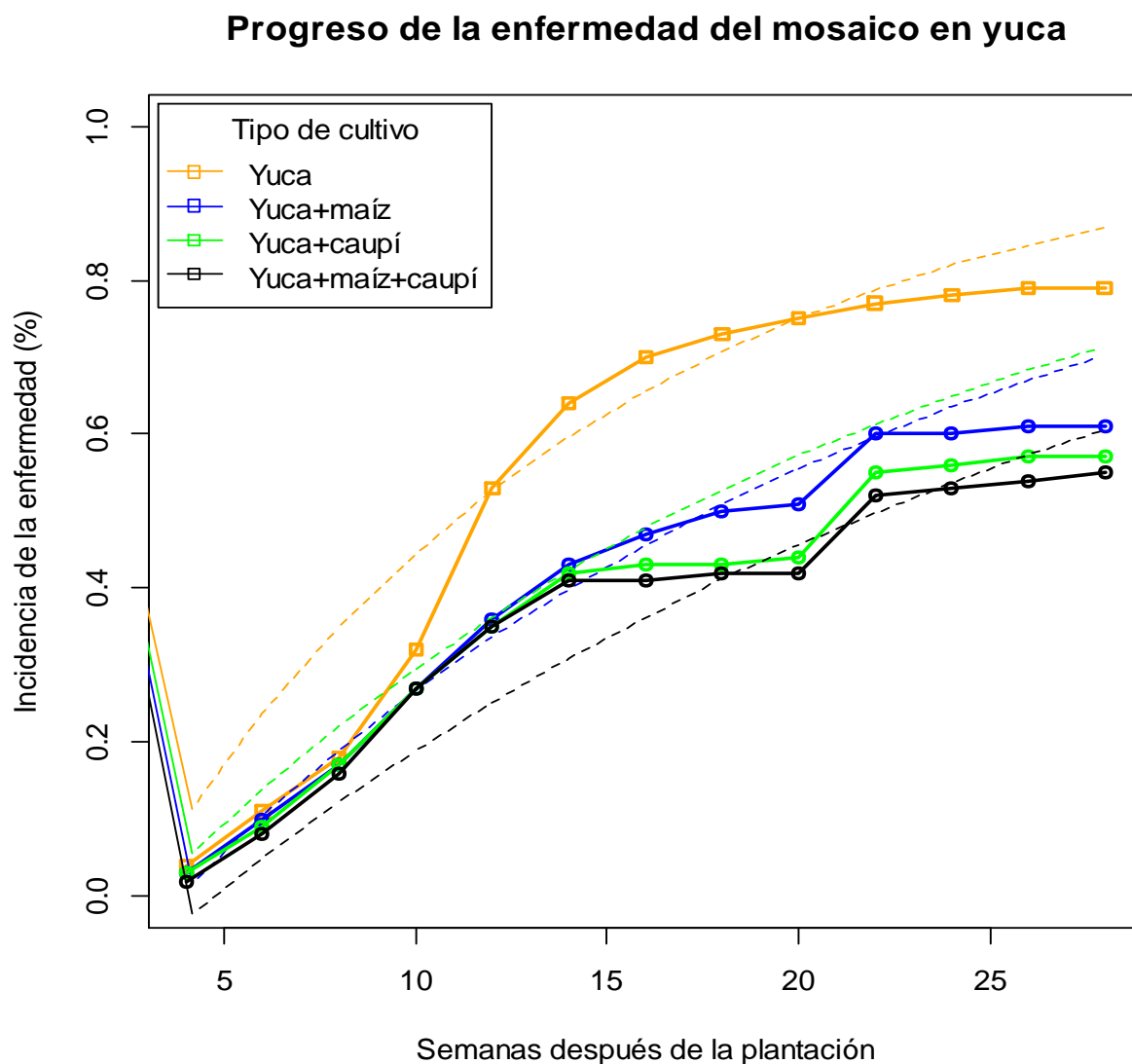
legend(
    'topleft',
    c(
        'Yuca',
```

```

'Yuca+maíz',
'Yuca+caupí',
'Yuca+maíz+caupí'
),
pch = c(22),
lty = 1,
col = c('orange', 'blue', 'green', 'black'),
title = 'Tipo de cultivo',
inset = 0.01
)

```

Salida



Tenga en cuenta que las líneas discontinuas representan curvas ajustadas utilizando un modelo monomolecular. ¿Qué tan bien se ajusta ese modelo a los datos?

Ejemplo 8

Modelando la población de mosca blanca a lo largo del tiempo

Dado que el virus es transmitido por moscas blancas (vectores), también es útil modelar sus poblaciones.

A continuación, se muestra el código para modelar los cambios en la población de mosca blanca a lo largo del tiempo.

```
## Cargue los datos como vectores numéricos

weeksAfterPlantingM <-
  c(4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16);

WFForCassavaM <-
  c(4, 7, 14, 33, 28, 39, 24, 14, 6, 10, 8, 7, 4);

WFForCassavaAndMaizeM <-
  c(3, 4, 6, 13, 8, 12, 7, 3, 3, 4, 3, 3, 4);

WFForCassavaAndCowpeaM <-
  c(2, 4, 5, 6, 8, 10, 16, 4, 4, 6, 4, 4, 3);

WFForCassavaAndMaizeAndCowpeaM <-
  c(2, 3, 7, 6, 8, 13, 10, 4, 4, 9, 8, 7, 6);

## Establecer valores predeterminados para dibujar una gráfica

default_type = 'o';
default_pch = 22;
default_xlim = c(4, 17);
default_ylim = c(0, 45);
default_xlab = 'Semanas después de la plantación';
default_ylab = 'Número de adultos de moscas blancas';
default_color1 = 'orange';
default_color2 = 'blue';
default_color3 = 'green';
default_color4 = 'black';
default_lty_for_actual_data = 1;
default_lty_for_fitted_data = 2;
default_lwd_for_actual_data = 2;
default_lwd_for_fitted_data = 1;

## Gráfica de la población de insectos contra semanas después de la plantación

# Gráfica de la población de insectos para yuca en monocultivo

plot(
  weeksAfterPlantingM, WFForCassavaM,
  type = default_type,
  pch = default_pch,
```



```
lwd = default_lwd_for_actual_data,
xlim = default_xlim,
ylim = default_ylim,
xlab = default_xlab,
ylab = default_ylab,
col = default_color1
);

title(
  main=
    'Número promedio de adultos de mosca blanca en las hojas de yuca'
);

# Gráfico de población de insectos para yuca intercalada con maíz

lines(
  weeksAfterPlantingM, WFForCassavaAndMaizeM,
  type = default_type,
  lwd = default_lwd_for_actual_data,
  col = default_color2
);

# Gráfico de población de insectos de mosca blanca para yuca intercalada con
# caupí

lines(
  weeksAfterPlantingM, WFForCassavaAndCowpeaM,
  type = default_type,
  col = default_color3,
  lwd = default_lwd_for_actual_data
);

# Gráfica de poblaciones de insectos para yuca intercalada
# con maíz y cupí

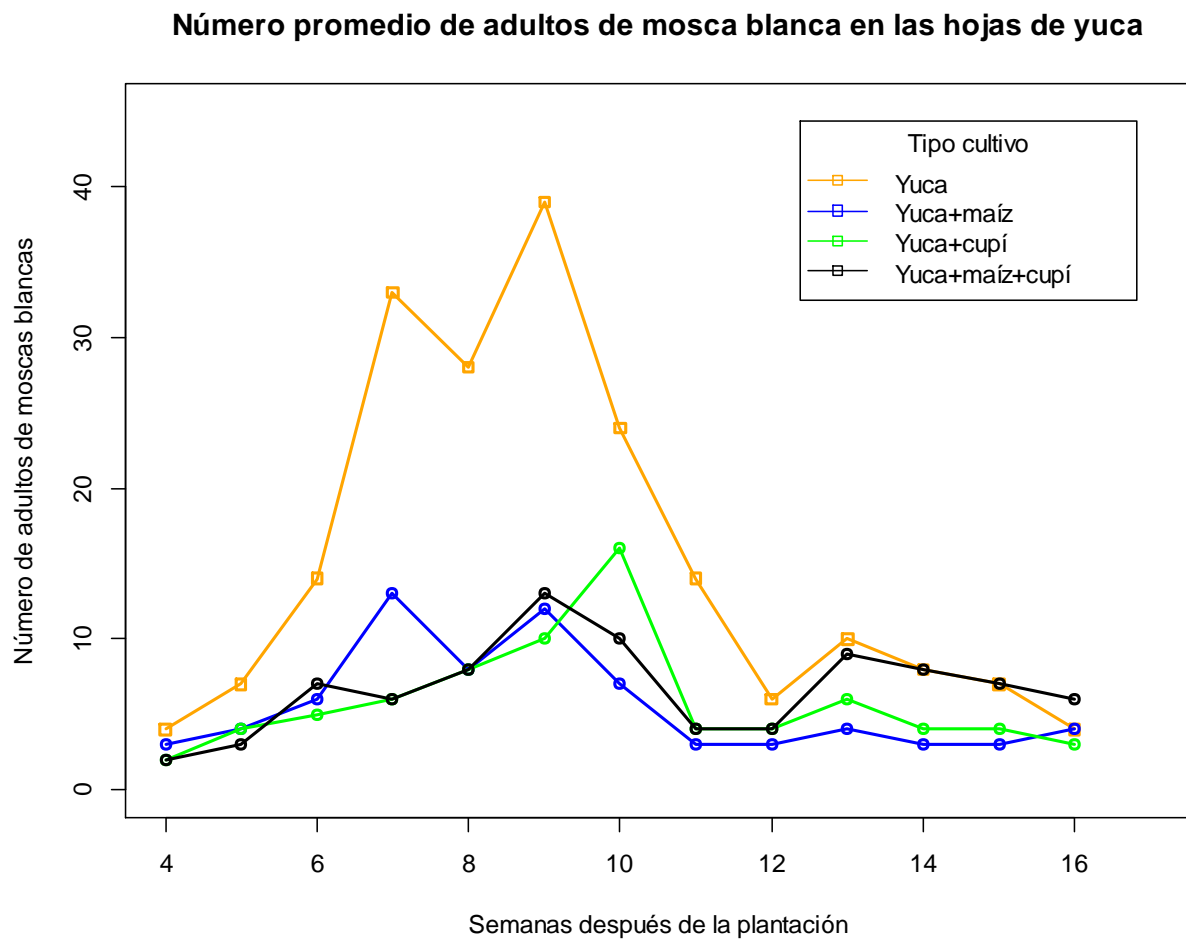
lines(
  weeksAfterPlantingM,
  WFForCassavaAndMaizeAndCowpeaM,
  type = default_type,
  col = default_color4,
  lwd = default_lwd_for_actual_data
);

## Agregue la leyenda al gráfico

legend(
  'topright',
  c(
    'Yuca',
    'Yuca+maíz',
    'Yuca+cupí',
    'Yuca+maíz+cupí'
  ),
  pch = 22,
  lty = 1,
  col = c(
    'orange',
```

```
    'blue',  
    'green',  
    'black'  
),  
title = 'Tipo cultivo',  
inset = 0.05  
)
```

Salida



Nótese que había más moscas blancas en la yuca cultivada en monocultivo que en la yuca de los otros sistemas de cultivo.

Ejemplo 9

Efecto del cultivo intercalado en la severidad de la enfermedad

Se examinó el efecto de los cultivos intercalados en la severidad de la enfermedad. Sin embargo, no se encontró evidencia de que los cultivos intercalados afectaran la severidad de la enfermedad.

```
## Cargar los datos en formato de vector numérico

weeksAfterPlantingM <-
  c(4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28);

diseaseSevForCassavaM <-
  c(2.0, 3.0, 3.9, 3.6, 4.1, 4.4, 4.5,
    3.7, 3.3, 2.7, 2.3, 2.7, 2.8);

diseaseSevForCassavaAndMaizeM <-
  c(2.3, 2.6, 3.7, 3.3, 3.7, 4.0, 4.5,
    3.6, 3.3, 2.8, 2.3, 2.7, 2.7);

diseaseSevForCassavaAndCowpeaM <-
  c(1.9, 2.6, 3.3, 3.2, 3.4, 3.6, 4.5,
    3.9, 3.8, 3.1, 2.6, 2.8, 2.7);

diseaseSevForCassavaAndMaizeAndCowpeaM <-
  c(2.5, 2.6, 3.2, 3.2, 2.8, 3.6, 4.5,
    3.9, 3.9, 3.4, 2.7, 2.7, 2.7);

## Set default values for drawing a plot

default_type = 'o';
default_pch = 22;
default_xlim = c(4, 33);
default_ylim = c(1.0, 5);
default_xlab = 'Semanas después de la siembra';
default_ylab = 'Severidad de la enfermedad';
default_color1 = 'orange';
default_color2 = 'blue';
default_color3 = 'green';
default_color4 = 'black';
default_lty_for_actual_data = 1;
default_lty_for_fitted_data = 2;
default_lwd_for_actual_data = 2;
default_lwd_for_fitted_data = 1;

## Gráfico de la severidad de la enfermedad (y) contra semanas después de la
## siembra
```

```
# Gráfico de severidad de la enfermedad para yuca en monocultivo

plot(
  weeksAfterPlantingM, diseaseSevForCassavaM,
  type = default_type,
  pch = default_pch,
  lwd = default_lwd_for_actual_data,
  xlim = default_xlim,
  ylim = default_ylim,
  xlab = default_xlab,
  ylab = default_ylab,
  col = default_color1
);
title(main = 'Severidad de los síntomas de la enfermedad');

# Gráfico de la severidad de la enfermedad para yuca intercalada
#   con maíz

lines(
  weeksAfterPlantingM,
  diseaseSevForCassavaAndMaizeM,
  type = default_type,
  lwd = default_lwd_for_actual_data,
  col = default_color2
);

# Gráfico de la severidad de la enfermedad para yuca intercalada
#   con caupí

lines(
  weeksAfterPlantingM,
  diseaseSevForCassavaAndCowpeaM,
  type = default_type,
  col = default_color3,
  lwd = default_lwd_for_actual_data
);

# Gráfico de la severidad de la enfermedad para yuca intercalada
#   con maíz y caupí

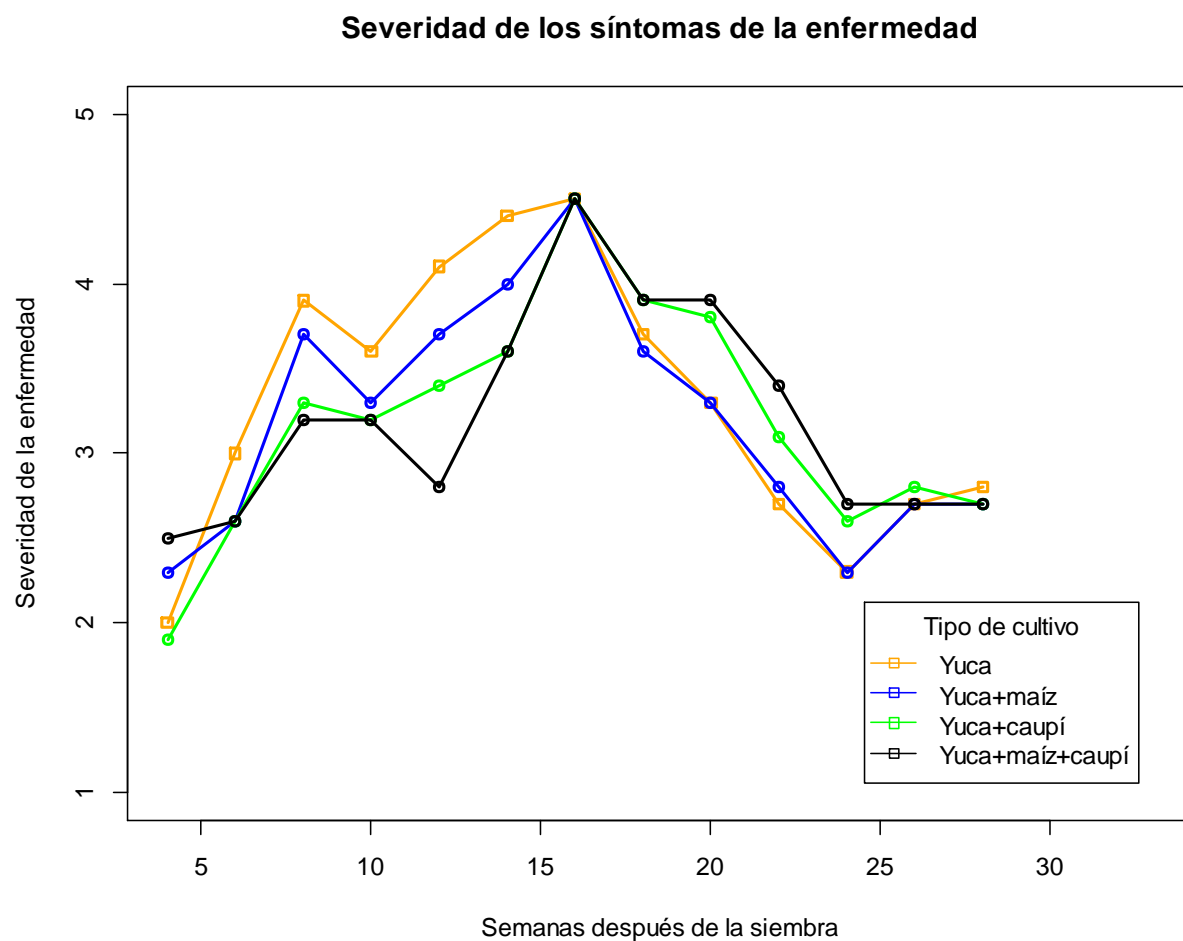
lines(
  weeksAfterPlantingM,
  diseaseSevForCassavaAndMaizeAndCowpeaM,
  type = default_type,
  col = default_color4,
  lwd = default_lwd_for_actual_data
);

## Agregue leyenda al gráfico

legend(
  'bottomright',
  c(
    'Yuca',
    'Yuca+maíz',
    'Yuca+caupí',
    'Yuca+maíz+caupí'
```

```
),  
pch = 22,  
lty = 1,  
col = c(  
  'orange',  
  'blue',  
  'green',  
  'black'  
)  
,  
title = 'Tipo de cultivo',  
inset = 0.05  
)
```

Salida



Con base en estos resultados, Fondong et al. (2002) concluyeron que los cultivos intercalados disminuyeron el número de moscas blancas y redujeron la incidencia de enfermedades, mientras que los cultivos intercalados no afectaron la severidad de la enfermedad. Reducir el número de moscas blancas también puede retrasar la propagación de la enfermedad a las áreas adyacentes.

Conclusiones

Los modelos estadísticos se han utilizado ampliamente para resumir y comparar las epidemias de enfermedades de las plantas. En estos ejercicios, se utilizó el entorno de programación R y RStudio para ilustrar los modelos y resumir el progreso de la enfermedad a lo largo del tiempo, tanto en términos de modelos de crecimiento poblacional como del AUDPC.

Comprender el progreso temporal de las enfermedades sienta las bases para desarrollar métodos para controlar las enfermedades de las plantas, como el desarrollo de modelos de pronóstico (por ejemplo, determinar el momento óptimo para aplicar un fungicida en aspersiones) o seleccionar una fecha de siembra óptima para reducir los impactos de las enfermedades.

Si desea tener más experiencia con R en el contexto de la epidemiología, consulte nuestros otros ejercicios para el estudio de la dispersión ([Esker et al. 2007](#)), el análisis del patrón espacial ([Sparks et al. 2008](#)) y la predicción de enfermedades ([Esker et al. 2008](#)). Para otros ejercicios de epidemiología de enfermedades de las plantas, véase Francl y Neher (1997), y para ejercicios generales de ecología y epidemiología, véase Donovan y Weldon (2002).

If you would like more experience with R in the context of epidemiology, see our other exercises for the [study of dispersal \(Esker et al. 2007\)](#), [analysis of spatial pattern \(Sparks et al. 2008\)](#), and [disease forecasting \(Esker et al. 2008\)](#). For other plant disease epidemiology exercises see Francl and Neher (1997) and for general exercises in ecology and epidemiology see [Donovan and Weldon \(2002\)](#).

Agradecimientos

Este documento fue preparado como parte de un curso de Ecología y Epidemiología de Patógenos de Plantas en la Universidad Estatal de Kansas. Sparks y Esker fueron los escritores principales del documento, Garrett fue el asesor de la facultad y los estudiantes colaboradores aparecen en orden alfabético. Agradecemos los comentarios muy útiles de P. Garfinkel, S. Pethybridge, J. Yuen, revisores de PHI y miembros del curso de KSU.

También es un placer reconocer el apoyo de la Fundación Nacional de Ciencias de los Estados Unidos bajo las subvenciones DEB-0130692, DEB-0516046, EF-0525712 (como parte del programa conjunto NSF-NIH de Ecología de Enfermedades Infecciosas) y DBI-0630726, por la Iniciativa de Genómica Ecológica de Kansas a través de la Subvención NSF No. EPS-0236913 con fondos de contrapartida de Kansas Technology Enterprise Corporation, por la Oficina de Ciencia (Programa de Investigación de Ecosistemas), Departamento de Energía de EE. UU., Subvención No. DE-FG02-04ER63892, por la Agencia de los Estados Unidos para el Desarrollo Internacional (USAID) para el Programa de Apoyo a la Investigación Colaborativa para la Agricultura

Sostenible y la Gestión de los Recursos Naturales (SANREM CRSP) bajo los términos del Acuerdo de Cooperación No. EPP-A-00-04-00013-00 a la Oficina de Investigación y Desarrollo Internacional de Virginia Tech y para el CRSP de Manejo Integrado de Plagas, por la subvención USDA 2002-34103-11746, y por el Programa de Investigación Ecológica a Largo Plazo de la NSF en Konza Prairie. Esta es la Contribución No. 07-309-J de la Estación Experimental del Estado de Kansas.

Evaluación corta

1. Si necesita comparar el progreso y la severidad de la enfermedad en dos años diferentes, ¿cómo puede usar R para hacerlo?
2. Si sabemos, por revisión de literatura sobre *Xanthomonas axonopodis* pv. *Citri* que existe una relación directa entre la propagación de este patógeno y la lluvia impulsada por el viento, en particular, los eventos de lluvia asociados con velocidades de viento mayores a 8 ms^{-1} . ¿Alguno de los modelos analizados en esta sección refleja esa relación? Si es así, ¿cuáles?
3. Al hacer una regresión no lineal en R, ¿por qué necesitamos el valor inicial para las estimaciones de los parámetros?
4. ¿Cómo puede una infestación de insectos influir en la velocidad a la que la enfermedad progresa con el tiempo para los patógenos de plantas? ¿Hay formas de mostrar cualquier interacción utilizando los modelos representados en este documento?
5. ¿Por qué es importante el estudio de la evolución de la enfermedad a lo largo del tiempo? ¿Qué respuestas da este tipo de investigaciones?
6. Ha leído sobre el AUDPC, ¿qué significa en términos de la enfermedad? ¿Por qué es importante?
7. ¿Es posible predecir cómo la resistencia de las plantas a una enfermedad afecta el progreso de la enfermedad a lo largo del tiempo? ¿Cómo lo haría? ¿Qué tipo de modelo usaría?
8. El modelo exponencial asume que la tasa absoluta de aumento de la enfermedad (dy/dt) es proporcional al nivel de enfermedad presente (y), mientras que el modelo monomolecular asume que la tasa absoluta de cambio es proporcional al tejido sano ($1-y$). ¿Cuál es la forma de estas curvas y cómo afecta esto a su utilidad en diferentes situaciones?
9. Se dice que el modelo de Weibull es flexible ya que contiene un mayor número de parámetros. ¿Es posible dar una estimación de los parámetros a , b y c en el modelo de Weibull que podría aproximarse al ejemplo de un modelo logístico en el documento?
10. Al hacer una regresión lineal simple, ¿por qué es necesaria la verificación de los supuestos del modelo estadístico matemático?

Referencias bibliográficas

1. Agrios, G.N. 2004 (copyright 2005). *Plant Pathology*, 5th Ed. Academic Press, San Diego.
2. Arneson, P.A. 2006. [Plant disease epidemiology: temporal aspects](#). The Plant Health Instructor. On-line DOI:10.1094/PHI-A-2001-0524-01.
3. Bates, D.M., and Watts, D.G. 1988. *Nonlinear regression analysis and its applications*. John Wiley and Sons. New York.
4. Bekal, S., and Becker, J.O. 2000. [Population dynamics of the sting nematode in California turfgrass](#). *Plant Disease* 84:1081-1084
5. Crow, W.T., and Han, H. 2005. [Sting nematode](#). The Plant Health Instructor. On-line DOI: 10.1094/PHI-I-2005-1208-01
6. Donovan, T.M. and Weldon, C.W. 2002. [Spreadsheet exercises in ecology and evolution](#). Sinauer Associates, Inc., Sunderland, Massachusetts.
7. Emge, R.G., and Shrum, R.D. 1976. Epiphytology of *Puccinia striiformis* at five selected locations in Oregon during 1968 and 1969. *Phytopathology* 66:1406-1412.
8. Esker, P.D., Sparks, A.H., Antony, G., Bates, M., Dall'Acqua, W., Frank, E., Huebel, L., Segovia, V., and Garrett, K.A. 2007. [Ecology and epidemiology in R: Modeling dispersal gradients](#). The Plant Health Instructor. On-line: DOI:10.1094/PHI-A-2007-1226-03
9. Esker, P.D., Sparks, A.H., Campbell, L., Guo, Z., Rouse, M., Silwal, S.D., Tolos, S., Van Allen, B., and Garrett, K.A. 2008. [Ecology and epidemiology in R: Disease Forecasting](#). The Plant Health Instructor. On-line: DOI:10.1094/PHI-A-2008-0129-01
10. Fondong, V.N., Thresh, J.M., and Zok, S. 2002. Spatial and temporal spread of cassava mosaic virus disease in cassava grown alone and when intercropped with maize and/or cowpea. *Journal of Phytopathology*. 150:365-374.
11. Francl, L.F., and D.A. Neher (eds.) 1997. *Exercises in Plant Disease Epidemiology*. American Phytopathological Society, APS Press St. Paul, Minnesota.
12. Garrett, K.A., P.D. Esker, and A.H. Sparks. 2007. [Introduction to the R Programming Environment](#). The Plant Health Instructor. On-line: DOI:10.1094/PHI-A-2007-1226-02.
13. Gilligan, C.A. 1990. Comparison of Disease Progress Curves. *New Phytologist*. 115:223-242.
14. Gottwald, T.R., Trimmer, L.W., and McGuire, R.G. 1989. [Analysis of disease progress of citrus canker in nurseries in Argentina](#). *Phytopathology* 79:1276-1283.
15. Gottwald, T.R. 2000. [Citrus canker](#). The Plant Health Instructor. On-line DOI: 10.1094/PHI-I-2000-1002-01
16. Harrell, F.E. Jr. 2001. *Regression modeling strategies: with applications to linear models, logistic regression, and survival analysis*. Springer-Verlag, New York.
17. Madden, L.V., Hughes, G., and van den Bosch, F. 2007. *The Study of Plant Disease Epidemics*. The American Phytopathological Society, APS Press St. Paul, Minnesota.
18. R Development Core Team. 2007. *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.

19. Sparks, A..H., P.D. Esker, G. Antony, L. Campbell, E.E. Frank, L. Huebel, M.N. Rouse, B.Van Allen, and K.A. Garrett, 2008. [*Ecology and epidemiology in R: introduction to spatial analysis*](#). The Plant Health Instructor. On-line: DOI:10.1094/PHI-A-2008-0129-03.
20. Ratkowsky, D. 1989. *Handbook of nonlinear regression models*. Marcel Dekker, Inc. New York and Basel.
21. Vidaver, A.K., and Lambrecht, P.A. 2004. [*Bacteria as plant pathogens*](#). The Plant Health Instructor. On-line DOI:10.1094/PHI-I-2004-0809-01.