

Contents

| | |
|--|----|
| Fitopatometría | 3 |
| 1 Maní/carbón - Índice de severidad | 5 |
| 2 Colza/phoma - Área abajo la curva | 7 |
| 3 Olivo/xylella - prevalencia | 9 |
| 4 Trigo/enfermedades foliares - retención foliar | 11 |

Fitopatometría

Rama de la fitopatología que se ocupa de la teoría y la práctica de la evaluación cuantitativa de enfermedades (y/o patógenos).

Nivel de planta individual

- Severidad: medida de la cantidad de enfermedad por unidad de muestreo (planta, m² de cultivo, fruto, etc.) . En fitopatología es comúnmente definida como el área (volumen) de tejido enfermo dividido por el total del área (volumen) (x100 para obtener un valor en porcentaje)

Nivel de parcela / lote

- Incidencia: número de unidades muestrales (plantas) que están enfermas o infectadas por un agente patogénico. Expresado como un porcentaje (%) o proporción (0->1) del número total de unidades evaluadas.
- Índice de severidad: Estimación de severidad usando una escala de severidad que comprende una serie de intervalos de rangos numéricos.

Por ej:

| grado | rango de severidad |
|-------|--------------------|
| 0 | 0 |
| 1 | 0<=25% |
| 2 | 25<=50% |
| 3 | 50<=75% |
| 4 | 75<=100% |

La propuesta de Madden et al. (2007) (Cap. 2, pág. 20) es corregir por el punto medio del rango de severidad:

$$IS(\%) = \frac{\sum \text{frecuencia de grado} \times \text{punto medio del grado de escala}}{\text{total plantas evaluadas} \times 100}$$

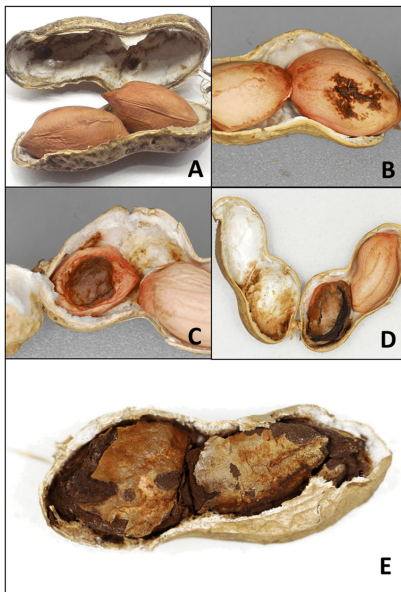
Nivel de región

- Prevalencia: número de unidades de muestreo geográficas (lotes, campos, municipios, estados, regiones, etc.) donde se detectó una enfermedad o un

patógeno, dividido por el número total de unidades de muestreo geográficas evaluadas.

Chapter 1

Maní/carbón - Índice de severidad



```
url_mani <- "https://docs.google.com/spreadsheets/d/1QJuQ2Zm26ufVYk1B7vak6gQej3Xtyvbtj1yPKD1czD0/  
mani <- gsheets::gsheet2tbl(url_mani)  
  
url_mani <- url_mani %>%  
  mutate_at(vars(c("trt", "sprays", "bk")),funs(factor))  
  
mani
```

Exploramos cuántas plantas (sub-muestra) fueron evaluadas por parcela:

```
mani %>%
  group_by(trt, sprays, bk)%>%
  summarise(n=n()) #>% knitr::kable()
```

Calculamos la incidencia por parcela y agregamos una columna para identificar a la planta como sub-muestra dentro de cada parcela:

```
mani1 <- mani %>%
  mutate(
    trt = relevel(trt, ref="check"),
    dis_pod = rowSums(select(., matches('x1|x2|x3|x4'))),
    inc = dis_pod/n_pods,
    x0_p = rowSums(select(., matches('x0')))/n_pods,
    x3.4 = rowSums(select(., matches('x3|x4'))),
    sev0_1 = (0*x0 + 0.01*x1 + 0.1*x2 + 0.7*x3 + 1*x4)/ n_pods) %>%
  group_by(sprays, trt, bk) %>%
  mutate(sample = row_number()) %>%

  # filter(sprays!=1,
  #        trt!="Epoxiconazole") %>%
  ungroup

mani1
```

Chapter 2

Colza/phoma - Área abajo la curva

Calcularemos un valor de AUC por parcela con auxilio de las funciones `group_by` y `summarize`

```
# if(require(MESS)) {install.packages("MESS")}  
can_long %>%  
  group_by(trt, bk) %>%  
  summarize(AUC = MESS::auc(inc, tt))
```


Chapter 3

Olivo/xylella - prevalencia



Chequeamos cuántos árboles fueron evaluados en cada año/región/lote:

```
fable(xtabs(~year+loc+farm, oli_long))
```

Imprimimos los 30 árboles de un mismo lote

```
oli_long %>%  
  arrange(loc, year) %>%  
  print(n=30)
```

Incidencia (nivel lote - evolución interanual)

```
dat_inc <- oli_long %>%  
  group_by(year, loc, farm) %>%  
  summarise(inc = mean(sev>0, na.rm=TRUE)*100) %>%  
  ungroup %>%
```

```
  arrange(loc, year)
dat_inc
```

```
ggplot(dat_inc, aes(x=factor(year), y=inc, color=factor(farm))) +
  geom_point() +
  geom_line(aes(group=farm)) +
  facet_grid(. ~ loc)
```

Prevalencia (nivel región - evolución interanual)

```
dat_prev <- dat_inc %>%
  group_by(year, loc) %>%
  summarise(prev = trunc(mean(inc>0, na.rm=TRUE)*100)) %>%
  ungroup %>%
  arrange(loc, year)
dat_prev
```

```
ggplot(dat_prev, aes(x=factor(year), y=prev, color=factor(loc))) +
  geom_point() +
  geom_line(aes(group=loc))
```

```
pacman::p_load(tidyverse, tidyselect)
```

Chapter 4

Trigo/enfermedades foliares - retención foliar

```
url_trigo <- "https://docs.google.com/spreadsheets/d/1QJuQ2Zm26ufVYklB7vak6gQej3Xtyvbtj1yPKDlczDC  
# browseURL(url)  
trigo <- gsheets::gsheet2tbl(url_trigo)
```

- Manipulación
- Clasificar variables

```
trigo %>%  
  mutate_at(vars(contains('.')), funs(factor)) %>%  
  mutate_at(vars(contains('_')), funs(as.numeric(as.character(.))))
```

- dejar las observaciones crudas a nivel de submuestra/órgano en cada línea
- eliminar submuestras no evaluadas
- reemplazar NA's por 0
- reorganizar dataset: wide -> long

```
trigo %>%  
  pivot_longer(contains("_"),  
               names_to = "org.var", values_to = "y") %>%  
  separate(org.var, c("org.", "var.")) %>%  
  mutate_at(vars(contains('.')), funs(factor)) %>%  
  pivot_wider(names_from = var., values_from = y) %>%  
  filter(stringr::str_detect(org., "b")) %>% # elimina tallo  
  filter(!is.na(af)) %>% # elimina hojas perdidas  
  mutate_if(is.numeric, ~replace(., is.na(.), 0)) %>% # rellena con 0  
  select(-ry) -> datf
```

- Cálculos
- resumir af media a nivel de parcela/órgano

```
datf %>%
  group_by(par., org.) %>%
  mutate(
    af_p = case_when(
      af == 0 ~ (25+0)/2,
      af == 1 ~ (50+25)/2,
      af == 2 ~ (75+50)/2,
      af == 3 ~ (100+75)/2,
      af = TRUE ~ af) %>%
  summarise(trt. = first(trt.),
            bq. = first(bq.),
            af_p = mean(af_p, na.rm = TRUE)) %>%
  select(trt., bq., everything()) -> af_dat
```

- Incidencia media a nivel de parcela/órgano de cada enfermedad

```
datf %>% select(-af) %>%
  group_by(par., org.) %>%
  summarise_if(is.numeric,
               funs(round(mean(>0, na.rm = TRUE)*100))) -> inc_dat
```

- Severidad media a nivel de parcela/órgano de cada enfermedad

```
datf %>% select(-af) %>%
  group_by(par., org.) %>%
  summarise_if(is.numeric,
               funs(round(mean(., na.rm = TRUE)))) -> sev_dat
```

- Unificar tablas

```
af_dat %>%      # tabla con variables experimentales y af
  left_join(by = c("par.", "org."),
            (inc_dat %>%      # tabla con variables de enfermedad
              left_join(sev_dat,
                        by = c("par.", "org."),
                        suffix=c('_inc', '_sev'))))
) -> dat_foliar
```

- Métricas varias
- Retencion foliar

```
hj_01 = c("b0", "b1")
hj_012= c("b0", "b1", "b2")
hj_23 = c("b2", "b3")
```

```

datf %>% #
  filter(org. %in% hj_012) %>%
  group_by(par.) %>%
  summarise(trt. = first(trt.),
            bq. = first(bq.),
            n = n(),
            af_v = mean(af>1, na.rm = TRUE)) %>%
  ungroup() %>%
  mutate(
    order = as.integer(as.character(trt.)),
    trt1 = fct_reorder(trt., order)
  ) %>%
  ggplot(aes(x=trt1, y =af_v))+
  stat_summary(fun.data = "mean_cl_boot", size = 0.2)+
  geom_jitter(aes(col=bq.), width = 0.2)+
  labs(x="",
       y="% de hojas HB, HB-1 y HB-2 fotosint. activas\n(>50% verdes)")+
  theme_bw()

```

```

dat_foliar %>% #
  filter(org. %in% hj_012) %>%
  group_by(par.) %>%
  summarise(trt. = first(trt.),
            bq. = first(bq.),
            n = n(),
            ma_inc = mean(ma_inc, na.rm = TRUE)) %>%
  ungroup() %>%
  mutate(
    order = as.integer(as.character(trt.)),
    trt1 = fct_reorder(trt., order)
  ) %>%
  ggplot(aes(x=trt1, y =ma_inc))+
  stat_summary(fun.data = "mean_cl_boot", size = 0.2)+
  geom_jitter(aes(col=bq.), width = 0.2)+
  labs(x="",
       y="Incidencia de mancha amarilla en HB y Hb-1")+
  theme_bw()

```

```

hojas <- c(
  `b0` = "Hj B",
  `b1` = "Hj B-1",
  `b2` = "Hj B-2",
  `b3` = "Hj B-3"
)

```

```

dat_foliar %>%
  ungroup() %>%
  mutate(
    order = as.integer(as.character(trt.)),
    trt1 = fct_reorder(trt., order)
  ) %>%
  ggplot(aes(x=trt1, y=af_p))+
  geom_point(size = 0.1) +
  stat_summary(fun.data = "mean_cl_boot", colour = "red", size = 0.2)+
  facet_grid(org.~.,
             labeller = as_labeller(hojas))+
  labs(y="% de área verde", x="Tratamientos")+
  theme_bw()

```

Bibliography

Madden, L. V., Hughes, G., and Van Den Bosch, F. (2007). The study of plant disease epidemics.