



Modelos predictivos de la infección foliar causada por Sigatoka negra (*Pseudocercospora fijiensis*) en plantas de banano (*Musa AAA*) con y sin aplicación de fungicidas

Predictive models of foliar infection caused by black Sigatoka (*Pseudocercospora fijiensis*) in banana plants (*Musa AAA*) with and without fungicide application

Luis Fernando Benavides López¹, Marlen Camacho Calvo², Miguel Eduardo Muñoz Fonseca³

Palabras clave

Pseudocercospora fijiensis, Sigatoka negra, ADN, precipitación, humedad relativa, temperatura, radiación solar, modelos predictivos.

Resumen

El objetivo de esta investigación fue desarrollar modelos de predicción temprana de la infección foliar, en términos de porcentaje de área foliar necrosada, de la enfermedad Sigatoka negra en plantas de banano. Las variables bióticas más fuertemente relacionadas fueron la cantidad de ADN de *P. fijiensis* y área de hoja evaluada; mientras que entre las climáticas fueron la precipitación, temperatura (máxima y mínima), humedad relativa, humedad foliar y radiación solar. Se determinaron modelos predictivos para estimar la cantidad de ADN del patógeno en la hoja posición 1 en plantas sin ($R^2=0,73$; $p<0,0001$) y con aplicación de fungicidas ($R^2=0,55$; $p<0,0001$), siendo la duración de la precipitación, la temperatura promedio, la humedad relativa, la humedad foliar y la radiación solar las variables con mayor poder de predicción; donde el crecimiento del patógeno previo a la cuantificación molecular (ADN) no se afectó significativamente por la aplicación frecuente de fungicidas.

Key words

Pseudocercospora fijiensis, black Sigatoka, DNA, precipitation, relative humidity, temperature, solar radiation, predictive models.

Abstract

The objective of this research was to develop models for the early prediction of leaf infection, in terms of percentage of necrotic leaf area, of the black Sigatoka disease in banana plants. The most strongly related biotic variables were the amount of *P. fijiensis* DNA and leaf area evaluated; while among the climatic ones were precipitation, temperature (maximum and minimum), relative humidity, leaf humidity and solar radiation. Predictive models were determined to estimate the amount of pathogen DNA in leaf position 1 in plants without ($R^2=0.73$; $p<0.0001$) and with fungicide application ($R^2=0.55$; $p<0.0001$), being the duration of the precipitation, the average temperature, the relative humidity, the foliar humidity and the solar radiation the variables with the greatest predictive power; where the growth of the pathogen prior to molecular quantification (DNA) was not significantly affected by the frequent application of fungicides.

1 Ing. Agrónomo. Estudiante Maestría Académica en Ciencias Agrícolas y Recursos Naturales con énfasis en Protección de Cultivos, Universidad de Costa Rica. Investigador en Protección de Cultivos, LIFE-RID, AMVAC de Costa Rica. ✉lbenavides@life-rid.com

2 Docente Escuela de Agronomía, ITCR. mcamacho@itcr.ac.cr

3 Director de Investigaciones, DOLE, Standard Fruit Co. Costa Rica. miguel.e.munoz@dole.com

Introducción

Los patógenos que causan infecciones foliares en diversos cultivos tienen dinámicas influenciadas por condiciones ambientales, variabilidad de inóculo, su patogenicidad y la susceptibilidad del hospedero [1]. Dentro de las áreas de la fitopatología, la epidemiología se utiliza en la descripción del desarrollo de las enfermedades en diferentes etapas y permite el uso de modelos de predicción [2]. Los modelos más comunes son empíricos y se basan en relaciones estadísticas entre variables ambientales y epidemiológicas como esporulación, dispersión, infección e incubación [2, 3, 4, 5].

Desde la década de los 80's se ha estudiado la modelación predictiva de la Sigatoka negra en el cultivo de banano. Ochoa *et al.* [6] mencionan que la variabilidad climática del espacio-tiempo modula la epidemiología de la enfermedad, donde las variables meteorológicas involucradas son la temperatura del aire, lluvia, humedad relativa y humedad foliar. La integración de esas variables en modelos de pronóstico puede contribuir al manejo estratégico de fungicidas [6] para combatir esta enfermedad.

Una limitante que presentan las metodologías de evaluación en campo es que se basan en una evaluación visual de síntomas que causaron un daño fisiológico; por lo tanto, la efectividad de los fungicidas en estados avanzados de la enfermedad es limitada. Además, no se determina el nivel de inóculo en el ambiente o la cantidad de eventos efectivos de infección en la hoja. Ante ese panorama, esta investigación tiene como objetivo desarrollar modelos de predicción temprana utilizando la cantidad de ADN de *P. fijiensis* y las variables climáticas para estimar el nivel de infección (% área foliar necrosada) en plantas de banano.

Materiales y métodos

El trabajo de campo se ejecutó en parcelas de la compañía Standard Fruit Company de Costa Rica S.A. (DOLE) en Río Frío, Heredia, Costa Rica (10°18'29,9" Latitud Norte y 83°52'59,6" Longitud Oeste). La finca se ubica a 109 msnm, presenta suelos Inceptisoles, bien drenados y de textura media (franco arenoso – franco limoso) [7]. La zona presenta precipitaciones anuales de 3571 mm a 5491 mm, temperatura promedio anual de 26°C y humedad relativa de 84%, según datos de la

estación agroclimatológica Río Frío (2010-2017). El estudio se ejecutó de febrero a julio de 2018.

Se muestreó plantas de banano del clon Enano Ecuatoriano (*Musa AAA*) en fase V de producción *in vitro*, enraizadas, desarrolladas en vivero y terminadas para siembra en campo, provenientes del vivero Finca 9 en Río Frío.

Se utilizaron dos áreas cercanas de aproximadamente 600 m² cada una. En una de ellas, con 83 plantas en total, no se aplicó fungicidas (SF), mientras que, a la segunda, con 78 plantas en total, se aplicó el programa de manejo para el control de Sigatoka negra usado por la empresa (CF). Ambas áreas presentaron abundante inóculo natural de *P. fijiensis* en el ambiente debido a su cercanía con plantaciones comerciales de banano.

Las plantas se sembraron con arreglo de siembra en tresbolillo, con espaciamiento de 2,77 m entre plantas y 2,40 m entre filas. Desde la siembra, las plantas recibieron el manejo de fertilización recomendado por la empresa DOLE para plantaciones de renovación, con aplicaciones foliares de macro y microelementos y la aplicación de nematicidas e insecticidas debido a la presencia de *Radopholus similis* y *Cosmopolites sordidus*. Durante el desarrollo de las plantas, se realizó labores culturales propias del cultivo, a excepción de deshoja y cirugía, en hojas con síntomas de Sigatoka negra.

La investigación consistió en el desarrollo de modelos de predicción temprana utilizando la base de datos del estudio de Benavides [8]. Se integró variables regresoras (ADN y climáticas) para la predicción temprana del porcentaje de infección foliar de Sigatoka negra (*P. fijiensis*) y ADN del patógeno en plantas con o sin aplicación de fungicidas. A partir del muestreo foliar de la hoja 1, se estimó la infección con un lapso de cuatro semanas después del muestreo (SDM). Además, se desarrollaron modelos para predecir la cantidad de ADN de *P. fijiensis* en la hoja posición 1 y posteriormente se estimó el porcentaje de infección de la quinta, sexta y séptima SDM de la misma hoja, usando el valor estimado de la cuarta SDM.

Las variables utilizadas para el desarrollo de modelos de predicción del porcentaje de infección de Sigatoka negra se detallan en el Cuadro 1.

Se aplicó transformación logarítmica (\log_{10}) a las variables ADN (pg 10 cm⁻²) e infección 4 SDM para obtener mayores correlaciones entre las variables en los modelos de regresión múltiple.

Cuadro 1. Variables utilizadas en los modelos predictivos de la infección Sigatoka negra (*P. fijiensis*). Río Frío, 2018.

Table 1. Variables used in the predictive models of black Sigatoka (*P. fijiensis*) infection. Río Frío, 2018.

Variables de Estudio	Descripción	Abreviatura
Infección 4 SDM (%)		S 4 SDM (%)
Infección 5 SDM (%)	Evaluación visual del área de hoja necrosada (%)	S 5 SDM (%)
Infección 6 SDM (%)		S 6 SDM (%)
Infección 7 SDM (%)		S 7 SDM (%)
ADN (pg 10 cm ²) log ₁₀ *	Muestreo foliar de la hoja 1	ADN H1
Área de hoja evaluada (25 %)*	Área de evaluación visual de la Infección (longitud)	AHE
Altura (cm)*		A (cm)
Circunferencia (cm)*	Valor promedio semanal de las variables de crecimiento	C (cm)
Hojas totales*		HT
Temperatura promedio máxima (°C)**		Tp Máx (°C)
Temperatura promedio mínima (°C)**		Tp Mín (°C)
Temperatura máxima (°C)**		T Máx (°C)
Temperatura mínima (°C)**		T Mín (°C)
Temperatura promedio (°C)**	Valor promedio por semana	T Promedio (°C)
Humedad relativa (%)**		HR (%)
Precipitación (mm)**		P (mm)
Precipitación (horas)**		P (h)
Temperatura máxima óptima (horas)***		T Máx Ópt (h)
Temperatura mínima óptima (horas)***		T Mín Ópt (h)
Temperatura alta (horas)**		T Alta (h)
Temperatura baja (horas)**		T baja (h)
Temperatura óptima (horas)**		T Ópt (h)
Humedad relativa >90 % (horas)***	Valor acumulado por semana	HR>90% (h)
Humedad foliar (mm)**		HF (mm)
Humedad foliar (horas)**		HF (h)
Luz (horas)**		Luz (h)
Unidad de calor (°C)**		UC (°C)
Radiación solar (W m ⁻²)**		Rs (W m ⁻²)

* Variables recolectadas durante el muestreo temprano de la hoja 1; 4 semanas antes de la evaluación de infección (%).

** Condiciones climáticas observadas durante el desarrollo de la hoja candela; una semana antes del muestreo foliar y 5 semanas antes de la evaluación de infección (%).

*** Condiciones climáticas favorables para el desarrollo de la enfermedad, temperaturas de 25 °C a 28 °C y humedad relativa mayor al 90 %.

De la base de datos original se extrajo dos bases de datos, la primera para desarrollar los modelos de regresión, y la segunda con datos aleatoriamente seleccionados, para la validación de los modelos de predicción temprana.

Con el objetivo de seleccionar las variables significativamente relacionadas, así como reducir la dimensionalidad de la base de datos, se realizó un análisis de componentes principales con las variables predictoras y la variable dependiente, seleccionándose el conjunto de variables que explicaron la mayor variabilidad, con base en la correlación cofenética (>90 %).

Se generaron tres modelos de predicción por tratamiento: los dos primeros utilizaron los promedios de datos semanales, buscando mejorar la correlación entre las variables estudiadas; el tercer modelo fue desarrollado con la base de datos completa (n=150). Se seleccionó los modelos con las siguientes características: significancia del 5%, mayor coeficiente de determinación ajustado (R^2 Aj); menores AIC, BIC y ECMP (tanto en los modelos como en sus variables de predicción) e intercepto de los modelos. El análisis se realizó para la variable infección (4 SDM) y para modelos de predicción de la cantidad del ADN de *P. fijiensis* presente en la hoja posición 1.

La validación de los modelos se realizó con el 20% de datos de la base seleccionados al azar, previo al desarrollo de los modelos. Con ellos se estimó de forma temprana la infección (4 SDM) de Sigatoka negra (*P. fijiensis*) en cada tratamiento y se realizaron curvas comparativas entre la infección observada y la estimada; lo mismo se aplicó a los modelos predictivos de la cantidad de ADN de *P. fijiensis*. Se calculó el sesgo entre los valores observados y los estimados por los modelos, así como el ajuste mediante la prueba de Wilcoxon para datos pareados.

Todos los análisis se realizaron con el programa estadístico InfoStat/P [9], con un nivel de significancia del 5%.

Resultados

Modelos de predicción temprana de la infección de Sigatoka negra

El Cuadro 2 detalla los resultados del análisis de correlación lineal de Pearson (r) para cada

modelo de predicción de la variable dependiente infección (4 SDM). Para el tratamiento sin aplicación de fungicidas (SF) se observó correlaciones aceptables ($r > 0,30$) y significativas ($p < 0,05$) en las variables regresoras ADN, área de hoja evaluada, precipitación, temperatura promedio mínima, temperatura promedio, temperatura máxima y mínima, temperaturas óptimas, humedad relativa, humedad relativa >90%, humedad foliar, luz, unidades de calor y radiación solar. En el tratamiento con aplicación de fungicidas (CF), las variables con mayor correlación fueron área de hoja evaluada, temperatura máxima y mínima pro medio, temperatura máxima y mínima, temperatura alta, humedad relativa, unidades de calor y radiación solar.

En los modelos del tratamiento CF se encontró correlaciones negativas y significativas ($p < 0,05$) en comparación al tratamiento SF ($r > 0$) debido al efecto de los fungicidas. Por otro lado, se encontró correlaciones lineales altas ($r > 0,65$) y significativas ($p < 0,0001$) entre la infección (4 SDM) y las subsiguientes infecciones a la 5, 6 y 7 SDM en la misma hoja evaluada, lo que indica que la infección estimada a la cuarta SDM puede ser a su vez un valor predicción del avance de la enfermedad.

Mediante el análisis de componentes principales (Figura 1: A: SF y B: CF) se identificaron las variables que mayor aporte dieron a la variabilidad explicada.

El Cuadro 3 resume las variables que resultaron significativas para el desarrollo de los modelos de regresión múltiple para la predicción temprana de la infección a la cuarta SDM.

Para el tratamiento SF, los modelos que predicen tempranamente la dinámica de la Sigatoka negra presentaron coeficientes de determinación altos ($R^2=0,98; 0,91$ y $0,71$) y se determinaron 11 variables predictoras significativas ($p < 0,05$). Por otro lado, los modelos del tratamiento CF presentaron valores de R^2 altos en los dos primeros modelos y bajos en el tercero ($0,99; 0,87$ y $0,43$); también las variables fueron altamente significativas en la predicción de la enfermedad.

Cuadro 2. Análisis de Correlación lineal de Pearson entre la infección Sigatoka negra (*P. fijiensis*) y variables climáticas en plantas de banano sin (SF) y con (CF) aplicación de fungicidas. Río Frío, 2018.

Table 2. Pearson's linear correlation analysis between black Sigatoka (*P. fijiensis*) infection and climatic variables in banana plants without (SF) and with (CF) fungicide application. Río Frío, 2018.

Variables	Infección 4 SDM (%)												
	Modelo 1*				Modelo 2				Modelo 3*				
	SF	CF	CF	SF	SF	CF	CF	SF	SF	CF	CF	SF	
r*	p - valor**	r	p - valor	r	p - valor	r	p - valor	r	p - valor	r	p - valor	r	p - valor
ADN (pg 10 cm ⁻²) log ₁₀	0,60	0,0190	-0,02	0,9538	0,66	0,0001	0,17	0,3618	0,55	<0,0001	0,07	0,4432	0,4432
Área de hoja evaluada (25 %)	0,36	0,1865	-0,61	0,0151	0,32	0,0839	-0,41	0,0256	0,28	0,0005	-0,47	<0,0001	<0,0001
Altura (cm)	0,41	0,1329	-0,60	0,0177	0,35	0,0603	-0,38	0,0358	0,30	0,0002	-0,46	<0,0001	<0,0001
Circunferencia (cm)	0,41	0,1322	-0,53	0,0402	0,35	0,0602	-0,33	0,0743	0,29	0,0003	-0,44	<0,0001	<0,0001
Hojas totales	0,34	0,2104	-0,61	0,0160	0,23	0,2300	-0,42	0,0221	0,06	0,4602	-0,44	<0,0001	<0,0001
Precipitación (mm)	0,50	0,0563	-0,17	0,5469	0,44	0,0147	0,04	0,8216	0,40	<0,0001	-0,13	0,1132	0,1132
Precipitación (h)	0,49	0,0642	0,08	0,7684	0,61	0,0003	0,34	0,0627	0,46	<0,0001	0,05	0,5261	0,5261
Temperatura prom máxima (°C)	0,15	0,5905	-0,51	0,0526	0,11	0,5687	-0,40	0,0287	0,09	0,2758	-0,44	<0,0001	<0,0001
Temperatura prom mínima (°C)	0,19	0,5092	-0,47	0,0781	0,15	0,4444	-0,36	0,0516	0,20	0,0161	0,00	0,9750	0,9750
Temperatura máxima (°C)	0,25	0,3640	-0,75	0,0014	0,22	0,2490	-0,52	0,0029	0,16	0,0481	-0,50	<0,0001	<0,0001
Temperatura mínima (°C)	0,61	0,0147	-0,08	0,7749	0,57	0,0011	0,02	0,9013	0,10	0,2042	-0,43	<0,0001	<0,0001
Temperatura promedio (°C)	0,52	0,0458	-0,41	0,1250	0,47	0,0087	-0,24	0,2043	0,15	0,0629	0,05	0,5129	0,5129
Temperatura máxima óptima (h)	0,22	0,4329	0,15	0,6040	0,33	0,0743	0,17	0,3696	0,46	<0,0001	-0,15	0,0616	0,0616
Temperatura mínima óptima (h)	0,19	0,5031	0,31	0,2674	0,30	0,1094	0,19	0,3116	0,38	<0,0001	-0,34	<0,0001	<0,0001
Temperatura alta (h)	-0,21	0,4617	-0,64	0,0098	-0,26	0,1613	-0,47	0,0082	-0,21	0,0090	-0,48	<0,0001	<0,0001
Temperatura baja (h)	-0,12	0,6723	0,31	0,2559	-0,06	0,7431	0,29	0,1253	-0,05	0,5518	0,35	<0,0001	<0,0001
Temperatura óptima (h)	0,40	0,1406	0,20	0,4849	0,38	0,0383	0,08	0,6854	0,31	0,0001	-0,01	0,9100	0,9100
Humedad relativa (%)	0,73	0,0020	0,20	0,4698	0,82	<0,0001	0,34	0,0678	0,65	<0,0001	0,09	0,2629	0,2629
Humedad relativa >90 % (h)	0,64	0,0098	0,19	0,4974	0,76	<0,0001	0,34	0,0637	0,59	<0,0001	0,09	0,2514	0,2514
Humedad foliar (mm)	0,50	0,0554	0,15	0,6010	0,68	<0,0001	0,31	0,0917	0,50	<0,0001	0,10	0,2041	0,2041
Humedad foliar (h)	0,49	0,0634	0,20	0,4836	0,68	<0,0001	0,32	0,0799	0,50	<0,0001	0,14	0,0913	0,0913
Luz (h)	-0,56	0,0297	-0,07	0,8111	-0,64	0,0001	-0,21	0,2566	-0,49	<0,0001	0,01	0,9327	0,9327
Unidad de calor (°C)	0,33	0,2261	-0,47	0,0739	0,26	0,1629	-0,32	0,0836	0,22	0,0064	-0,41	<0,0001	<0,0001
Radiación solar (W m ⁻²)	-0,69	0,0043	-0,39	0,1551	-0,79	<0,0001	-0,43	0,0170	-0,62	<0,0001	-0,22	0,0072	0,0072
Infección 5 SDM (%)	0,93	<0,0001	0,88	<0,0001	0,92	<0,0001	0,92	<0,0001	0,86	<0,0001	0,78	<0,0001	<0,0001
Infección 6 SDM (%)	0,84	0,0001	0,91	<0,0001	0,87	<0,0001	0,90	<0,0001	0,73	<0,0001	0,73	<0,0001	<0,0001
Infección 7 SDM (%)	0,77	0,0008	0,81	0,0003	0,78	<0,0001	0,86	<0,0001	0,64	<0,0001	0,67	<0,0001	<0,0001

* = Promedio de la evaluación de 20 plantas por tratamiento durante 15 semanas

** = Nivel de probabilidad de la correlación lineal (p= 0,05)

¥ = Promedio de evaluación de 10 plantas/tratamiento durante 15 semanas

α = Valores transformados a Log₁₀; β = Valores transformados a Log₁₀ (x+1)

CF = Sin aplicación de fungicidas

CF = Con aplicación de fungicidas

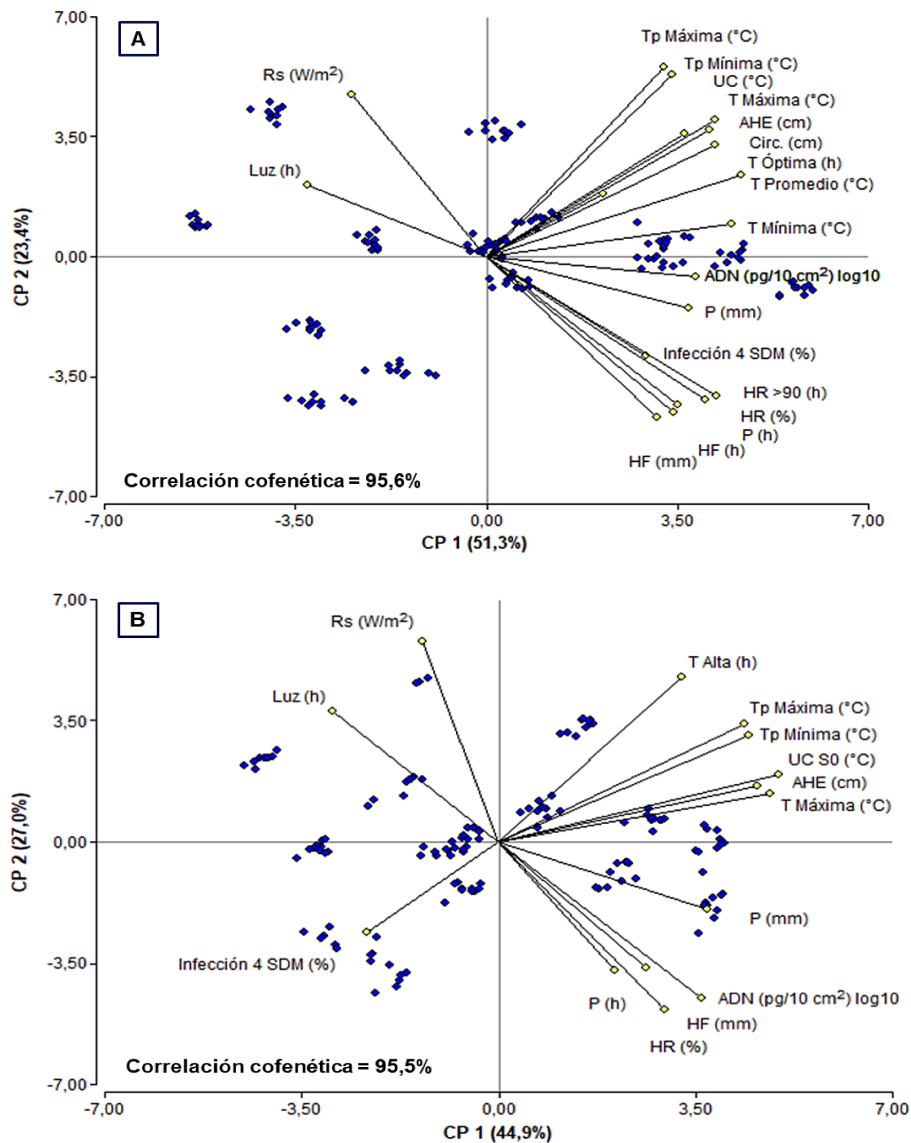


Figura 1. Análisis de componentes principales para las variables evaluadas. A) Tratamiento sin aplicación de fungicidas (SF). B) Tratamiento con aplicación de fungicidas (CF). Río Frío, 2018.

Figure 1. Principal component analysis for the variables evaluated. A) Treatment without application of fungicides (SF). B) Treatment with application of fungicides (CF). Río Frío, 2018.

Validación de modelos de predicción temprana de la infección de Sigatoka negra en plantas de banano

El Cuadro 4 resume los análisis de validación de los modelos de regresión múltiple para predicción temprana de la infección a la cuarta SDM en plantas de banano.

Ambos tratamientos presentaron modelos con coeficientes de determinación (R^2) aceptables y

significativos ($p < 0,05$); se seleccionaron aquellos con sesgo en el rango aceptable ($\pm 2\%$). Al utilizar datos al azar, los modelos que presentaron valores de sesgo bajos fueron los modelos uno del tratamiento SF (-1,4) y CF (1,1%) mientras que el segundo modelo presentó un valor de sesgo de -0,1%. Además, con la prueba de Wilcoxon se encontró valores no significativos ($p > 0,05$), indicando las similitudes entre la infección real y la estimada para cada tratamiento.

Cuadro 3. Modelos utilizados en la predicción del porcentaje de infección de Sigatoka negra en plantas sin (SF) y con (CF) aplicación de fungicidas. Río Frío, 2018.

Table 3. Models used to predict the percentage of black Sigatoka infection in plants without (SF) and with (CF) fungicide application. Cold River, 2018.

Efecto	Sin fungicida (SF)		Con fungicida (CF)	
	Estimador	P>T	Estimador	P>T
	Modelo 1. R ² = 0,98		Modelo 1. R ² = 0,99	
Intercepto	369,9340	0,0014	-280,9000	0,0030
ADN (pg 10 cm ⁻²) log ₁₀	4,9095	0,0086	-2,9264	0,0033
Área de hoja evaluada (cm)	-1,0844	0,0116	-0,0830	0,0259
Circunferencia (cm)	1,5774	0,0034	-	NS
Precipitación (mm)	0,2007	0,0004	-0,0179	0,0421
Precipitación (h)	-2,0110	0,0004	0,3950	0,0068
Temperatura promedio máxima (°C)	-52,4540	0,0115	21,6620	0,0127
Temperatura promedio mínima (°C)	40,0040	0,0212	-10,1380	0,0459
Humedad relativa (%)	-	NS	1,5002	0,0031
Humedad foliar (mm)	0,0150	0,0385	-0,0293	0,0037
Luz (h)	-	NS	0,1254	0,0586
Unidades de calor (°C)	-	NS	-1,5205	0,0031
Radiación solar (W m ⁻²)	-0,0003	0,0036	0,0000	0,0931
	Modelo 1. R ² = 0,98		Modelo 2. R ² = 0,87	
Intercepto	-10,9580	0,0066	-125,3800	0,0001
ADN (pg 10 cm ⁻²) log ₁₀	0,4761	0,0010	-0,8062	0,0115
Área de hoja evaluada (cm)	-0,0343	0,0100	-0,7502	0,0005
Área de hoja evaluada (cm) ²	-	NS	0,0075	0,0054
Precipitación (mm) ²	-	NS	-0,0001	0,0012
Precipitación (h)	-0,0560	0,0061	0,0077	<0,0001
Temperatura promedio máxima (°C)	0,5767	0,0055	-9,4212	0,0120
Temperatura mínima (°C)	-0,1834	0,0261	8,5661	0,0115
Humedad relativa (%) ²	-	NS	0,0038	0,0017
Humedad foliar (h)	0,1904	0,0124	-	NS
Humedad foliar (mm)	-0,0176	0,0180	0,0000	0,0001
Luz (h)	0,1010	0,0014	-	NS
Radiación solar (W m ⁻²)	0,0000	0,0002	0,0028	<0,0001
Radiación solar (W m ⁻²) ²	-	NS	0,0000	<0,0001
	Modelo 3. R ² = 0,71		Modelo 3. R ² = 0,43	
Intercepto	52,6880	<0,0001	-15,5750	0,0083
ADN (pg 10 cm ⁻²) log ₁₀	0,1332	0,0001	0,1018	0,0015
Área de hoja evaluada (cm)	-	NS	-0,0173	0,0007
Precipitación (mm)	0,0864	<0,0001	0,0279	0,0013
Precipitación (mm) ²	-0,0002	<0,0001	-0,0001	0,0019
Precipitación (h)	-0,2804	<0,0001	-0,1862	0,0001
Precipitación (h) ²	-	NS	0,0036	0,0001
Temperatura máxima (°C)	3,0459	0,0054	0,1553	0,0419
Temperatura mínima (°C)	3,8208	0,0025	-	NS
Temperatura promedio (°C)	-6,8309	0,0030	0,8399	0,0051
Temperatura óptima (h)	0,0518	0,0162	-	NS
Temperatura alta (h)	-	NS	-0,0254	0,0002
Humedad relativa S0 (%)	-0,4791	0,0007	-	NS
Humedad relativa >90 S0 (h)	-0,0817	0,0061	-	NS
Humedad foliar S0 (h)	0,5099	0,0014	-	NS
Humedad foliar S0 (mm)	-0,0308	0,0028	0,0023	0,0006
Luz S0 (h)	-0,0562	0,0133	-	NS
Unidades de calor (°C)	-0,1130	0,0037	-0,1275	0,0049
Radiación solar (W m ⁻²)	-0,0001	<0,0001	-	NS

*= Variables dependientes con transformación logarítmica (log₁₀) o con transformación potencial (x²).

Cuadro 4. Análisis de validación de los modelos de regresión múltiple utilizados en la predicción de la infección de Sigatoka negra en plantas con y sin aplicación de fungicidas. Río Frío, 2018.

Table 4. Validation analysis of multiple regression models in the prediction of black Sigatoka infection in plants with and without fungicide application. Río Frío, 2018.

Tratamiento	Modelo	R ²	R ² Ajustado	P>F	ECMP	AIC	BIC	Sesgo (%)	Wilcoxon (p>0,05)
Sin Aplicación de Fungicidas	1	0,98	0,94	0,0014	92,0	62,2	70,0	1,4	0,9100
	2	0,89	0,85	<0,0001	0,03	-29,9	-14,5	0,9	0,5624
	3	0,71	0,67	<0,0001	0,06	-22,3	28,7	11,5	0,8628
Con Aplicación de Fungicidas	1	0,99	0,97	0,0055	1,67	0,3	9,5	1,1	0,9978
	2	0,87	0,79	<0,0001	1,39	69,3	87,5	0,1	0,9462
	3	0,43	0,38	<0,0001	0,07	11,9	49,7	8,6	0,8772

Con los modelos desarrollados se logró estimar la infección de la enfermedad en ambos tratamientos, con valores de predicción altos ($R^2 > 0,65$) y significativos ($p < 0,0001$) a partir del monitoreo molecular temprano del ADN de *P. fijiensis* cuantificado en la hoja 1 de la planta. En otras palabras, considerando las variables climáticas (Cuadro 3) de la semana cuando la hoja posición 1 estuvo en estado de candela, una semana previa a la cuantificación temprana del ADN, se estimó la infección (%) con al menos cuatro semanas de anticipación (4 SDM).

La Figura 2 presenta los valores estimados de la enfermedad (% infección), utilizando los modelos en contraposición con los valores observados en el campo y aplicados al inicio del muestreo de hojas posición 1 en la semana 8 del 2018. A partir de los valores de las variables climáticas de la semana previa al muestreo para cuantificación de ADN (semana 7, 2018), se estimó de manera predictiva la infección de la semana 11 del 2018 (4 SDM). En la Figura 2A del tratamiento SF, se observa cómo los modelos predicen la infección semanal, los cuales mostraron leves diferencias respecto a lo observado en campo, presentando los tres modelos buen ajuste ($p > 0,05$).

Por otro lado, en los modelos para el tratamiento CF se observó diferencias mínimas entre valores

de infección estimados y observados en campo, mostrando un buen ajuste de modelos ($p > 0,05$) (Figura 2B). Los primeros dos modelos presentaron valores predictivos altos ($R^2 = 0,99$ y $0,87$) y la tendencia de la estimación fue bien ajustada en la predicción de la infección respecto al monitoreo molecular temprano (cuantificación de ADN) en hojas posición 1 desde la semana 8 a la 23 del 2018.

Modelos de predicción para la cantidad de ADN de *P. fijiensis* determinada en la hoja de la planta de banano

En los resultados presentados se evidenció el buen ajuste (sesgo = $\pm 2\%$) que presentaron los modelos de predicción temprana para la variable infección con al menos cuatro semanas de anticipación (4 SDM) a la aparición de los síntomas, momento cuando la hoja llegó a la posición cuatro o cinco dependiendo de la emisión foliar de las plantas. La predicción temprana de la infección se logró mediante variables de clima, cantidad de ADN del hongo y crecimiento de la planta.

Mediante el mismo proceso de modelación predictiva y con base en los resultados obtenidos en el artículo precedente a este de Benavides *et al.* [10], que encontró relaciones aceptables entre la cantidad de ADN de *P. fijiensis* y las variables

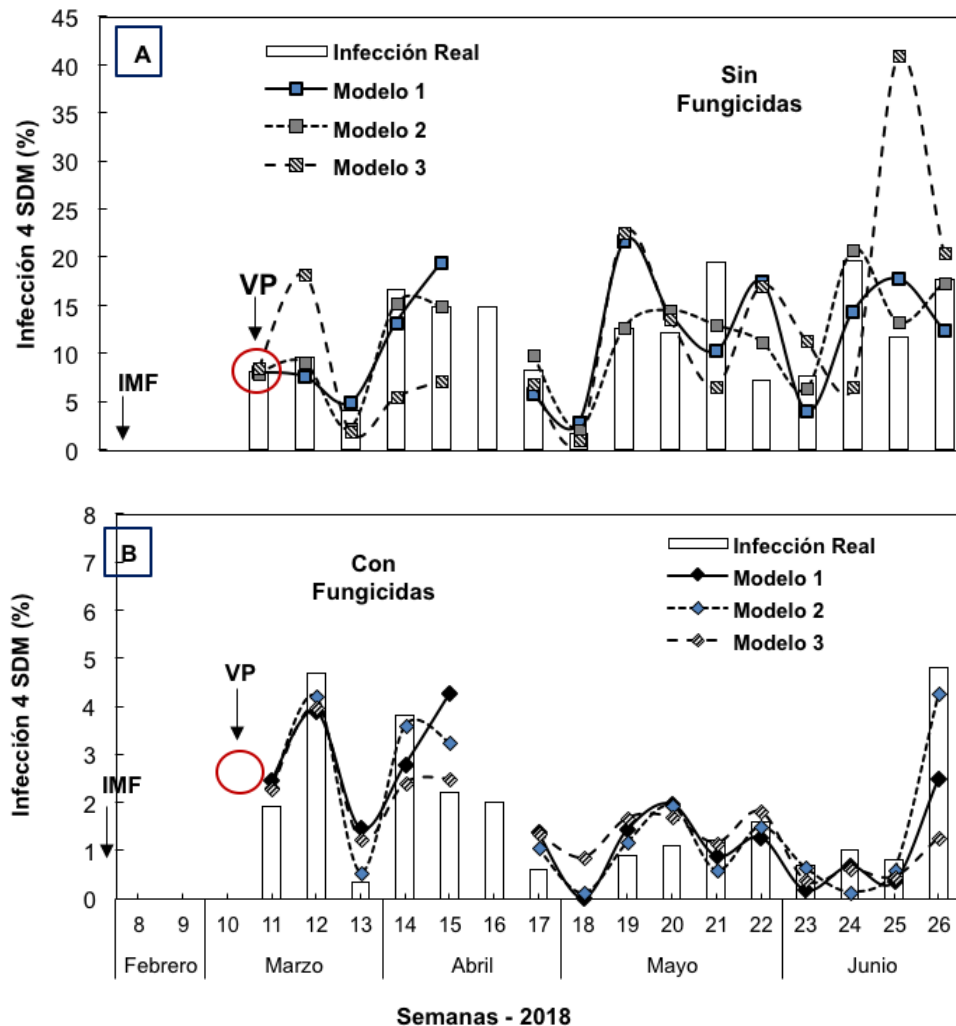


Figura 2. Valores de infección de Sigatoka negra observada e infección estimada por los modelos de regresión múltiple. **A)** Tratamiento sin aplicación de fungicidas; **B)** Tratamiento con aplicación de fungicidas. **IMF**= Inicio del muestreo foliar; **VP**= Valor de predicción. Río Frío, 2018.

Figure 2. Black Sigatoka infection values observed and infection estimated by multiple regression models. A) Treatment without application of fungicides; B) Treatment with application of fungicides. IMF= Beginning of foliar sampling; PV= Prediction value. Río Frío, 2018.

climáticas, se desarrolló una propuesta de modelos de predicción para la cantidad de ADN del hongo en la hoja posición 1, a partir de las condiciones climáticas cuando la hoja estuvo en su estado de hoja candela, es decir una semana previo a la cuantificación del ADN. Los resultados del Cuadro 5 corresponden a los modelos de regresión lineal múltiple para la estimación de la cantidad de ADN de *P. fijiensis* en la hoja posición 1 de plantas con o sin aplicación de fungicidas, donde las variables climáticas tuvieron correlaciones aceptables ($r > 0,30$) y significativas ($p < 0,0001$).

El modelo para el tratamiento SF presentó valores de predicción aceptables ($R^2 = 0,73$; $p < 0,0001$), utilizando ocho variables con valores de estimación y correlación significativos entre ellas la duración de la precipitación ($r = 0,60$), temperatura ($r = 0,38$), la duración y volumen de humedad foliar ($r = 0,39$), horas de luz ($r = -0,69$), radiación solar ($r = -0,52$) y área de hoja evaluada ($r = 0,58$).

Para el tratamiento CF ($R^2 = 0,55$; $p < 0,0001$) se afectaron las correlaciones (r) y por lo tanto la temperatura no fue significativa en el modelo de

Cuadro 5. Modelos de regresión lineal múltiple para predicción del ADN de *P. fijiensis* en la hoja posición 1 de la planta de banano. Río Frío, 2018.

Table 5. Multiple linear regression models for the prediction of *P. fijiensis* DNA in “position 1” leaf of the banana plant. Río Frío, 2018.

Modelos	ADN <i>P. fijiensis</i> (pg 10 cm ⁻²) log ₁₀					
	Sin Aplicación de Fungicidas			Con Aplicación de Fungicidas		
	R ² = 0,73 (p<0,0001)			R ² = 0,55 (p<0,0001)		
Efecto	r (p-valor)	Estimador	P>T	r (p-valor)	Estimador	P>T
Intercepto	-	12,860	0,0040	-	5,8465	<0,0001
P (h)	0,60 (<0,0001)	0,1234	<0,0001	0,55 (<0,0001)	0,1374	<0,0001
Tp Máx (°C)	0,38 (<0,0001)	-0,7184	0,0015	0,09 (0,32161)	-	-
T Mín (°C)	0,61 (<0,0001)	0,4728	<0,0001	0,29 (0,00063)	-	-
HF (h)	0,39 (<0,0001)	-0,4254	<0,0001	0,24 (0,00491)	-0,3130	<0,0001
HF (mm)	0,34 (<0,0001)	0,0414	<0,0001	0,19 (<0,0001)	0,0285	0,0001
Luz (h)	-0,69 (<0,0001)	-0,1824	<0,0001	-0,63 (<0,0001)	-0,1008	0,0001
Rs (W m ⁻²)	-0,52 (<0,0001)	0,0000552	<0,0001	-0,55 (<0,0001)	0,0000178	0,0834
AHE (cm)	0,58 (<0,0001)	0,0511	<0,0001	0,27 (0,00152)	0,0123	0,0773

P=Precipitación; Tp Máx=Temperatura Promedio Máxima; T Mín=Temperatura Mínima; HF=Humedad Foliar; Rs=Radiación Solar; AHE=Área de Hoja Evaluada

predicción de la cantidad del ADN de *P. fijiensis* para la hoja en posición 1.

Las tendencias en la modelación y su ajuste se observan en la Figura 3, no encontrando la validación de los modelos diferencias significativas entre la cantidad real del ADN de *P. fijiensis* y la estimada por los modelos para el tratamiento SF (p=0,7708) y CF (p=0,8354). El buen ajuste en los modelos de predicción de la cantidad de ADN de *P. fijiensis* se evidenció en los resultados del análisis de sesgo, presentando valores aceptables (sesgo en SF= 0,8% y en CF= 1,8%).

Estimación del comportamiento semanal de la infección de Sigatoka negra según el cambio de posición de la hoja en la planta de banano

Se encontró correlaciones lineales moderadas (r>0,65) y significativas (p<0,001) entre la infección (%) evaluada visualmente a 4 SDM con las de 5, 6 y 7 SDM (Cuadro 2). Los valores de infección semanal en la misma hoja presentaron tendencia creciente, por lo cual la modelación se ejecutó con regresiones no lineales como la polinomial.

La Figura 4 presenta las regresiones para modelar el avance de la infección en una hoja a partir de la predicción de la infección 4 SDM, gracias a los modelos de regresión múltiple (Cuadro 3) se utilizó ese valor de infección en las regresiones de las Figuras 4A y 4D para predecir la infección a la 5 SDM (R²=0,86 y 0,84), posteriormente se ingresó ese valor en las regresiones de las Figuras 4B y 4E para estimar la infección de la 6 SDM (R²=0,87 y 0,92) y finalmente se estimó la infección de la hoja hasta la 7 SDM (Figuras 4C y 4F), donde las regresiones presentaron valores de R² altos (0,91 y 0,94) y significativos (p<0,0001) en ambos tratamientos. Para lo anterior, se utilizó el valor real (observado) de infección temprana 4 SDM y se modeló los siguientes valores de infección obtenidos en 5, 6 y 7 SDM, utilizando las ecuaciones de la Figura 4. La idea de esta propuesta fue utilizar los modelos de predicción temprana para estimar la infección a 4 SDM (%) gracias a variables de clima, ADN y crecimiento; y paralelamente utilizar ese valor en la estimación de la infección desde la 5 a la 7 SDM (%), tal como se ilustra en la Figura 4.

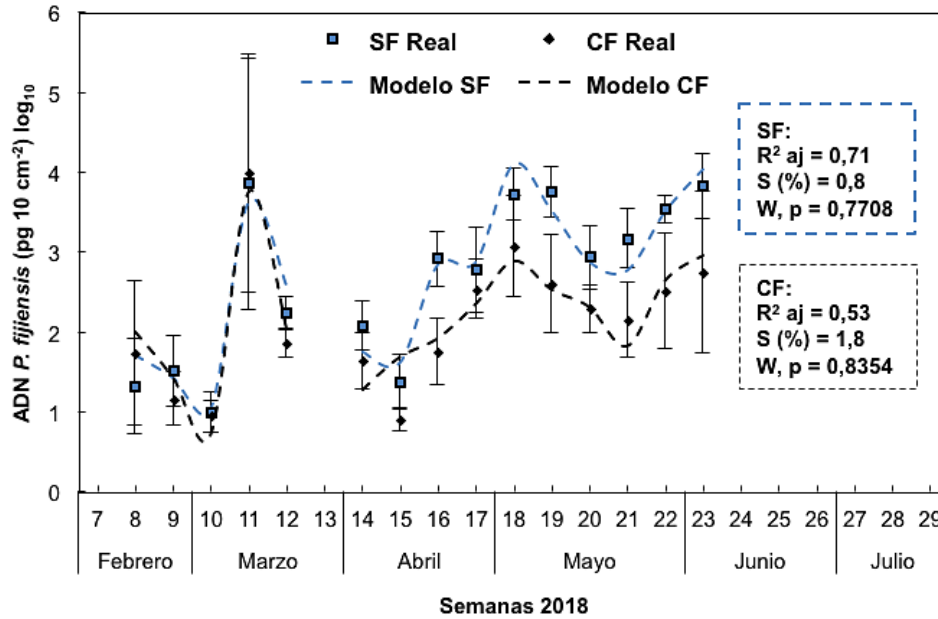


Figura 3. Valores observados de ADN de *P. fijiensis* y valores estimados por el modelo de regresión lineal múltiple para la posición 1 de la planta de banano. SF= Tratamiento sin aplicación de fungicidas; CF= Tratamiento con aplicación de fungicidas; R² aj= R² ajustado; S (%)= Sesgo; p= probabilidad de Wilcoxon. Río Frío, 2018.

Figure 3. Observed values of *P. fijiensis* DNA and values estimated by the multiple linear regression model for leaf position 1 of the banana plant. SF= Treatment without application of fungicides; CF= Treatment with application of fungicides; R² aj= R² adjusted; S (%)= Bias; p= Wilcoxon probability. Río Frío, 2018.

Discusión

Los modelos de predicción en fitopatología se basan en la determinación de variables de clima al momento de la germinación e invasión del patógeno al hospedero. Si a ello se adiciona la medición de los eventos efectivos de infección y hay correlación con el posterior desarrollo de síntomas de la enfermedad, entonces efectivamente se pueden desarrollar modelos de predicción. Al final, el objetivo de los modelos epidemiológicos es la unión de la fitopatología y estadística para hacer una modelación predictiva de los daños causados por los patógenos a plantas de importancia agrícola.

Modelos matemáticos como el monomolecular, exponencial, logística y Gomperts son frecuentemente usadas para comprender la epidemiología de las enfermedades en plantas [4]. No obstante, la mayoría de los modelos de infección utilizan ecuaciones de regresión principalmente basadas en polinomios, ecuaciones logísticas y complejos tri-dimensionales [3, 4]. En esta investigación, se ejecutó análisis de regresión lineal

y polinomial debido a las correlaciones lineales encontradas entre las variables de infección y climáticas, cantidad de ADN del patógeno y el crecimiento de la planta; también se utilizaron por la facilidad del análisis y la no complejidad para el uso de los modelos a nivel de campo.

Magarey *et al.* [3] indican que variables como duración de la humedad foliar, humedad relativa y temperatura óptima para el patógeno, son determinantes en los procesos infecciosos; y por ende los modelos se ajustan satisfactoriamente integrando suficientes variables ambientales estrechamente relacionadas con la enfermedad. Los modelos de predicción desarrollados en la presente investigación para la enfermedad Sigatoka negra utilizan al menos ocho variables regresoras, entre ellas climáticas, cantidad de inóculo y crecimiento de la planta. Los datos indican que las condiciones climáticas cuando la hoja estuvo en su estado de candela fueron primordiales para el proceso infectivo debido a la disminución en las correlaciones durante las cuatro semanas de evaluación de la hoja. Una de

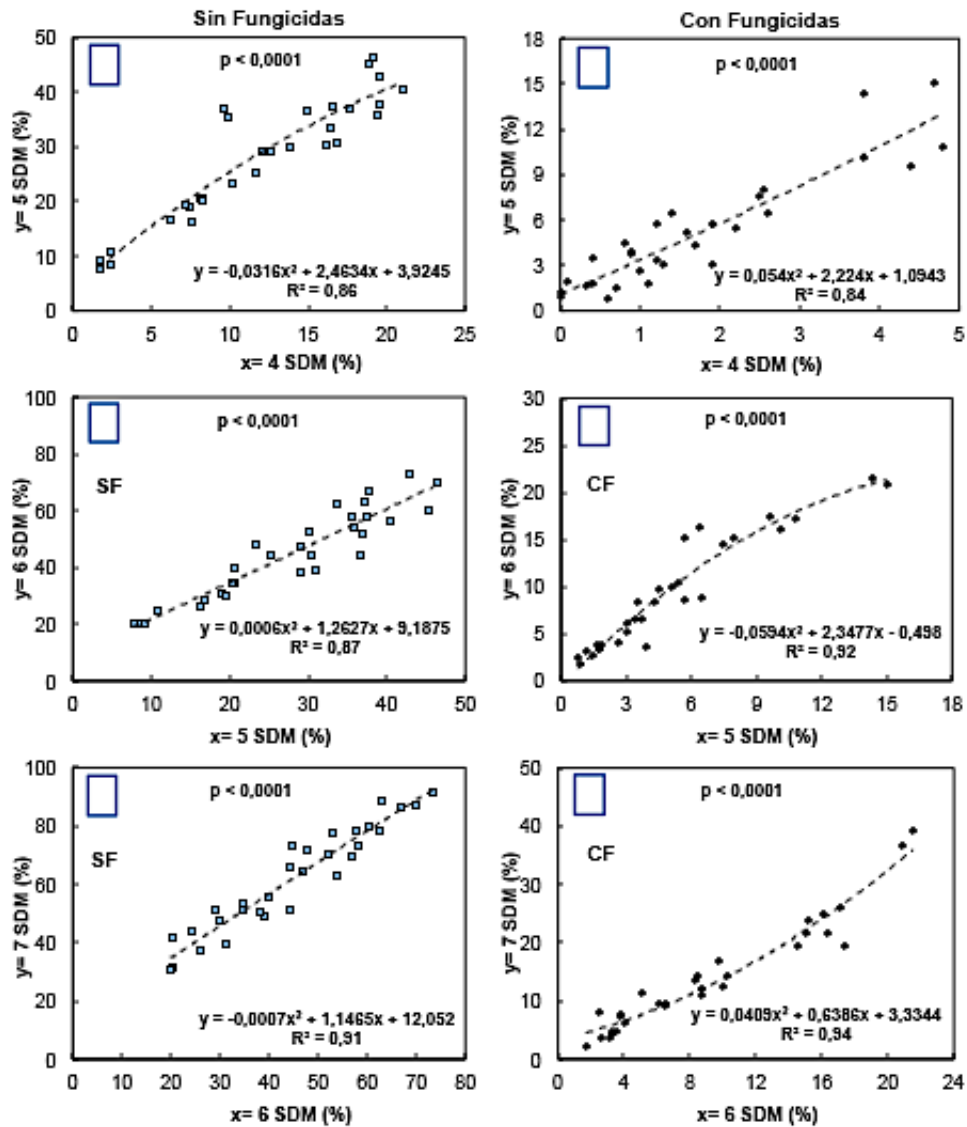


Figura 4. Regresión polinomial para la estimación de la infección (%) de Sigatoka negra a 5, 6 y 7 SDM mediante el valor de predicción temprana de la infección 4 SDM (%) en plantas de banano. SF= Tratamiento sin aplicación de fungicidas (A, B y C); CF= Tratamiento con aplicación de fungicidas; SDM= Semanas después de muestreo (E, F y G). Río Frío, 2018.

Figure 4. Polynomial regression for the estimate of Black Sigatoka infection (%) at 5, 6 and 7 SDM using the early predictive value of 4 SDM infection (%) in banana plants. SF= Treatment without application of fungicides (A, B and C); CF= Treatment with application of fungicides; SDM= Weeks after sampling (E, F and G). Cold River, 2018.

las ventajas que tienen los modelos que estiman la curva del progreso de la enfermedad es que dos, tres o más variables usualmente describen correctamente la dinámica de esta en un tiempo determinado y, por otro lado, que dichos modelos contribuyen al desarrollo de mejores estrategias para el manejo de enfermedades y el uso eficiente de fungicidas [4].

Mediante herramientas matemáticas se han desarrollado diversos tipos de modelos que consideran variables que limitan y/o favorecen la capacidad infectiva de patógenos foliares de plantas; destacando el inóculo inicial, área de hoja afectada, temperatura del aire, precipitación, humedad relativa, duración de humedad foliar y velocidad del viento, para así predecir enfermedades

importantes como *Alternaria brassicae*, *Botrytis cinerea*, *Colletotrichum acutatum*, *Mycosphaerella pinodes*, *Puccinia recondita*, *Plasmora viticola*, *Podosphaera leucotricha*, *Septoria tritici*, *Venturia pirina* y otras de importancia agrícola [3, 4, 11].

En el caso de la Sigatoka negra, Arnerson [12] desarrolló modelos de pronósticos biológicos para determinar el estado de evolución de la enfermedad (EE), utilizando parámetros ambientales para predecir el momento de control óptimo mediante la aplicación estratégica de fungicidas [13]; sin embargo, el sistema perdió vigencia debido a la resistencia a los fungicidas por parte del patógeno causante de la enfermedad en banano [14]. Por lo anterior, a partir de la década de los 90's en las plantaciones se utilizan variables específicas para determinar el momento de aplicación de fungicidas protectantes y/o sistémicos contra Sigatoka negra, destacando pronósticos de precipitación y temperatura óptimas para el hongo; así como parámetros de incidencia/severidad como el promedio ponderado de infección (PPI), severidad de la enfermedad (SE), hoja más joven manchada (HMJM) y hoja más joven con estrías (HMJE) [13, 15, 16, 17, 18, 19, 20]. Con lo anterior, se debe considerar que las decisiones usualmente se toman basados en daños ya causados a las hojas y de allí surge la importancia de la detección y cuantificación temprana de ADN del hongo para utilizarse en modelos de predicción temprana, tal como los desarrollados en el presente estudio.

Los resultados obtenidos en la cuantificación del ADN de *P. fijiensis*, indican que fue posible la detección y cuantificación temprana del hongo en el tejido foliar (hoja posición 1) y su relación directa con los posteriores síntomas en la hoja, lo cual permitió generar modelos de predicción con buen ajuste para la variable de infección (% área foliar necrosada). Burt *et al.* [21] indica que una de las variables de importancia en los modelos de severidad/incidencia de enfermedades es la cuantificación del inóculo en el ambiente o el inóculo efectivo en la hoja de la planta; para ello Meredith *et al.* [22] determinaron la concentración (%) ambiental de ascosporas utilizando trampas y encontraron que la misma crece en función de la humedad relativa y temperaturas entre 20°C y 24°C, con fluctuaciones en un lapso de 24 horas y diferencias en días secos y lluviosos. Por lo anterior,

las fluctuaciones en la cantidad de ADN del hongo se debieron al factor inóculo y clima.

Por otro lado, Burt *et al.* [21] determinaron modelos lineales para la estimación de las ascosporas liberadas al ambiente a partir del área de tejido necrosado, con el objetivo de utilizarlos como valores de alerta en las plantaciones de banano en Costa Rica. Sin embargo, esas herramientas son difíciles de manejar bajo condiciones de campo; por lo que la base de esta investigación fue el uso de qPCR, una herramienta de biología molecular que mediante curvas estándar permite la cuantificación de la cantidad de ADN del patógeno sobre una hoja con síntomas tempranos [23]. El valor se interpreta como el crecimiento del hongo en un tiempo determinado (inóculo efectivo) y para el caso de esta investigación el crecimiento infectivo del hongo fue desde la hoja candela hasta el momento en que alcanzó la posición 1 en la planta.

Los resultados indican que el valor de cantidad de ADN del patógeno obtuvo un peso significativo en los modelos de predicción para la enfermedad. El objetivo principal de la investigación fue desarrollar modelos de predicción para la infección de Sigatoka negra; al encontrar correlaciones aceptables entre variables de clima y cantidad de ADN del hongo se utilizó en los modelos las variables duración de lluvia, temperatura promedio, humedad relativa y radiación solar. Los modelos desarrollados tuvieron valores aceptables y significativos de ajuste ($S=\pm 2\%$) para predecir la cantidad de ADN de *P. fijiensis* de una hoja expuesta a las condiciones primordiales para los procesos de la liberación de ascosporas, germinación e infección inicial [24] y por lo tanto se pueden utilizar para alertar el nivel de inóculo efectivo en plantaciones de banano.

Los resultados de los modelos obtenidos son válidos y comparables a los reportados en la literatura respecto a su capacidad de predicción (R^2) para variables de incidencia y severidad de Sigatoka negra. Chuang y Jeger [25] desarrollaron un modelo de predicción para la tasa de progreso de la Sigatoka negra en Taiwán y sus valores de predicción fueron aceptables ($R^2=0,83$), integrando variables previas de la incidencia de la enfermedad, la precipitación acumulada en las semanas previas a síntomas visuales y cantidad de días con humedad relativa mayor a 90%. Los autores validaron el modelo en tres localidades entre los años de 1980

y 1984, obteniendo un R^2 con aceptable capacidad de predicción ($R^2 > 0,65$). Por otro lado, Jácome y Schuh [26], en laboratorio, desarrollaron modelos donde las infecciones se propagaban en un ámbito óptimo de temperaturas entre 25°C y 28°C y 18 horas de mojadura de la hoja, ambas condiciones importantes para las ascosporas. Relacionado a los procesos de infección, Porras y Pérez [27], en Cuba, desarrollaron un modelo para estimar las constantes de velocidad de crecimiento de los tubos germinativos de *P. fijiensis* en función de la temperatura en laboratorio ($R^2=0,91$). Los mismos autores determinaron mediante datos meteorológicos, ecuaciones para estimar la suma de velocidades de evolución para *M. musicola* ($R^2=0,99$) y *P. fijiensis* ($R^2=0,99$) en función de las temperaturas máximas y mínimas diarias; lo cual explica las fluctuaciones semanales encontradas en los valores de infección en hojas expuestas a diferentes condiciones climáticas y de cantidad de inóculo.

Considerando lo indicado, a nivel de campo, el monitoreo de la enfermedad se basa en variables como posición de hoja más joven enferma, generalmente con estría, y la hoja más joven manchada; aunque estas representan una evaluación tardía del estado y nivel de infección de las plantas. A pesar de ello, estas evaluaciones resultan efectivas para la toma de decisiones sobre las aplicaciones de fungicidas (frecuencia, tipo y dosis) en plantaciones de banano; no obstante, el uso de modelos de predicción puede mejorar la estrategia y costos del uso de fungicidas.

Los modelos predicen el porcentaje de área foliar necrosada (infección) con al menos cuatro semanas de anticipación (4 SDM), utilizando variables regresoras de clima, ADN y crecimiento de la planta que indican el periodo de incubación, es decir, la cantidad de semanas que tardan en reflejarse síntomas visibles como estrías y manchas en la hoja [28]. Por lo anterior, Romero [29] y Romero y Sutton [30] desarrollaron modelos de predicción para el período de incubación ($R^2=0,70$) y latencia ($R^2=0,80$) de Sigatoka negra en ensayos establecidos a nivel de campo en Costa Rica, con ausencia de aplicaciones de fungicidas (condiciones naturales) e integrando variables de clima, obteniendo modelos de precisión y exactitud aceptables. También en Costa Rica, para estimar inóculo en el ambiente, Burt *et al.* [21] determinaron

modelos para cuantificar el número de peritecios en áreas necróticas de hojas infectadas por Sigatoka negra ($R^2=0,88$; $0,99$) estableciendo una ecuación que estimó la cantidad de inóculo (ascosporas) debida a la esporulación de los peritecios sobre las áreas necróticas ($R^2=0,99$). Ese valor, aunado a la cantidad estimada de ADN del hongo, se podría utilizar como alerta temprana.

En Venezuela, Hernández *et al.* [31] en plantaciones de plátano bajo condiciones naturales, desarrollaron ecuaciones para predecir el promedio ponderado de infección (PPI) con nivel de predicción muy bajo ($R^2=0,33$); no obstante, lo valioso fue la metodología utilizada, ya que consideraron valores acumulados de seis semanas consecutivas y previas a la evaluación de la severidad e integrando variables de lluvia, nubosidad, evaporación, temperatura mínima y humedad relativa. También en Venezuela, Freitez [32] evaluó plantaciones de plátano y propuso modelos para la predicción de la hoja más joven manchada ($R^2=0,71$) y la severidad de la enfermedad para época seca ($R^2=0,79$) y lluviosa ($R^2=0,73$); determinando que la humedad relativa, precipitación, radiación solar, velocidad del viento, temperatura y evapotranspiración definen la dinámica de la enfermedad en la localidad donde ejecutó el estudio [33]. Igualmente en Venezuela, Hernández *et al.* [34] desarrollaron modelos de predicción de Sigatoka negra en plátano bajo diferentes condiciones de fertilización del suelo e identificaron uno que predijo la variable biológica del PPI ($R^2=0,71$), donde el comportamiento de la severidad se influenció por la nubosidad e insolación.

Ochoa *et al.* [6], en Colombia, desarrollaron un modelo estocástico para pronosticar la Sigatoka negra mediante la variable PPI y con la integración de las variables de hoja más joven infectada, hoja más joven con estrías y precipitación. Recientemente Gómez [2], en Urabá, Antioquía (Colombia), desarrolló modelos de predicción para la hoja más joven enferma y para el estado de evolución de la enfermedad ($R^2=0,95$), obteniendo valores de predicción aceptables ($R^2=0,72$) para plantaciones de banano en diferentes fincas de la región, donde las variables de clima de mayor correlación ($r > 0,65$) y que definieron la dinámica de la enfermedad fueron humedad relativa mínima, humedad relativa promedio, temperatura promedio, precipitación acumulada y brillo solar promedio. En

concordancia, dichas variables también fueron importantes en la presente investigación.

Tecnologías alternativas como aeronaves no tripuladas (drones) también se han utilizado para el monitoreo espacial de la enfermedad Sigatoka negra mediante sensores multiespectrales y técnicas geoestadísticas. Gómez *et al.* [2] modelaron la variable biológica de la hoja más joven manchada (HMJM) mediante modelación espacial con sistemas de información geográficas; dicha variable es utilizada comúnmente como indicador del nivel de daño de Sigatoka negra en la plantación. El uso de drones con sistemas de detección temprana puede contribuir en el pronóstico de las enfermedades en plantaciones de banano y lo mismo se esperaría con los sistemas de imágenes multiespectrales [2, 35, 36].

Como se demostró en el Cuadro 1 y en los párrafos anteriores, los modelos de predicción de Sigatoka negra hasta el presente contemplan el uso de la variable inóculo. Por tanto, un aporte de este estudio es el uso de la variable de la cantidad de ADN de *P. fijiensis* presente en la hoja posición 1 para los modelos de predicción temprana de Sigatoka negra y su potencial en modelos de predicción de la cantidad de ADN del hongo a partir de condiciones climáticas; siendo eso una alternativa económica para estimar el crecimiento del hongo en la hoja posición 1 (pg ADN) de la planta de banano y su eventual utilización como valores de alerta temprana.

El aporte ofrece una alternativa para el entendimiento y futuro combate de la enfermedad mediante fungicidas. Hernández *et al.* [37] pronosticaron que el cambio climático incrementará positivamente la evolución de la Sigatoka negra y ello aumentará los tratamientos químicos y costo fitosanitario; no obstante, recalcan la necesidad de trabajar en nuevas medidas de manejo integrado de esa enfermedad en las regiones donde se cultive y comercialice el cultivo de banano.

Conclusiones

Con base en los resultados obtenidos se concluye que:

- Las condiciones climáticas de precipitación, temperatura, humedad relativa, humedad foliar y radiación solar al momento en la hoja estuvo en estado candela tuvieron una relación

directa y significativa con el comportamiento de la enfermedad Sigatoka negra tanto en la cantidad de ADN del patógeno como en la infección (% área foliar necrosada).

- La cantidad de ADN de *P. fijiensis* tuvo una relación directa y significativa con las fluctuaciones de infección (%) en el tratamiento sin aplicación de fungicidas; mientras que la aplicación de fungicidas afectó la relación entre las variables ADN e infección debido al efecto del fungicida sobre los procesos infectivos del patógeno en la hoja, así como en las variables de clima y crecimiento de la planta.
- El crecimiento del área de hoja evaluada y la circunferencia de la planta tuvieron relación directa con la infección (%) de la enfermedad y la cantidad de ADN de *P. fijiensis*, lo que indica que se favoreció los eventos exitosos de infección de las ascosporas y conidios en función del crecimiento de las plantas.
- Mediante el análisis de componentes principales (ACP) se determinó que al menos 19 variables del grupo de datos aportaron una alta variabilidad explicada, al presentar una correlación cofenética de 95%; se logró discriminar variables que no aportaban significancia en el análisis para desarrollar los modelos de predicción temprana de la infección de Sigatoka negra.
- Los modelos de predicción temprana presentaron valores altos de predicción ($R^2 > 0,65$; $p < 0,05$), con buen ajuste en la validación ($S = \pm 2\%$; $p > 0,05$) y funcionaron bajo la metodología de análisis utilizada en esta investigación para estimar la infección de Sigatoka negra, con una anticipación de tiempo de al menos cuatro semanas a la aparición de los síntomas visuales.
- La propuesta de modelos para estimar el comportamiento de la infección en la misma hoja a la 5, 6 y 7 SDM permitió una proyección de la evolución de los síntomas de Sigatoka negra, lo cual posibilitaría decidir respecto a la estrategia del uso de fungicidas.
- La cuantificación de ADN de *P. fijiensis* mediante qPCR evidenció la importancia de determinar e incluir la variable inóculo en los modelos de predicción temprana de la enfermedad Sigatoka negra y abre una nueva ventana de

investigación sobre esa variable (ADN) en estudios epidemiológicos de la enfermedad.

- La propuesta de modelos ajustados y con capacidad predictiva para la cantidad de ADN de *P. fijiensis* utilizando condiciones climáticas favorables para el hongo, ofrece una alternativa para estimar eventos efectivos de ascosporas y conidios en la hoja candela; utilizar esos valores como alertas ante eventos climáticos favorables para la enfermedad Sigatoka negra y así contribuir al uso oportuno de fungicidas en las plantaciones.

Recomendaciones

Con base en los resultados obtenidos se recomienda:

- Validar la aplicabilidad de los modelos de predicción temprana en áreas de producción comercial de banano en Costa Rica, para sistematizar la aplicación de fungicidas.
- Validar los modelos predictivos recopilados de la literatura y comparar la precisión de los modelos obtenidos bajo las condiciones climáticas de Costa Rica.
- Desarrollar modelos predictivos con la misma metodología de esta investigación para la estimación de otras variables como la hoja más joven con estrías, hoja más joven manchada y otras comúnmente utilizadas en la industria bananera; así como también implementar otras herramientas estadísticas que permitan un análisis más robusto en la creación de modelos predictivos.

Bibliografía

- [1] G. Agrios, "Fitopatología", México: LIMUSA, 2005.
- [2] J. Gómez, "Desarrollo de modelos predictivos de Sigatoka negra (*Mycosphaerella fijiensis* M. Morelet) en banano para la región de Urabá, Antioquia – Colombia", Tesis M. Sc. Universidad Nacional de Colombia, Medellín, 2017.
- [3] R. Magarey, T. Sutton, C. Thayer, "A simple generic infection model for foliar fungal plant pathogens", *Phytopathology*, vol. 95, no. 1, pp. 92-100, 2005.
- [4] L. Contreras, I. Torres, R. Guevara, R. Romero, I. Terol, R. Osornio, "Mathematical modeling tendencies in plant pathology", *African Journal of Biotechnology*, vol. 8, no. 25, pp. 7399-7408, 2009.
- [5] J. Gómez, W. Torres, D. Cayón, L. Hoyos, D. Castañeda, "Modelación espacial de la Sigatoka negra (*Mycosphaerella fijiensis* M. Morelet) en banano cv. Gran Enano", *Revista Ceres Viciosa*, vol. 64, no. 1, pp. 047-054, 2017.
- [6] A. Ochoa, F. Abauza, V. Rey, "Forecasting black Sigatoka in banana crops with stochastic models", In: VI International Banana Congress CORBANA. Miami, 2016.
- [7] F. Arias, R. Mata, A. Alvarado, E. Serrano, J. Laguna, "Caracterización química y clasificación taxonómica de algunos suelos cultivados con banano en las llanuras aluviales del Caribe de Costa Rica", *Agronomía Costarricense*, vol. 34, no. 2, pp. 177-195, 2010.
- [8] L. Benavides, "Cuantificación temprana de *Pseudocercospora fijiensis* por medio de qPCR en modelos predictivos de Sigatoka negra en plantas de banano (Musa AAA)", Tesis Lic. Instituto Tecnológico de Costa Rica, San Carlos, 2019.
- [9] J.A. Di Rienzo, F. Casanoves, M.G. Balzarini, L. Gonzalez, M. Tablada, C.W. Robledo. InfoStat versión 2018. Córdoba, Centro de Transferencia InfoStat, 2018.
- [10] L.F. Benavides, M. Camacho-Calvo, M. Muñoz Fonseca, "Relación entre factores climáticos y la infección foliar de Sigatoka negra (*Pseudocercospora fijiensis*) en plantas de banano (*Musa AAA*) con y sin la aplicación de fungicida". *Revista AgrolInnovación en el Trópico Húmedo*, vol. 3 no. 1, pp. 1-13, 2022. DOI: 10.18860/rath.v3i1.6503
- [11] S. Coakley, L. McDaniel, G. Shaner, "Model for predicting severity of *Septoria tritici* Blotch on winter wheat. *Phytopathology*, vol. 75, no. 11, pp. 1245-1251, 1985.
- [12] P. A. Arnerson, "A mechanistic computer simulation model of Sigatoka", In International network INIBAP, Sigatoka leaf spot disease of bananas. 1989.
- [13] É. Fouré, J. Ganry, "A biological forecasting system to control Black Leaf Streak disease of bananas and plantains", *Fruits*, vol. 63, no. 5, pp. 311-317, 2008.
- [14] R. Romero, "Avances en epidemiología y manejo de la Sigatoka negra del banano", en X Congreso Nacional Agronómico/III Congreso de Fitopatología. San José, 1996.
- [15] J. Ganry, J. Meyer, "La lutte contrôlée contre le *Cercospora* aux Antilles: Bases climatiques de l'avertissement", *Fruits*, vol. 27, no. 10, pp. 665-676, 1972.
- [16] E. Bureau, "Adaptation a forecasting system to control black Sigatoka (*Mycosphaerella fijiensis* Morelet) in a traditional plantain small holding in Panama", In: International network INIBAP, Sigatoka leaf spot disease of bananas. San José, 1989, 115-123.
- [17] F. Gauhl, "Epidemiología y ecología de la Sigatoka negra (*Mycosphaerella fijiensis* Morelet) en plátano (*Musa* sp.) en Costa Rica", Unión de Países Exportadores de Banano (UPEB), Panamá, 1989.

- [18] F. Gauhl, C. Pasberg, "Epidemiology of black Sigatoka disease of plantain in Nigeria", *Phytopathology*, vol. 84, no. 10, pp. 1080, 1994.
- [19] L. de Bellaire, E. Fouré, C. Abadie, J. Carlier, "Black leaf streak disease is challenging the banana industry", *Fruits*, vol. 65, no. 6, pp. 327-342, 2010.
- [20] J. Ganry, É. Fouré, L. de Bellaire, T. Lescot, "An integrated approach to control the black leaf streak disease (BLSD) of bananas, while reducing fungicide use and environmental impact", In: *Fungicides for plant and animal diseases*, D. Dhanasekaran. Netherlands: IntechOpen, pp. 35, 2012.
- [21] P. Burt, L. Rosenberg, J. Rutter, H. Ramirez, O. Gonzales, "Forecasting the airborne spread of *Mycosphaerella fijiensis*, a cause of black Sigatoka on banana: estimations of numbers of perithecia and ascospores", *Annals of Applied Biology*, vol. 135, no. 1, pp. 369-377, 2008.
- [22] D. Meredith, J. Lawrence, I. Firman, "Ascospore release and dispersal in black leaf streak disease of bananas (*Mycosphaerella fijiensis*)", *Transactions British Mycological Society*, vol. 60, no. 3, pp. 547-554, 1973.
- [23] M. Arzanlou, E. Abeln, G. Kema, C. Waalwijk, J. Carlier, I. de Vries, M. Guzmán, P. Crous, "Molecular diagnostics for the Sigatoka disease complex of banana", *Phytopathology*, vol. 97, no. 9, pp. 1112-1118, 2007.
- [24] A.C.L. Churchill, "*Mycosphaerella fijiensis*, the black leaf streak pathogen of banana: progress towards understanding pathogen biology and detection, disease development, and the challenges of control", *Molecular Plant Pathology* vol. 12, no: 4, pp. 307-328, 2011.
- [25] T. Chuang, M. Jeger, "Predicting the rate of development of black Sigatoka (*Mycosphaerella fijiensis* var. *difformis*) disease in Southern Taiwan", *Phytopathology*, vol. 77, pp. 1542-1547, 1987.
- [26] L. Jácome, W. Schuh, "Effects of leaf wetness duration and temperature on development of black Sigatoka disease on banana infected by *Mycosphaerella fijiensis* var. *difformis*", *Phytopathology*, vol. 82, no. 5, pp. 515-520, 1992.
- [27] A. Porras, L. Pérez, "Método para el cálculo de las sumas de velocidades de desarrollo para el pronóstico bioclimático de los tratamientos contra Sigatoka negra (*Mycosphaerella fijiensis*) y amarilla (*M. musicola* Leach ex Mulder) a partir de la temperatura máxima y mínima diaria", en VII Fórum de Ciencia y Técnica. La Habana, 1993.
- [28] J. Murillo, "Efecto de la sensibilidad de *Mycosphaerella fijiensis* sobre la eficacia biológica de fungicidas sistémicos utilizados contra la Sigatoka negra", Tesis Lic. Instituto Tecnológico de Costa Rica, San Carlos, 2015.
- [29] R. Romero, "Dynamics of fungicide-resistant populations of *Mycosphaerella fijiensis* and epidemiology of black Sigatoka of bananas", Tesis Ph.D. The North Carolina State University, Carolina del Norte, 1995.
- [30] R. Romero, T. Sutton, "Modelos para predecir la duración del período de incubación y latencia de la Sigatoka negra del banano", en Informe Anual 1995, Dirección de Investigaciones CORBANA (Corporación Bananera Nacional, CR). San José, 1995, pp. 50-52, 1995.
- [31] L. Hernández, W. Hidalgo, B. Linares, J. Hernández, N. Romero, S. Fernández, "Estudio preliminar de vigilancia y pronóstico para Sigatoka negra (*Mycosphaerella fijiensis* Morelet) en el cultivo de plátano (*Musa AAB* cv Hartón) en Macagua-Jurimiquire, estado Yaracuy", *Revista de la Facultad de Agronomía*, vol. 22, no. 4, pp. 325-339, 2005.
- [32] J. Freitez, "Desarrollo de un modelo predictivo del brote de la Sigatoka negra para las plantaciones de plátano al sur del lago de Maracaibo", Tesis M. Sc. Universidad de los Andes, Mérida, Venezuela, 2007.
- [33] J. Freitez, M. Ablan, C. Gómez, "Propuesta de modelos predictivos del brote de la Sigatoka negra para las plantaciones de plátano al sur del Lago de Maracaibo, Venezuela", *UDO Agrícola*, vol. 9, no. 1, pp. 191-198, 2009.
- [34] J. Hernández, N. Sanabria, G. Blanco, B. Linares, M. Milla, A. Pérez, "Predicción de Sigatoka negra en "plátano hartón" bajo condiciones de fertilización del suelo en el municipio Veroes del estado Yaracuy, Venezuela", *Agronomía Tropical*, vol. 59, no. 3, pp. 317-322, 2009.
- [35] J. Cuevas, C. Flores, J. Guerrero, "Sistema de adquisición y análisis de información para el diagnóstico de Sigatoka negra", *Research in Computing Science*, vol. 108, pp. 73-80, 2015.
- [36] H. Pham, Y. Lim, A. Gardi, R. Sabatini, E. Pang, "A novel bistatic lidar system early-detection of plant diseases from unmanned aircraft", In: Proceedings of the 31th Congress of the International Council of the Aeronautical Sciences (ICAS 2018). Belo Horizonte, 2018.
- [37] A. Hernández, R. Sorí, Y. Valentín, A. López, O. Córdova, O. Benedico, "Sigatoka negra (*Mycosphaerella fijiensis* Morelet) y seguridad alimentaria. Escenarios bioclimáticos en bananos bajo efecto del cambio climático en Ciego de Ávila, Cuba", *Journal of the Selva Andina Biosphere*, vol. 4, no. 2, pp. 59-70, 2016.

De acuerdo con la norma IEEE, este documento debe citarse:

L.F. Benavides-López, M. Camacho-Calvo, M. Muñoz Fonseca, "Modelos predictivos de la infección foliar causada por Sigatoka negra (*Pseudocercospora fijiensis*) en plantas de banano (*Musa AAA*) con y sin aplicación de fungicidas". *Revista AgrolInnovación en el Trópico Húmedo*, vol. 3 no. 2, pp. 1-18, 2022. DOI: 10.18845/rath.v3i2.6612