



**UNIVERSIDAD CENTRAL DE VENEZUELA  
FACULTAD DE AGRONOMÍA  
DOCTORADO EN CIENCIAS AGRÍCOLAS**



**EFFECTO DE BACTERIAS ANTAGONISTAS Y EXTRACTOS VEGETALES SOBRE LA DINÁMICA POBLACIONAL DE *Ralstonia solanacearum* (SMITH) YABUUCHI *et al.* Y LA EXPRESIÓN DE SÍNTOMAS EN TOMATE (*Solanum lycopersicum* L.)**

**PRESENTADO POR:  
LINO RAFAEL LUGO MARIN**

**TUTORA:  
HARU MARTÍNEZ DE CORDERO**

**MARACAY, ENERO 2018**

**UNIVERSIDAD CENTRAL DE VENEZUELA  
FACULTAD DE AGRONOMÍA  
DOCTORADO EN CIENCIAS AGRÍCOLAS**

**EFEECTO DE BACTERIAS ANTAGONISTAS Y EXTRACTOS VEGETALES SOBRE LA  
DINÁMICA POBLACIONAL DE *Ralstonia solanacearum* (SMITH) YABUUCHI *et al.* Y LA  
EXPRESIÓN DE SÍNTOMAS EN TOMATE (*Solanum lycopersicum* L.)**

**PRESENTADO POR:  
LINO RAFAEL LUGO MARIN**

**TUTORA:  
HARU MARTÍNEZ DE CORDERO**

**TESIS DOCTORAL PRESENTADA COMO REQUISITO PARA OPTAR AL TÍTULO DE  
DOCTOR EN CIENCIAS AGRÍCOLAS**

**MARACAY, ENERO 2018**



UNIVERSIDAD CENTRAL DE VENEZUELA  
FACULTAD DE AGRONOMÍA  
COMISIÓN DE ESTUDIOS DE POSTGRADO  
DOCTORADO EN CIENCIAS AGRÍCOLAS



VEREDICTO

Quienes suscriben, miembros del jurado designado por el Consejo de la Facultad de Agronomía y el Consejo de Estudios de Postgrado de la Universidad Central de Venezuela, para examinar la **Tesis Doctoral** presentada por: **LINO RAFAEL LUGO MARIN**, Cédula de identidad N° 9.420.551 bajo el título “EFECTO DE BACTERIAS ANTAGONISTAS Y EXTRACTOS VEGETALES SOBRE LA DINÁMICA POBLACIONAL DE *Ralstonia solanacearum* (SMITH) YABUUCHI *et al.* Y LA EXPRESIÓN DE SÍNTOMAS EN TOMATE (*Solanum lycopersicum* L.)”, a fin de cumplir con el requisito legal para optar al grado académico de **DOCTOR EN CIENCIAS AGRÍCOLAS**, dejan constancia de lo siguiente:

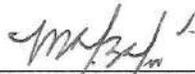
1.- Leído como fue dicho trabajo por cada uno de los miembros del jurado, se fijó el día 17 de Enero de 2018 a las 8:00 AM., para que el autor lo defendiera en forma pública, lo que éste hizo en el Laboratorio de Climatología Agrícola del Instituto de Ingeniería Agrícola, Facultad de Agronomía, UCV, mediante un resumen oral de su contenido, luego de lo cual **respondió satisfactoriamente** a las preguntas que le fueron formuladas por el jurado, todo ello conforme con lo dispuesto en el Reglamento de Estudios de Postgrado vigente.

2.- Finalizada la defensa del trabajo, el jurado decidió **aprobarlo** por considerar, sin hacerse solidario con la ideas expuestas por el autor, que se ajusta a lo dispuesto y exigido en el Reglamento de Estudios de Postgrado.

Para dar este veredicto, el jurado estimó que el trabajo examinado es un aporte valioso porque realiza un novedoso estudio al relacionar la dinámica poblacional

en el suelo de la bacteria *Ralstonia solanacearum* con la manifestación en la marchitez que ésta produce en tomate y con la respuesta a los diferentes tratamientos que se consideran, haciendo uso de una amplia variedad de modelos matemáticos e índices estadísticos en la selección de éstos. Modelos que ajustan los datos en las condiciones bajo las cuales se llevó a cabo la experimentación.

En fe de lo cual se levanta la presente ACTA, a los diecisiete días del mes de Enero de 2018. Conforme a lo dispuesto en el Reglamento de Estudios de Postgrado, actuó como Coordinadora del Jurado la Dra. **Harú Martínez de Cordero**.



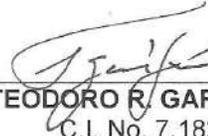
**MIGUEL A. BALZA VELÁSQUEZ**  
C.I. No. V- 4.800.337  
FACULTAD DE AGRONOMÍA-UCV  
Jurado designado por el Consejo  
de la Facultad



**MARIO J. GARRIDO**  
C.I. No. V- 2.475.881  
FACULTAD DE AGRONOMÍA-UCV  
Jurado designado por el Consejo  
de la Facultad



**LUIS F. CORDERO MONTALTI**  
C.I. No. 4.166.445  
UNIVERSIDAD DE CARABOBO  
Jurado designado por el Consejo  
de Estudios de Postgrado



**TEODORO R. GARCÍA LEÓN**  
C.I. No. 7.182.927  
UNIVERSIDAD DE CARABOBO  
Jurado designado por el Consejo  
de Estudios de Postgrado



**HARÚ MARTÍNEZ DE CORDERO**  
C.I. No. V- 4.391.240  
Tutora-Coordinadora del Jurado  
FACULTAD DE AGRONOMÍA-UCV



# DEDICATORIA

*A MASSIEL Y LINO SEBASTIAN*

## AGRADECIMIENTO

Es difícil mencionar y agradecer a tanta gente que me ayudó y apoyó en la elaboración de este trabajo. Soy muy afortunado por eso, por contar con:

Una familia amorosa y comprensiva que se mantuvo a mi lado trabajando, empujando y animándome en todo momento a seguir adelante; así como acogiéndome y consolándome cada vez que flaqueaba.

Amigos que con su sabiduría y cariño me ayudaron, aconsejaron y me aliviaron el camino. Son muchos y puedo cometer omisiones imperdonables si no los menciono a todos; pero debo agradecer en particular a Haru, mi tutora y guía quien me tuvo mucha paciencia pero sobre todo confianza infinita; Yonis, quien hizo la pregunta que generó todo esto y fue la artífice del trabajo de laboratorio, imposible llegar aquí sin ella; Rosana y Diego, en todo momento pendientes del trabajo y dándome tiempo siempre para sus oportunas correcciones y sugerencias.

Mi Cátedra, todos pendientes de mí, de ayudarme, de tratar de quitarme tareas para darme más tiempo para el trabajo de tesis, buscándome equipos, con la mención especial para Marina y su incondicional e invaluable ayuda con las computadoras.

Mi laboratorio, así me lo hicieron sentir Yonis, Rafael, Paola, Miguel, Norkys, Richard, Miriam. En fin, a todos gracias por permitirme llegar a esta meta personal, muy importante para mí y que espero pueda servirles de algo a cada uno de ustedes en el futuro.

## RESUMEN

*Ralstonia solanacearum* (Smith) Yabuuchi *et al*, ha sido calificada como la bacteria fitopatógena más destructiva por causar una de las enfermedades más importantes del mundo, la marchitez bacteriana. Entre las opciones de control se encuentran, el uso de extractos vegetales y de agentes antagonistas; pero, a pesar de las múltiples investigaciones en este campo, hay poca información acerca del comportamiento de *R. solanacearum* en el suelo. En el presente estudio se trabajó en el modelado matemático de poblaciones de *R. solanacearum*, y de la manifestación de la marchitez bacteriana del tomate, tanto en ausencia como en presencia de bacterias antagonistas y/o extractos vegetales. Se diseñó un experimento con 5 tratamientos que incluían extracto de Tártago (*Ricinus communis* L.), *Pseudomonas fluorescens* y el producto Timorex Gold®. Los resultados indicaron que las poblaciones de *R. solanacearum* en el suelo presentan dos fases: primera, aumentan rápidamente de tamaño, posterior a la inoculación; segunda, en plantas sanas tiende a estabilizarse, siguiendo modelos sigmoides, y en plantas enfermas tiende a decaer drásticamente, siguiendo modelos en forma de campana tipo racionales y polinómicos o en forma de tina asimétricos a la derecha tipo polinómicos, Weibull y Ricker. De los 82 modelos que fueron probados para el ajuste de las series de datos generadas en las diferentes condiciones y fases se reportan los 5 mejores en cada caso.

**PALABRAS CLAVE:** *Ralstonia solanacearum*, marchitez bacteriana, modelos matemáticos.

## ABSTRACT

*Ralstonia solanacearum* (Smith) Yabuuchi *et al*, has been described as the most destructive phytopathogenic bacterium for causing one of the most important diseases in the world, bacterial wilt. Among the control options are the use of plant extracts and antagonistic agents; but, despite the multiple investigations in this field, there is little information about the behavior of *R. solanacearum* in the soil. In the present study, we worked on the mathematical modeling of *R. solanacearum* populations, and on the manifestation of tomato bacterial wilt, both in the absence and presence of antagonistic bacteria and / or plant extracts. An experiment was designed with 5 treatments that included extract of Tártago (*Ricinus comunnis* L.), *Pseudomonas fluorescens* and the Timorex Gold® product. The results indicated that the populations of *R. solanacearum* in the soil have two phases: first, they increase rapidly in size, after inoculation; Second, in healthy plants it tends to stabilize, following sigmoid models, and in diseased plants it tends to decay drastically, following rational bell-shaped and polynomial or asymmetrical bell-shaped models to the right, such as polynomials, Weibull and Ricker. Of the 82 models that were tested for the adjustment of the series of data generated in the different conditions and phases, the best 5 are reported in each case.

KEY WORDS: *Ralstonia solanacearum*, bacterial wilt, mathematical models.

# TABLA DE CONTENIDO

PORTADA .....	ii
VEREDICTO .....	iii
DEDICATORIA .....	v
AGRADECIMIENTO .....	vi
RESUMEN .....	vii
ABSTRACT .....	viii
TABLA DE CONTENIDO .....	ix
ÍNDICE DE CUADROS .....	xiii
ÍNDICE DE FIGURAS .....	xviii
1.- INTRODUCCIÓN .....	1
2.- OBJETIVOS .....	5
2.1.- General.....	5
2.2.- Específicos.....	5
3.- REVISIÓN DE LA LITERATURA .....	6
3.1.- La marchitez bacteriana del tomate y su agente causal .....	6
3.1.1.- <i>Ralstonia solanacearum</i> (Smith) Yabuuchi <i>et al.</i> agente causal de la marchitez bacteriana del tomate ( <i>Solanum lycopersicum</i> L.) .....	6
3.1.2.- Control de la marchitez bacteriana del tomate.....	13
3.1.3.- Uso de bacterias antagonistas en el control de organismos fitopatógenos, en particular de <i>R. solanacearum</i> .....	17
3.1.4.- Uso de extractos vegetales en el control de <i>R. solanacearum</i> .....	23
3.2.- Modelos matemáticos usados para describir poblaciones de microorganismos .....	26
3.2.1.- Generalidades sobre modelos.....	26
3.2.2.- Modelos clásicos .....	29
3.2.2.1.- Modelo Exponencial.....	29
3.2.2.2.- Modelo Monomolecular .....	30
3.2.2.3.- Modelo Logístico .....	32
3.2.2.4.- Modelo Gompertz.....	35
3.2.2.5.- Modelo Von Bertalanffy .....	37
3.2.2.6.- Modelo Richards .....	39
3.2.2.7.- Modelo Theta-Logístico .....	42

3.2.2.8.- Modelo Weibull.....	43
3.2.2.9.- Modelo Rayleigh.....	44
3.2.2.10.- Modelo Ricker.....	45
3.2.3.- Modelos exponenciales.....	45
3.2.4.- Modelos sigmoides.....	49
3.2.5.- Modelos desarrollados a partir de funciones de distribución.....	54
3.2.6.- Modelos de potencias.....	60
3.2.7.- Modelos racionales.....	62
3.2.8.- Modelos de fases.....	66
3.2.9.- Modelos generales.....	73
3.3.- Selección de modelos.....	77
3.3.1.- Medidas de desviación.....	79
3.3.2.- Criterios de información.....	85
4.- MATERIALES Y MÉTODOS.....	93
4.1.- Ubicación.....	93
4.2.- Experimentación.....	93
4.2.1.- Obtención de <i>R. solanacearum</i> .....	93
4.2.2.- Prueba de patogenicidad de <i>R. solanacearum</i> .....	94
4.2.3.- Obtención de la bacteria antagonista <i>Pseudomonas fluorescens</i> Migula.....	95
4.2.4.- Confrontación <i>in vitro</i> de <i>P. fluorescens</i> con <i>R. solanacearum</i> .....	95
4.2.5.- Obtención del extracto acuoso de <i>Ricinus communis</i> L. (tártago).....	96
4.2.6.- Efectividad <i>in vitro</i> del extracto acuoso.....	96
4.2.7.- Prueba <i>in vivo</i> de antagonista, extracto acuoso y un producto comercial en plantas de tomate inoculadas con <i>R. solanacearum</i> .....	97
4.2.8.- Prácticas agronómicas y fitosanitarias en el umbráculo.....	100
4.3.- Análisis estadístico y tratamiento de los datos.....	101
4.4.- Modelos matemáticos.....	102
4.5.- Relación entre dinámica poblacional en el suelo y marchitez bacteriana.....	105
5.- RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	106
5.1.- Obtención de <i>R. solanacearum</i> .....	106
5.2.- Prueba de patogenicidad de <i>R. solanacearum</i> .....	106
5.3.- Determinación de biovar y raza de <i>R. solanacearum</i> .....	106

5.4.- Obtención de la bacteria antagonista <i>Pseudomonas fluorescens</i> Migula .....	107
5.5.- Confrontación <i>in vitro</i> de <i>P. fluorescens</i> y extracto acuoso de <i>Ricinus communis</i> L. (tártago) con <i>R. solanacearum</i> .....	107
5.6.- Prueba <i>in vivo</i> de antagonista, extracto acuoso y un producto comercial en plantas de tomate inoculadas con <i>R. solanacearum</i> .....	108
5.6.1.- Medio de cultivo para <i>R. solanacearum</i> usado en las siembras en el laboratorio .....	108
5.6.2.- Población de <i>R. solanacearum</i> en el suelo .....	110
5.6.2.1.- Análisis del comportamiento en el experimento .....	110
5.6.2.2.- Análisis del comportamiento en plantas sanas y enfermas .....	114
5.6.2.3.- Análisis del comportamiento de cada tratamiento .....	116
5.6.3.- Manifestación de la marchitez bacteriana en las plantas .....	123
5.6.3.1.- Análisis al día 133 después del trasplante .....	125
5.7.- Modelos matemáticos .....	127
5.7.1.- Total experimento .....	128
5.7.2.- Tratamiento 1: Testigo sano. Serie total.....	132
5.7.3.- Tratamiento 2: Testigo enfermo. Serie total.....	133
5.7.4.- Tratamiento 2: Testigo enfermo. Serie plantas sanas.....	138
5.7.5.- Tratamiento 2: Testigo enfermo. Serie plantas enfermas.....	140
5.7.6.- Tratamiento 3: Extracto de tártago. Serie total.....	143
5.7.7.- Tratamiento 3: Extracto de tártago. Serie plantas sanas.....	148
5.7.8.- Tratamiento 3: Extracto de tártago. Serie plantas enfermas.....	150
5.7.9.- Tratamiento 4: <i>Pseudomonas fluorescens</i> . Serie total.....	154
5.7.10.- Tratamiento 4: <i>Pseudomonas fluorescens</i> . Serie plantas sanas.....	158
5.7.11.- Tratamiento 4: <i>Pseudomonas fluorescens</i> . Serie plantas enfermas.....	160
5.7.12.- Tratamiento 5: Timorex. Serie total. ....	164
5.7.13.- Tratamiento 5: Timorex. Serie plantas sanas. ....	169
5.7.14.- Tratamiento 5: Timorex. Serie plantas enfermas. ....	171
5.8.- Relación entre dinámica poblacional en el suelo y marchitez bacteriana.....	176

6.- CONCLUSIONES .....	181
7.- RECOMENDACIONES .....	184
8.- REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	185
9.- ANEXOS .....	209

## ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro 1. Rango de hospedantes y distribución de cepas de <i>R. solanacearum</i> . .....	8
Cuadro 2. Clasificación de <i>R. solanacearum</i> en biovares basado en su habilidad, se indica con un signo (+), para producir ácido utilizando disacáridos y para oxidar alcoholes hexosa. ....	9
Cuadro 3.- Otras expresiones matemáticas para el modelo Monomolecular. ....	31
Cuadro 4.- Otras expresiones matemáticas para el modelo Logístico.....	33
Cuadro 5.- Otras expresiones matemáticas para el modelo Gompertz.....	36
Cuadro 6.- Otras expresiones matemáticas para el modelo Von Bertalanffy.....	38
Cuadro 7.- Otras expresiones matemáticas para el modelo Richards.....	41
Cuadro 8.- Otras expresiones matemáticas para el modelo Theta-Logístico. ....	42
Cuadro 9.- Otras expresiones matemáticas para el modelo Weibull.....	43
Cuadro 9.- Otras expresiones matemáticas para el modelo Weibull (continuación).....	44
Cuadro 10.- Otras expresiones matemáticas para el modelo Rayleigh. ....	45
Cuadro 11.- Otras expresiones matemáticas para el modelo Loglogístico.....	52
Cuadro 12.- Expresiones matemáticas para la raíz del error cuadrático medio (RECM). ....	80
Cuadro 13.- Expresiones matemáticas del índice de eficiencia de Nash-Sutcliffe ( $R^2_{Nash}$ ). ....	83
Cuadro 14.- Expresiones matemáticas del criterio de información de Akaike (AIC).....	86
Cuadro 15.- Expresiones matemáticas del criterio de información bayesiano de Schwarz (BIC). ..	88
Cuadro 16.- Escala de evaluación visual de la severidad de la marchitez bacteriana del tomate ( <i>S. lycopersicum</i> ) producida por <i>R. solanacearum</i> . ....	100
Cuadro 17.- Series generadas a los fines de modelar el comportamiento de <i>R. solanacearum</i> en el suelo bajo las diferentes condiciones del estudio. ....	103
Cuadro 18.- Población de <i>R. solanacearum</i> (en millones de UFC/g de suelo) al día 56 y al día 133 después del trasplante en cada una de las unidades experimentales.....	113
Cuadro 19.- Grado de severidad de la marchitez bacteriana del tomate (en la escala de Winstead y Kelman, 1952) al día 133 después del trasplante en cada una de las unidades experimentales... ..	126
Cuadro 20.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el total del experimento, serie completa. ....	128
Cuadro 21.- Modelos de predicción del comportamiento de la población total de <i>R. solanacearum</i> en el experimento, serie completa.....	129

Cuadro 22.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el total del experimento, serie creciente hasta el día 49. .	130
Cuadro 23.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el total del experimento, serie decreciente a partir del día 56. ....	130
Cuadro 24.- Modelos de predicción del comportamiento de la población total de <i>R. solanacearum</i> en el experimento, serie fase creciente hasta el día 49. ....	131
Cuadro 25.- Modelos de predicción del comportamiento de la población total de <i>R. solanacearum</i> en el experimento, serie fase decreciente a partir del día 56. ....	132
Cuadro 26.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para la serie tratamiento 1.....	132
Cuadro 26.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para la serie tratamiento 1. (continuación) .....	133
Cuadro 27.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el experimento, serie tratamiento 1. (en orden del 1º al 5º).....	133
Cuadro 28.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 2 serie completa.....	134
Cuadro 29.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 2, serie completa.....	135
Cuadro 30.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 2 serie creciente hasta el día 56. ....	135
Cuadro 31.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 2 serie decreciente a partir del día 63. ....	136
Cuadro 32.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 2, serie fase creciente hasta el día 56. ....	137
Cuadro 33.- Modelos de Predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 2, serie fase decreciente a partir del día 63. ....	137
Cuadro 34.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para la serie tratamiento 2 plantas sanas .....	138
Cuadro 35.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 2, serie plantas sanas. ....	139
Cuadro 36.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia en el tratamiento 2 plantas enfermas serie completa. ....	140
Cuadro 37.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 2 plantas enfermas, serie completa.....	141

Cuadro 38.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 2 serie creciente hasta el día 56. ....	142
Cuadro 39.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 2 serie decreciente a partir del día 63. ....	142
Cuadro 40.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 2 plantas enfermas, serie fase creciente hasta el día 56.....	143
Cuadro 41.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 2 plantas enfermas, serie fase decreciente a partir del día 63.....	143
Cuadro 42.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 3 serie completa. ....	145
Cuadro 43.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 3, serie completa.....	145
Cuadro 44.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 3 serie creciente hasta el día 91. ....	146
Cuadro 45.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 3 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 3 serie decreciente a partir del día 98. ....	147
Cuadro 46.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 3, serie fase creciente hasta el día 91.....	147
Cuadro 47.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 3, serie fase decreciente a partir del día 98.....	147
Cuadro 48.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 3 serie plantas sanas.....	148
Cuadro 49.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 3, serie plantas sanas. ....	149
Cuadro 50.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia en el tratamiento 3 plantas enfermas serie completa. ....	150
Cuadro 51.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 3 plantas enfermas, serie completa. ....	151
Cuadro 52.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 3 plantas enfermas serie creciente hasta el día 98 .....	152
Cuadro 53.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 3 plantas enfermas serie decreciente a partir del día 105. ....	152
Cuadro 54.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 3 plantas enfermas, serie fase creciente hasta el día 98.....	153

Cuadro 55.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 3 plantas enfermas, serie fase decreciente a partir del día 105.....	153
Cuadro 56.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 4 serie completa. ....	155
Cuadro 57.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 4, serie completa. ....	155
Cuadro 58.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 4 serie creciente hasta el día 70. ....	156
Cuadro 59.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 4 serie decreciente a partir del día 77. ....	157
Cuadro 60.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 4, serie fase creciente hasta el día 70. ....	157
Cuadro 61.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 4, serie fase decreciente a partir del día 77. ....	158
Cuadro 62.- Algunos de los criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para la serie tratamiento 4 plantas sanas. ....	159
Cuadro 63.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en la serie plantas sanas del tratamiento 4. ....	159
Cuadro 64.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia en el tratamiento 4 plantas enfermas serie completa. ....	161
Cuadro 65.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 4 plantas enfermas, serie completa. ....	161
Cuadro 66.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 4 plantas enfermas, serie creciente hasta el día 84. ....	162
Cuadro 67.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 4 modelos ajustados y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 4 plantas enfermas, serie decreciente a partir del día 91. ....	163
Cuadro 68.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 4 plantas enfermas, serie fase creciente hasta el día 84. ....	163
Cuadro 69.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 4 plantas enfermas, serie fase decreciente a partir del día 91. ....	163
Cuadro 70.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 5 serie completa. ....	165
Cuadro 71.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 5, serie completa. ....	165

Cuadro 72.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 5 serie creciente hasta el día 49. ....	166
Cuadro 73.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 5 serie decreciente a partir del día 56. ....	167
Cuadro 74.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 5, serie fase creciente hasta el día 49.....	167
Cuadro 75.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 5, serie fase decreciente a partir del día 56.....	168
Cuadro 76.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para la serie tratamiento 5 plantas sanas.....	169
Cuadro 77.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 5, serie plantas sanas. ....	170
Cuadro 78.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia en el tratamiento 5 plantas enfermas serie completa. ....	171
Cuadro 79.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 5 plantas enfermas, serie completa.....	172
Cuadro 80.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 5 serie creciente hasta el día 49. ....	173
Cuadro 81.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 5 serie decreciente a partir del día 56. ....	173
Cuadro 82.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 5 plantas enfermas, serie fase creciente hasta el día 49.....	174
Cuadro 83.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> en el tratamiento 5 plantas enfermas, serie fase decreciente a partir del día 56.....	174
Cuadro 84.- Análisis de correlación por rangos de Spearman para la población de <i>R. solanacearum</i> en el suelo de las macetas (UFC*10 <sup>6</sup> /g de suelo) vs la severidad de la marchitez (SM), vs el índice de incidencia de la marchitez (IIM) y vs el índice de enfermedad (IE) al día 133 después del trasplante. ....	176
Cuadro 85.- Análisis de correlación por rangos de Spearman para la población de <i>R. solanacearum</i> en el suelo de las macetas (UFC*10 <sup>6</sup> /g de suelo) vs la severidad de la marchitez (SM) en las réplicas número 3 de los tratamientos 2 y 5.....	178

## ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1.- Microfotografía electrónica de <i>R. solanacearum</i> . Mansfield y col (2012).....	7
Figura 2.- Exudado en tallos enfermos con <i>R. solanacearum</i> . Champoiseau (2009).....	12
Figura 3.- Representación del modelo de crecimiento Exponencial, elaborada con el software Populus 5.5 .....	29
Figura 4.- Representación del modelo Monomolecular, elaborada con el software Populus 5.5 ..	31
Figura 5.- Representación del modelo Logístico, elaborada con el software Populus 5.5.....	32
Figura 6.- Representación del modelo Gompertz, elaborada con el software Populus 5.5 .....	35
Figura 7.- Fases de crecimiento bacteriano, según Monod (1949).....	66
Figura 8.- Modelos a partir del modelo de crecimiento genérico, según Turner y col. (1976).....	76
Figura 9.- (A) Planta de tomate manifestando los síntomas de la marchitez bacteriana, posterior a la inoculación en la prueba de patogenicidad. (B) Colonias de <i>R. solanacearum</i> creciendo en medio TZC reisladas de tallos de plantas enfermas en la prueba de patogenicidad.....	106
Figura 10.- Tubos correspondientes a la prueba fisiológica de determinación del biovar de <i>R. solanacearum</i> reislada de tallos de plantas enfermas en la prueba de patogenicidad. Los tubos a la derecha, de color amarillo claro, contienen los disacáridos con reacción positiva. Los de color más oscuro y rojizo, a la izquierda, son los de los alcoholes con reacción negativa .....	107
Figura 11.- Cultivos de <i>R. solanacearum</i> creciendo en: (A) medio TZC de Kelman, tomado de Narasimha y col. (2013) y (B) medio adaptado por Hernández para este trabajo.....	109
Figura 12.- Colonias de <i>R. solanacearum</i> creciendo en medio TZC con: (A1) peptona bacteriológica Hi Media de reciente adquisición, (A2) peptona bacteriológica Hi Media almacenada por tiempo prolongado, (B1) peptona Tipo-1 de reciente adquisición, y (B2) peptona Tipo-1 almacenada por tiempo prolongado, tomado de Thomas y Upreti (2014) .....	109
Figura 13.- Población de <i>R. solanacearum</i> por tratamiento y total, medido en millones de UFC/g suelo. T1: testigo sano, T2: <i>R. solanacearum</i> , T3: tártago, T4: <i>P. fluorescens</i> , T5: Timorex .....	110
Figura 14.- Comportamiento de la población de <i>R. solanacearum</i> creciendo en promedio en el experimento (Total), medido en millones de UFC/g suelo .....	112
Figura 15.- Resultados de la prueba de comparaciones múltiples de Kruskal Wallis para la población de <i>R. solanacearum</i> en el suelo de las macetas (UFC*10 <sup>6</sup> /g de suelo) al día 56 después del trasplante. T1: testigo sano, T2: <i>R. solanacearum</i> , T3: tártago, T4: <i>P. fluorescens</i> , T5: Timorex .....	113
Figura 16.- Población promedio de <i>R. solanacearum</i> en el suelo de las macetas cuyas plantas se mantuvieron sanas durante el experimento, medido en millones de UFC/g suelo. T2: <i>R. solanacearum</i> , T3: tártago, T4: <i>P. fluorescens</i> , T5: Timorex .....	115

Figura 17.- Población promedio de <i>R. solanacearum</i> en el suelo de las macetas cuyas plantas manifestaron síntomas de marchitez bacteriana e incluso murieron como consecuencia de esta, medido en millones de UFC/g suelo. T2: <i>R. solanacearum</i> , T3: tártago, T4: <i>P. fluorescens</i> , T5: Timorex .....	115
Figura 18.- Población promedio de <i>R. solanacearum</i> en el suelo de las macetas correspondientes al Tratamiento 1 (testigo sano), medido en millones de UFC/g suelo .....	117
Figura 19.- Población promedio de <i>R. solanacearum</i> en el suelo de las macetas correspondientes al Tratamiento 2 (testigo enfermo), medido en millones de UFC/g suelo .....	117
Figura 20.- Población promedio de <i>R. solanacearum</i> en el suelo de las macetas correspondientes al Tratamiento 3 (tratado con extracto de hojas de Tártago), medido en millones de UFC/g suelo .....	118
Figura 21.- Población promedio de <i>R. solanacearum</i> en el suelo de las macetas correspondientes al Tratamiento 4 (tratado con la bacteria <i>P. fluorescens</i> ), medido en millones de UFC/g suelo .....	119
Figura 22.- Población promedio de <i>R. solanacearum</i> en el suelo de las macetas correspondientes al Tratamiento 5 (producto comercial Timorex), medido en millones de UFC/g suelo .....	121
Figura 23.- Colonias de <i>R. solanacearum</i> correspondientes al Tratamiento 5 (producto comercial Timorex): a la izquierda las colonias típicas que se observaron en todo el experimento, a la derecha las colonias mucoides que solo se observaron en este tratamiento y en el tratamiento 3 (extracto de tártago) en menor proporción .....	122
Figura 24.- Colonias de <i>R. solanacearum</i> creciendo en medio TTC, clasificadas en: (a) virulenta, (b) provisional y (c) avirulenta; tomada de Zheng y col. (2014).....	123
Figura 25.- Índice de enfermedad calculado para cada tratamiento (T1 hasta T5) y en promedio en el experimento (IE), medido en porcentaje .....	124
Figura 26.- Índice de incidencia de la marchitez calculado para cada tratamiento (T1 hasta T5) y en promedio en el experimento (IE), medido en porcentaje .....	124
Figura 27.- Planta correspondiente al tratamiento 2 (testigo enfermo), con síntomas de la marchitez bacteriana del tomate .....	125
Figura 28.- Plantas correspondientes al tratamiento 5 (tratado con el producto comercial Timorex), mostrando síntomas de la marchitez bacteriana del tomate .....	126
Figura 29.- Valores observados de la población Total de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en el experimento, serie completa .....	129
Figura 30.- Valores observados de la población total de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en el experimento, en dos fases: serie creciente hasta el día 49 y serie decreciente desde el día 56 en adelante .....	131
Figura 31.- Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, serie Tratamiento 1 .....	134

Figura 32.- Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 2, serie completa .....	136
Figura 33.- Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 2, en dos fases: serie creciente hasta el día 56 y serie decreciente desde el día 63 en adelante. ....	138
Figura 34.- Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en la serie plantas sanas del tratamiento 2.....	139
Figura 35.- Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 2 plantas enfermas, serie completa .....	141
Figura 36.- Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 2 plantas enfermas, en dos fases: serie creciente hasta el día 56 y serie decreciente desde el día 63 en adelante .....	144
Figura 37.- Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 3, serie completa .....	146
Figura 38.- Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 3, en dos fases: serie creciente hasta el día 91 y serie decreciente desde el día 98 en adelante .....	148
Figura 39.- Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en la serie plantas sanas del tratamiento 3.....	149
Figura 40.- Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 3 plantas enfermas, serie completa .....	151
Figura 41.- Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en las plantas enfermas del tratamiento 3, en dos fases: serie creciente hasta el día 98 y serie decreciente desde el día 105 en adelante .....	154
Figura 42.- Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 4, serie completa .....	156
Figura 43.- Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 4, en dos fases: serie creciente hasta el día 70 y serie decreciente desde el día 77 en adelante .....	158
Figura 44.- Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en las plantas sanas del tratamiento 4.....	160
Figura 45.- Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 4 plantas enfermas, serie completa .....	162
Figura 46.- Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en las plantas enfermas del tratamiento 4, en dos fases: serie creciente hasta el día 84 y serie decreciente desde el día 91 en adelante .....	164

Figura 47.- Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 5, serie completa .....	166
Figura 48.- Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 5, en dos fases: serie creciente hasta el día 49 y serie decreciente desde el día 56 en adelante .....	168
Figura 49.- Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en las plantas sanas del tratamiento 5 .....	170
Figura 50.- Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 5 plantas enfermas, serie completa .....	172
Figura 51 Valores observados de la población de <i>R. solanacearum</i> y ajustados con el mejor modelo, en las plantas enfermas del tratamiento 5, en dos fases: serie creciente hasta el día 49 y serie decreciente desde el día 56 en adelante .....	175
Figura 52.- Poblaciones de <i>R. solanacearum</i> en el suelo vs el índice de enfermedad, tomado de Kang y col. (2004) .....	177
Figura 53.- Población de <i>R. solanacearum</i> en el suelo de la maceta (UFC*10 <sup>6</sup> /g de suelo) vs la severidad de la marchitez (SM) en la réplica número 3 del tratamiento 2 .....	179
Figura 54.- Población de <i>R. solanacearum</i> en el suelo de la maceta (UFC*10 <sup>6</sup> /g de suelo) vs la severidad de la marchitez (SM) en la réplica número 3 del tratamiento 5 .....	179

# INTRODUCCIÓN

El tomate (*Solanum lycopersicum* L.), es una de las hortalizas más importantes tanto en consumo como en producción en numerosos países incluyendo Venezuela, debido a su valor alimenticio y a la mano de obra requerida dentro del proceso de producción, comercialización e industrialización del cultivo (Pérez y col., 2012; INIA, 2005; Díaz, 1993). En el año 2013 se produjeron en el mundo 163.434.041 Mg de tomate, siendo los principales productores China con 30,93 % de la producción, India con 11,15 % y EE.UU. con 7,69 %. Venezuela, con 0,19 % de la producción mundial, se ubica lejos de los primeros productores en el puesto 9 entre los países productores del continente americano y en el puesto 5 de Suramérica (FAOSTAT, 2016).

Según notas de prensa del Ministerio del Poder Popular para la Agricultura y Tierras, MPPAT (2013), en el país se produjeron 168 mil Mg de tomate en el año 2012, cerca de 40 mil Mg menos que las reportadas por el MPPAT (2010), en las cifras finales del VII Censo Agrícola Nacional (mayo 2007-abril 2008). En ese entonces, el tomate fue la segunda hortaliza, en volumen de producción, del país, después de la cebolla (*Allium cepa* L.). La producción de tomate en el país fue de 208 mil Mg en una superficie de casi 11 mil ha, lo que da un rendimiento promedio nacional de 19418 kg/ha. Casi el 60 % de la producción se concentra en los estados Lara, Guárico, Trujillo, Aragua y Monagas, particularmente en Lara y Guárico que representan más de un tercio del total nacional (MPPAT, 2010).

Existen factores de diversa índole que condicionan la producción de tomate, entre ellos la acción de agentes fitopatógenos que disminuyen la capacidad productiva del cultivo. Dentro de estos, la marchitez bacteriana, causada por *Ralstonia solanacearum* (Smith) Yabuuchi *et al.*, es una de las enfermedades más importantes y destructivas, ya que puede causar pérdidas totales cuando las condiciones ambientales son favorables al patógeno (Silveira y col, 2011). Mansfield y col (2012) realizaron una encuesta entre más de 400 expertos a nivel mundial, y *R. solanacearum* fue calificada como la bacteria fitopatógena más destructiva y segunda en importancia económica en el ámbito mundial; solo en papa (*Solanum tuberosum* L.), produjo más de un billón de dólares de pérdidas en el año. Horita y col. (2014) la ubican entre las cinco enfermedades más importantes del tomate, berenjena (*Solanum melongena* L.), ají dulce (*Capsicum annuum* L.), papa, bananos (*Musa* spp.), y otros cultivos de interés local en la mayoría de los países asiáticos.

Rueda-Puente y col. (2014) señalan que está presente en todas las islas del Caribe y países del

continente Americano, provocando grandes daños anualmente en la cosecha de papa o dejando tierras sin poder ser utilizadas por estar contaminadas. Se han informado pérdidas de un 29% en la producción de papa a causa de *R. solanacearum*. En este cultivo, en Indonesia, las pérdidas varían de 24% a 32% en tierras bajas y de 15% a 26% en las variedades trasplantadas. Las pérdidas causadas por la enfermedad, en general, son enormes, pero no pueden ser estimadas con certeza debido a que su impacto en la agricultura de subsistencia ha sido elevado, aunque indocumentado, y por el abandono en muchas partes del mundo de cultivos susceptibles a la marchitez. En la actualidad, toda Europa occidental mantiene un estricto sistema de cuarentena, prueba y certificación. Contener los brotes de marchitez bacteriana en Europa y los Estados Unidos costó millones de dólares, mantener una cuarentena para esta enfermedad implica un gasto enorme y recurrente, pero es necesario porque es una industria gigantesca que maneja el suministro de un alimento básico y muchos sustentos dependen de la viabilidad sostenida de la producción de papa, lo que en los países en desarrollo suele ser un asunto de vida o muerte (Mansfield y col, 2012).

El control de *R. solanacearum* es difícil debido a: una amplia variedad de hospedantes, su extensa distribución y la variabilidad genética del patógeno (Hayward, 1991; Mansfield y col, 2012). Además, Denny (2006) acota que el uso de productos químicos no específicos en el suelo reduce la incidencia de la enfermedad, pero es costoso y no siempre proporciona control durante todo el ciclo del cultivo; aunado a que son perjudiciales a corto o largo plazo. En este sentido, Hernández y col. (2006) consideran que el uso intensivo de productos químicos ha provocado contaminación de los suelos agrícolas y de los productos agropecuarios a escala mundial.

Si bien es cierto que los plaguicidas son un elemento crucial para el mantenimiento de la moderna industria agroalimentaria, la tendencia está cada vez más acentuada a disminuir los niveles de residuos de pesticidas agrícolas y los costos de producción, además se suma la falta de productos químicos eficaces. En muchos casos, todos estos factores sitúan al control biológico como una alternativa o al menos un complemento del control químico. (Durán y Cazorla, 1996)

A pesar de que el manejo integrado, incluyendo prácticas culturales, rotación de cultivos y uso de cultivares resistentes, proporciona un éxito limitado, la enfermedad sigue siendo una amenaza a la producción comercial de tomate en muchos países. El control biológico y/o ecológico se ha convertido en uno de los métodos más importantes en la gestión de los patógenos de las plantas transmitidos por el suelo, reduce la dependencia de los productos químicos de alto riesgo para la

gestión de la enfermedad, es ecológico y amigable con el medio ambiente, incluye utilizar antagonistas bacterianos y modificación de suelos con sustancias orgánicas e inorgánicas (Anith y col., 2004).

Entre las opciones se encuentran el uso de derivados botánicos para el control de enfermedades. Las plantas, en su evolución, han desarrollado mecanismos de defensa contra insectos, hongos, bacterias y otros organismos nocivos, y los metabolitos secundarios producidos por ellas constituyen una de esas barreras. En algunos países latinoamericanos se incentiva entonces la aplicación de extractos obtenidos en forma directa de las plantas, dada su efectividad, bajo costo de preparación, fácil obtención y degradación. El uso de extractos naturales para el control de enfermedades de importancia agrícola es cada vez más aceptado debido a la necesidad de emplear compuestos eficaces que no provoquen efectos negativos para la salud y el ambiente (Chirinos, 2009).

Los microorganismos antagonistas son utilizados como biocontroladores y tienen ventajas frente a los productos químicos aplicados actualmente, debido a que los agentes antagonistas están dotados de propiedades similares al patógeno y pueden actuar en varios niveles del ciclo de la enfermedad, incluso el antagonista puede competir con el patógeno dentro del tejido de la planta. En realidad se trata de un aprovechamiento de ciertos principios ecológicos como la competencia y el antagonismo que rigen los procesos de interacción entre seres vivos (Durán y Cazorla, 1996).

A pesar de las múltiples iniciativas en este campo, los mecanismos de acción de extractos vegetales y de microorganismos antagonistas sobre la bacteria patógena no están del todo claros. Los estudios realizados a nivel mundial, en ocasiones presentan contradicciones, pues una determinada opción puede resultar buena en unas condiciones y no tener efecto o, peor, ser tóxica en otras (Díaz y col, 2003). Pero, tal vez más importante, hay poca información acerca del comportamiento poblacional de la bacteria *R. solanacearum* en el suelo y en la planta, en presencia de extractos vegetales y de microorganismos antagonistas o en ausencia de estos, llegando a ausencia de información en cuanto a la relación existente entre población de la bacteria en el suelo y manifestación de la enfermedad en la planta. Los estudios se concentran en la manifestación de la marchitez bacteriana en las plantas de tomate (Doan y Nguyen, 2006; Wydra y col, 2006).

Lo anterior lleva a pensar que es necesario considerar el efecto que producen los extractos vegetales y/o las bacterias antagonistas sobre las poblaciones en el suelo de *R. solanacearum* y la

relación que hay entre este efecto y la manifestación de la marchitez bacteriana. ¿Si se conoce la dinámica poblacional de la bacteria en el suelo, se podrá predecir el ataque al cultivo?

Cuantificar y relacionar matemáticamente, permitiría introducir elementos de juicio que pudieran ayudar a aclarar el mecanismo de acción y/o las causas por las cuales hay respuestas diferenciales al uso de extractos vegetales y bacterias antagónicas.

En el presente estudio se trabajó en el modelado matemático de poblaciones de *R. solanacearum* y de la manifestación de la marchitez bacteriana del tomate, tanto en ausencia como en presencia de bacterias antagonistas y/o extractos vegetales. De esta manera, se aspiraba relacionar la dinámica poblacional en el suelo con la manifestación de la enfermedad en la planta y con la respuesta a los diferentes tratamientos considerados en el estudio, con la intención de hallar indicios que permitieran inferir sobre los mecanismos de acción o disminuir la variabilidad de las respuestas, dado el establecimiento de los modelos de predicción matemáticos.

# OBJETIVOS

## 2.1.- General

Estudiar el efecto de bacterias antagonistas y extractos vegetales sobre la dinámica poblacional de la bacteria *Ralstonia solanacearum* (Smith) Yabuuchi *et al.* y la expresión de síntomas de la marchitez bacteriana en tomate (*Solanum lycopersicum* L.).

- Cuantificar el tamaño de la población de la bacteria *R. solanacearum* en el suelo, tratado con bacterias antagonistas, con extractos vegetales y con un producto comercial basado en un extracto vegetal, y la expresión de síntomas de la marchitez bacteriana en tomate.
- Obtener los modelos matemáticos de mejor comportamiento para la descripción de la dinámica poblacional en el suelo de *R. solanacearum*, libre, en presencia de bacterias antagonistas, de extractos vegetales y de productos comerciales basados en ellos.
- Formular una relación matemática entre la manifestación de la marchitez bacteriana en las plantas y la dinámica poblacional de *R. solanacearum* en el suelo, que, junto con los modelos enunciados, apoye en la toma de decisiones en el control de la enfermedad.

# REVISIÓN DE LA LITERATURA

## 3.1.- La marchitez bacteriana del tomate y su agente causal

### 3.1.1.- *Ralstonia solanacearum* (Smith) Yabuuchi *et al.* agente causal de la marchitez bacteriana del tomate (*Solanum lycopersicum* L.)

Las bacterias son microorganismos simples que consisten en células procariotas individuales y se conocen alrededor de 1600 especies de ellas. Se reproducen con una rapidez asombrosa y, su importancia como patógenos radica principalmente en que pueden producir enormes cantidades de células en un tiempo muy breve. La mayoría de las bacterias fitopatógenas del suelo se consideran organismos colonizadores que pueden existir como células libres en el suelo o en los tejidos de sus hospedantes. Su diseminación, de una planta a otra o a otras partes de la misma planta, se lleva a cabo principalmente a través del agua, los insectos, diversos animales y el hombre (Agrios, 2005).

Álvarez y col. (2010) consideran que la marchitez bacteriana es una de las enfermedades bacterianas más importantes de las plantas; fue descrita en primer lugar por E. F. Smith en papa, tomate y berenjena en 1896 y, posteriormente, en tabaco (*Nicotiana tabacum* L.), en 1908. Se ha descrito en más de 200 especies de plantas pertenecientes a 53 familias botánicas, aunque se han reportado cerca de 450 especies como sus hospedantes. Tiene una distribución mundial, extendida en las regiones tropicales y subtropicales, con una gama de hospedantes inusualmente amplia y que está en continua expansión. Los hospedantes más importantes son: maní (*Arachis hypogaea* L.), berenjena, papa, tomate, pimentón (*Capsicum annuum* L.), banano y plátano (*Musa* spp.), tabaco, jengibre (*Zingiber officinale* Roscoe) entre otros (Hayward, 1991, Maji y Chakrabarty, 2014).

*R. solanacearum* puede encontrarse en plantas enfermas o en los restos de cosecha, en órganos de propagación vegetativa, sobre plantas hospedantes silvestres y en el suelo. Se disemina a través del agua de riego, rizomas, trasplante, mediante algunos insectos y semilla contaminada o infectada en papa y geranio (*Geranium* spp.), pues no se conoce de semilla infectada de tomate (Denny, 2006; Champoiseau, 2009).

El género *Ralstonia* presenta pocas especies, pero es de gran importancia económica por incluir a *R. solanacearum*, la especie causante de la marchitez bacteriana en numerosos cultivos, en áreas tropicales y subtropicales. Se caracteriza por tener forma de bastones rectos o curvos con

dimensiones de 0,5 a 1 x 1,5 a 4  $\mu\text{m}$ , es una bacteria Gram negativa y aeróbica (Arauz, 1998). Álvarez y col. (2010) la describen así: su célula es un pequeño bacilo con extremos redondeados, con un tamaño medio de 0,5-0,7 x 1,5-2,5  $\mu\text{m}$ . La estructura de la pared celular es de las bacterias Gram-negativas, y los flagelos, cuando están presentes, son polares (Figura 1). La bacteria tiene un metabolismo oxidativo y generalmente se considera un aerobio estricto.

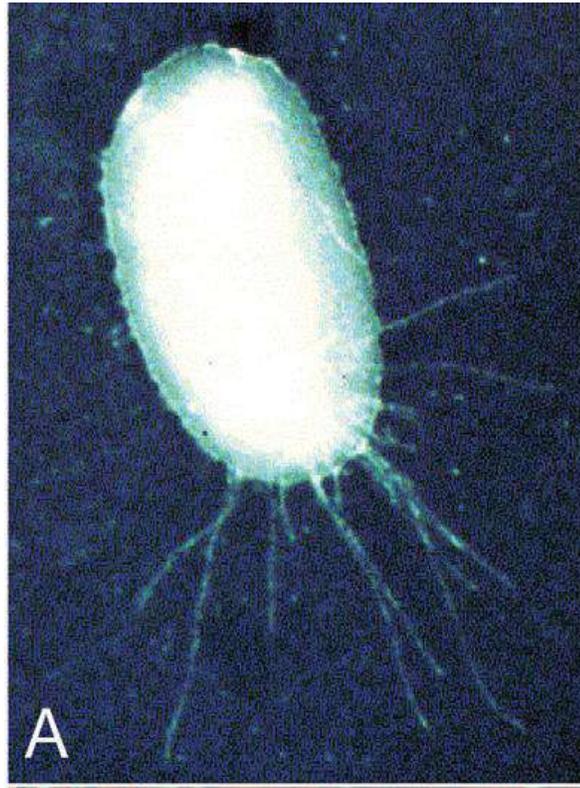


Figura 1.- Microfotografía electrónica de *R. solanacearum*. Mansfield y col (2012)

De acuerdo con el NCBI (2013) y a Floyd (2008) su clasificación taxonómica es como sigue:

Dominio: Bacteria.

Phylum: Proteobacteria.

Clase:  $\beta$ -Proteobacteria.

Orden: Burkholderiales.

Familia: Burkholderiaceae.

Género: *Ralstonia*.

Especie: *Ralstonia solanacearum* (Smith 1896) Yabuuchi *et al.* 1996

Sinónimos: *Bacillus solanacearum* Smith 1896

*Pseudomonas solanacearum* (Smith 1896) Smith 1914 (Lista Aprobada 1980)

*Burkholderia solanacearum* (Smith 1896) Yabuuchi *et al.* 1993

Álvarez y col. (2010) la consideran una especie heterogénea o un "complejo de especies", apoyando el concepto de "grupo de especies" propuesto por Buddenhagen y Kelman (1964), quienes sostuvieron la hipótesis de que las cepas de esta especie son el producto de una larga evolución que se produce de forma independiente en diversas áreas en diferentes hospedantes.

Hayward (1991) señala que las cepas de *R. solanacearum* difieren en: rango de hospedantes, distribución geográfica, patogenicidad, epidemiología y propiedades fisiológicas. Adicionalmente indica que se ha venido usando un sistema binario que refleja dos enfoques: diferenciación en razas, haciendo énfasis en la afinidad de hospedantes y el establecimiento de las cepas; el otro, haciendo uso de las propiedades bioquímicas como la base para la separación en biovares. Las razas y biovares son agrupaciones informales a nivel infrasub-específico que no se rigen por el Código de Nomenclatura de Bacterias (Denny, 2006).

Tradicionalmente se han conocido cinco razas de este patógeno (Cuadro 1): la raza 1 infecta un amplio rango de hospedantes que incluye papa, tomate, tabaco, bananos diploides, maní entre otras; esta raza afecta principalmente a las solanáceas, oliva (*Olea europaea* L.), jengibre, fresa (*Fragaria* spp.), geranio y eucalipto (*Eucalyptus* spp.); la raza 2 infecta bananos triploides y otras especies de los géneros *Musa* y *Heliconia*, mientras que la raza 3 infecta tomate, berenjena, geranio y papa particularmente en ambientes fríos, pero no es altamente virulenta en otros cultivos de solanáceas, la raza 4 infecta al jengibre, aunque en Australia se ha reportado en tomate y berenjena; y la raza 5 infecta a la mora (*Rubus* spp.). La raza 3 es la más extendida a nivel mundial y la que produce mayores daños económicos, al punto que tiene importantes medidas cuarentenarias en USA y la Unión Europea y está en una lista de especies catalogadas como agentes de agroterrorismo (Denny, 2006; Floyd, 2008; Álvarez y col., 2010).

Cuadro 1. Rango de hospedantes y distribución de Cepas de *R. solanacearum*.

<b>Raza</b>	<b>Biovar</b>	<b>Hospedante</b>	<b>Distribución Geográfica</b>
1	1, 3 o 4	Amplio rango	Asia, América, Australia
2	1	<i>Musa</i> spp.	Islas del Caribe, Brasil y Filipinas
3	2	Papa y otras solanáceas, geranio y otras	Amplia distribución mundial excepto U.S.A. y Canadá
4	3 o 4	Jengibre	Asia
5	5	Mora	China

Fuente: Floyd (2008).

Denny (2006) menciona otro sistema de clasificación (Cuadro 2) que designó cinco biotipos o biovares (1, 2, 3, 4 y 5) con base en las propiedades bioquímicas. Los biovares son diferenciados basándose en su habilidad para producir ácidos a partir de tres disacáridos (celobiosa, maltosa, lactosa) y la oxidación de tres alcoholes, hexosa, (dulcitol, manitol y sorbitol). EU (2006) señala que el biovar 2 se separa en tres sub-fenotipos, diferenciados a partir de la utilización o no de trehalosa, D ribosa y meso-inositol; biovar 2, de amplia distribución mundial y reacción positiva al meso-inositol; biovar 2A, encontrado en Chile y Colombia (la A es de Andino) y de reacción positiva a la trehalosa; y biovar 2T, encontrado en áreas tropicales y reacción positiva a trehalosa, D ribosa y meso-inositol (la T es por Tropical). García y col. (1999a) reportan el biovar 2A en los Andes venezolanos y lo caracterizan como específico de la papa y adaptado a climas fríos. También ha sido reportado en tomate en el mismo piso altitudinal. (García y col., 1999b)

Álvarez y col. (2010) mencionan que las razas se relacionan con los biovares como se observa en el Cuadro 1, pero Ahmed y col. (2013) señalan que de todas las relaciones entre razas y biovares, la única correlación positiva que se ha podido establecer es entre el biovar 2 y la raza 3. Ellos son equivalentes, de acuerdo a Hayward (1991).

Cuadro 2. Clasificación de *R. solanacearum* en biovares basado en su habilidad, se indica con un signo (+), para producir ácido utilizando disacáridos y para oxidar alcoholes hexosa.

<b>Prueba Fisiológica</b>	<b>Biovares</b>				
	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>5</b>
<b>Producción de ácido</b>					
Celobiosa	-	+	+	-	+
Lactosa	-	+	+	-	+
Maltosa	-	+	+	-	+
<b>Oxidación de alcoholes</b>					
Dulcitol	-	-	+	+	-
Manitol	-	-	+	+	+
Sorbitol	-	-	+	+	-

Fuente: French y col. (1995).

El desarrollo de las técnicas moleculares, según Siri (2010), ha permitido clasificar a *R. solanacearum* en filotipos, grupos determinados por análisis filogenéticos de una secuencia de genes en particular en base al análisis de la secuencia del espaciador interno transcrito localizado entre los genes 16S - 23S del ARNr. En base a estas secuencias, se diseñó una reacción múltiple

de la cadena de polimerasa a través de la cual se puede asignar rápidamente el filotipo a una cepa dada. Los filotipos están relacionados con el origen filogenético y geográfico de las cepas.

Se han definido, según Genin y Denny (2012), cuatro filotipos: filotipo 1, cepas asiáticas de los biovares 3, 4 y 5; filotipo 2, cepas americanas de los biovares 1, 2 y 2T; filotipo 3, cepas africanas de los biovares 1, y 2T; filotipo 4, de origen heterogéneo, Indonesia, Japón, Australia. Los autores mencionan que este sistema ha desplazado el sistema de razas y biotipos, llegándose incluso a proponer separar la especie a partir de los filotipos. Sin embargo, Horita y col. (2014) y Tsuchiya (2014) mencionan que este sistema tiene algunos problemas críticos: (1) el filotipo y el sequevar son clasificaciones informales infra especies y subespecies, así como el sistema infrasubspecífico de razas y biovares, (2) a medida que se analizan más cepas, se pueden encontrar secuencias de ADN nuevas y únicas que no pertenecen a ningún sequevar designado; sin embargo, los criterios básicos para establecer un nuevo sequevar no fueron claramente definidos a partir de informes anteriores, (3) la correlación de los sequevares con otros caracteres fenotípicos (por ejemplo, rango de hospedantes, virulencia, biovar) no se ha evaluado con precisión, excepto en algunos casos especiales.

Safni y col. (2014) propusieron la separación de *R. solanacearum* en tres especies: filotipos 1 y 3, *Ralstonia pseudosolanacearum*; filotipo 2, *R. solanacearum*; y filotipo 4, *Ralstonia syzygii* con tres subespecies: *celebesensis*, *indonesiense* y *syzygii* (actualmente se acepta y aplica).

Denny (2006) y Genin y Denny (2012) enumeran los factores de patogenicidad de *R. solanacearum* que están implicados en la colonización y el marchitamiento de las plantas hospedadas: (a) Producción de enzimas para hidrolizar los componentes de la pared celular de las plantas, lo que le permite obtener nutrientes y energía, sobre todo en las primeras etapas del proceso infeccioso, favoreciendo la entrada y el avance del agente patógeno en los tejidos del hospedante; (b) Producción de exopolisacáridos que probablemente actúen obstruyendo los vasos del xilema, interfiriendo directamente con el movimiento normal de fluidos de la planta o rompiendo los vasos debido a la sobrepresión hidrostática, y que son característicos de todas las cepas virulentas de *R. solanacearum* que forman colonias mucoides (las cepas que presentan colonias no mucoides son avirulentas); esto hace que se le considere el principal factor de virulencia de este patógeno (Buddenhagen y Kelman, 1964); (c) Producción e inyección de proteínas efectoras, que actúan en las fases de infección, ya sea inhibiendo las defensas de las plantas o induciendo la liberación de nutrientes de la célula. Según Peeters y col. (2013) este

último es el principal determinante de la patogenicidad, el sistema secretor tipo III encargado de la inyección de las proteínas efectoras. (d) Kim y col. (2016) mencionan la presencia de flagelos como un elemento importante, pero no un factor de patogenicidad, ya que en sus estudios pudieron observar que mutantes no flagelados presentes en la rizósfera de plantas de tomate no infectaban a estas, pero si se inoculaban en el xilema las plantas enfermaban. Por ello, concluyen que los flagelos deben jugar un papel importante en la capacidad invasiva de la bacteria, pero no necesariamente en las acciones patogénicas.

Es importante considerar, según Wei y col. (2013), que la proporción de los tipos virulentos (colonias mucoides) y no virulentos (colonias menos fluidas) no es fija e influye en la manifestación de la enfermedad. Los autores antes mencionados comprobaron en sus ensayos que en la rizósfera de plantas de tomate sanas, creciendo en suelos infestados con *R. solanacearum*, prevalecían las no virulentas, mientras que en la rizósfera de plantas enfermas, sucedía lo contrario. Zheng y col. (2014) demostraron que las cepas de *R. solanacearum* en campos de tomate muestran diversidad patogénica y caracterizaron tres patotipos: virulento, provisional y avirulento. Los tres patotipos coexistieron en un sistema de crecimiento competitivo en el campo de tomate, y su distribución se correlacionó estrechamente con la severidad de la marchitez bacteriana del tomate; o sea, el patotipo virulento predomina en grados severos de la enfermedad, el provisional en grados leves de la enfermedad y el avirulento en plantas sanas.

Boucher y Genin (2004) definen a *R. solanacearum* como un patógeno vascular que promueve la oclusión del xilema. Al ser transmitida por el suelo, *R. solanacearum* infecta de forma natural las plantas a través de las raíces. Este proceso comienza con la colonización bacteriana de sitios tales como las heridas producidas en las raíces por equipos agrícolas, nematodos e insectos y a nivel de las hendiduras donde emergen las raíces secundarias, invadiendo los tejidos conductores. Luego, la infección progresa a través de la multiplicación de bacterias en la superficie de las células epidérmicas, seguido por la invasión de la corteza interna de la raíz y la formación de microcolonias intercelulares. Las bacterias luego atraviesan activamente la barrera natural de la endodermis y penetran en el cilindro vascular donde se multiplican dentro del parénquima vascular que rodea los vasos del xilema. Después de la colonización de los vasos del xilema, se multiplica en gran medida en estos vasos permitiendo de este modo su migración hacia la parte aérea de la planta. En esta etapa, las bacterias permanecen situadas dentro de los vasos del xilema y en la etapa de alta concentración de células, reorientan su metabolismo para producir gran cantidad de exopolisacáridos de alto peso molecular y se conecta mecánicamente a los vasos

evitando, de este modo, el flujo de agua en la planta y esto conduce a la aparición de los síntomas típicos de marchitamiento. Las plantas afectadas sufren clorosis, retraso del crecimiento, marchitez y por lo general mueren rápidamente (Ahmed y col., 2013; Álvarez y col., 2010; Boucher y Genin, 2004, Denny, 2006, Mansfield y col, 2012).

Los siguientes síntomas pueden ser encontrados en el tomate y otras solanáceas infectados con *R. solanacearum*: (Floyd, 2008)

- Hojas marchitas que no caen de la planta y pueden mantener su color normal y tamaño.
- Follaje infectado se torna amarillo y hay retraso en el crecimiento de la planta.
- Marchitez severa puede provocar que las hojas se tornen de color marrón y secas.
- El desarrollo de la infección en el sistema vascular resulta en la muerte de la planta.

Champoiseau (2009) y Álvarez y col. (2010) mencionan que hay varios síntomas externos e internos que caracterizan a la marchitez bacteriana. Los síntomas externos más frecuentes son: marchitez, enanismo y amarillamiento del follaje. Los síntomas internos más frecuentes son: decoloración progresiva del tejido vascular (principalmente el xilema) en las primeras etapas de la infección, y de porciones de la médula y la corteza, como se desarrolla la enfermedad, hasta necrosis completa. Exudado viscoso que aparece típicamente en los tallos al seccionarlos transversalmente en los puntos correspondientes a los haces vasculares. Como resultado, hay colapso y muerte de la planta debido a la degradación de los vasos del xilema ocluidos y la destrucción de los tejidos circundantes. Floyd (2008) señala que la infección se puede reconocer fácilmente si se hace un corte del tallo, a nivel del suelo, y aparece un exudado blanquecino en la superficie de corte. También se puede colocar en agua el tallo recién cortado y observar la salida de bacterias del xilema al agua (Figura 2).



Figura 2.- Exudado en tallos enfermos con *R. solanacearum*. Champoiseau (2009)

*R. solanacearum* puede sobrevivir por años, en el suelo o en el agua, dependiendo de las condiciones de temperatura, pH, salinidad, y por la presencia de organismos competidores, antagónicos o parasitarios (Denny, 2006). También puede sobrevivir en malezas terrestres o acuáticas, en restos de cosechas o en la rizósfera de plantas que no son sus hospedantes, pero que le sirven de reservorio (Champoiseau, 2009); tal es el caso de algunas plantas cultivadas como remolacha (*Beta vulgaris* L.), frijol (*Vigna unguiculata* L.) y repollo (*Brassica oleraceae* L.), en cuyas raíces se pueden mantener poblaciones elevadas de los biovares I y III. (Herrera y Hernández, 2014)

El patógeno puede ser diseminado de campos infestados a campos sanos por transferencia de tierra en la maquinaria o por aguas de drenaje superficial después de irrigación o lluvia. También puede ser difundido de lagunas o ríos con aguas contaminadas (Denny, 2006).

La propagación vegetativa por tubérculos infectados de semilla de papa puede jugar un papel preponderante en la diseminación de la bacteria, lo cual no se ha reportado en la propagación por semilla sexual. La contaminación de planta a planta puede ocurrir cuando las bacterias se mueven de raíces de plantas o hierbas infectadas a raíces de plantas sanas cercanas (Champoiseau, 2009).

García y col. (1999b) reportan que, desde 1995, en el estado Mérida, en zonas de cultivo de tomate entre 900 y 2.200 m.s.n.m., la enfermedad se presenta como una especie de “dormidera” repentina, lográndose identificar como responsable a *R. solanacearum* biovar 2A. Los autores suponen que la siembra continua de papa, uso de herramientas contaminadas, escorrentía y/o la siembra de semilla infectada pudieron ser las razones de la aparición de la enfermedad en estas zonas de cultivo.

Hernández y col. (2005) citan que en Venezuela la bacteria ha causado problemas en papa, en los estados Lara, Monagas y Mérida; en tomate en los estados Aragua, Carabobo, Cojedes, Yaracuy y Guárico; y también señalan que existen reportes en bananos. García y col. (1999a) reportan un 37 % de infestación promedio (en el año 1996) en zonas de cultivo de papa en el estado Mérida. García y col. (1999b) reportan un 53 % de infestación (en el periodo 1996-1997) en muestreos realizados en zonas de cultivo de tomate en el estado Mérida.

### **3.1.2.- Control de la marchitez bacteriana del tomate**

Las enfermedades bacterianas de las plantas, comúnmente son muy difíciles de controlar. Debe evitarse la infestación de los campos o de las cosechas, debida a las bacterias patógenas,

introduciendo y sembrando solamente semillas o plantas sanas. Son muy importantes las medidas sanitarias que permiten disminuir la cantidad de inóculo en una área de cultivo al trasladar y quemar las plantas o ramas infectadas y al limitar la propagación de las bacterias de planta a planta mediante la desinfección de las herramientas y manos después de haber manipulado plantas enfermas (Agrios, 2005).

La rotación de cultivos, según Hayward (1991), puede ser muy efectiva contra bacterias patógenas que tengan un rango de hospedantes limitado, pero es impráctica e ineficaz con bacterias que atacan a muchas especies de plantas cultivadas.

El uso de compuestos químicos para controlar las enfermedades bacterianas ha sido, en general, mucho menos exitoso que el control químico de las enfermedades fungosas. El suelo infestado con bacterias fitopatógenas puede esterilizarse con vapor o con calor seco y con compuestos químicos tales como el formaldehído y la cloropicrina, pero esto es práctico sólo en invernaderos y pequeños almacigos (Agrios, 2005).

El control químico de *R. solanacearum*, según Rueda-Puente y col. (2014), se refiere al uso de productos cúpricos como: oxiclورو de cobre, sulfato cúprico, óxido cuproso, o kasugamicina; así como aplicar estreptomina a las plantas antes del trasplante y aplicar mezclas de mancozeb y cobre posterior a este. Sin embargo, señalan los mismos autores, el uso de los compuestos de cobre ha sido limitado en muchos países debido a su impacto en el ambiente, y por su toxicidad para el hombre, provocando irritación en piel, vías respiratorias y ojos. Además son de alto costo, no se consiguen fácilmente, limitado número de productos y afectan a organismos benéficos.

Los antibióticos se han utilizado para combatir algunas enfermedades bacterianas y los resultados obtenidos son alentadores. Los antibióticos antibacteriales más importantes en la agricultura son las formulaciones de estreptomina o de estreptomina y oxitetraciclina. En algunos casos, la incidencia y gravedad de algunas de estas enfermedades disminuyeron al aplicar en las plantas bacteriófagos específicos o bacteriocinas bajo condiciones experimentales. Sin embargo, hasta ahora, este método de control de las enfermedades bacterianas no se ha desarrollado lo suficiente. Se ha logrado el control biológico satisfactorio de las enfermedades bacterianas de las plantas, al tratar las semillas o las cepas de los viveros con cepas antagónicas de la misma bacteria productora de bacteriocinas, tratando los tubérculos, semillas y otros órganos con bacterias antagónicas y asperjando estas últimas sobre los órganos aéreos de las plantas hospedantes (Champoiseau, 2009).

Anith y col. (2004) señalan que el manejo de la marchitez bacteriana en tomate y en otros cultivos es difícil. A pesar de que el manejo integrado, incluyendo prácticas culturales, rotación de cultivos y uso de cultivares resistentes proporciona un éxito limitado, la enfermedad sigue siendo una amenaza para la producción de tomate comercial en muchos países. También mencionan que los aceites esenciales de plantas, tales como tomillo (*Thymus vulgaris* L.), o palmarosa (*Cymbopogon martinii* (Roxb.) W. Watson) son eficaces biofumigantes, en experimentos a pequeña escala, contra *R. solanacearum*, pero que requieren el desarrollo de métodos de aplicación práctica y económica para su uso en el campo.

La principal estrategia de control de la marchitez bacteriana, en opinión de Ahmed y col. (2013), ha sido el uso de variedades resistentes. Sin embargo, la estabilidad de la resistencia, en papa y tomate, está muy afectada por la densidad de la bacteria en el suelo y en la planta, la o las cepas presentes y algunos factores del suelo que favorecen al patógeno y/o afectan a la planta, como, según Deberdt y col. (2012), la alta temperatura y humedad que prevalecen en suelos tropicales. Maji y Chakrabarty (2014) y Nakaho y col. (2017) agregan que la diversidad genética del patógeno, a menudo supera la resistencia del cultivo. Silveira y col. (2011) indican que el aumento en la severidad de la marchitez bacteriana o el quiebre de la resistencia de la planta está fuertemente correlacionado con temperaturas elevadas y altos niveles de humedad del suelo; aunque también está influenciado por infestación con nematodos y la agresividad de los aislamientos locales del patógeno.

Arwiyanto y col. (2011) probaron capturar bacterias por medio del uso de materiales susceptibles a la marchitez bacteriana del tomate en la remoción de bacterias del suelo. Al momento del trasplante del cultivo, trasplantaron también individuos de una variedad altamente susceptible a *R. solanacearum* y las eliminaron después de cinco días de trasplantadas. Los contajes poblacionales de *R. solanacearum* en el suelo disminuyeron drásticamente; pero cuando esperaron siete días después del trasplante, el efecto fue contrario y las poblaciones de la bacteria en el suelo aumentaron de forma importante. Concluyeron que el uso de materiales susceptibles del mismo cultivo como trampa funciona tan bien como los antibióticos, aunque requiere precisión de los tiempos de trasplante (edad) y remoción; así como la preferencia de la bacteria por dichos materiales.

Chakravarty y Kalita (2012) señalan que el uso de antibióticos (estreptomicina, ampicilina, tetraciclina y penicilina) y fumigación de tierras han mostrado eficacia en el control de *R.*

*solanacearum*, pero son ambientalmente destructivos, costosos, y difíciles de aplicar.

El control biológico, según Anith y col. (2004), se ha convertido en uno de los métodos más importantes en la gestión de los patógenos de las plantas transmitidas por el suelo. Reduce la dependencia de los productos químicos de alto riesgo para la gestión de la enfermedad, es ecológico y amigable con el medio ambiente. El control biológico y/o ecológico incluye: utilizar antagonistas bacterianos, modificación de suelos con sustancias orgánicas e inorgánicas y la resistencia sistémica adquirida (SAR), que es el fenómeno por el cual los mecanismos de defensa en plantas son activados por contacto con un agente patógeno o de sus metabolitos o por un grupo diverso de compuestos orgánicos e inorgánicos no relacionados estructuralmente (como el uso de acibenzolar-S-metil, compuesto químico que desencadena SAR cuando se aplica a las plantas).

Ezziyyani y col. (2006) definen el biocontrol como la reducción de la intensidad o las actividades productoras de enfermedades de un patógeno o parásito, lograda mediante la manipulación del ambiente, del hospedante o de los antagonistas del patógeno que se quiere controlar. Agregan que para lograr el control biológico se pueden seguir tres vías: a) exploración en el propio medio de los agentes de biocontrol, b) introducción o liberación masiva de agentes de control y c) manipulación del ambiente para favorecer el desarrollo de los antagonistas naturales presentes. La actividad antagonista funciona por mecanismos de competencia por nutrientes y/o espacio, por producción de sustancias antimicrobianas o por producción de enzimas extracelulares.

Maji y Chakrabartty (2014) definen biocontrol como: uso de organismos supresores de la enfermedad para mantener el nivel de microorganismos dañinos bajo control o por debajo de un umbral límite. Esto sugiere la introducción de agentes de control biológico desde el exterior de la rizósfera, región que rodea una raíz y se ve afectada por la raíz misma, para lograr la supresión de la enfermedad. La rizósfera es rica en población microbiana y es un entorno dinámico y complejo. Los microorganismos dañinos, que viven en la rizósfera y que interactúan con las raíces, pueden causar el desarrollo de enfermedades de las plantas, pero también viven organismos que ejercen un efecto beneficioso sobre la planta que colonizan, interactúan con las raíces así como con otros microorganismos en la rizósfera y, algunos, son antagonistas de patógenos de raíces reconocidos y pueden ayudar en la prevención del desarrollo de enfermedades de plantas.

Hernández y col. (2006) concluyen que el uso intensivo de productos químicos ha provocado contaminación de los suelos agrícolas y productos agropecuarios a nivel mundial. Por ello, este

enfoque de control biológico puede contribuir de manera sustancial al desarrollo de una agricultura sustentable, disminuyendo el uso de productos químicos y contribuyendo al ahorro de recursos, mejoramiento de los suelos, protección del medio ambiente y salud del ser humano.

### **3.1.3.- Uso de bacterias antagonistas en el control de organismos fitopatógenos, en particular de *R. solanacearum***

Al definir el uso de bacterias antagonistas, Pal y McSpadden (2006) se refieren al uso de organismos antagonistas como la utilización intencionada de organismos vivos, introducidos o residentes, diferentes de las plantas anfitrionas resistentes a las enfermedades, para suprimir las actividades y las poblaciones de uno o más patógenos de las plantas. Esto puede implicar el uso de inoculantes microbianos para suprimir un solo tipo o clase de enfermedades de las plantas, o puede implicar la gestión de los suelos para promover las actividades combinadas de organismos del suelo, como las rizobacterias, y de plantas nativas asociadas que contribuyan a la supresión general. Los microorganismos antagonistas comprenden cualquier organismo que interfiere en la supervivencia o desarrollo de los microorganismo fitopatógenos (Ezziyyani y col. 2006).

Varios tipos de microorganismos (hongos, bacterias y virus) se han descrito como agentes de control biológico de enfermedades en cultivos. Prácticamente todas las plagas y enfermedades son afectadas en alguna medida por organismos antagonistas. En muchos casos estos entes biológicos representan el factor más importante en la regulación de las poblaciones de microorganismos fitopatógenos en la naturaleza (Robles, 2012).

Según Hernández y col. (2006), se han descrito varios mecanismos de acción de los antagonistas para controlar el desarrollo de patógenos. Algunos de estos son: competencia por un nicho ecológico o sustrato, la síntesis de compuestos inhibitorios como sideróforos, antibióticos, enzimas líticas y detoxificadoras; así como la inducción de resistencia sistémica en la planta.

Entre los microorganismos más importantes, de acuerdo a Fernández (2001), se encuentran las bacterias de los géneros *Pseudomonas*, *Bacillus* y *Burkholderia*, y hongos de los géneros *Gliocladium* y *Trichoderma*. Robles (2012) describe los géneros de bacterias siguientes: a) *Pseudomonas* posee capacidad de inhibir el crecimiento de ciertos microorganismos fitopatógenos, como bacterias, hongos, nematodos y virus, los cuales pueden llegar a reducir considerablemente la producción de cultivos. Estos organismos ejercen mecanismos de acción antagonista que involucran la producción de compuestos bacterianos como: sideróforos, ácido

cianhídrico y antibióticos. Además, inducen un sistema de resistencia en las plantas que hace que puedan tolerar el ataque de diversos microorganismos fitopatógenos del suelo. b) *Bacillus* se caracterizan por ser bacterias Gram positivas, no patogénicas, de forma bacilar, aerobias estrictas o anaerobias facultativas. Los mecanismos de acción de *Bacillus* como antagonista son: competencia por espacio y nutrientes, antibiosis, inducción de resistencia, y promotores del crecimiento de las plantas. c) *Burkholderia* está compuesto por: bacilos rectos; Gram negativos; oxidasa y catalasa positivos. Son bacterias móviles con un flagelo polar único o bien con un penacho de flagelos polares según la especie. También son mesófilos y no esporulados. Su metabolismo es aerobio y muy versátil. *Burkholderia* ecológicamente es saprófito; es decir, que interviene en el reciclaje de materia orgánica, además es uno de los géneros bacterianos utilizados para biorremediación de herbicidas y plaguicidas recalcitrantes, como agentes de control biológico de hongos fitopatógenos y para promover el crecimiento de las plantas.

Indican Chen y col. (2015) que aislamientos no patogénicos de *R. solanacearum* se han estudiado como biocontroladores, con resultados promisorios; por ello, en sus estudios seleccionaron y probaron mutantes de *R. solanacearum* en el control de la marchitez bacteriana del tomate, encontrando buen control de la enfermedad cuando las condiciones de inoculación (cantidad y tiempo) de aislamientos autóctonos del patógeno y del mutante permitían a este último tomar ventajas y superar a las bacterias patogénicas.

En opinión de Anith y col. (2004), las rizobacterias promotoras del crecimiento de plantas (RPC) son agentes potenciales para el control biológico de patógenos de plantas. Las RPC logran la supresión de la enfermedad por distintos modos de acción, tales como: antagonismo, competencia por espacio y nutrientes, e inducción de resistencia sistémica. La combinación de múltiples RPC ha sido efectiva para suprimir el desarrollo de enfermedades transmitidas por el suelo en muchos cultivos. Ramesh y Phadke (2012) estudiaron el potencial de bacterias endofíticas, bacterias que viven en los tejidos de las plantas sin dañarlas, como promotoras de crecimiento en berenjena, y encontraron que estas tienen las mismas características que las mencionadas por Anith y col. (2004) para las rizobacterias y que se podían combinar con estas en control biológico. Eljounaidi y col. (2016) señalan a bacterias de los géneros *Pseudomonas*, *Bacillus*, *Enterobacter* y *Agrobacterium* como las endofíticas más comunes con actividad de biocontrol (antibiosis, parasitismo, competencia, SAR) y RPC.

Ahora bien, Maji y Chakrabarty (2014) acotan que una característica clave de estos organismos RPC es su capacidad para adaptarse a la rizósfera y colonizar agresivamente las raíces del hospedante. Por lo tanto, se recomienda que para lograr una mayor eficiencia de los agentes de biocontrol, se les debería aislar del ambiente donde se les requiera funcionar. Abo-Elyousr y col. (2012) mencionan que entre los organismos de la rizósfera, a menudo se seleccionan pseudomonadas fluorescentes para agentes de control biológico debido a su capacidad para utilizar diversos sustratos en diferentes condiciones, tienen un corto tiempo de generación y una motilidad que les ayuda a colonizar las raíces de las plantas. Además, describen los modos de acción de estas bacterias en la supresión de enfermedades incluyen: producción de sideróforos, antibiosis, producción de enzimas líticas e inducción de resistencia sistémica en la planta.

Otro grupo importante, según Bhunchoth y col. (2015), son los bacteriófagos. En el medio natural, varios tipos de bacteriófagos interactúan con hospedantes bacterianos pudiendo desempeñar un papel clave en la conformación de la dinámica poblacional bacteriana y alterar significativamente la competencia intra e inter específica entre los hospedantes bacterianos. Los fagos afectan a las comunidades microbianas no solo por la lisis de las células hospederas sino también por la transferencia de material genético y el efecto de la conversión lisogénica. Radhi y col. (2016) obtuvieron menor índice de incidencia de la enfermedad en tomate; así como mayor desarrollo de las plantas cuando usaron lo que llamaron fertilización inteligente, que consistía de un fertilizante orgánico más bacteriófagos específicos para *R. solanacearum*.

Fernández (2001) reporta que en EE.UU. hay registrados comercialmente varias especies de microorganismos para el control de patógenos del suelo. Estos incluyen dos hongos (*Gliocladium virens* y *Trichoderma harzianum*), tres bacterias gramnegativas (*Agrobacterium agrobacter* K84, *Pseudomonas fluorescens* y *Burkholderia cepacia* tipo Wisconsin) y dos cepas de la especie *Bacillus subtilis* (*B. subtilis* GB03 y *B. subtilis* MBI600).

Díaz y col. (2003) lograron una reducción significativa de la enfermedad en invernadero, usando las bacterias *Pseudomonas cepacia* y *Bacillus cereus*; y el hongo *Glomus occultum*.

Doan y Nguyen (2006) hallaron que *P. fluorescens* y *B. subtilis*, provenientes de la rizósfera de plantas de tomate, controlaban eficientemente la marchitez bacteriana producida por *R. solanacearum* en invernaderos y en ensayos de campo. Igual resultado reportaron Lemessa y Zeller (2007), en sus ensayos en invernaderos. De igual manera en un cultivo de papa, Aliye y col. (2008) aislaron diversas especies de bacterias de la rizósfera e hicieron pruebas de

antagonismo *in vitro* a *R. solanacearum* y, con aquellos aislamientos que demostraron capacidad de inhibición, se hicieron pruebas en invernadero. Encontraron el mayor grado de antagonismo usando *B. subtilis*, mientras que *Serratia marcescens*, *Paenibacillus macerans*, *Bacillus pumilus* y *P. fluorescens* tenían un importante efecto antagónico, pero menor, sobre *R. solanacearum*.

Interesante es el trabajo de Champoiseau (2009) describiendo resultados promisorios del uso de diversas bacterias antagónicas a *R. solanacearum*, incluyendo tipos salvajes de la misma especie, en el control de la marchitez bacteriana del tomate bajo condiciones controladas.

Vanitha y col. (2009) lograron control exitoso de la marchitez bacteriana usando *P. fluorescens* como un agente de control biológico, puede inducir resistencia sistémica o antagonismo contra *R. solanacearum*, considerándola una alternativa potencial al uso de productos químicos. Similares resultados obtuvo Mejías (2010), quien realizó 33 aislamientos bacterianos de la rizósfera de plantas de tomate, sembradas en campos de cultivo contaminados con el patógeno, y 23 del suelo; de los cuales 31 inhibieron el crecimiento *in vitro* de *R. solanacearum*. Los 5 aislamientos de mejor comportamiento se probaron *in vivo*, resultando promisorios en cuanto a su capacidad inhibidora de la marchitez bacteriana. Al identificar los aislamientos, resultaron ser *P. fluorescens*. Reportes análogos realizaron Ramadasappa y col. (2012) quienes aislaron, de suelos con presencia de *R. solanacearum*, casi 300 cepas de rizobacterias con potencial antagonista. De estas solo 10 aislamientos mostraron efectividad *in vivo* en disminución de la incidencia de marchitez bacteriana en tomate. Todas ellas fueron identificadas como *P. fluorescens*. En el mismo orden de ideas, Abo-Elyousr y col. (2012), trabajando con tomate, lograron resultados favorables en el control de la marchitez bacteriana con la bacteria *P. fluorescens*, tanto en ensayos en invernaderos como a nivel de campo.

Amaresan y col. (2012) realizaron 82 aislamientos de bacterias endofíticas en cultivos de tomate y ají picante; en pruebas de antagonismo *in vitro* a *R. solanacearum* encontraron 16 aislamientos, 9 de tomate y 7 de ají picante, con efecto antagónico sobre la bacteria. El mayor grado de antagonismo lo mostró *Bacillus* spp., seguido de *Proteus* spp., *Corynebacterium* spp., *Staphylococcus delphini*, *Providencia rettgeri*, *Cupriavidus pauculus*, *Achromobacter piechaudi* y *S. marcescens*. Los autores mencionan que los aislamientos producen metabolitos secundarios como: sideróforos (agentes transportadores de hierro microbiano) y enzimas líticas proteasa, celulasa y lipasa; los cuales, según ellos, deben estar implicados en el antagonismo mostrado por estos aislamientos.

En berenjena, Chakravarty y Kalita (2012) realizaron estudios para el control de la marchitez bacteriana, usando *P. fluorescens* en semillas, raíces y suelo, reportando reducción en la incidencia de la enfermedad. De manera análoga, Narasimha y Srinivas (2012) realizaron estudios *in vitro*, usando *P. fluorescens* y varias especies del género *Trichoderma*, reportando una importante inhibición del crecimiento de *R. solanacearum* con *P. fluorescens*.

Ramesh y Phadke (2012) hallaron que bacterias endofíticas y provenientes de la rizósfera de plantas de berenjena, de los géneros *Pseudomonas* y *Bacillus*, controlaban eficientemente la marchitez bacteriana producida por *R. solanacearum* en invernaderos y en ensayos de campo, destacando que estos géneros son los de mejor control entre todos los aislados y que no encontraron correlación entre el comportamiento en invernadero y en campo, asumiendo que en campo las poblaciones del patógeno son bajas y no son uniformes..

Trabajando en invernaderos, Tan y col. (2013) controlaron a *R. solanacearum* con *Bacillus amyloliquefacien* proveniente de la rizósfera sometida a un proceso de enriquecimiento. Las cepas antagonistas colonizaron las plantas, a través de las raíces, y desplazaron a *R. solanacearum*.

Wei y col. (2013) comprobaron que la inyección en el tallo de plantas de tomate sanas con *Ralstonia pickettii*, aislada del suelo de la rizósfera, puede controlar eficazmente la marchitez bacteriana causada por *R. solanacearum* tanto en invernadero como en campo. Este método inhibe el crecimiento de *R. solanacearum*, particularmente de las cepas virulentas, en laboratorio y en el suelo de ensayos de campo, y reduce significativamente la incidencia de la enfermedad en tomate.

Maji y Chakrabartty (2014) señalan como algunos de los microorganismos naturalmente antagonicos aislados con éxito contra *R. solanacearum*, a especies del género *Bacillus*, *P. fluorescens*, *Stenotrophomonas maltophilia* y *Streptomyces setonii*. Ellos aislaron bacterias de los géneros *Bacillus* y *Pseudomonas* de la rizósfera de plantas que crecen en la misma localidad del campo de tomate infestado del que aislaron el patógeno *R. solanacearum* y comprobaron su actividad antagonista frente al patógeno, así como sus aportes benéficos como promotores del crecimiento de las plantas.

Bhunchoth y col. (2015) obtuvieron resultados promisorios de control biológico de *R. solanacearum*, usando bacteriófagos aislados de la rizósfera de tomate en ensayos de campo en

Tailandia. Sin embargo, destacan la necesidad de mayores estudios, pues, estos mismos bacteriófagos no fueron capaces de infectar otros aislamientos foráneos de *R. solanacearum* que ellos probaron, como algunos provenientes de Japón.

En trabajos en laboratorio e invernadero, Kheirandish y Harighi (2015), con *R. solanacearum* Raza 3 Biovar 2 en papa, obtuvieron buen control de la marchitez bacteriana y efecto promotor del crecimiento con las bacterias *Paenibacillus* spp., *Pseudomonas putida* y *P. fluorescens*.

Por su parte, Elhalag y col. (2016) estudiaron el efecto antagonista de *S. maltophilia*, aislada de la rizósfera de berenjena, sobre *R. solanacearum* en papa, consiguiendo un importante efecto inhibitorio, tanto *in vitro* como *in vivo*, y concluyeron que este se debía a la actividad proteolítica de la serina proteasa y la inducción de SAR.

Eljounaidi y col. (2016) reportan eficiente biocontrol de *R. solanacearum* en berenjena con la bacteria endofítica *P. fluorescens* proveniente de berenjena, atribuyéndolo a la producción de sideróforos y compuestos inhibitorios. También, reportan eficiente biocontrol de *R. solanacearum* en tomate con la bacteria endofítica *Streptomyces virginiae*, proveniente de tomate, atribuyéndolo a la producción de sideróforos y promoción de crecimiento. Mientras, Raza y col. (2016) atribuyen el efecto de biocontrol de *R. solanacearum* en tomate, ejercido por la bacteria *P. fluorescens*, a la producción de compuestos orgánicos volátiles. Ellos estudiaron diferentes modos de acción antagonista de la bacteria, tanto en laboratorio como en campo, llegando a la conclusión de que estos compuestos son los más importantes en la inhibición.

Prakasha y col. (2017) aislaron y purificaron exopolisacáridos de *R. solanacearum* y lo inocularon en semillas y plántulas de berenjena, encontrando que aumentó la germinación de las semillas y disminuyó la incidencia de la enfermedad en la berenjena tras la inoculación de *R. solanacearum*, al inducir resistencia sistémica en las plántulas de berenjena investigadas. Esto abre nuevas vías para el control biológico de *R. solanacearum*; ya que, la explotación de la resistencia inducida como estrategia alternativa de gestión de la enfermedad responde a las necesidades actuales de una agricultura sostenible a bajo costo medioambiental.

Sun y col. (2017) reportaron halos de inhibición, en *R. solanacearum*, de hasta 2,6 cm en ensayos de laboratorio con *P. putida*, como agente de biocontrol, aislada de la rizósfera de maní. En campo determinaron que *P. putida* es capaz de controlar la marchitez bacteriana en tomate, si logra colonizar las raíces antes que *R. solanacearum* penetre estas y acceda al xilema de la planta.

### 3.1.4.- Uso de extractos vegetales en el control de *R. solanacearum*

El término control biológico, según Pal y McSpadden (2006), se ha aplicado también a la utilización de los productos naturales extraídos o fermentados a partir de diversas fuentes. Estas formulaciones pueden ser mezclas muy simples, de ingredientes naturales con actividades específicas, o complejas con múltiples efectos en el anfitrión, así como la plaga objetivo o patógeno; en todo caso, se deberían mencionar como bioplaguicidas o biofertilizantes, dependiendo de la ventaja principal proporcionada a la planta hospedante.

Chirinos (2009) enumera algunas ventajas del uso de los extractos naturales:

- Por ser biodegradables no producen desequilibrios en el ecosistema.
- Al ser de origen vegetal provocan un impacto mínimo sobre la fauna benéfica.
- Son efectivos contra enfermedades y no tienen restricciones toxicológicas.
- La mayoría de los extractos tiene diversos usos, como lo es el caso de aquellos empleados por sus propiedades terapéuticas y efectos repelentes, entre otros.
- Su rápida degradación disminuye el riesgo residual en los alimentos.
- Algunos pueden ser usados poco tiempo antes de la cosecha.
- Muchos de estos compuestos no causan fitotoxicidad.
- Se desarrolla resistencia a ellos más lentamente que a los insecticidas sintéticos.

A pesar de estas ventajas, Singh y col. (2012) hacen énfasis en la necesidad de ahondar más en el conocimiento sobre el uso de extractos vegetales, para sortear limitaciones como: ausencia de métodos estándar de extracción, rápida degradación de los extractos, necesidad de desarrollar formulaciones y toxicidad en humanos y plantas de algunos de los componentes de los extractos.

Son variadas las experiencias reportadas en la literatura, incluyendo productos comerciales a base de extractos vegetales. De las que vale la pena señalar: Guevara y col. (2000) quienes encontraron que el extracto de mamón (*Meliocca bijuga* L.) tuvo efecto bactericida *in vivo* sobre *R. solanacearum* que afecta al banano. Ooshiro y col. (2004), trabajando con papa, encontraron que el extracto del *Geranium carolinianum* L. mostró una fuerte actividad antimicrobiana contra *R. solanacearum* y contra los patógenos que causan la sarna común de la papa y la putrefacción en el suelo de la batata.

Para hongos del suelo, Rodríguez y Sanabria (2005) determinaron que los extractos de flor escondida (*Phyllanthus niruri* L.), orégano (*Lippia origanoides* H.B.K.) y rabo de alacrán

(*Heliotropium indicum* L.) tenían un uso potencial como alternativa de control de *Rhizoctonia solani* y *Bipolaris maydis*.

En el caso específico del cultivo de tomate, Paiva (2010) demostró que los extractos acuosos de algodón de seda (*Calotropis procera*) y de rabo de alacrán tuvieron efectos bactericidas *in vitro* e *in vivo* sobre *R. solanacearum*. En el mismo cultivo, Quintana (2010) demostró el efecto bactericida *in vitro* e *in vivo* de extractos acuosos y etanólicos de Guayabo (*Psidium guajava* L.) sobre *R. solanacearum* y el gran potencial de uso que tienen en el control de la marchitez. También encontró buen efecto inhibitorio *in vitro* de extractos acuosos de cundeamor (*Momordica charantia* L.) y de Tártago (*Ricinus communis* L.).

Arocha (2010) demostró el efecto bactericida *in vitro* e *in vivo* de extractos etanólicos de mataratón (*Gliricidia sepium* (Jacq) Stend), sobre el control de *R. solanacearum*, en plantas de *S. melongena* L.

En las prácticas de control vía el suelo, Deberdt y col. (2012) probaron el efecto antimicrobiano de extracto acuoso de *Allium fistulosum* antes de la siembra. *In vitro*, *A. fistulosum* suprimió el crecimiento de la bacteria *R. solanacearum* antes de sembrar. El tratamiento del suelo con extracto de *A. fistulosum* redujo significativamente las poblaciones de *R. solanacearum* y la incidencia de marchitamiento bacteriano del tomate. En el control sin tratamiento, la enfermedad afectó a 61% de las plantas, mientras que, con 100 y 50% de extractos, sólo el 6 y el 14% de las plantas, respectivamente, fueron afectados. Estos resultados sugieren que los extractos de *A. fistulosum* se podrían utilizar en las estrategias de gestión de control biológico para marchitamiento bacteriano del tomate.

Narasimha y Srinivas (2012) en estudios *in vitro* y usando extractos de varias especies de plantas reportaron una importante inhibición del crecimiento de *R. solanacearum*, teniendo los mejores resultados con extractos del árbol de neem (*Azadirachta indica* A. Juss), granada (*Punica granatum* L.), guayaba y lechosa (*Carica papaya* L.). Mientras que Yuan y col. (2012) realizaron estudios de laboratorio y campo, en tomate, con extractos de *Toxicodendron sylvestre*, reportando una importante inhibición del crecimiento de *R. solanacearum* y disminución de la marchitez bacteriana. Además, identificaron un compuesto, metil galato, como el principal responsable de estos resultados y que puede ser separado o sintetizado para ser potencialmente usado como bactericida.

En 2013, Stockton Group lanzó al mercado el producto comercial Timorex Gold® (en adelante Timorex), el cual es la nueva generación de biofungicidas para el control de la Sigatoka negra. Timorex está basado en el extracto de la planta *Melaleuca alternifolia*. Este producto, con su modo de acción multisitio, asegura un mayor rendimiento; asegura calidad en la producción, como por ejemplo: mayor cantidad de hojas en la cosecha resultando en un aumento del rendimiento. Es un biofungicida ecológico no residual, inocuo para insectos benéficos y abejas, que ofrece seguridad para el entorno humano y el medio ambiente y que ha demostrado ser eficaz contra un amplio espectro de enfermedades en hortalizas, bananos, plátanos, árboles frutales y viñedos. (Stockton Group, 2013)

En Venezuela, Hernández y col (2013a) reportan resultados promisorios al usar Timorex para el control de *R. solanacearum* en tomate, en un ensayo realizado en invernadero en Chirgua estado Carabobo. Timorex también ha dado buenos resultados, en invernadero, en el control de la pudrición blanda de la papa producida por *Pectobacterium carotovorum* (Hernández y col, 2013b).

Kwak y col. (2015) reportan que el extracto acuoso del sustrato postcosecha (EASP) del hongo comestible *Hericiium erinaceus* mostró una alta actividad antibacteriana frente a diferentes bacterias fitopatógenas: *P. carotovorum* subsp. *carotovorum*, *Agrobacterium tumefaciens*, *R. solanacearum*, *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, *X. campestris* pv. *campestris*, *X. axonopodis* pv. *vesicatoria*, *X. axonopodis* pv. *citiri*, y *X. axonopodis* pv. *glicina*. Este extracto indujo expresiones de genes de defensa y resistencia adquirida sistémica. EASP también suprimió la enfermedad del marchitamiento del tomate causada por *R. solanacearum* en un 85% en las plántulas y promovió el crecimiento (altura, número de hojas y peso fresco de la raíz y el brote) de las plantas de tomate.

Rashid y col. (2016) obtuvieron halos de inhibición de 11 mm en adelante, en ensayos *in vitro* con *R. solanacearum* y *Pseudomonas syringae*, con extractos en agua, acetona, metanol y alcohol del fruto de la planta zumaque (*Rhus coriaria* L.), demostrando que los de mejor comportamiento fueron los extractos acuosos.

Ribeiro y col. (2016) estudiaron las propiedades del tártago encontrando hasta 83 compuestos diferentes con aplicación en biocontrol, farmacología y nutrición. Ellos reportaron actividad antimicrobiana de los extractos de las hojas, etanólicos y acuosos, sobre 33 diferentes especies de hongos y bacterias, y la señalan como una especie con un gran potencial antimicrobiano y con

muchas ventajas, ya que tiene una amplia distribución mundial, con una larga tradición medicinal y con gran cantidad de metabolitos secundarios promisorios en biocontrol y farmacología.

En Vietnam, Pham y col. (2017) reportaron efecto bactericida *in vitro* de extractos de rizomas de la planta medicinal *Rheum tanguticum* Maxim. Ex Balf., sobre *R. solanacearum*, y el gran potencial de uso que tienen en el control de la marchitez, ya que esta planta tiene larga tradición de procesamiento y uso en la industria farmacéutica.

### **3.2.- Modelos matemáticos usados para describir poblaciones de microorganismos**

#### **3.2.1.- Generalidades sobre modelado**

De acuerdo con Bacaër (2011) dinámica poblacional es el área de la ciencia que trata de explicar, de una manera mecanicista simple, las variaciones temporales del tamaño y la composición de las poblaciones biológicas, como las de los seres humanos, los animales, las plantas o los microorganismos. Begon y col (2006) destacan el rol crucial que han jugado, y que continuarán jugando, los modelos matemáticos en el desarrollo de la ecología, particularmente en la habilidad para predecir resultados y comportamientos. Turchin (2003) define tres pasos para construir modelos: primero, selección de la estructura matemática y de las variables de estado, segundo, selección de la forma funcional; es decir, la función que relacione las variables de estado y sus tasas de cambio, y tercero, determinar los valores de los parámetros en el modelo.

En relación con la microbiología predictiva, Castro y col. (2008) dicen que es una ciencia multidisciplinaria (abarca las áreas de la microbiología, ingeniería, estadística), que basada en el estudio del crecimiento de los microorganismos, especialmente las bacterias, ha desarrollado o adaptado modelos matemáticos para describir y predecir el comportamiento de los microorganismos bajo diferentes condiciones.

En los modelos microbiológicos predictivos, Whiting y Buchanan (1993) distinguen tres niveles: modelos primarios, que describen cambios en el número de microorganismos en el tiempo, modelos secundarios, que incorporan el efecto de las condiciones ambientales, y modelos terciarios, que combinan la información de los dos primeros. En relación con los modelos primarios, mencionan que la mayoría de los desarrollados hasta ahora son modelos deterministas de población, que describen la evolución del número total de individuos de una población a través de un sencillo conjunto de parámetros.

De acuerdo con Aguirre (2013), un modelo es una representación matemática simplificada de una realidad compleja, que persigue, en primer lugar, reproducir el comportamiento histórico del sistema y, en segundo, poder simular el comportamiento que el sistema tendrá frente a diversas hipótesis que puedan establecerse (cambios de los parámetros que lo condicionan); por tanto, un modelo debe equilibrar la necesidad de contemplar todos los detalles con la factibilidad de encontrar técnicas de solución adecuadas; ya que, en definitiva, es una herramienta de ayuda a la toma de decisiones.

Begon y col. (2006) definen la tasa crecimiento poblacional como: la velocidad a la que la población incrementa su tamaño en el transcurrir del tiempo.

$$\frac{dx}{dt} = r * x \quad \Rightarrow \quad \frac{dx}{dt} * \left(\frac{1}{x}\right) = r$$

donde  $x$  es el número de individuos en la población y  $r$  es una constante que se conoce como tasa intrínseca de crecimiento natural o tasa de crecimiento específico, y representa la contribución por individuo al crecimiento poblacional, en ausencia de competencia. La tasa de crecimiento poblacional, viene siendo la suma de las contribuciones individuales a la población. Juška y col. (2006) la consideran dependiente del ambiente, por tanto, se puede suponer constante en tanto las condiciones no cambien. Baranyi (2010) concibe a  $r$  como una "especie" de número promedio de divisiones para una célula por unidad de tiempo (la razón, por qué esto es sólo una "especie", es que este promedio no es necesariamente aritmético); utilizando una analogía: al igual que los humanos pueden tener un máximo de un niño/mujer al año, de la misma manera una bacteria como *Escherichia coli* se puede dividir un máximo de 3 veces en una hora, debido a su composición biológica.

Una generalización, realizada por Baranyi y col. (1993), señala que en la mayoría de los trabajos sobre modelos de poblaciones no estructuradas (la dinámica demográfica de los microorganismos es no estructurada), se parte del supuesto de que el crecimiento de una población en un determinado ambiente es descrito por la ecuación diferencial ordinaria de primer orden:

$$\frac{dx}{dt} = \mu_{(x)} * f_{(x)} \quad (0 \leq t < \infty; \quad x > 0; \quad 0 \leq x_{(0)} < x_{\max})$$

donde  $x$  es el número de individuos por unidad (concentración). La cantidad  $\mu_{(x)}$  se denomina la tasa de crecimiento específico y  $t$  es el tiempo. Esta ecuación es llamada ecuación diferencial autónoma debido a que su lado derecho depende de la propia variable dependiente desconocida y

no depende directamente del tiempo. Su solución general toma la forma  $x(t) = F(t - T)$ , donde  $T$  es una constante que caracteriza un desplazamiento paralelo al eje de  $t$  (que puede ser considerado como un retraso en el crecimiento). El valor de  $T$  se puede definir de forma única por la fijación de un valor inicial  $x(0)$  y en la generalidad de los casos asociados a microorganismos  $T = 0$ .

Como modelos comúnmente más empleados en la descripción de poblaciones, Draper y Smith (1998) señalan a: exponencial, logístico, monomolecular, Gompertz, Von Bertalanffy, Richards y otras formas de los dos primeros. Generalmente, son modelos no lineales; de los cuales Archontoulis y Miguez (2013) dicen que sus principales ventajas son la parsimonia, la interpretabilidad y la predicción. Estos modelos son capaces de ajustar una gran variedad de funciones, aunque cada modelo no lineal individual puede ser menos flexible que los modelos lineales (polinomios) en términos de la variedad de datos que pueden describir; sin embargo, los modelos no lineales apropiados para una aplicación dada pueden ser más parsimoniosos (es decir, habrá menos parámetros implicados) y más fácilmente interpretables. La interpretabilidad proviene del hecho de que los parámetros pueden asociarse con un proceso biológicamente significativo. En relación con la parsimonia, Aho y col. (2014) acotan que un modelo parsimonioso debería estar basado en un conjunto de parámetros identificados por el investigador como ecológicamente importantes, incluyendo, si es necesario, covariables, interacciones y términos de orden superior; pero estos parámetros deben ser tan pocos como sea posible, que el modelo sea tan simple como sea posible, pero no más simple de lo necesario.

En el presente trabajo se revisaron los modelos antes mencionados, a los que llamaremos clásicos, y desarrollos derivados de ellos, así como también el modelo de Monod y otros generados a partir de este, modelos polinomiales y modelos basados en diversas funciones de probabilidad desarrolladas y propuestas para explicar el comportamiento de sistemas en diferentes contextos.

**Notación:** que será usada en el desarrollo del trabajo:

**P** denota el tamaño de la población en un tiempo  $t$ .

**P<sub>0</sub>** es la población inicial

**K** es la capacidad de carga.

**L** es la capacidad de carga mínima (algunos modelos incorporan este parámetro).

$t_m$  es el tiempo en que se alcanza la máxima tasa de crecimiento (punto de inflexión en las curvas sigmoides).

$t_0$  es el tiempo en que se inicia el crecimiento

Otros parámetros (constantes):  $a, b, c, d, k, m, n, \alpha, \beta, \gamma, \theta, \lambda, \tau, \sigma, \eta, \kappa$ .

### 3.2.2.- Modelos clásicos

#### 3.2.2.1.- Modelo Exponencial

Enunciado por Malthus en 1798. La tasa de crecimiento en un tiempo,  $t$ , en particular, es proporcional al tamaño de la población,  $P$ . Si  $\alpha$  es una constante, la ecuación diferencial que representa el modelo exponencial es la siguiente: (Draper y Smith, 1998)

$$\frac{dP}{dt} = \alpha * P$$

Integrando, obtenemos su expresión matemática:

$$(1) P(t) = \beta * e^{\alpha * t}$$

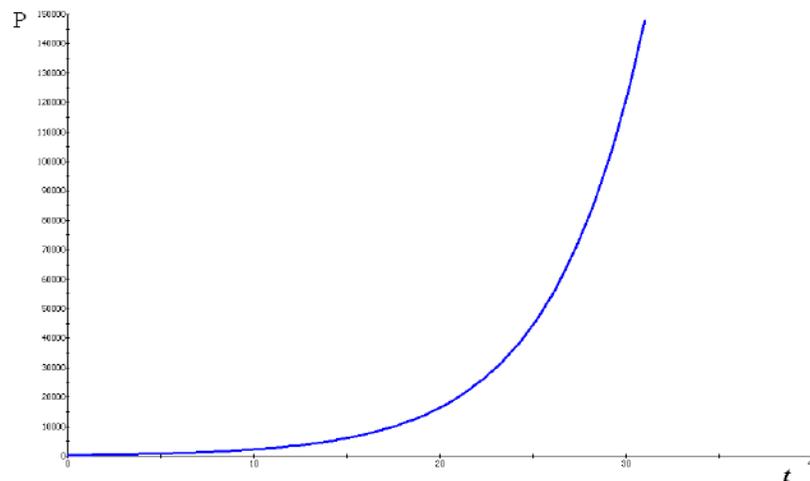


Figura 3.- Representación del Modelo Exponencial, elaborada con el Software Populus 5.5

En la Figura 3 podemos observar que el modelo exponencial tiene una gráfica siempre creciente, no acotada superiormente y que parte del valor  $P = \beta$  (cuando  $t = 0$ ). La constante  $\alpha$  representa la tasa de crecimiento *per capita* y en este caso es positiva.

La expresión matemática del modelo exponencial, según Seber y Wild (2003), también se puede parametrizar de la siguiente manera:

$$(2) \quad P_{(t)} = e^{\alpha * (t - \beta)}$$

El modelo exponencial ha sido aplicado en diversos campos del saber y muy variados contextos, distintos a la idea inicial de Malthus (1798) cuando lo desarrollo para predecir el comportamiento de la población humana de los Estados Unidos. Por ejemplo, Costa y col. (2002) lo recomiendan para modelar epidemias en sus fases iniciales, cuando los individuos enfermos no superan el 5% de la población total. Nutter (2007) dice que el modelo exponencial se ha usado para modelar los cambios en la prevalencia de una enfermedad en una escala geográfica y puede ser de ayuda para describir las fases muy tempranas de la mayoría de epidemias policíclicas. Particularmente, se aplicó con éxito para ajustar una curva de progreso de patógenos para el número acumulado de los condados de Estados Unidos donde se encontró la roya asiática de la soya en cultivos de soya comercial con el tiempo en 2006.

En Venezuela, Díaz y col. (2008), usando el modelo exponencial, lograron ajustar el crecimiento de las bacterias *Streptococcus thermophilus* y *Lactobacillus acidophilus* en la producción de ácido láctico en leche fermentada. Mientras que, Perez y Silva (2009) encontraron buen ajuste de los modelos exponencial, logístico y Gompertz para simular el comportamiento de poblaciones de *Aspergillus flavus* y *Fusarium verticillioides* en granos de maíz almacenados bajo diferentes condiciones de temperatura.

### 3.2.2.2.- Modelo Monomolecular

Llamado así, según Bolker (2007), porque representa la acumulación en el tiempo del producto de una reacción química de una sola molécula. Para este modelo, Draper y Smith (1998) parten de la siguiente suposición, la tasa de crecimiento en un tiempo  $t$  directamente proporcional a la cantidad de crecimiento que aún no se ha logrado; es decir, existe una limitación,  $K$ , de crecimiento (el máximo posible) y, por tanto, el tamaño de la población,  $P$ , está supeditado a alcanzar este valor en el tiempo, disminuyendo su tasa de crecimiento en la medida en que se acerca a dicho valor límite. Si  $\alpha$  y  $\beta$  son constantes, la ecuación diferencial que representa el modelo monomolecular es la siguiente:

$$\frac{dP}{dt} = \alpha * (K - P)$$

Integrando, obtenemos la expresión matemática del modelo:

$$(3) \quad P_{(t)} = K * (1 - \beta * e^{-\alpha * t})$$

En la Figura 4 podemos observar la gráfica típica del modelo Monomolecular, y en el Cuadro 3 se encuentran otras expresiones del mismo.

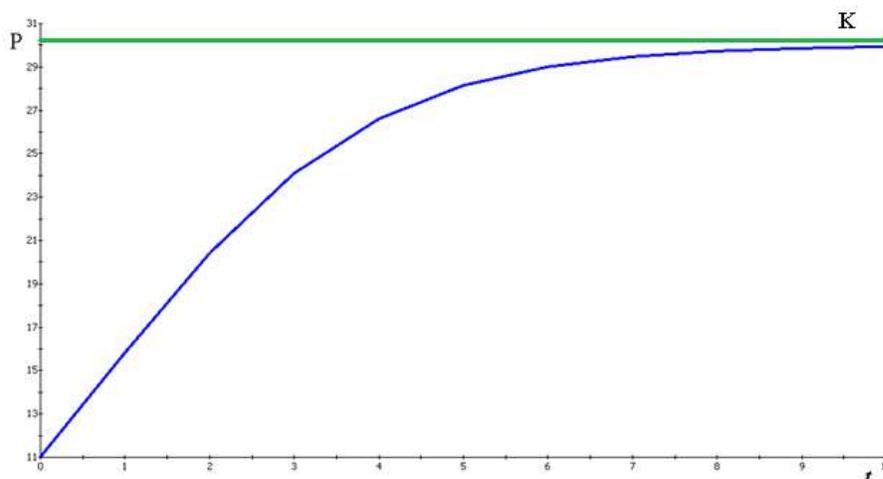


Figura 4.- Representación del modelo Monomolecular, elaborada con el software Populus 5.5

Cuadro 3. Otras expresiones matemáticas para el modelo Monomolecular.

Expresión Matemática	Referencia
(4) $P(t) = K * (1 - e^{-\alpha * t})$	* Fekedulegn y col. (1999): lo denominan <b>modelo exponencial negativo</b> . * Archontoulis y Miguez (2013) * Maiti y Mukherjee (2017) lo llaman <b>modelo exponencial</b>
(5) $P(t) = K - (K - P_0) * e^{-\alpha * t}$	* Blasco (1999) y Kaps y col. (2000) lo llaman <b>modelo Brody</b> . * Paine y col. (2012) * Harmsen (2000) lo nombra <b>modelo Mitscherlich</b>
(6) $P(t) = K - \beta * e^{-\alpha * t}$	* Ricker (1979), lo llama <b>modelo Brody</b> o <b>modelo Pütter</b> . * Seber y Wild (2003).
(7) $P(t) = K * [1 - \beta * e^{-\alpha * (t - t_m)}]$	Schabenberger y Pierce (2002) lo llaman <b>modelo Mitscherlich</b>
(8) $P(t) = K * [1 - e^{-\alpha * (t - t_m)}]$	* Seber y Wild (2003) * English y col. (2012)
(9) $P(t) = K * \left[1 - e^{-\left(\frac{t}{\alpha}\right)}\right]$	Montesinos (2011) lo define como <b>modelo exponencial</b> .

Este modelo, señalan Costa y col. (2002), es especialmente útil para describir enfermedades monocíclicas, que presentan un solo ciclo infeccioso por ciclo del cultivo que atacan. Kaps y col. (2000) usaron el modelo para ajustar el crecimiento de reses Angus, peso del animal contra el

tiempo, en la madurez de los animales. Según Nutter (2007), fue usado en epidemias para las cuales no hay propagación de planta a planta, es decir, no hay una propagación secundaria dentro de un período de crecimiento. También para cuantificar los cambios temporales en la incidencia acumulativa de un virus en el tiempo, como por ejemplo, Nutter (2007) cita a Jones (1979) y su estudio sobre la incidencia de los virus transmitidos por áfidos en las frambuesas con base en los síntomas visuales desde que comienzan.

### 3.2.2.3.- Modelo Logístico

Verhulst (1838), en Vogels y col. (1976), presumía que el crecimiento de la población necesariamente tenía un límite al que sólo se puede llegar en una época muy remota. Según Draper y Smith (1998), el **modelo logístico, o autocatalítico o de Verhulst**, indica que la tasa de crecimiento en un tiempo  $t$  es proporcional al producto entre el tamaño de la población,  $P$ , y la cantidad que aún falta por crecer para alcanzar el tamaño máximo,  $K$  (capacidad de carga). Si  $\alpha$  y  $\beta$  son constantes, la ecuación diferencial que representa el modelo logístico es la siguiente:

$$\frac{dP}{dt} = \alpha * P * (K - P) = \alpha * K * P - \alpha * P^2$$

Integrando, obtenemos la expresión matemática para este modelo:

$$(10) \quad P_{(t)} = \frac{K}{(1 + \beta * e^{-\alpha * t})}$$

En la Figura 5 se observa la gráfica típica del modelo, y en el Cuadro 4 otras expresiones de este.

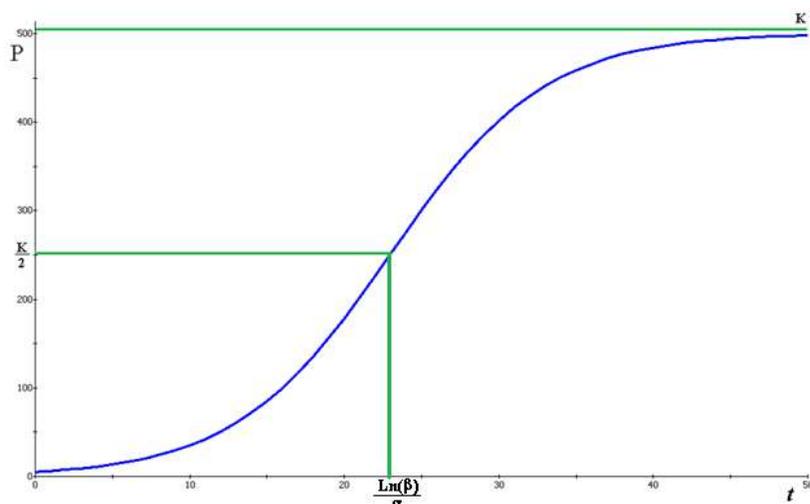


Figura 5.- Representación del modelo Logístico, elaborada con el software Populus 5.5

Cuadro 4. Otras expresiones matemáticas para el modelo logístico.

Expresión Matemática	Referencia
(11) $P(t) = \frac{P_o * e^{\alpha * t}}{\left[1 + P_o * \left(\frac{e^{\alpha * t} - 1}{K}\right)\right]}$	Verhulst en 1838 citado por Bacaër (2011)
(12) $P(t) = \frac{\beta * e^{\alpha * t}}{(1 + \gamma * e^{\alpha * t})}$	Pearl y Reed (1920)
(13) $P(t) = \frac{e^{\beta + \alpha * t}}{(1 + e^{\beta + \alpha * t})}$	Bolker (2007)
(14) $P(t) = \frac{K}{(1 + e^{\beta - \alpha * t})}$	* Turner y col. (1976) * Castro y col. (2008) * Chiappa y col (2009)
(15) $P(t) = \frac{K}{\left[1 + \left(\frac{K - P_o}{P_o}\right) * e^{-\alpha * t}\right]}$	* Egghe y Rao (1992) * Rockwood (2006) * Tjørve y Tjørve (2017) derivado del <b>modelo unificado Richards</b> forma $P_0$
(16) $P(t) = \frac{K}{(1 + \beta * e^{-\alpha * (t - t_m)})}$	* Zwietering y col. (1990) * Peleg (1996) * Archontoulis y Miguez (2013) * Tjørve y Tjørve (2017) derivado del <b>modelo unificado Richards</b> forma $t_m$
(17) $P(t) = \frac{K}{(1 + e^{-\alpha * (t - t_m)})}$	* Seber y Wild (2003) * Yin y col. (2003) * English y col. (2012)
(18) $P(t) = \frac{P_o * K}{[P_o + (K - P_o) * e^{-\alpha * t}]}$	* Kuhl y col. (2003) * Sibly y col. (2005) * Arino y col. (2006)
(19) $P(t) = L + \frac{P_o * (K - L)}{[P_o + (K - L - P_o) * e^{-\alpha * t}]}$	Paine y col. (2012)
(20) $P(t) = K + \frac{K - L}{1 + a * e^{-b * (t - t_0)}}$	Rodríguez (2013) lo llama <b>modelo logístico generalizado</b>
(21) $P(t) = K + \frac{K - L}{1 + e^{-b * t}}$	Stone (1980) también lo llama <b>modelo logístico generalizado</b>

Algunos ejemplos de su uso y aplicación:

Pearl (1927) señala que las poblaciones de organismos de los más diversos tipos, que van desde las bacterias y la levadura hasta el hombre, estadísticamente siguen, en su desarrollo la curva logística. Además reporta el uso de este modelo con poblaciones de *Drosophila melanogaster*.

Gibson y col. (1987) usaron la ecuación logística y la ecuación de Gompertz para caracterizar diversos índices de crecimiento de *Clostridium botulinum* en pasta de cerdo, a diferentes temperaturas de almacenamiento y contenidos de sal.

Booth y col. (1990) usaron la ecuación logística para modelar y comparar el crecimiento de plantas maduras de tres subespecies de *Artemisia tridentata*.

Zwietering y col. (1990) describieron el crecimiento, a varias temperaturas de siembra, de *Lactobacillus plantarum* y otras bacterias de los géneros: *Candida*, *Pseudomonas*, *Enterobacter*, *Salmonella*, *Staphylococcus* y *Listeria*.

Gillman y Hails (1997) señalan que la ecuación logística se ha usado para modelar: cultivos de *Saccharomyces cerevisiae* (levadura), *D. melanogaster* (insecto) y *Moina macrocopa* (cladóceros)

Zill (1997) reporta que se ha comprobado que el modelo logístico predice con bastante exactitud el crecimiento de ciertos tipos de bacterias, protozoarios, “pulgas de agua” (*Daphnia*) y “moscas de la fruta” (*Drosophila*) en espacios limitados.

Cayré y col. (2000) concluyeron que para ajustar los valores experimentales de crecimiento de bacterias lácticas sobre emulsiones cárnicas cocidas envasadas al vacío y almacenadas en refrigeración puede usarse el modelo logístico.

Costa y col. (2002) señalan que este modelo es especialmente útil para describir enfermedades policíclicas, que presentan más de un ciclo infeccioso por ciclo del cultivo que atacan.

Peleg y col. (2007) usaron la ecuación logística para modelar cultivos de las bacterias: *Aeromonas hydrophila*, *Listeria monocytogenes* y *Alicyclobacillus acidoterrestris*

Con el modelo logístico, al igual que el de Gompertz, Castro y col. (2008) ajustaron el crecimiento de *Lactococcus lactis* subsp. *lactis*, en muestras de leche tomadas del total del ordeño matutino de dos rebaños, bufalino y vacuno, manejados bajo las mismas condiciones, ubicados en el municipio Mara del estado Zulia, Venezuela.

Buelvas (2013) reporta el ajuste al modelo logístico y Gompertz del crecimiento de *A. hydrophila* en diferentes concentraciones de sal.

Machado (2015) modeló poblaciones de adultos de moscas de la fruta del género *Anastrepha* en guayaba, usando varios modelos, de los cuales el modelo logístico fue el de mejor ajuste.

Banks y col. (2016) concluyeron que el mejor modelo para ajustar el crecimiento de algas verdes,

en ausencia de depredadores del género *Daphnia*, era el modelo logístico.

### 3.2.2.4.- Modelo Gompertz

Gompertz (1825) desarrolló este modelo a partir del ajuste de tablas de mortalidad de la población británica vs la edad. Draper y Smith (1998) definen el modelo Gompertz, como aquel en que la tasa de crecimiento en un tiempo  $t$  es proporcional al producto entre el tamaño de la población,  $P$ , y el logaritmo de la razón entre el tamaño máximo,  $K$  (capacidad de carga), y el tamaño de la población,  $P$ . Si  $\alpha$  es una constante, la ecuación diferencial que representa este modelo es:

$$\frac{dP}{dt} = \alpha * P * \ln\left(\frac{K}{P}\right)$$

Integrando, obtenemos su expresión matemática:

$$(22) \quad P(t) = K * e^{-\beta * e^{-\alpha * t}}$$

En la Figura 6 se observa que el modelo Gompertz tiene una gráfica sigmoide, asimétrica, siempre creciente; y en el Cuadro 5 se encuentran otras expresiones del modelo.

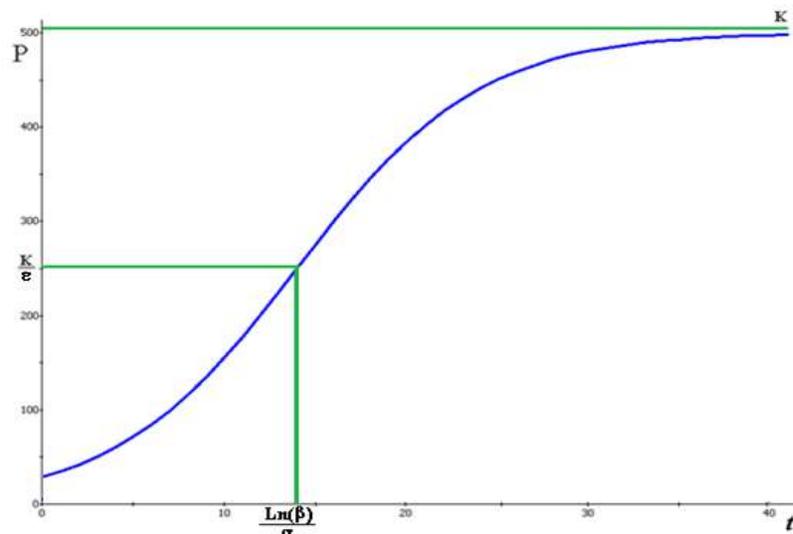


Figura 6.- Representación del modelo Gompertz, elaborada con el software Populus 5.5

Algunos ejemplos de su uso y aplicación:

Medawar (1940), más de un siglo después de Gompertz, usó esa ecuación para modelar la energía de crecimiento de los corazones de pollos en función de la tasa de crecimiento de los mismos.

Gibson y col. (1987) usaron la ecuación de Gompertz y la ecuación logística para caracterizar

diversos índices de crecimiento de *C. botulinum* en pasta de cerdo, a diferentes temperaturas de almacenamiento y contenidos de sal.

Cuadro 5. Otras expresiones matemáticas para el modelo Gompertz.

Expresión Matemática	Referencia
(23) $P_{(t)} = K * e^{-e^{-\alpha*(t - t_m)}}$	* Turner y col. (1976) * Mansano y col. (2012) * Archontoulis y Miguez (2013) * Tjørve y Tjørve (2017) derivado del <b>modelo unificado Richards</b> forma $t_m$
(24) $P_{(t)} = a * e^{(b*t + c*e^{-b*t})}$	Haile y col. (2016) llamado <b>modelo Gompertz modificado</b>
(25) $P_{(t)} = K * e^{-[a*b*(t - t_m)]^{(-\frac{1}{a})}}$	Turner y col. (1976) referido como <b>modelo hipergompertz</b>
(26) $P_{(t)} = K * e^{-e^b - \alpha*t}$	* Stone (1980) * Zwietering y col. (1990) * Castro y col. (2008) * Karadavut y col. (2010)
(27) $P_{(t)} = K * \left[1 - e^{-\frac{\gamma}{\alpha}*(e^{\alpha*t} - 1)}\right]^\beta$	El-Gohary y col. (2013) llamado <b>modelo Gompertz generalizado</b>
(28) $P_{(t)} = P_0 * e^{\{-e^{-\alpha*t} * \ln(\frac{K}{P_0})\}}$	Kuhi y col. (2003)
(29) $P_{(t)} = P_0 * e^{\{[1 - e^{-\alpha*t}] * \ln(\frac{K}{P_0})\}}$	Shi y col. (2016)
(30) $P_{(t)} = P_0 * e^{\{[1 - e^{-\alpha*t}] * (\frac{\beta}{\alpha})\}}$	López y col. (2000)
(31) $P_{(t)} = K * \left(\frac{P_0}{k}\right)^{e^{-\alpha*t}}$	* Paine y col. (2012) * Tjørve y Tjørve (2017) derivado del <b>modelo unificado Richards</b> forma $P_0$
(32) $P_{(t)} = (K - L) * e^{-e^{-\alpha*(t - t_m)}}$	Verma y col. (2016)
(33) $P_{(t)} = [1 - (K - L)] * e^{-e^{-\alpha*(t - t_m)}}$	Verma y col. (2016) denominado <b>modelo Gompertz espejo</b>

Zwietering y col. (1990) determinaron que la ecuación de Gompertz era estadísticamente suficiente para describir el crecimiento de *L. plantarum*, además que fue el de más fácil uso de todos los modelos probados.

González (1995) estudió varios modelos y recomendó el modelo de Gompertz para modelar la supervivencia de las bacterias *E. coli* y *Enterococcus faecalis* en aguas frescas y marinas.

Cayré y col. (2000) concluyeron que para ajustar los valores experimentales de crecimiento de bacterias lácticas sobre emulsiones cárnicas cocidas envasadas al vacío y almacenadas en

refrigeración pueden usarse indistintamente el modelo de Gompertz o el modelo logístico puesto que ambos son estadísticamente válidos y sus ajustes no difieren significativamente

Costa y col. (2002) señalan que este modelo, al igual que el logístico, es especialmente útil para describir enfermedades policíclicas, que presentan más de un ciclo infeccioso por ciclo del cultivo que atacan.

Históricamente, según Kuhl y col. (2003), la ecuación de Gompertz ha sido la función de elección por excelencia para describir el crecimiento en pollos de engorde.

Lu y col. (2007) usaron el modelo Gompertz para describir el efecto de la temperatura de almacenamiento sobre el crecimiento de bacterias en lechugas frescas recién cortadas.

Buelvas (2013) reporta el ajuste al modelo logístico y Gompertz del crecimiento de *A. hydrophila* en diferentes concentraciones de sal.

### 3.2.2.5.- Modelo Von Bertalanffy

Bertalanffy (1957) estableció que el tamaño corporal de los animales estaba íntimamente relacionado con su tasa metabólica y, de acuerdo a sus postulados, dado que se podía hablar de distintos metabolismos, pues era de esperarse que existieran distintas manifestaciones o curvas de crecimiento para las distintas especies. Estas distintas curvas se podían ver reflejadas en una fórmula general, que el enunció de la siguiente manera:

$$\frac{dP}{dt} = \eta * P^m - \kappa * P^n$$

la tasa de cambio del peso corporal **P** con respecto al tiempo **t** está dada por la diferencia entre los procesos de “construcción” (anabolismo) y “destrucción” (catabolismo). **η** y **κ** son constantes de proporcionalidad de anabolismo y catabolismo, respectivamente. **m** y **n** son las potencias del peso corporal en las que se da la proporcionalidad antes mencionada. La solución de esta ecuación diferencial, Bertalanffy la obtuvo haciendo **n = 1**, con lo cual, según el autor, no se pierde la generalidad de la función y la solución se facilita.

$$(34) \quad P_{(t)} = \left\{ \frac{\eta}{\kappa} - \left[ \frac{\eta}{\kappa} - P_0^{(1-m)} \right] * e^{-(1-m)*\kappa*t} \right\}^{\frac{1}{1-m}}$$

donde **P<sub>0</sub>** es el peso corporal en el tiempo cero. La importancia de **m** radica en que, según Bertalanffy (1957), el peso corporal depende de los procesos anabólicos.

Rawlings y col. (1998) y Khamis y col. (2005) proporcionan una expresión abreviada para el modelo Von Bertalanffy:

$$(35) \quad P_{(t)} = \{K^{(1-m)} - \theta * e^{-\alpha * t}\}^{\frac{1}{1-m}}$$

Otras expresiones de este modelo, y relacionados, se muestran en el Cuadro 6.

Cuadro 6. Otras expresiones matemáticas para el modelo Von Bertalanffy.

Expresión Matemática	Referencia
(36) $P_{(t)} = K * [1 - e^{-\alpha * (t - t_i)}]^\theta$	* Schnute (1981) * Archontoulis y Miguez (2013)
(37) $P_{(t)} = K * (1 - \beta * e^{-\alpha * t})^3$	* Seber y Wild (2003) * Mansano y col. (2012)
(38) $P_{(t)} = K * \left[1 - \frac{1}{3} * e^{-\alpha * (t - t_m)}\right]^3$	* English y col. (2012) * Tjørve y Tjørve (2017) derivado del <b>modelo unificado Richards</b> forma $t_m$
(39) $P_{(t)} = \frac{K}{[1 + e^{-\alpha * \theta * (t - t_m)}]^\frac{1}{\theta}}$	Turner y col. (1976)
(40) $P_{(t)} = K * [1 - e^{-\alpha * \theta * (t - t_m)}]^\frac{1}{\theta}$	Shi y col. (2014) lo llamaron <b>modelo Von Bertalanffy generalizado</b>
(41) $P_{(t)} = K * [1 - e^{-\alpha * (t - t_m)}]$	* Ricker (1979) * Chiappa y col. (2009) * Shi y col. (2014)
(42) $P_{(t)} = K * \left[1 - e^{-\frac{3}{4} * \alpha * (t - t_m)}\right]^\frac{4}{3}$	Shi y col. (2014) denominado <b>modelo de crecimiento ontogenético</b>
(43) $P_{(t)} = K * \left\{1 - \left[1 - \left(\frac{P_0}{K}\right)^\frac{1}{3}\right] * e^{-\left(\frac{\alpha * t}{3 * K^\frac{1}{3}}\right)}\right\}^3$	* Tsoularis y Wallace (2002) llamado <b>modelo de crecimiento ontogenético</b> * Tjørve y Tjørve (2017) derivado del <b>modelo unificado Richards</b> forma $P_0$
(44) $P_{(t)} = K * \left\{1 - \left[1 - \left(\frac{P_0}{K}\right)^\frac{1}{4}\right] * e^{-\left(\frac{\alpha * t}{4 * K^\frac{1}{4}}\right)}\right\}^4$	Shi y col. (2016) llamado <b>modelo de crecimiento ontogenético</b>
(45) $P_{(t)} = K * [1 - \beta * e^{-\alpha * t * (1 - \gamma)}]^\frac{1}{1 - \gamma}$	Panik (2014)
(46) $P_{(t)} = [K^\theta - (K^\theta - P_0^\theta) * e^{-\gamma * t}]^\frac{1}{\theta}$	Kuhi y col. (2003)
(47) $P_{(t)} = P_0 + (K - P_0) * [1 - e^{-\gamma * t}]^\frac{1}{\theta}$	López y col. (2004)

Bertalanffy (1957) definió tres tipos metabólicos para la asignación de valores al exponente  $m$ :

Tipo I, donde  $m = 2/3$  y gráficas de apariencia sigmoide, da origen al llamado modelo de crecimiento de Bertalanffy usado en pesquería. Este modelo se probó con la especie de peces de acuario *Lebistes reticulatus* y posteriormente con otras especies de peces. El autor menciona que se puede usar para modelar el crecimiento de lamelibranquios y mamíferos.

Tipo II, donde  $m = 1$  y gráficas de apariencia exponencial, se probó en larvas de *Drosophila* y el autor recomienda su uso para los estados larvales de insectos y para especies de Ortópteros.

Tipo III, donde  $2/3 < m < 1$  y gráficas sigmoides, se probó en caracoles de la especie *Planorbis* spp. y recomendado en general para la familia Planorbidae.

Como un ejemplo de uso de este modelo, Shi y col. (2014) compararon el modelo Von Bertalanffy generalizado (40) con las ecuaciones 41, 42 y con el modelo logístico, al estudiar la dinámica poblacional de varias especies de peces, consiguiendo con él los mejores resultados en las especies: *Amatitlania nigrofasciata*, *Oreochromis niloticus* y *Tilapia zillii*.

### 3.2.2.6.- Modelo Richards

Richards (1959) amplió la cantidad de valores posibles para la constante  $m$  del modelo Von Bertalanffy, comparó con los modelos conocidos y extendió su uso al modelado del crecimiento de plantas; pues lo aplicó para ajustar el incremento en la longitud del hipocótilo de *Cucumis melo* en invernaderos. Este modelo es conocido como la **función de crecimiento flexible o modelo de Richards**.

$$\frac{dP}{dt} = \eta P^m - \kappa P$$

Si  $m = 1$ , se obtiene un modelo de crecimiento exponencial.

Si  $m = 0$ , se obtiene un modelo de crecimiento monomolecular.

Si  $m = 2$ , se obtiene un modelo de crecimiento logístico.

Si  $m \rightarrow 1$ , se obtiene un modelo de crecimiento Gompertz.

La integral de la ecuación de Richards, se presenta normalmente en la forma:

$$(48) \quad P^{1-m} = A^{1-m} - \beta e^{-\kappa t}$$

donde:  $A^{1-m} = \frac{\eta}{\kappa}$  ,  $\beta = \frac{\eta}{\kappa} - P_0^{1-m}$  ,  $k = (1 - m)\kappa$

Otra forma de expresar la función de Richards, que él propone para los valores de  $m$  cercanos a uno, es: (Richards, 1959; Birch, 1999)

$$(49) \quad P^{1-m} = A^{1-m}(1 - b e^{-kt}) \quad \text{si} \quad m < 1$$

$$(50) \quad P^{1-m} = A^{1-m}(1 + b e^{-kt}) \quad \text{si} \quad m > 1$$

donde:  $b = \beta A^{m-1}$

La expresión matemática del modelo Richards, puede tener ligeras variaciones dependiendo del autor y de las parametrizaciones que realice, ver Cuadro 7.

Revisemos algunos ejemplos del uso de este modelo:

Ricker (1979) reporta que el modelo de Richards fue usado con éxito en el modelado del crecimiento en peso de poblaciones de peces (guppies) en acuarios y el tamaño de las poblaciones de atunes (*Thunnus albacares*) en el océano Pacífico.

Birch (1999) acota que el modelo de Richards es el más popular entre una serie de modelos de tres parámetros que él denomina flexibles. Por ello señala que ha sido el preferido para estudiar el crecimiento de árboles, mamíferos en etapa juvenil, aves y hasta en comparaciones de efectos de tratamientos en el crecimiento de plantas.

Kuhi y col. (2003), estudiando el crecimiento de pollos, recomiendan el uso de la función de Richards, en lugar de la función de Gompertz (tradicionalmente usada en estos estudios). Según los autores, el ajuste es mejor en la primera.

Zhao-gang y Feng-ri (2003) usaron el modelo Chapman-Richards, en comparación con el modelo de Schnute, en la descripción del crecimiento de pinos coreanos al norte de China.

Khamis y col. (2005) usaron el modelo Chapman-Richards en sus estudios de crecimiento en palma aceitera, comparándolo con otros once modelos; resultando entre los mejores junto con los modelos logístico y Gompertz.

Castro y col (2008), lograron buen ajuste con este modelo para el crecimiento de *L. lactis* subsp. *lactis*, en leche de bufala y vaca.

Karadavut y col. (2010) consiguieron, con este modelo, la mejor opción para describir el crecimiento del peso vivo de pollos en el tiempo. También recomiendan, dados sus resultados, los modelos logístico y Gompertz.

Cuadro 7. Otras expresiones matemáticas para el modelo Richards.

Expresión Matemática	Referencia
(51) $P_{(t)} = K * (1 - \alpha * e^{-\gamma * t})^{\frac{1}{1-m}}$	* Fekedulegn y col. (1999) llamado <b>modelo Chapman Richards</b> * Zhao-gang y Feng-ri (2003) * Khamis y col. (2005)
(52) $P_{(t)} = K * (1 - e^{-\gamma * t})^c$	* Zeide (1993) lo llama <b>modelo Chapman Richards</b> * Schabenberger y Pierce (2002) * Dey y col. (2016) lo llaman <b>modelo exponencial exponenciado</b>
(53) $P_{(t)} = \frac{K}{[1 + (\frac{K}{P_0} - 1) * e^{-\gamma * \theta * t}]^{1/\theta}}$	Bolker (2007)
(54) $P_{(t)} = \frac{P_0 * K}{[P_0^\theta + (K^\theta - P_0^\theta) * e^{-\gamma * \theta * t}]^{1/\theta}}$	* López y col. (2000) * Tsoularis y Wallace (2002)
(55) $P_{(t)} = \frac{K}{[1 + \theta * e^{-\gamma * (t - t_m)}]^{1/\theta}}$	* Zwietering y col. (1990) * Castro y col. (2008) * Archontoulis y Miguez (2013)
(56) $P_{(t)} = \frac{K}{[1 + e^{-\gamma * \theta * (t - t_m)}]^{1/\theta}}$	Turner y col. (1976)
(57) $P_{(t)} = \frac{K}{[1 + \frac{1}{\theta} * e^{-\gamma * (t - t_m)}]^\theta}$	Schnute (1981)
(58) $P_{(t)} = K * [1 + \alpha * e^{-\gamma * t}]^{-1/\theta}$	Panik (2014)
(59) $P_{(t)} = K * [1 + e^{\alpha - \gamma * t}]^{-1/\theta}$	Karavadut y col. (2010)
(60) $P_{(t)} = L + \frac{K - L}{[1 + \theta * e^{-\gamma * (t - t_m)}]^{1/\theta}}$	* Rodríguez (2013) definido como <b>modelo Richards generalizado</b> * Verma y col. (2016)
(61) $P_{(t)} = K * \left\{ 1 + e^{\left[ -\frac{(\gamma * t + \beta)}{\alpha} \right]} \right\}^{-\alpha}$	Tjørve y Tjørve (2017)
(62) $P_{(t)} = \frac{K}{[1 + (m - 1) * e^{-\gamma * (t - t_m)}]^{1/(m - 1)}}$	* English y col. (2012) * Tjørve y Tjørve (2017)
(63) $P_{(t)} = K * \left\{ 1 + (m - 1) e^{\left[ \frac{-a * (t - t_m)}{m \left( \frac{m}{1-m} \right)} \right]} \right\}^{-1/(m - 1)}$	Tjørve y Tjørve (2017) <b>modelo unificado Richards forma t<sub>m</sub></b>
(64) $P_{(t)} = K \left\{ 1 + \left[ \left( \frac{P_0}{K} \right)^{(1-m)} - 1 \right] e^{\left[ \frac{-a * t}{m \left( \frac{m}{1-m} \right)} \right]} \right\}^{-\frac{1}{(m-1)}}$	Tjørve y Tjørve (2017) <b>modelo unificado Richards forma P<sub>0</sub></b>

### 3.2.2.7.- Modelo Theta-Logístico

Este modelo, según Turchin (2003), es una modificación del modelo logístico, y se obtiene al incorporar un parámetro adicional  $\theta$  que controla la forma de la gráfica. Barker y Sibly (2008) señalan que el modelo logístico presupone una relación lineal entre la tasa intrínseca de crecimiento y la densidad; la incorporación del parámetro  $\theta$  es dada la suposición de que esa relación es curva, por ello expresan el modelo theta-logístico como:

$$\frac{dP}{dt} = \alpha P \left[ 1 - \left( \frac{P}{K} \right)^\theta \right]$$

donde  $\alpha$  es la tasa intrínseca de crecimiento,  $\theta$  es una constante que tiene influencia en la forma de la gráfica y  $K$  es la capacidad de carga.

La integral de la ecuación de Richards, de acuerdo con Kozusko y Bourdeau (2011), se presenta normalmente en la forma:

$$(65) \quad P_{(t)} = \frac{K}{[1 + (K^\theta - 1) * e^{-\alpha * t}]^{\frac{1}{\theta}}}$$

En el Cuadro 8 se presentan algunas de las expresiones usadas para este modelo.

Cuadro 8. Expresiones matemáticas para el modelo Theta-Logístico.

Expresión Matemática	Referencia
(66) $P_{(t)} = \frac{K}{\left[ 1 + e^{-\left(\frac{\alpha + \beta * t}{\theta}\right)} \right]^\theta}$	Nelder (1961)
(67) $P_{(t)} = \frac{K}{[1 + \theta * e^{-\theta * \alpha * (t - t_m)}]^\frac{1}{\theta}}$	Li y Lou (2016)
(68) $P_{(t)} = \frac{K}{\left\{ 1 - \left[ 1 - \left( \frac{K}{P_0} \right)^\theta \right] * e^{-\alpha * \theta * t} \right\}^\frac{1}{\theta}}$	Eberhardt y col. (2008)

Li y Lou (2016) destacan su uso en el ajuste de datos de epidemias como el síndrome respiratorio agudo, en Hong Kong y Taiwán, o el dengue en Singapur, Taiwán y Cuba, o la gripe H1N1 en Cuba, específicamente en la ciudad de La Habana. Desde la última década, se ha utilizado ampliamente para ajustar datos epidémicos. A diferencia de los modelos con varios

compartimentos comúnmente utilizados para predecir la propagación de la enfermedad, el modelo theta-logístico (que los autores llaman Richards) sólo considera el tamaño de la población infecciosa acumulativa con saturación de crecimiento a medida que avanza el brote, causado por disminuciones en el contagio debido a intentos de evitar contactos (por ejemplo, el uso de máscaras en el caso de H1N1) e implementación de medidas de control.

### 3.2.2.8.- Modelo Weibull

Este modelo, según Weibull (1951), es una función de distribución de probabilidades que ajusta bien a datos de poblaciones biológicas. La expresión matemática del modelo Weibull, usada por Archontoulis y Miguez (2013), es:

$$(69) \quad P_{(t)} = K * (1 - e^{-\alpha * t^\beta})$$

donde  $\alpha$  y  $\beta$  son constantes y  $K$  es la capacidad de carga.

Cuadro 9. Otras expresiones matemáticas para el modelo Weibull.

Expresión Matemática	Referencia
(70) $P_{(t)} = K - \gamma * e^{-\alpha * t^\beta}$	* Fekedulegn y col. (1999) * Khamis y col. (2005) * Karadavut y col. (2010) * Panik (2014)
(71) $P_{(t)} = K * \left[1 - e^{\gamma * (1 - e^{(t)^\beta})}\right]$	Dey y col. (2016) definido como <b>modelo Weibull extendido</b>
(72) $P_{(t)} = K * \left[1 - e^{\gamma * (1 - e^{(t)^\beta})}^\theta\right]$	Dey y col. (2016) también llamado <b>modelo Chen</b>
(73) $P_{(t)} = K * \left[1 - e^{\alpha * \gamma * \left(1 - e^{\left(\frac{t}{\alpha}\right)^\beta}\right)}\right]$	Dey y col. (2016) extienden el anterior <b>modelo Chen exponenciado</b>
(74) $P_{(t)} = K * \left[1 - e^{-(\alpha * t)^\beta}\right]^\gamma$	* Nadarajah y col. (2013) lo llaman <b>modelo Weibull exponenciado</b> * Ahmad y col. (2016)
(75) $P_{(t)} = K * \left[\frac{1 - e^{-(\alpha * t)^\beta}}{1 - \gamma * e^{-(\alpha * t)^\beta}}\right]$	Barreto-Souza y col. (2011) <b>modelo Weibull geométrico</b>
(76) $P_{(t)} = K * \left(1 - e^{\left\{1 - [1 + (\alpha * t)^\beta]^{\frac{1}{\gamma}}\right\}}\right)$	Nadarajah y col. (2013) lo llaman <b>modelo Weibull potencia generalizado</b>
(77) $P_{(t)} = K * \left\{1 - \left[1 + \left(e^{(\alpha * t)^\beta} - 1\right)^\gamma\right]^{-1}\right\}$	Nadarajah y col. (2013) lo definen como <b>modelo odd Weibull</b>

Cuadro 9. Otras expresiones matemáticas para el modelo Weibull. (continuación)

Expresión Matemática	Referencia
(78) $P_{(t)} = K * (1 - e^{-\gamma * t - \alpha * t^\beta})$	Kotb y Raqab (2017) lo llaman <b>modelo Weibull modificado</b>
(79) $P_{(t)} = K * \left\{ 1 - \left[ 1 - \gamma * (\alpha * t)^\beta \right]^{\frac{1}{\gamma}} \right\}$	Nadarajah y col. (2013) lo llaman <b>modelo Weibull generalizado</b>
(80) $P_{(t)} = K * (1 - \gamma * e^{-\alpha * t^\beta})$	Panik (2014) lo denomina <b>modelo Janoscheck</b>
(81) $P_{(t)} = K * \left[ 1 - e^{-\left(\frac{t}{\alpha}\right)^\beta} \right]$	Montesinos (2011)
(82) $P_{(t)} = K - (K - P_0) * e^{-(\alpha * t)^\beta}$	* Seber y Wild (2003) * López y col. (2004)
(83) $P_{(t)} = K * \left[ 1 - e^{-(\alpha * t)^\beta} \right]$	Raqab y col. (2017)

Al revisar algunos usos de este modelo encontramos que:

Weibull (1951) aplicó su modelo en elasticidad de las fibras de algodón de la India, longitud de cyrtoideae (plancton), tallas para varones adultos nacidos en las islas británicas y anchura de los granos de caraotas.

Nadarajah y col. (2013) mencionan entre las aplicaciones del modelo Weibull Exponenciado al modelado de diámetro de árboles.

Ahmad y col. (2016) indican que se usa con bastante frecuencia al analizar los datos asimétricos de tiempos de vida. La distribución Weibull es una de las distribuciones más populares usadas para analizar datos de vida sesgados.

### 3.2.2.9.- Modelo Rayleigh

Este modelo, según Seo y Kim (2016), es adecuado para analizar la vida útil de los componentes que envejecen rápidamente en el tiempo debido a que su función de velocidad de falla es una función lineal creciente del tiempo. La expresión matemática del modelo Rayleigh es un caso particular del modelo Weibull:

$$(84) \quad P_{(t)} = K * \left( 1 - e^{-\frac{\left(\frac{t}{\alpha}\right)^2}{2}} \right)$$

En el Cuadro 10 se presentan otras parametrizaciones de este modelo.

Cuadro 10. Otras expresiones matemáticas para el modelo Rayleigh.

Expresión Matemática	Referencia
(85) $P_{(t)} = K * (1 - e^{-\alpha*(t-\beta)^2})$	Asgharzadeh y col. (2017)
(86) $P_{(t)} = K * \left\{ 1 - e^{\left[-\frac{(t-\beta)^2}{2*\alpha^2}\right]} \right\}$	Seo y Kim (2017)
(87) $P_{(t)} = K * (1 - e^{-(\alpha*t)^2})^\beta$	Ahmad y col. (2016) lo denominan <b>modelo Rayleigh generalizado</b>

Seo y Kim (2016) reportan trabajos en los que se analizaron un conjunto de datos reales que representan los valores de registro de los tiempos de supervivencia de pacientes con cáncer de pulmón. Los autores probaron el modelo sobre ese conjunto de datos, logrando buen ajuste de sus parámetros con varios métodos de estimación.

Asgharzadeh y col. (2017) usaron la distribución de Rayleigh para ajustar la duración, en años, del periodo de remisión de pacientes con leucemia, tratados con una droga.

#### 3.2.2.10.- Modelo Ricker

Ricker (1954) desarrolló este modelo a partir de sus estudios del comportamiento poblacional de diversas poblaciones de peces. Bolker (2007), señala que es un modelo común para el crecimiento de la población dependiendo de la densidad; cuando la fecundidad per cápita disminuye exponencialmente con la densidad.

$$\frac{dP}{dt} = a * (1 - b * t) * e^{-b*t}$$

Integrando, se obtiene la expresión matemática del modelo Ricker: (Myers, 2001, Panik, 2014)

$$(88) \quad P_{(t)} = a * t * e^{-b*t}$$

Se utiliza ampliamente, según Bolker (2007), como un modelo fenomenológico para variables ecológicas que comienzan en cero, aumentan a un pico y disminuyen gradualmente a cero.

### 3.2.3.- Modelos exponenciales

Para efectos de esta revisión, vamos a catalogar como modelos exponenciales a todos aquellos modelos que guardan relación con los modelos exponencial y monomolecular:

#### 3.2.3.1.- Modelo exponencial generalizado

Barreto-Souza y col. (2010) lo definen como un modelo con dos parámetros. Un parámetro de forma (c) y otro de escala (b):

$$(89) \quad P_{(t)} = K * (1 - e^{-b*t})^c$$

Mientras que Dey y col. (2016) lo llaman **modelo exponencial exponenciado**. Bidram y col. (2013), lo recomiendan en el campo de la fiabilidad, ingeniería, sistemas biológicos, entre otros.

### 3.2.3.2.- Modelo exponencial geométrico generalizado

Bidram y col. (2013) lo desarrollaron a partir de la combinación de la distribución exponencial generalizada con la distribución geométrica, y lo describen mediante la siguiente expresión:

$$(90) \quad P_{(t)} = K * (1 - a) * \left[ \frac{(1 - e^{-b*t})^c}{1 - a * (1 - e^{-b*t})^c} \right]$$

Dado que Bidram y col. (2013) lo generan a partir del Modelo Exponencial Generalizado, el modelo exponencial geométrico generalizado puede ser un candidato adecuado en el modelado de datos en diversos campos tales como la fiabilidad, los sistemas biológicos, la ingeniería, etc.

### 3.2.3.3.- Modelo exponencial inverso generalizado

Garg y col. (2016) presentan la expresión matemática del modelo:

$$(91) \quad P_{(t)} = K * \left[ 1 - \left( 1 - e^{-\frac{b}{t}} \right)^a \right]$$

En sus estudios con pacientes en remisión de Leucemia, los autores compararon este modelo con los modelos Exponencial, Gamma, Rayleigh y Weibull; obteniendo con él un mejor ajuste para los tiempos de remisión.

### 3.2.3.4.- Modelo exponencial lineal generalizado

Shakhatreh y col. (2016) describen el modelo según la ecuación:

$$(92) \quad P_{(t)} = K * \left[ 1 - e^{-\left(\frac{a*t^2}{2} + b*t\right)^c} \right]$$

Los autores señalan este modelo como apropiado para datos en forma de bañera (“bathtub shaped”), como las variables descritas en el modelo Ricker, que comienzan en cero, aumentan a un pico y disminuyen gradualmente a cero.

### 3.2.3.5.- Modelo exponencial Poisson

Barreto-Souza y Cribari-Neto (2009) parametrizan el modelo de la siguiente manera:

$$(93) \quad P_{(t)} = K * \left[ \frac{1 - e^{-a + a * e^{-b * t}}}{1 - e^{-a}} \right]$$

Los autores recomiendan el modelo para ajustar datos de vida útil y tiempos de falla. En sus trabajos, probaron las bondades del modelo exponencial Poisson y del modelo exponencial Poisson generalizado, ajustando datos de treinta años de precipitaciones del mes de marzo en las ciudades gemelas de Minneapolis y Saint Paul.

### 3.2.3.6.- Modelo exponencial Poisson generalizado

Barreto-Souza y Cribari-Neto (2009) desarrollaron este modelo a partir del anterior, incorporando un parámetro de forma  $c$ :

$$(94) \quad P_{(t)} = K * \left[ \frac{1 - e^{-a + a * e^{-b * t}}}{1 - e^{-a}} \right]^c$$

Dey y col. (2016) lo llaman **modelo exponencial Poisson exponenciado**. Barreto-Souza y Cribari-Neto (2009) aplicaron este modelo y lo compararon con los modelos exponencial Poisson y Weibull exponenciado, en el ajuste de datos de precipitación; consiguiendo buen comportamiento en los tres, con ligeras ventajas del modelo exponencial Poisson generalizado.

### 3.2.3.7.- Modelo geométrico exponenciado

Nadarajah y Bakar (2015) lo describen por medio de la ecuación:

$$(95) \quad P_{(t)} = K * [1 - (1 - a)^t]^b$$

donde  $0 < a < 1$  y  $b > 0$ .

### 3.2.3.8.- Modelo Korf o Lundquist-Korf o Weibull inverso

El modelo, según Zeide (1993), fue propuesto por Korf en 1939 en Checoslovaquia y ha sido redescubierto varias veces. Él, al igual que los investigadores subsiguientes, lo aplicaron para modelar el crecimiento en altura de los bosques con un éxito moderado. Esta ecuación es especialmente adecuada para la descripción del crecimiento del diámetro de un número fijo de árboles. Zeide et al. (1972), citados por Zeide (1993), encontraron que la tasa de crecimiento

relativo del diámetro es una potencia, más que una función exponencial de la edad y por integración llegó a la ecuación de Korf. Usando el crecimiento promedio de miles de análisis de tallo de diferentes especies de diferentes lugares, se demostró que la ecuación de Korf es sustancialmente más precisa que otra ecuación de crecimiento.

Panik (2014) describe la relación entre las variables según la siguiente ecuación diferencial:

$$\frac{dP}{dt} = \alpha * \beta * P * t^{-\beta-1}$$

Al resolver esa ecuación diferencial, se obtiene la ecuación del modelo:

$$(96) \quad P_{(t)} = K * e^{-\alpha * t^{-\beta}}$$

Archontoulis y Miguez (2013) señalan que las constantes  $\alpha$ ,  $\beta$  determinan el inicio del crecimiento y el punto de inflexión, respectivamente.

Shibu y col. (2006) usaron el modelo para ajustar la descomposición de la materia orgánica en el suelo, modelando el contenido de unidades de carbono orgánico en el tiempo, y lo expresan mediante la ecuación:

$$(97) \quad P_{(t)} = K * e^{-a * t^{1-b}}$$

Según Muhammed (2015) se puede aplicar fácilmente a una amplia gama de situaciones, incluyendo aplicaciones en medicina, ecología, fiabilidad y estudios de supervivencia.

### 3.2.3.9.- Modelo Mitscherlich

La ecuación de Mitscherlich se basa en la ley de los rendimientos mínimos de Liebig y describe la respuesta de un cultivo a un aumento en el factor que limita el crecimiento, siendo otros factores constantes, hasta alcanzar el rendimiento máximo posible. (Von Liebig, 1855 y Mitscherlich, 1909 y 1913 citados por Harmsen, 2000)

Fekedulegn y col. (1999) presentan el modelo a partir de un desarrollo usando logaritmo base  $b$ :

$$(98) \quad P_{(t)} = K - a * b^{-t}$$

Pimentel (1953) usó logaritmo base 10:

$$(99) \quad P_{(t)} = K * [1 - 10^{-a*(b+t)}]$$

y expresó el modelo en una forma equivalente

$$(100) \quad P_{(t)} = \alpha + \beta * \rho^t$$

donde  $\alpha = K$        $\beta = -K * 10^{-a*b}$        $\rho = 10^{-a}$

Seber y Wild (2003) llamaron a la ecuación de Pimentel, **modelo de regresión asintótica**.

Sonar y Babhulkar (2002) la expresaron como:

$$(101) \quad P_{(t)} = K * [1 - 10^{-a*t}]$$

Egghe y Rao (1992) describen la gráfica como cóncava hacia abajo con una asíntota horizontal en el valor **K**, llamándolo **modelo Ware**:

$$(102) \quad P_{(t)} = K * (1 - b^{-t})$$

Pimentel (1953) ajustó, mediante la ecuación de Mitscherlich, el rendimiento del cultivo de papa en función del Fósforo aplicado al suelo, en Tidewater, Carolina del Norte, durante los ciclos de 1945 y 1946. Mientras que Levin y Nitsan (1964) usaron esta ecuación para estimar los requerimientos de Nitrógeno, Fósforo y Potasio en tierras recuperadas en Baja Galilea, Israel, y Sonar y Babhulkar (2002) para estudiar los requerimientos de N, P y K del cultivo de trigo.

### 3.2.3.10.- Modelo polinomial exponencial

Tsoularis y Wallace (2002) desarrollan este modelo a partir de la ecuación de Gompertz Generalizada o Hyper-Gompertz de Turner y col. (1976), cuando el parámetro **a**  $\neq 1$ :

$$(103) \quad P_{(t)} = K * e^{-\left\{(a-1)*b*t + \left[\ln\left(\frac{K}{P_0}\right)\right]^{(1-a)}\right\}^{\frac{1}{1-a}}} = K * e^{a_0 + a_1*t + a_2*t^2 + \dots}$$

### 3.2.4.- Modelos sigmoides

Para efectos de esta revisión, vamos a catalogar como modelos sigmoides a todos aquellos modelos que guardan relación con los modelos Logístico, Gompertz, y Richards y/o que contienen semejanzas con ellos en su expresión matemática y gráfica:

#### 3.2.4.1.- Modelo Bass

Este modelo, según Guseo (2016), es un modelo logístico reparametrizado, de forma tal que su expresión matemática viene dada por:

$$(104) \quad P_{(t)} = K * \left[ \frac{1 - e^{-b*t}}{1 + e^{-b*(t-t_m)}} \right]$$

Bass (1969) desarrolló este modelo de crecimiento para la compra inicial de nuevos productos, y se basa en una suposición de que la probabilidad de compra en cualquier momento está relacionada linealmente con el número de compradores anteriores. El modelo implica un crecimiento exponencial de la compra inicial a un pico y luego a un decaimiento exponencial.

Bass y col. (1994) muestran la ecuación diferencial de la que se obtiene el modelo:

$$\frac{dP}{dt} = \alpha + (\beta - \alpha) * P - \beta * P^2$$

Guseo (2016) destaca que Bass sugirió que el éxito en la comercialización de un producto o servicio depende en gran medida de la contribución de dos tipos principales de consumidores: los innovadores directamente sensibles a las acciones de comunicación institucional, tales como campañas publicitarias e incentivos, e imitadores que básicamente ignoran este canal de información y prefieren apoyar sus decisiones de adoptar basadas en relaciones interpersonales.

#### 3.2.4.2.- Modelo bilogístico

Meyer (1994) justifica este modelo en la insostenibilidad del supuesto del modelo logístico, de que la capacidad de carga es constante. Según él, la capacidad de carga puede variar por razones tecnológicas, ambientales o simplemente por ampliación del nicho de una especie. Si la capacidad de carga de un sistema cambia durante un período de crecimiento logístico, un segundo período de crecimiento logístico con una capacidad de carga diferente puede superponerse al primer pulso de crecimiento. Por tanto, el crecimiento se puede modelar según:

$$(105) \quad P_{(t)} = \frac{K_1}{1 + e^{-b*(t - t_1)}} + \frac{K_2}{1 + e^{-b*(t - t_2)}}$$

donde  $t_1$  y  $t_2$  son los tiempos en que se alcanzan los punto de inflexión de la gráfica,  $b$  es la tasa de crecimiento y  $K_1$  y  $K_2$  son las capacidades de carga en las sigmoides.

Meyer y Ausubel (1999) proponen que el crecimiento logístico, dentro de una capacidad de carga dinámica que se eleva logísticamente, encaja mejor para ajustar y resumir el curso de la población humana. El modelo conserva gran parte de la elegancia de la logística, así como su forma familiar. Similarmente, Sheehy y col. (2004) lo usaron para modelar el crecimiento del cultivo de arroz, planteando una separación entre madurez vegetativa del cultivo, primera sigmoide, y desarrollo de la fructificación, segunda sigmoide.

### 3.2.4.3.- Modelo hiperlogístico

Este modelo, según Turner y col. (1976), es una curva sigmoide que ha sido usada en la descripción de la lisis de las células:

$$(106) \quad P_{(t)} = \frac{K}{1 + [1 + a * b * (t - t_m)]^{-\frac{1}{a}}}$$

### 3.2.4.4.- Modelo Johnson

Ricker (1979) dice que este modelo fue desarrollado independientemente por Johnson en 1935 y Schumacher en 1939, y que fue aplicado en la descripción del crecimiento de peces en 1962, llamándolo **función recíproca**. Es muy parecido al modelo Gompertz, pero el logaritmo en la ecuación diferencial está al cuadrado:

$$\frac{dP}{dt} = \alpha * P * \left[ \text{Ln}\left(\frac{K}{P}\right) \right]^2$$

La expresión matemática del modelo de crecimiento Johnson es:

$$(107) \quad P_{(t)} = K * e^{-\frac{1}{\beta * (t - t_0)}}$$

### 3.2.4.5.- Modelo log logístico

En circunstancias adecuadas, según Stone (1980), la curva logística puede convertirse en una sigmoide positivamente asimétrica, reemplazando **t** por su logaritmo. La log-logística, como él la llamó, se expresa:

$$(108) \quad P_{(t)} = \frac{K}{1 + a * e^{-b * \text{Ln}(t)}}$$

Panik (2014) señala que el modelo se puede generar de la siguiente ecuación diferencial:

$$\frac{dP}{dt} = \frac{a * b * P^2}{K * t * e^{b * \text{Ln}(t)}}$$

En el Cuadro 11 se presentan otras expresiones de este modelo.

Khamis y col. (2005) usaron este modelo en sus estudios de crecimiento en palma aceitera (*Elaeis guineensis* Jacq.), comparándolo con otros once modelos; resultando entre los mejores junto con los modelos logístico, Gompertz, Chapman-Richards y MMF.

Cuadro 11. Otras expresiones matemáticas para el modelo loglogístico.

Expresión Matemática	Referencia
(109) $P_{(t)} = L + \frac{K - L}{1 + a * e^{-b * \ln(t)}}$	Schabenberger y Pierce (2002)
(110) $P_{(t)} = \frac{K}{1 + \left(\frac{t}{a}\right)^b}$	Ritz y Streibig (2009)
(111) $P_{(t)} = K * \left[ 1 - \frac{1}{1 + e^{\frac{\ln(t) - \ln(c)}{d}}} \right]$	Raqab y col. (2017)

### 3.2.4.6.- Modelo logaritmo recíproco

Panik (2014) describe la relación entre las variables según la siguiente ecuación diferencial:

$$\frac{dP}{dt} = \frac{b * P}{t^2}$$

Al resolver esa ecuación diferencial, se obtiene la ecuación del modelo:

$$(112) \quad P_{(t)} = e^{(a - \frac{b}{t})}$$

Stone (1980) propone dos expresiones equivalentes:

$$(113) \quad P_{(t)} = e^{[a - \frac{b}{(t - c)}]} = A * e^{-\frac{1}{B * (t - c)}}$$

### 3.2.4.7.- Modelo logístico desplazado

Este modelo, según Peleg y Corradini (2011), es una modificación del modelo logístico que toma en consideración periodos de letargo en el crecimiento:

$$(114) \quad P_{(t)} = K * \left[ \frac{1}{1 + e^{-b * (t_m - t)}} - \frac{1}{1 + e^{-b * t_m}} \right]$$

donde  $t_m$  es el tiempo en que se alcanza el punto de inflexión de la gráfica,  $b$  es una constante y  $K$  es la capacidad de carga.

### 3.2.4.8.- Modelo logístico generalizado

Este modelo, según Turner y col. (1969) se genera cuando se considera que, en el modelo theta logístico, la capacidad de carga no es constante, sino que es una función del tiempo con comportamiento, a su vez, theta logístico. Sea  $K$  la máxima capacidad de carga posible,  $k$  la

capacidad de carga prevista en la ecuación theta logística, y  $\alpha$ ,  $\beta$  las tasas específicas de crecimiento de la población y de la capacidad de carga, respectivamente:

$$(115) \quad P_{(t)} = \frac{k}{\left\{1 + \left[\left(\frac{k}{P_0}\right)^\theta - 1\right] * e^{-\alpha * \theta * t}\right\}^{\frac{1}{\theta}}} \quad \text{con} \quad k_{(t)} = \frac{K}{\{1 + \gamma * e^{-\beta * \theta * t}\}^{\frac{1}{\theta}}}$$

Al combinar estas funciones, Turner y col. (1969) definen el **modelo logístico generalizado**:

$$(116) \quad P_{(t)} = K * \left\{1 + \left[\left(\frac{K}{P_0}\right)^\theta - 1 - \frac{\gamma * \alpha}{\alpha - \beta}\right] * e^{-\alpha * \theta * t} + \frac{\gamma * \alpha}{\alpha - \beta} * e^{-\beta * \theta * t}\right\}^{\frac{1}{\theta}}$$

Para probar su modelo, los autores modelaron la población de los Estados Unidos de América desde 1790 hasta 1960, con muy buenos resultados.

#### 3.2.4.9.- Modelo logístico medio exponenciado

Este modelo, según Gui (2015), puede utilizarse de forma bastante efectiva en el modelado de datos de vida útil y es bastante similar a la familia de dos parámetros de distribuciones tales como la distribución gamma; aunque tiene una gran ventaja sobre esta última, ya que su distribución acumulativa tiene una forma cerrada. La expresión matemática del modelo es:

$$(117) \quad P_{(t)} = K * \left(\frac{1 - e^{-b * t}}{1 + e^{-b * t}}\right)^a$$

donde  $a$  es un parámetro de forma y  $b$  un parámetro de escala.

#### 3.2.4.10.- Modelo Schnute

El modelo, según Schnute (1981), desarrollado y usado en la descripción del crecimiento de peces, está motivado por un principio biológico conciso, y los cuatro parámetros en el modelo casi siempre tienen estimaciones estadísticas estables. Además, ellos tienen interpretaciones biológicas razonables.

La expresión genérica del modelo es: (Schnute, 1981, Khamis y col., 2005)

$$(118) \quad P_{(t)} = (\alpha + \beta * e^{\gamma * t})^\theta$$

Rodríguez (2013) define:  $\alpha$  valor referencial de la población al inicio del crecimiento,  $\beta$  constante de desplazamiento de la población,  $\gamma$  tasa intrínseca de crecimiento poblacional,  $\theta$  pendiente.

### 3.2.4.11.- Modelo Sloboda

Panik (2014) lo describe como un modelo similar al de Gompertz; pero con un parámetro adicional con respecto a este. La ecuación del modelo es la siguiente:

$$(119) \quad P_{(t)} = K * e^{-\alpha * e^{-\gamma * t^\beta}}$$

### 3.2.4.12.- Modelo Stannard

Este modelo, según Castro y col. (2008), tiene una gráfica sigmoide con cuatro parámetros, de los cuales solo **K** y **b** tienen significado biológico claro, Capacidad de carga y tasa de crecimiento (pendiente de la gráfica), respectivamente. La expresión matemática es:

$$(120) \quad P_{(t)} = K * \left[ 1 + e^{-\left(\frac{c + b * t}{a}\right)} \right]^{-a}$$

Stone (1980) lo llama **modelo logístico exponenciado** y señala que el parámetro **a** es la razón entre la tasa intrínseca de crecimiento y la tasa al final, cuando tiende a estabilizarse la población. Este parámetro determina la forma de la gráfica. Rodríguez (2013) define al parámetro **c** como un valor de desplazamiento del crecimiento.

Zwietering y col. (1990) describieron el crecimiento, a varias temperaturas de siembra, de *Lactobacillus plantarum* y otras bacterias de los géneros: *Candida*, *Pseudomonas*, *Enterobacter*, *Salmonella*, *Staphylococcus* y *Listeria*.

Castro y col (2008), lograron buen ajuste con este modelo para el crecimiento de *Lactococcus lactis* subsp. *lactis*, en leche de bufala y vaca, aunque no resultó el mejor de los modelos que ellos estudiaron.

### 3.2.5.- Modelos desarrollados a partir de funciones de distribución

En los últimos años, según Afify y col. (2016), varias aplicaciones de ingeniería, medio ambiente, finanzas, ciencias biomédicas, entre otras áreas, han indicado que los conjuntos de datos que siguen a las distribuciones clásicas son más a menudo la excepción que la realidad. Dado que existe una clara necesidad de distribuciones ampliadas, se ha logrado un progreso significativo hacia la generalización de algunas distribuciones bien conocidas y sus aplicaciones exitosas a los problemas en estas áreas.

### 3.2.5.1.- Modelo Frechet

La distribución de Frechet es una de las distribuciones más importantes en la teoría de valores extremos y tiene aplicaciones de modelado muy variadas, por ejemplo: poblaciones humanas, emisiones radioactivas, análisis de inundaciones y sismos, carreras de caballos, precipitaciones máximas diarias, colas en supermercados, velocidades del viento y olas del mar. (Afify y col., 2016, Malathi y Muthulakshmi, 2016)

El modelo de crecimiento poblacional, viene dado por:

$$(121) \quad P_{(t)} = K * e^{-\left(\frac{b}{t}\right)^a}$$

donde **a** y **b** son positivos. El primero es un parámetro de escala; mientras que el segundo es un parámetro de forma de la gráfica. (Afify y col., 2016)

### 3.2.5.2.- Modelo exponencial Frechet

Afify y col. (2016) señalan que este modelo es una generalización del **modelo exponencial inverso generalizado**, cuando **c = 1**. La ecuación que lo describe:

$$(122) \quad P_{(t)} = K * \left[ 1 - \left( 1 - e^{-\left(\frac{b}{t}\right)^c} \right)^a \right]$$

Gündüz y Genç (2016) definen los parámetros **a** y **c** como parámetros de forma; mientras que **b** es un parámetro de escala.

### 3.2.5.3.- Modelo Kumaraswamy Frechet

Afify y col. (2016) describe:

$$(123) \quad P_{(t)} = K * \left( 1 - e^{-d * \left(\frac{b}{t}\right)^c} \right)^a$$

### 3.2.5.4.- Modelo Weibull Frechet

Afify y col. (2016) la proponen como una generalización de la distribución Frechet. El modelo de crecimiento viene dado por:

$$(124) \quad P_{(t)} = K * \left[ 1 - e^{-d * \left( e^{-\left(\frac{b}{t}\right)^a} - 1 \right)^{-c}} \right]$$

Afify y col. (2016) en sus estudios probaron dos grupos de datos: el primero representaban observaciones de la tensión de rotura de las fibras de carbono, y el segundo correspondía a las resistencias de las fibras de vidrio de 1,5 cm, obtenidas originalmente por los trabajadores del Laboratorio Físico Nacional del Reino Unido. Con esos datos se comportó mejor el ajuste de este modelo que otros siete modelos que ellos estudiaron; sin embargo, declaran que el modelo propuesto puede tener aplicaciones más amplias en áreas tales como datos de ingeniería, supervivencia y vida útil, meteorología, hidrología, economía (desigualdad de ingresos) y otros.

### 3.2.5.5.- Modelo Lindley

La distribución de Lindley fue introducida por Lindley (1958), partiendo de la relación entre la distribución fiduciaria de Fisher y la distribución posterior bayesiana, para analizar datos de tiempo de falla con tasas de riesgo crecientes, decrecientes, unimodales y en forma acampanada. Según Dey y col. (2017), la distribución de Lindley pertenece a una familia exponencial y puede escribirse como una mezcla de distribuciones exponenciales y gamma; por ello, bajo ciertas circunstancias, es una posible alternativa a las distribuciones exponenciales y de Weibull.

Ghitany y col. (2008) describen el modelo como:

$$(125) \quad P_{(t)} = K * \left[ 1 - \left( \frac{1 + a + a * t}{1 + a} \right) * e^{-a * t} \right]$$

Se utiliza particularmente, según Bhati y Malik (2016), en modelaje de datos biológicos provenientes de estudios de mortalidad. Mientras que Maiti y Mukherjee (2017) lo refieren para describir la vida útil de un proceso o dispositivo, y puede ser utilizado en una amplia variedad de campos, incluyendo biología, ingeniería y medicina.

### 3.2.5.6.- Modelo Lindley extendido

La extensión de la distribución de Lindley, desarrollada por Bakouch y col. (2012), representa una alternativa más flexible que su antecesora, en el tratamiento de datos con ciertos patrones, como es por ejemplo usando datos de tiempos de reincidencia posterior a la liberación de la cárcel de un conjunto de presidiarios en USA, obtuvieron mejores resultados con su propuesta que con las distribuciones de Lindley, Weibull y Pareto. El modelo obtenido a partir de esta distribución viene dado por:

$$(126) \quad P_{(t)} = K * \left[ 1 - \left( \frac{1 + a + a * t}{1 + a} \right)^b * e^{-(a * t)^c} \right]$$

### 3.2.5.7.- Modelo Lindley generalizado

Benkhelifa (2017) describe el modelo según la ecuación dada a continuación:

$$(127) \quad P_{(t)} = K * \left[ 1 - \left( \frac{1 + a + a * t}{1 + a} \right) * e^{-a * t} \right]^b$$

El autor lo aplicó, entre otros modelos estudiados por Bhati y Malik (2016), en sus trabajos con datos de tiempos de remisión de un conjunto de pacientes con cáncer de vejiga.

### 3.2.5.8.- Modelo Lindley potencia

Alizadeh y col. (2016) y Dey y col. (2017) describen este modelo como:

$$(128) \quad P_{(t)} = K * \left[ 1 - \left( \frac{1 + a + a * t^b}{1 + a} \right) * e^{-a * t^b} \right]$$

En sus estudios, Alizadeh y col. (2016) usaron este modelo para ajustar los tiempos de sobrevivencia de cerdos infectados con tuberculosis. Mientras Bhati y Malik (2016) lo aplicaron, entre otros modelos, en sus trabajos con datos de tiempos de remisión de un conjunto de pacientes con cáncer de vejiga.

### 3.2.5.9.- Modelo Lindley potencia exponenciada

Alizadeh y col. (2017) describe:

$$(129) \quad P_{(t)} = K * \left[ 1 - \left( \frac{1 + a + a * t^b}{1 + a} \right) * e^{-a * t^b} \right]^c$$

Los autores lo usaron para ajustar datos de concentración de plasma en estudios pediátricos.

### 3.2.5.10.- Modelo Pareto

Kim y col. (2017) señalan que también se conoce como la distribución de Pareto Tipo I, nombrada por Vilfredo Pareto quien estudió la distribución del ingreso de una población. En este sentido, Shafiei y col. (2016) señalan que el estudio de la distribución del ingreso tiene una larga historia, el modelo de probabilidad de la distribución del ingreso comenzó con el trabajo del economista italiano Vilfredo Pareto en 1897; quien describió un principio que establece que para muchos eventos; aproximadamente el 80% de los efectos provienen del 20% de las causas. La observación original estaba relacionada con las riquezas de la población. Pareto notó que el 80% de la tierra de Italia era propiedad de un 20% de la población. Realizó varias encuestas en otros

países y encontró una distribución similar. Esto se conoce hoy en día como la ley de Pareto.

Gunasekera (2015) describe el modelo Pareto mediante la ecuación:

$$(130) \quad P_{(t)} = K * \left[ 1 - \left( \frac{t}{a} \right)^{-b} \right]$$

donde **a** es un parámetro de escala y **b** un parámetro de forma. (  $0 < a < t < \infty$  ;  $b > 0$  )

Los parámetros, según Kim y col. (2017), representan: **a** algún ingreso mínimo, y **b** la forma (índice de cola) que determina el espesor o tamaño de la cola de la distribución.

Shafiei y col. (2016) lo describe con la ecuación:

$$(131) \quad P_{(t)} = K * \left[ 1 - \left( \frac{a}{t} \right)^{\frac{1}{b}} \right]$$

La importancia de esta distribución, según Shafiei y col. (2016), reside en su aplicación a muchos estudios socioeconómicos. A menudo se utiliza como un modelo para los ingresos, el tamaño de la población de la ciudad, las fluctuaciones del precio de las acciones y otros fenómenos similares; y se utiliza muy ampliamente, según Kim y col. (2017), en aplicaciones económicas, ingenieriles y estudios ambientales; así como en manejo de riesgo financiero y en la teoría de valores extremos.

### 3.2.5.11.- Modelo Pareto exponenciado

Stoppa (1990), citado por Tahir y col. (2014), agrega un parámetro de forma al modelo Pareto y construye el llamado modelo Pareto exponenciado, También llamado **modelo Stoppa**:

$$(132) \quad P_{(t)} = K * \left[ 1 - \left( \frac{t}{a} \right)^{-b} \right]^c$$

Tahir y col. (2014), compararon el ajuste de varios modelos derivados del modelo Pareto, a dos grupos de datos: primero, excedentes para los años 1958-1984 de los picos de inundación (en  $m^3s^{-1}$ ) del río Wheaton en el Territorio del Yukón, Canadá; segundo, tiempos de remisión (en meses) de una muestra aleatoria de 128 pacientes con cáncer de vejiga. En ambos casos, el modelo Pareto exponenciado resultó tener un comportamiento aceptable; pero fue superado por otros tres modelos.

### 3.2.5.12.- Modelo Pareto exponencial II

Yari y Tondpour (2016) lo describen como un modelo de cinco parámetros:

$$(133) \quad P_{(t)} = K * \left[ 1 - e^{-a * \left(1 + \frac{t-b}{c}\right)^d} \right]$$

donde: **a** y **b** son parámetros de forma, **c** y **d** son parámetros de escala,

$$\mathbf{a, c, d > 0, \quad b \in \mathfrak{R}, \quad t > b - c}$$

El modelo exponencial de Pareto II, según Yari y Tondpour (2016), puede utilizarse con bastante eficacia al analizar muchos datos de tiempos de vida. El modelo puede tener tasas de fallo decrecientes, constantes y crecientes dependiendo del parámetro de forma **d**. En sus estudios, aplicaron el modelo para ajustar datos de tiempos de remisión, en meses, de pacientes de cáncer de vejiga.

### 3.2.5.13.- Modelo Pareto generalizado

Chen y col. (2016) presenta la distribución con dos ecuaciones, separadas en función de los valores del parámetro de forma **b**:

$$(134) \quad P_{(t)} = \begin{cases} K * \left[ 1 - \left( 1 - \frac{b * t}{a} \right)^{\frac{1}{b}} \right] & \text{si } b \neq 0 \\ K * \left[ 1 - e^{-\left(\frac{t}{a}\right)} \right] & \text{si } b = 0 \end{cases}$$

Según los autores, es un modelo popular para valores extremos sobre un umbral, por ello se aplica ampliamente en las ciencias ambientales, series de tiempo financiero, la industria de seguros y la ingeniería hidráulica.

### 3.2.5.14.- Modelo Kumaraswamy Pareto

Bourguignon y col. (2013), citados por Tahir y col. (2014), construyeron el llamado modelo Kumaraswamy Pareto, basado en la distribución desarrollada por Cordeiro y de Castro (2011) citados por Tahir y col. (2014):

$$(135) \quad P_{(t)} = K - K * \left\{ 1 - \left[ 1 - \left( \frac{t}{a} \right)^{-b} \right]^c \right\}^d$$

Los mismos autores compararon el ajuste de varios modelos derivados del modelo Pareto, a dos grupos de datos: primero, excedentes para los años 1958-1984 de los picos de inundación (en  $\text{m}^3\text{s}^{-1}$ ) del río Wheaton en el Territorio del Yukón, Canadá; segundo, tiempos de remisión (en meses) de una muestra aleatoria de 128 pacientes con cáncer de vejiga. En ambos casos, el modelo Kumaraswamy Pareto tuvo un buen comportamiento.

### 3.2.5.15.- Modelo Weibull Pareto

Tahir y col. (2014) describen este modelo mediante la ecuación:

$$(136) \quad P_{(t)} = K * \left\{ 1 - e^{-\left[\left(\frac{t}{a}\right)^b - 1\right]^c} \right\}$$

Compararon el ajuste de varios modelos derivados del modelo Pareto, como son los modelos Kumaraswamy Pareto, Weibull Pareto y otros, para un estudio de tiempos de remisión (en meses) de una muestra aleatoria de 128 pacientes con cáncer de vejiga, en el cual el modelo Weibull Pareto resultó el de mejor comportamiento.

### 3.2.6.- Modelos de potencias

Gupta y col. (1999) describen los modelos de potencias como la función:

$$(137) \quad P_{(t)} = \alpha + \beta t^\gamma$$

donde  $\alpha, \beta, \gamma > 0$ . De acuerdo al valor de  $\gamma$ , la gráfica tiene una determinada forma; es decir, si  $0 < \gamma < 1$ , la gráfica es cóncava hacia abajo, como la del modelo monomolecular pero sin límite de crecimiento. Si  $\gamma = 1$ , la gráfica es una línea recta. Si  $\gamma > 1$ , la gráfica es cóncava hacia arriba, como la gráfica del modelo exponencial pero de pendiente más suave. (Egghe y Rao, 1992; Gupta y col., 1999)

Algunos usos de este modelo son presentados por: Ricker (1979) quien ajustó el peso de los peces en función de la longitud. Su modelo de potencia consideraba el origen como intercepto ( $\alpha = 0$ ). Mientras que Egghe y Rao (1992) ajustaron con este modelo datos bibliométricos de bases de datos en línea de Sci-Tech. En todos los casos,  $\gamma > 1$ .

Evidentemente, el segundo término de la expresión dada por Gupta y col. (1999), no necesariamente es un monomio, es posible que sea una suma de términos, de acuerdo al grado mayor de la relación. La forma más usual y conocida de los modelos de potencia, son los

modelos polinomiales, que Bolker (2007) define como una función de la forma:

$$(138) \quad P_{(t)} = \sum_{i=0}^n a_i t^i$$

Dependiendo del grado del polinomio, se tiene el modelo y la cantidad de parámetros. Ejemplo:

#### 3.2.6.1.- Modelo lineal

$$(139) \quad P_{(t)} = P_0 + a * t$$

donde  $P_0$  es el intercepto (valor de  $P$  cuando  $t = 0$ ) y  $a$  es la pendiente de la recta.

#### 3.2.6.2.- Modelo cuadrático

$$(140) \quad P_{(t)} = P_0 + a * t + b * t^2$$

#### 3.2.6.3.- Modelo cúbico

$$(141) \quad P_{(t)} = P_0 + a * t + b * t^2 + c * t^3$$

#### 3.2.6.4.- Modelo cuarto grado

$$(142) \quad P_{(t)} = P_0 + a * t + b * t^2 + c * t^3 + d * t^4$$

Según Bolker (2007), los polinomios son fáciles de entender y de reducir a funciones más simples. Su desventaja es que no son fáciles de explicar biológicamente y, en ocasiones llevan a absurdos, como poblaciones tendiendo a cero o a valores negativos. A veces, los polinomios lineales y cuadráticos realmente tienen sentido en entornos ecológicos. Por ejemplo, una población o recurso que se acumula a una tasa constante desde fuera del sistema crecerá linealmente con el tiempo. Las velocidades de los procesos ecológicos o fisiológicos, por ejemplo el costo metabólico o la disponibilidad de recursos, que dependen de la superficie de la piel o del área de la boca de un organismo serán una función cuadrática de su tamaño, como longitud o altura del hocico hasta el respiradero.

Vega y col. (2000) ajustaron datos de crecimiento de granos de maíz, girasol y soya mediante el modelo lineal, con intercepto cero y con intercepto distinto de cero.

Díaz y col. (2008) usaron polinomios de segundo grado para ajustar el crecimiento de bacterias *Lactobacillus bulgaricus*, *L. acidophilus* y *S. thermophilus*, solas y en conjunto, en la producción de ácido láctico en leche fermentada. Todos los polinomios tenían sus tres términos.

### 3.2.7.- Modelos racionales

Bolker (2007) describe los modelos racionales como razones de funciones polinomiales:

$$(143) \quad P_{(t)} = \frac{\sum_{i=0}^n a_i * t^i}{\sum_{j=0}^n a_j * t^j}$$

Dependiendo del grado de cada polinomio, se tiene el modelo, por ejemplo: (**a**, **b**, **c**, **d** son constantes, **K** es la capacidad de carga, **t<sub>k</sub>** tiempo en el que la curva se hace asintótica a **K**, **t<sub>i</sub>** tiempo para el que se alcanza el punto de inflexión de la gráfica)

#### 3.2.7.1.- Modelo asimétrico

$$(144) \quad P_{(t)} = K * \left[ 1 - \frac{1}{1 + \left(\frac{t}{a}\right)^b} \right]$$

Dantigny y col. (2011) lo desarrollaron para modelar la germinación de hongos, basado en el llamado tiempo de germinación. En el caso del desarrollo **P** significaba el % de germinación en un tiempo **t**, **K** era la germinación máxima, **a** era el tiempo de germinación y **b** era un parámetro de escala. Lo probaron en hongos de varios géneros: *Aspergillus*, *Fusarium*, *Giberella*, *Mucor*, *Penicillium*, y en todos se comportó mejor que el modelo logístico; aunque no en todas superó al modelo Gompertz, algunas veces resultó mejor este y en otras se comportaron de forma similar.

#### 3.2.7.2.- Modelo beta

$$(145) \quad P_{(t)} = K * \left( 1 + \frac{t_k - t}{t_k - t_i} \right) * \left( \frac{t}{t_k} \right)^{\left( \frac{t_k}{t_k - t_i} \right)}$$

donde **t<sub>i</sub>** es el tiempo en el cual se alcanza la máxima tasa de crecimiento y **t<sub>k</sub>** es el tiempo en que se llega al final del crecimiento (Panik, 2014). Yin y col. (2003) extienden el modelo, agregando condiciones iniciales:

$$(146) \quad P_{(t)} = P_0 + (K - P_0) * \left( 1 + \frac{t_k - t}{t_k - t_i} \right) * \left( \frac{t - t_0}{t_k - t_0} \right)^{\left( \frac{t_k - t_0}{t_k - t_i} \right)}$$

Archontoulis y Miguez (2013) lo usaron para ajustar el rendimiento de maíz y sorgo, en términos de biomasa cosechada, y Shi y col. (2016), lo usaron en sus estudios de comparación de varios modelos, en el ajuste del crecimiento del peso seco de plantas de las especies: *Phaseolus vulgaris*, *Vigna angularis*, *V. radiata*, *Gossypium* spp., *Sorghum bicolor* y *Zea mays*.

### 3.2.7.3.- Modelo Blumberg O Hossfeld

$$(147) \quad P_{(t)} = \frac{a * t^c}{b + t^c}$$

Tsoularis y Wallace (2002) dicen que este modelo se puede representar por la forma hiperbólica

$$(148) \quad P_{(t)} = \frac{K * (t + a)^c}{b + (t + a)^c}$$

cuya gráfica es una sigmoide, y que fue generado por Blumberg a partir de una modificación de la ecuación de Verhulst. Rodríguez (2013) define las constantes como: **a** tiempo en que inicia el crecimiento, **b** población al inicio del crecimiento, **c** pendiente de la gráfica.

Panik (2014) lo llama **modelo Yosida I**, y lo escribe como:

$$(149) \quad P_{(t)} = K * (1 + b * t^{-c})^{-1}$$

### 3.2.7.4.- Modelo función racional

$$(150) \quad P_{(t)} = \frac{a * t^c}{1 + b * t^d}$$

Bril y col. (1994) citados por Archontoulis y Miguez (2013), la usaron para modelar el efecto de la temperatura sobre el proceso de mineralización del nitrógeno en el suelo.

### 3.2.7.5.- Modelo función racional cuadrática

$$(151) \quad P_{(t)} = \frac{P_0 + a * t}{1 + b * t + c * t^2}$$

Bindya y col. (2010), la usaron para modelar el promedio semanal de huevos en gallinas ponedoras durante un ciclo de producción, de la semana 19 a la 52, por dos generaciones. La selección de este modelo se realizó posteriormente a comparar su ajuste contra otros seis modelos, resultando el de mejor comportamiento según los criterios de validación aplicados.

### 3.2.7.6.- Modelo hiperbólico

$$(152) \quad P_{(t)} = \frac{a}{b + t}$$

que puede usarse, por ejemplo, para ajustar la producción de semillas **P** en función de la densidad de las plantas **t**. (Bolker, 2007)

### 3.2.7.7.- Modelo hiperbólico modificado

$$(153) \quad P_{(t)} = \frac{a * t}{1 + b * t}$$

También conocido como **modelo Beverton Holt** que puede usarse, por ejemplo, para ajustar el rendimiento en grano de maíz, soya o girasol **P** en función de la biomasa de los brotes de las plantas **t**. (Vega y col, 2000)

Ogle (2013), aplicando el modelo Beverton Holt a pesquería, señala que este modelo expresa una relación dependiente de la densidad, ya que el número de peces a cosechar (recruits) por pez reproductor (spawner) es una función decreciente del número de reproductores. **a** es proporcional a la fecundidad, y su valor es la pendiente del modelo cerca de **t = 0** (**a** es independiente de la densidad). **b** es proporcional a la fecundidad y a la mortalidad (**b** depende de la densidad).

### 3.2.7.8.- Modelo hiperbólico rectangular

$$(154) \quad P_{(t)} = \frac{P_0 * b + K * t}{b + t}$$

Desarrollado por López y col. (2000) a partir de un modelo previamente desarrollado por ellos y que denominaron **modelo de Michaelis–Menten generalizado**. Es una simplificación del mencionado desarrollo, asumiendo que el parámetro **c** es igual a uno, en la ecuación 162.

### 3.2.7.9.- Modelo Holling tipo III

$$(155) \quad P_{(t)} = \frac{a * t^2}{b^2 + t^2}$$

según Bolker (2007), usado en dinámica depredador-presa.

### 3.2.7.10.- Modelo Holling tipo IV

$$(156) \quad P_{(t)} = \frac{a * t^2}{b + c * t + t^2}$$

Archontoulis y Miguez (2013), señalan que **a** representa el máximo crecimiento posible; mientras que **b** y **c** tienen que ver con la forma de la gráfica. Según Turchin (2003), es usado en dinámica depredador-presa.

### 3.2.7.11.- Modelo Levakovic

$$(157) \quad P_{(t)} = \frac{K * t^c}{(b + t^c)^d}$$

Archontoulis y Miguez (2013), señalan que los parámetros **b** y **d** determinan el inicio del crecimiento y el punto de inflexión de la gráfica; mientras que **c** controla la forma de la gráfica. Tsoularis y Wallace (2002), presentan el modelo en la forma:

$$(158) \quad P_{(t)} = a * \left( \frac{t^c}{b + t^c} \right)^d$$

Zeide (1993) llama a esta forma, **modelo Levakovic I**, del que genera el **modelo Levakovic III**

$$(159) \quad P_{(t)} = a * \left( \frac{t^2}{b + t^2} \right)^d$$

3.2.7.12.- Modelo de Michaelis-Menten

$$(160) \quad P_{(t)} = \frac{a * t}{b + t}$$

Introducido en el contexto de la cinética enzimática, se conoce como **modelo de Holling tipo II**, en dinámica depredador-presa y como **modelo Beverton-Holt** en pesquería. (Bolker, 2007)

Myers (2001), presenta el modelo en la forma:

$$(161) \quad P_{(t)} = \frac{a * t}{1 + \frac{t}{b}}$$

3.2.7.13.- Modelo Michaelis-Menten generalizado

$$(162) \quad P_{(t)} = \frac{P_0 * b^c + K * t^c}{b^c + t^c}$$

Desarrollado por López y col. (2000) para ajustar el crecimiento de peces, aves y mamíferos. Kuhl y col. (2003) lo denominan **modelo López** y lo usaron para modelar el comportamiento del peso vivo de varias razas pollos en el transcurrir del tiempo de vida de los mismos. López y col. (2004) lo llamaron **modelo Morgan**. Panik (2014) lo llama **función de crecimiento de Michaelis-Menten generalizada**.

3.2.7.14.- Modelo Morgan-Mercer-Flodin (MMF)

$$(163) \quad P_{(t)} = \frac{K * b + a * t^c}{b + t^c}$$

Khamis y col. (2005) usaron este modelo en sus estudios de crecimiento en palma aceitera, comparándolo con otros once modelos; resultando entre los mejores junto con los modelos

logístico, Gompertz y Chapman-Richards. Mientras que Karadavut y col. (2010) lo usaron en sus estudios de descripción del crecimiento de las hojas de maíz, comparándolo con otros 5 modelos de crecimiento.

### 3.2.8.- Modelos de fases

#### 3.2.8.1.- Modelo Monod

Monod (1949), define una serie de fases en las que divide el crecimiento de cultivos bacterianos, en relación con las variaciones de la tasa de crecimiento:

Fase 1.- Letargo: tasa de crecimiento nula.

Fase 2.- Aceleración: tasa de crecimiento en aumento.

Fase 3.- Exponencial: tasa de crecimiento constante.

Fase 4.- Retardo: tasa de crecimiento en descenso.

Fase 5.- Estacionaria: tasa de crecimiento nula.

Fase 6.- Declinación: tasa de crecimiento disminuyendo.

En la Figura 7, se observa la gráfica original de Monod (1949), en las que el autor señala claramente las fases mencionadas antes.

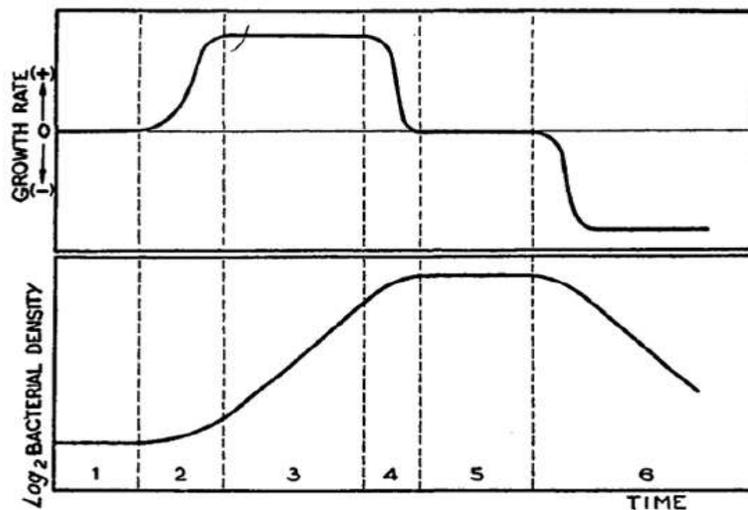


Figura 7.- Fases de crecimiento bacteriano, según Monod (1949)

Trejos y col. (2008) indican que la ecuación de Monod está originalmente basada en el concepto de una única velocidad enzimática limitante con control de crecimiento de acuerdo con la cinética de Michaelis-Menten. Por su parte Castro y col. (2008), reducen el modelo a 4 fases, las fases 1, 3, 5 y 6 de Monod, y mencionan que las importantes son las primeras tres, las de comportamiento

sigmoide; ya que en estas es que los microorganismos ejercen acciones nocivas. Mientras que Lobry y col. (1992) señalan que la diferencia del modelo de Monod con los modelos clásicos es la introducción del concepto de nutriente limitante. Un nutriente se dice que es limitante cuando existe una relación causal entre su agotamiento y el final del crecimiento. El modelo se expresa:

$$\frac{dP}{dt} = \alpha * P * \left( \frac{s}{K + s} \right) = P * v$$

donde **P** es la población o concentración microbiana, **t** es el tiempo,  **$\alpha$**  es la máxima tasa de crecimiento específica, **K** es la concentración de nutriente (sustrato) que soporta la tasa máxima de crecimiento específico y **s** es la concentración del nutriente (sustrato) limitante.

**v** corresponde a la ecuación de Michaelis-Menten,  $v = \alpha * \left( \frac{s}{K + s} \right)$  la cual representa la velocidad de reacción en la cinética enzimática. Esta ecuación es comúnmente usada para describir fenómenos de saturación en procesos biológicos, farmacológicos, químicos y médicos. Diversos autores han desarrollado modelos de fases que simulen la llamada cinética de Monod, según Holmberg (1982), el primero en usarla en la descripción del crecimiento de microorganismos fue Monod. Chiam y Harris (1982) usaron el modelo para estudiar el crecimiento de *P. putida* en presencia de compuestos fenólicos y la posible aplicación en la degradación biológica de aguas servidas con altos contenidos de dichos compuestos.

Lobry y col. (1992) acotan que el modelo está descrito por una hipérbola rectangular entre dos extremos, tasa de crecimiento nula, cuando no hay sustrato, y tasa máxima (tiende a un límite superior) en exceso de sustrato.

#### 3.2.8.2.- Modelo de 4 fases

Muñoz-López y col. (2015) indican que para la descripción del crecimiento microbiano en áreas tan diversas como la contaminación de los alimentos y la industria farmacéutica, a veces es conveniente diferenciar cuatro fases, que son: letargo, crecimiento, estacionaria, decaimiento.

Para el modelado de las cuatro fases, Peleg y col. (2009), citados por Muñoz-López y col. (2015), han propuesto un modelo multiplicativo que consiste en el producto de dos funciones exponenciales, una con tasa de crecimiento positiva y otra con tasa de crecimiento negativa.

$$(164) \quad P_{(t)} = P_0 * e^{\left(\frac{t}{t_{cg}}\right)^{m_1}} * e^{-\left(\frac{t}{t_{cd}}\right)^{m_2}}$$

donde los parámetros  $t_{cg}$  y  $t_{cd}$  representan los tiempos característicos para el crecimiento y el decrecimiento, respectivamente y los exponentes  $m_1$  y  $m_2$  caracterizan la naturaleza del crecimiento exponencial y el decrecimiento.

Al establecer  $m_1 = \beta$ ,  $m_2 = b$ ,  $\alpha = \left(\frac{1}{t_{cg}}\right)^{m_1}$  y  $a = \left(\frac{1}{t_{cd}}\right)^{m_2}$ , el modelo toma la forma:

$$(165) \quad P_{(t)} = P_0 * e^{\alpha * t^\beta} * e^{-a * t^b}$$

que modela un crecimiento inicial (teniendo  $\alpha > a$ ) que es finalmente dominado por el decrecimiento (teniendo  $b > \beta$ ).

La importancia de este modelo, según Muñoz-López y col. (2015), es que constituye la solución de una ecuación diferencial ordinaria no autónoma que es capaz de trazar las cuatro fases. Por lo tanto, evita las deficiencias asociadas con los modelos que son las soluciones de la ecuación diferencial ordinaria autónoma, como el de Verhulst, ya que sus soluciones sólo pueden modelar las fases primera, segunda y tercera, pero no la cuarta. Estos autores usaron este modelo para describir la dinámica de *Fusarium oxysporum* creciendo en varias condiciones y sustratos.

### 3.2.8.3.- Modelo Baranyi-Roberts

Este modelo, según Baranyi y Roberts (1994), describe la población de acuerdo al estado fisiológico de la célula bacteriana, su potencial de crecimiento y la condición ambiental. Las fases de crecimiento de la población, según Grijspeerdt y Vanrolleghem (1999), se expresan por:

$$\ln[P_{(t)}] = \ln[P_0] + b * t + \frac{1}{b} * \ln[e^{-v*t} - e^{-v*t-h_0} + e^{-h_0}] - \frac{1}{m} \ln \left[ 1 + \frac{e^{m*b*t + \frac{1}{b} * \ln[e^{-v*t} - e^{-v*t-h_0} + e^{-h_0}] - 1}}{e^{m*(K-P_0)}} \right]$$

donde  $b$  es la máxima tasa de crecimiento,  $v$  tiene que ver con la forma de la gráfica en la transición hacia la fase exponencial,  $m$  tiene que ver con la forma de la gráfica en la transición desde la fase exponencial,  $h_0$  es una constante adimensional que cuantifica el estado fisiológico.

Se puede abreviar la expresión anterior transformando  $h_0$  en  $b*t_i$  y asumiendo, como Baranyi (1997) citado por Grijspeerdt y Vanrolleghem (1999), que  $v = b$  y que  $m = 1$ .

$$(166) \quad P_{(t)} = K * e^{b*t} * \left[ \frac{e^{-b*t} - e^{-b*(t+t_i)} + e^{-b*t_i}}{\frac{K}{P_0} + e^{b*(t+t_i)} + e^{b*t_i}} \right]$$

Estos autores usaron el modelo Baranyi Roberts para describir el crecimiento de *Salmonella*

*enteriditis* sobre yema de huevo a 30 °C. Li y col. (2016) lo usaron para ajustar el crecimiento de *Salmonella* spp. en productos de huevos líquidos bajo condiciones cambiantes de temperaturas de almacenamiento.

Rodríguez (2003), seleccionó y aplicó el modelo Baranyi Roberts para describir el crecimiento de *Leuconostoc mesenteroides* en productos cárnicos cocidos envasados al vacío, con el fin de estimar la vida comercial de este tipo de productos. En el mismo orden de ideas, Cayré y col. (2007), probando varios modelos primarios, consiguieron con este modelo la mejor descripción de la curva de crecimiento de bacterias lácticas y *Brochothrix thermosphacta* sobre emulsiones cárnicas cocidas.

Correia y col. (2016) lo usaron para ajustar el crecimiento de *Lactobacillus viridescens* bajo condiciones cambiantes de temperaturas y tiempos.

#### 3.2.8.4.- Modelo combinado logístico-Fermi

Peleg (1996), desarrolló un modelo basado en el aumento y disminución de la tasa de crecimiento, combinando el modelo logístico, hasta que se alcanza el máximo crecimiento de la tasa específica de crecimiento, con la función de Fermi; la cual es una imagen especular de la logística. Las fases de crecimiento de la población, según Peleg (1996), se expresan por:

$$(167) \quad P(t) = K * \left[ \frac{1 + e^{a*(t - t_s)}}{1 + e^{b*(t_i - t)}} \right]$$

donde **b** es la tasa específica de crecimiento, **t<sub>i</sub>** tiempo en que se alcanza la mitad del valor de la capacidad de carga, **a** es la tasa de declinamiento o letalidad específica, **t<sub>s</sub>** tiempo en que se alcanza la mitad del valor de la supervivencia.

Peleg (1996), usó el modelo combinado para describir el crecimiento de bacterias de los géneros *Catharantis* y *Clostridium* a diferentes condiciones de temperatura y pH.

#### 3.2.8.5.- Modelo crecimiento bifásico

Alós y col. (2010), citados por English y col. (2012) desarrollaron un modelo de dos fases, con comportamiento monomolecular cada una, diferenciadas en un punto temporal **t<sub>1</sub>** en el cual la tasa intrínseca de crecimiento cambia (**α** a **β**):

$$(168) \quad P_{(t)} = \begin{cases} K * [1 - e^{-\alpha*(t - t_m)}] & \text{si } t < t_1 \\ K * [1 - e^{-\alpha*(t_1 - t_m) - \beta*(t - t_1)}] & \text{si } t \geq t_1 \end{cases}$$

### 3.2.8.6.- Modelo crecimiento de plantas

Shi y col. (2016) describen el crecimiento de las plantas mediante un modelo de dos fases:

Fase de crecimiento, donde la población crece exponencialmente hasta alcanzar su tope **K**, en el tiempo **t<sub>k</sub>**, la tasa intrínseca de crecimiento es constante **α**.

Fase estacionaria, donde la tasa intrínseca de crecimiento es cero y la población tiende a estabilizarse en su valor máximo **K**.

$$(169) \quad P_{(t)} = \begin{cases} P_0 * e^{\alpha*t} & \text{si } t < t_k \\ K & \text{si } t \geq t_k \end{cases}$$

Shi y col. (2016), lo usaron en sus estudios de comparación de varios modelos, en el ajuste del crecimiento del peso seco de plantas de las especies: *P. vulgaris*, *V. angularis*, *V. radiata*, *Gossypium* spp, *S. bicolor* y *Z. mays*.

### 3.2.8.7.- Modelo crecimiento microbiano o de tres fases de Buchanan

Buchanan y col. (1997) describen las tres fases del modelo, a saber, Fase de adaptación (lag phase): inicialmente la población se mantiene casi constante por un tiempo **t<sub>r</sub>**, se asume que las células no se replican, ya que ellas se están adaptando a su nuevo medio, la tasa intrínseca de crecimiento es cero; Fase de crecimiento (exponential growth phase): la población crece exponencialmente hasta alcanzar su tope **K**, en el tiempo **t<sub>k</sub>**, la tasa intrínseca de crecimiento es constante **α**; y Fase estacionaria (stationary phase): la tasa intrínseca de crecimiento es cero y la población tiende a estabilizarse en su valor máximo **K**.

$$(170) \quad P_{(t)} = \begin{cases} P_0 & \text{si } t \leq t_r \\ P_0 * e^{\alpha*(t - t_r)} & \text{si } t_r < t < t_k \\ K & \text{si } t \geq t_k \end{cases}$$

Wang y Buchanan (2016) lo denominan **modelo lineal de tres fases** y presentan las tres fases del modelo en términos de logaritmos:

$$(171) \quad \text{Ln}[P_{(t)}] = \begin{cases} \text{Ln}(P_0) & \text{si } t \leq t_r \\ \text{Ln}(P_0) + \alpha * (t - t_r) & \text{si } t_r < t < t_k \\ \text{Ln}(K) & \text{si } t \geq t_k \end{cases}$$

De las aplicaciones relevantes, Rodríguez (2003) señala que este modelo proporciona un método matemático para el ajuste de curvas de crecimiento que se aproxima a la manera en que los microbiólogos tradicionalmente han estimado gráficamente los parámetros cinéticos de crecimiento. Buchanan y col. (1997) explicaron e interpretaron biológicamente cada una de las fases del modelo, aplicándolo en el desarrollo de cultivos de *E. coli* en diversas condiciones. Por su parte, Mishra y col. (2017) usaron el modelo lineal de tres fases en sus estudios de crecimiento y persistencia de *Salmonella enterica* y *L. monocytogenes* en variedades de lechuga a diferentes temperaturas de almacenamiento.

#### 3.2.8.8.- Modelo expolineal

Desarrollado por Goudriaan y Monteith (1990) para explicar el crecimiento del follaje en relación con la radiación interceptada.

Archontoulis y Miguez (2013), describen las fases del crecimiento a través de la ecuación:

$$(172) \quad P_{(t)} = \left(\frac{a}{b}\right) * \text{Ln}[1 + e^{-b*(t-t_i)}]$$

donde **a** es la tasa máxima de crecimiento en la fase lineal o de adaptación, **b** es la tasa máxima de crecimiento en la fase exponencial y **t<sub>i</sub>** es el tiempo en que finaliza el crecimiento exponencial e inicia el crecimiento lineal. Goudriaan y Monteith (1990) usaron el modelo para describir el crecimiento vegetativo, materia seca, de sorgo, frijoles y palma aceitera. Por su parte, Dennett e Ishag (1998) usaron este modelo para ajustar el crecimiento de frijoles, guisantes y lentejas a tres densidades de siembra.

#### 3.2.8.9.- Modelo expolineal simétrico

Desarrollado por Goudriaan (1994), a partir del modelo expolineal, incorporando un valor tope para la radiación interceptada calculado a partir de la llamada función de Beer.

Archontoulis y Miguez (2013), describen las fases del crecimiento a través de la ecuación:

$$(173) \quad P_{(t)} = \left(\frac{a}{b}\right) * \text{Ln} \left[ \frac{1 + e^{-b*(t-t_i)}}{1 + e^{-b*(t-t_i-\frac{K}{a})}} \right]$$

donde **K** es la capacidad de carga o crecimiento máximo posible de la población, **a** es la tasa máxima de crecimiento en la fase lineal o de adaptación, **b** es la tasa máxima de crecimiento en la fase exponencial y **t<sub>i</sub>** es el tiempo en que inicia el crecimiento exponencial. Se utiliza, según Goudriaan (1994), como un complemento del modelo expolineal, que permite refinar el ajuste; aunque sacrificando un poco de simplicidad del modelo.

### 3.2.8.10.- Modelo France

López y col. (2004) lo describen como un modelo de dos fases, diferenciadas en un punto temporal **t<sub>1</sub>** que es la duración de la fase de adaptación (“lag phase”):

$$(174) \quad P_{(t)} = \begin{cases} P_0 & \text{si } t < t_1 \\ K - (K - P_0) * e^{[-\alpha*(t-t_1) + \beta*(\sqrt{t} - \sqrt{t_1})]} & \text{si } t \geq t_1 \end{cases}$$

### 3.2.8.11.- Modelo Huang

Este modelo, según Huang (2013), fue desarrollado por Huang entre 2008 y 2010 para describir el crecimiento bacteriano en los alimentos. Se basó en las observaciones fundamentales del proceso clásico de crecimiento bacteriano, que presenta las tres diferentes fases de crecimiento: letargo; exponencial y estacionaria. El modelo utiliza una función de transición para simular el proceso de adaptación bacteriana y definir la fase de letargo de una curva de crecimiento, permitiendo que el modelo transite suavemente desde la fase de letargo a la fase exponencial. Las fases de crecimiento de la población, según Huang (2013), se expresan por:

$$(175) \quad \text{Ln}[P_{(t)}] = \text{Ln}[P_0] + \text{Ln}[K] - \text{Ln}[e^{P_0} + (e^K - e^{P_0})e^{-b*\beta(t)}]$$

$$\text{con} \quad \beta_{(t)} = t + \frac{1}{\alpha} * \text{Ln} \left[ \frac{1 + e^{-\alpha*(t-\lambda)}}{1 + e^{\alpha*\lambda}} \right]$$

donde **b** es la máxima tasa de crecimiento, **β<sub>(t)</sub>** es la función de transición desde la fase de letargo hacia la fase exponencial, **α** es el coeficiente de transición desde la fase de letargo a la fase exponencial, **λ** es el tiempo de duración de la fase de letargo.

Luo y col. (2017) usaron el valor **α = 25** en sus estudios sobre el crecimiento de *Clostridium*

*perfringers* en arroz cocido a diferentes temperaturas. Ellos usaron cuatro modelos: Baranyi-Roberts, Gompertz, logístico y Huang; y con todos ellos lograron buen ajuste a los datos.

Huang (2010), citado por Huang (2013), usó este modelo para describir el desarrollo de *E. coli* al colonizar un sustrato. Huang (2016) lo usó para ajustar el crecimiento de *S. enteritidis* en ensalada de papas a varias temperaturas de almacenamiento.

### 3.2.8.12.- Modelo logístico extendido Juška-Gedminienė-Ivanec

Juška y col. (2006), desarrollaron un modelo de fases de crecimiento a partir del modelo logístico, incorporando la proporción de la población en letargo y en crecimiento. El modelo se expresa por:

$$(176) \quad P(t) = \frac{P_0 * e^{b * t + \frac{(1-G)*b * e^{-\beta * t}}{\beta}}}{e^{\frac{(1-G)*b}{\beta}} + \frac{P_0}{K} * \left[ e^{b * t + \frac{(1-G)*b * e^{-\beta * t}}{\beta}} - e^{\frac{(1-G)*b}{\beta}} \right]}$$

donde **b** es la tasa de crecimiento específico, **G** es la proporción de la población que está en crecimiento activo, **β** es el coeficiente o tasa de transición de fase de crecimiento. Los autores desarrollaron el modelo describiendo el crecimiento de *Escherichia coli* en laboratorio.

### 3.2.8.13.- Modelo logístico extendido Wolf-Venus

Wolf y Venus (1992), desarrollaron un modelo de fases de crecimiento a partir del modelo logístico, incorporando el tiempo de duración de la fase de letargo. El modelo se expresa por:

$$(177) \quad P(t) = \frac{K}{1 + \left( \frac{K}{P_0} - 1 \right) * e^{-b * \left\{ t + t_i * \left[ e^{-\left( \frac{t}{t_i} \right)} - 1 \right] \right\}}}$$

donde **b** es la tasa de crecimiento específico, **t<sub>i</sub>** es la duración de la fase de letargo.

En este trabajo, los autores desarrollaron y probaron el modelo describiendo el crecimiento de dos especies de algas rojas, con ella y con el modelo logístico. La comparación arrojó un mejor ajuste del modelo extendido, dado la mejor descripción de la fase de letargo.

### 3.2.9.- Modelos generales

Las funciones de crecimiento pueden agruparse, según Kuhi y col. (2003), en tres categorías: (1) aquellas que sólo representan un comportamiento de regresión decreciente, por ejemplo,

monomolecular, exponencial, (2) aquellas que describen un comportamiento sigmoide con un punto fijo de inflexión, por ejemplo, Gompertz, logística, y (3) aquellas que, abarcando el comportamiento sigmoide, tienen un punto de inflexión variable o “flexible”, por ejemplo, Von Bertalanffy, Richards. Las funciones flexibles son modelos generalizados que abarcan modelos más simples para valores particulares de un parámetro adicional.

Llamamos modelos generales a aquellos modelos que generan dos o más de los modelos previamente revisados, de acuerdo a combinaciones de cantidad y valores de los parámetros de dichos modelos. Los mencionados modelos flexibles, aunque corresponden a modelos generales, no los incluimos; pues ya se revisaron en apartados previos.

### 3.2.9.1.- Modelo genérico de crecimiento Tsoularis-Wallace

Tsoularis y Wallace (2002) presentan un modelo genérico de crecimiento, de cinco parámetros, que se obtiene a partir de la ecuación diferencial:

$$\frac{dP}{dt} = \alpha * P^{1+\beta*(1-\gamma)} * \left[ 1 - \left( \frac{P}{K} \right)^\beta \right]^\gamma$$

donde  $\beta, \gamma$  son positivos y  $\gamma < 1 + 1/\beta$ . La solución es el modelo genérico de crecimiento:

$$(178) \quad P(t) = \frac{K}{\left\{ 1 + \left\{ (\gamma - 1) * \alpha * \beta * K^{\beta*(1-\gamma)*t} + \left[ \left( \frac{K}{P_0} \right)^\beta - 1 \right]^{1-\gamma} \right\}^{\frac{1}{1-\gamma}} \right\}^{\frac{1}{\beta}}}$$

Tsoularis y Wallace (2002) señalan que la gráfica de esta curva genérica es una sigmoide y la usan como generadora de los modelos clásicos a partir de los valores de los parámetros que permiten igualar las coordenadas de los puntos de inflexión.

### 3.2.9.2.- Modelo integral de Schnute

Schnute (1981) presenta un modelo integral que incluye cuatro casos especiales, de acuerdo a rangos de valores posibles de los parámetros, de los que se generan un conjunto de submodelos que corresponden simplemente a limitar los valores de los parámetros.

**Caso 1:  $a \neq 0$  y  $b \neq 0$**

$$(179) \quad P(t) = \left\{ P_1^b + (P_2^b - P_1^b) * \left[ \frac{1 - e^{-a*(t - \tau_1)}}{1 - e^{-a*(\tau_2 - \tau_1)}} \right] \right\}^{\frac{1}{b}}$$

**Caso 2:**  $a \neq 0$  y  $b = 0$

$$(180) \quad P_{(t)} = P_1 * e^{\left\{ \left[ \ln\left(\frac{P_2}{P_1}\right) \right] * \left[ \frac{1 - e^{-a*(t - \tau_1)}}{1 - e^{-a*(\tau_2 - \tau_1)}} \right] \right\}}$$

**Caso 3:**  $a = 0$  y  $b \neq 0$

$$(181) \quad P_{(t)} = \left\{ P_1^b + (P_2^b - P_1^b) * \left[ \frac{t - \tau_1}{\tau_2 - \tau_1} \right] \right\}^{\frac{1}{b}}$$

**Caso 4:**  $a = 0$  y  $b = 0$

$$(182) \quad P_{(t)} = P_1 * e^{\left\{ \left[ \ln\left(\frac{P_2}{P_1}\right) \right] * \left[ \frac{t - \tau_1}{\tau_2 - \tau_1} \right] \right\}}$$

Asumiendo que  $P_2 > P_1 > 0$  y que  $\tau_2 > \tau_1$  podemos obtener las ecuaciones de modelos como:

$a > 0$	$b > 0$	von Bertalanffy	$a > 0$	$b = 1$	Pütter N° 1
$a > 0$	$b = 1/3$	Pütter N° 2	$a > 0$	$b = 0$	Gompertz
$a > 0$	$b < 0$	Richards	$a > 0$	$b = -1$	Logístico
$a = 0$	$b > 1$	Lineal	$a = 0$	$b = 1/2$	Cuadrático
$a = 0$	$b = 0$	n-ésima Potencia	$a < 0$	$b = 1$	Exponencial

Dentro de las aplicaciones de este modelo encontramos a: Zwietering y col. (1990) que describieron el crecimiento, a varias temperaturas de siembra, de *L. plantarum* y otras bacterias de los géneros: *Candida*, *Pseudomonas*, *Enterobacter*, *Salmonella*, *Staphylococcus* y *Listeria*; y Zhao-gang y Feng-ri (2003) quienes usaron el modelo de Schnute, en comparación con el modelo Chapman-Richards, en la descripción del crecimiento de pinos al norte de China.

### 3.2.9.3.- Teoría generalizada de crecimiento Turner-Bradley-Kirk-Pruitt

Turner y col. (1976) presentan una teoría generalizada del crecimiento basada en tres postulados. Primero: la tasa de crecimiento es conjuntamente proporcional a una función monótonica de la distancia generalizada desde el origen hasta el tamaño actual ("capacidad reproductora") y a una función monótonica de la distancia generalizada desde el tamaño actual hasta el tamaño final ("factor limitante"), segundo: se restringe la función monótonica a las funciones de potencias (o "acción de masas"), y tercero: se limita el modelo a un conjunto matemáticamente manejable que, sin embargo, es suficientemente general para incluir los casos de crecimiento Malthusiano,

Gompertz, Logístico y Bertalanffy-Richards. El caso más general, de los planteados por Turner y col. (1976), lo denominaron **modelo de crecimiento genérico**, que se obtiene a partir de la ecuación diferencial:

$$\frac{dP}{dt} = \frac{\beta}{K^\theta} * P^{1+\theta*\alpha} * [K^\theta - P^\theta]^{1+\alpha}$$

donde  $\beta$ ,  $\alpha$ ,  $\theta$ ,  $\gamma$  son constantes. La solución es el modelo genérico de crecimiento:

$$(183) \quad P_{(t)} = \frac{K}{\left\{1 + [1 + \alpha * \beta * \theta * (t - \gamma)]^{-\frac{1}{\alpha}}\right\}^{\frac{1}{\theta}}}$$

Los autores muestran, en la Figura 8, las interrelaciones entre los modelos de crecimiento, dados los valores apropiados en el modelo genérico:

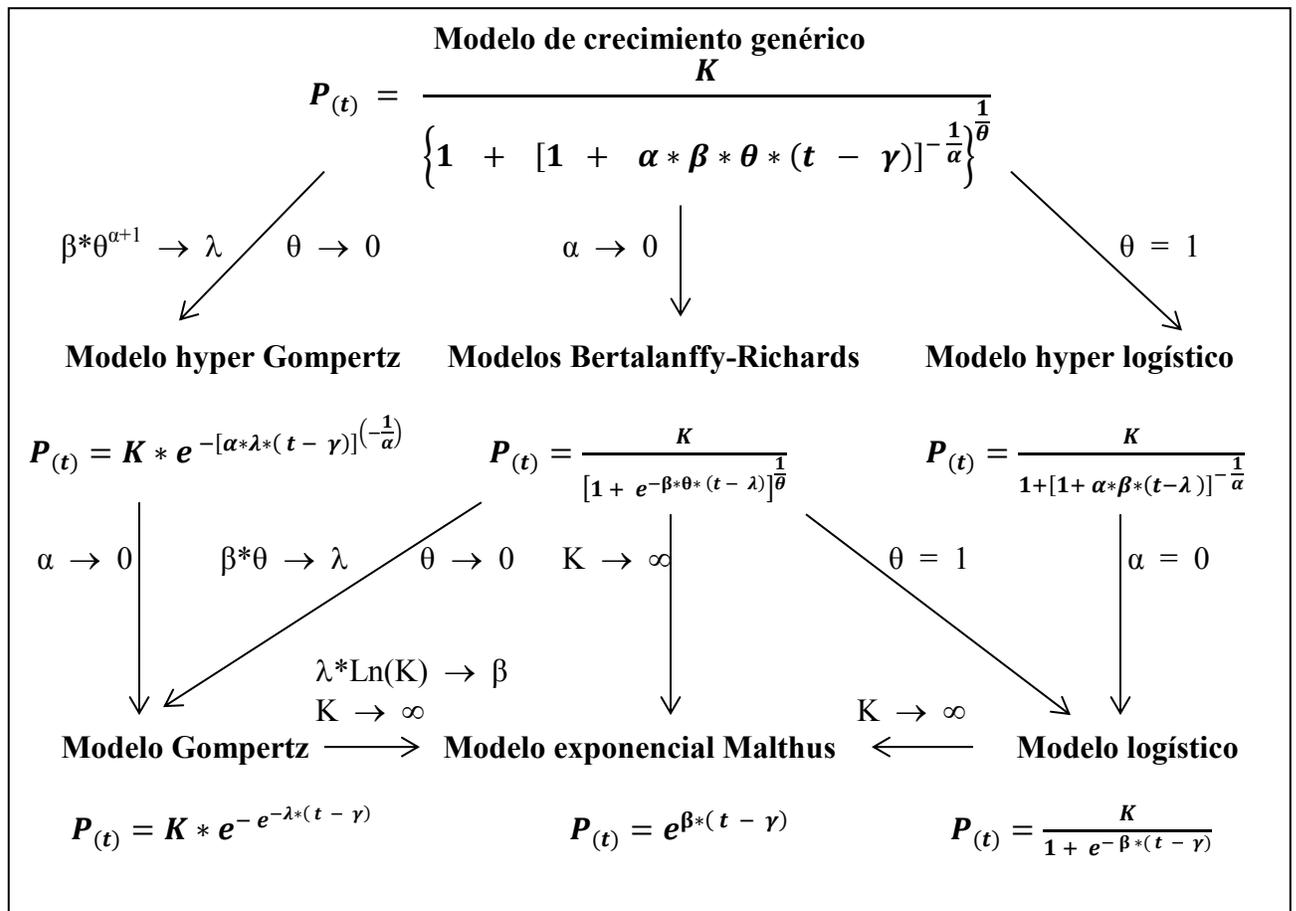


Figura 8.- Modelos a partir del modelo de crecimiento genérico, según Turner y col. (1976)

En su investigación Turner y col. (1976) usaron el modelo genérico de cinco parámetros, para describir el crecimiento de machos de ratas blancas, y lo compararon con cada una de las curvas generadas a partir de él, demostrando el mejor ajuste de dicho modelo genérico.

### **3.3.- Selección de modelos**

No existen, de acuerdo con Castro y col. (2008), bases claras para la selección de cual modelo utilizar o para decir cuál es el ideal para casos particulares. Algunos de los principios que han sido mencionados anteriormente, deben cumplir dichos modelos y que permiten de algún modo establecer criterios de selección son: (a) parsimonia (simplicidad); (b) parametrización: deben usarse parámetros con las mejores propiedades de estimación; (c) rango de aplicabilidad: el modelo debe poder ajustar todos los datos observados; (d) especificación estocástica: el error también debe ser modelado; (e) interpretabilidad: se prefieren parámetros con interpretación física. De estos principios, Zwietering y col. (1990) consideran fundamentales y hacen énfasis en la parsimonia e interpretabilidad de los parámetros.

La evaluación del modelo, suscriben Bellocchi y col. (2010), es un paso fundamental en el proceso de modelado porque indica si la implementación de los cálculos involucrados reproduce el modelo conceptual del sistema a simular (fiabilidad del modelo) y el nivel de precisión del modelo en la reproducción del sistema real (utilidad del modelo).

Mitchell (1997) señala que para efectuar validación, los modeladores recurren a procedimientos simples, a su alcance, incluyendo gráficos de dispersión de predicciones y observaciones, algunas veces con regresión, la cual es pensada como método objetivo y cuantitativo para medir cuan bueno es un modelo. Sin embargo, Barrales y col. (2004) reconocieron que la técnica de regresión tiene problemas para satisfacer los supuestos cuando es empleada con el fin de validación. Mitchell (1997) objetó la regresión por inapropiada para la validación empírica de modelos, de acuerdo con los siguientes argumentos: (1) que se trata de una aplicación errónea de la regresión; (2) que las pruebas de hipótesis nulas son ambiguas; (3) que la regresión carece de sensibilidad en este contexto, porque distinguir los puntos de una nube aleatoria es raramente necesario en esta etapa del desarrollo del modelo; (4) que la línea ajustada es irrelevante para la idoneidad del modelo en evaluación; y (5) que los supuestos del análisis de regresión pueden ser difíciles de satisfacer.

Por su parte Analla (1998) indica que la prueba F simultánea de intersección cero y pendiente

unitaria no tiene en cuenta las magnitudes del error aleatorio durante la validación de un modelo predictivo, y es inútil cuando el investigador está en posesión de más de un modelo y quiere determinar el mejor. Lo peor, sin embargo, es que esta prueba se construye utilizando como denominador una expresión de la falta de ajuste del modelo que se valida. Esto hace que la significación de esta prueba sea inversamente proporcional a la bondad de ajuste del modelo que se está evaluando. En consecuencia, cuando un modelo predictivo no es eficiente (con términos de error grande) su probabilidad de ser validado es mayor. Por lo tanto, tal prueba nunca debe utilizarse para la validación del modelo predictivo. En lugar de esta prueba F simultánea, la prueba para la validación del modelo debe basarse en los errores cuadráticos medios de los modelos probados. Harrison (1990) especifica que si las series de datos del modelo y del sistema real varían en rangos estrechos, el sesgo en las estimaciones de parámetros puede ser grande; por lo que se puede revertir la decisión estadística de “válido” a “inválido”. Por ello, él concluye que este no es un procedimiento adecuado para la validación de modelos de sistemas agrícolas.

Barrales y col. (2004) no recomiendan la realización de inferencia estadística al realizar una validación debido a que las pruebas adecuadas son paramétricas, requiriendo supuestos que generalmente no se cumplen en los datos bajo análisis.

A pesar de lo señalado, Harrison (1990) menciona que la regresión por su atracción intuitiva, familiaridad y disponibilidad en paquetes computacionales es frecuente y erróneamente usada para validar modelos de simulación.

Para Mayer y Butler (1993) y Bellocchi y col. (2010), las técnicas de validación se pueden agrupar en cuatro categorías principales; aunque lo ideal es combinarlas:

- La evaluación subjetiva (involucra a un número de expertos en el campo de interés)
- Las técnicas visuales (graficas comparativas)
- Medidas de desviación (basadas en las diferencias entre valores observados y predichos)
- Pruebas estadísticas

La validación general del modelo abarca diferentes áreas, de acuerdo con Bellocchi y col. (2010), pero la esencia de la misma consiste en definir los criterios que se tomarán en consideración en la elección de un modelo "aceptable", y luego probar el desempeño del modelo de acuerdo con esos criterios. Para evaluar el acuerdo entre los resultados del modelo y los puntos de datos observados, se realizan las gráficas y se juzgan cualitativamente. El análisis estadístico por

índices y los estadísticos de prueba juegan un papel importante para hacer las comparaciones reproducibles, objetivas y cuantitativas. Sin embargo, en general, la base metodológica para la validación de modelos es rudimentaria, debido a la falta de terminología y procedimientos estandarizados. Aunque las herramientas estadísticas son fácilmente aplicables para probar algunos modelos empíricos, podrían ser de uso limitado con modelos cuyo objetivo principal sea representar el comportamiento del sistema basado en principios subyacentes.

Una vez ajustada una ecuación a la nube de observaciones es importante disponer de criterios que midan la bondad del ajuste realizado y que permitan decidir si el ajuste es suficiente o se deben buscar modelos alternativos. Estos criterios se pueden agrupar en: medidas de desviación y criterios de información.

### 3.3.1.- Medidas de desviación

Son criterios de decisión basados en la necesidad de minimizar la diferencia entre los valores observados en campo y los valores predichos por el modelo. Para todos los criterios siguientes,  $p$  es el número de parámetros del modelo,  $n$  es el número de datos,  $O_i$  es el  $i$ -ésimo valor observado en campo,  $O_{max}$  es el mayor de los valores observados en campo,  $O_{min}$  es el menor de los valores observados en campo,  $\bar{O}$  es el promedio aritmético de los valores observados en campo,  $E_i$  es el  $i$ -ésimo valor predicho por el modelo, y  $\bar{E}$  es el promedio aritmético de los valores predichos por el modelo.

#### 3.3.1.1.- Error cuadrático medio (ECM)

Gupta y col. (2009) indican que este criterio junto con el índice de eficiencia de Nash-Sutcliffe son los dos criterios más utilizados para la calibración y evaluación de modelos hidrológicos. La expresión matemática de ECM, es el promedio de las desviaciones al cuadrado y se espera que sea lo más cercano posible a cero:

$$(184) \quad ECM = \frac{1}{n} * \sum_{i=1}^n (O_i - E_i)^2$$

#### 3.3.1.2.- Raíz del error cuadrático medio (RECM)

Buelvas (2013) señala que representa la idoneidad del modelo predictivo para describir los datos experimentales. Cuando el valor es más cercano a cero, mejor es el ajuste. En el Cuadro 12 se presentan las expresiones más conocidas de este índice.

Cuadro 12. Expresiones matemáticas para la raíz del error cuadrático medio (RECM).

Expresión Matemática	Referencia
(185) $RECM = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (O_i - E_i)^2}{n}} = \sqrt{ECM}$	* Buchanan y col. (1997) * Aguirre (2013) * Deng y col. (2015)
(186) $RECM = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (O_i - E_i)^2}{n - p}} = \sqrt{\frac{n * ECM}{n - p}}$	Huang (2016)
(187) $RECM = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (O_i - E_i)^2}{n - p}} * \left(\frac{100}{\bar{O}}\right)$	* Loague y Green (1991) * Aguirre (2013) llamado <b>error estándar de predicción</b>

### 3.3.1.3.- Error medio de sesgo (EMS)

Bindi y col. (1997) lo definen como la desviación de los valores simulados con respecto a los observados. El valor más cercano a cero significa una mejor predicción obtenida por ese modelo.  $EMS > 0$  indica que, en promedio, el modelo sobreestima los valores con respecto a los observados.  $EMS < 0$  indica subestimación.

La expresión matemática de EMS, viene dada por:

$$(188) \quad EMS = \frac{1}{n} * \sum_{i=1}^n (E_i - O_i)$$

Mayer y Butler (1993) lo denominan **error algebraico medio**; sin embargo señalan que, en este caso, no es una medida verdadera de la desviación, ya que las desviaciones positivas y negativas se anulan mutuamente. Por el contrario, su promedio general mide cualquier sesgo del modelo comparando la distribución de las diferencias con respecto a cero. Por último acotan que el sesgo es mejor medido por otras pruebas estadísticas y, por tanto, no recomiendan usar este criterio.

Bindi y col. (1997), mencionan que es posible expresarlo en términos porcentuales:

$$(189) \quad EMS\% = \frac{100}{n} * \sum_{i=1}^n (E_i - O_i)$$

Forrester y col. (2017) ponderan la desviación por cada valor real; es decir, calculan como **error medio de sesgo porcentual** a la media de la proporción del valor observado que representa la desviación de la estimación de dicho valor observado:

$$(190) \quad EMS\% = \frac{100}{n} * \sum_{i=1}^n \frac{(E_i - O_i)}{O_i}$$

#### 3.3.1.4.- Error medio absoluto (EMA)

Mediante el EMA y de acuerdo a Bindi y col. (1997), se puede medir, en promedio, la variación de los valores simulados con respecto a los observados. El valor más cercano a cero significa una mejor predicción obtenida por ese modelo.

$$(191) \quad EMA = \frac{1}{n} * \sum_{i=1}^n |E_i - O_i|$$

Reich y col. (2016) destacan dos ventajas del uso de errores absolutos, en lugar del error cuadrático, como base para evaluar predicciones: en primer lugar, el EMA es muy fácilmente interpretable, el error promedio en todas las predicciones; en segundo lugar, la elección de un modelo de predicción basado en el error absoluto medio no es tan probable que sea influenciado por un pequeño número de grandes errores de predicción en comparación con el uso del error al cuadrado.

Bindi y col. (1997), mencionan que es posible expresarlo en términos porcentuales:

$$(192) \quad EMA\% = \frac{100}{n} * \sum_{i=1}^n |E_i - O_i|$$

Tanto Li y col. (2016) como Forrester y col. (2017) ponderan la desviación absoluta por cada valor real; es decir, calculan como **error medio absoluto porcentual** a la media de la proporción del valor observado que representa la desviación absoluta de la estimación de dicho valor observado:

$$(193) \quad EMA\% = \frac{100}{n} * \sum_{i=1}^n \frac{|E_i - O_i|}{O_i}$$

#### 3.3.1.5.- Coeficiente de error medio absoluto (CEMA)

Medina-Peralta y col. (2010) indican que el CEMA es una medida promedio relativa de las diferencias absolutas; la cual es expresada como una proporción de la media de los valores observados. El valor de CEMA más cercano a cero (0) significa una mejor predicción obtenida por ese modelo.

$$(194) \text{ CEMA} = \frac{100}{n} * \sum_{i=1}^n \frac{|E_i - O_i|}{\bar{O}}$$

### 3.3.1.6.- Error medio relativo (EMR)

Karavadut y col. (2010) ponderan el EMA% de Bindi y col. (1997) por el valor de la amplitud de los valores observados; es decir, por la diferencia entre el mayor y el menor de los valores observados.

$$(195) \text{ EMR} = \frac{\text{EMA}\%}{(O_{max} - O_{min})} = \frac{100}{n * (O_{max} - O_{min})} * \sum_{i=1}^n |E_i - O_i|$$

### 3.3.1.7.- Coeficiente de determinación ( $R^2$ )

Aguirre (2013) dice que el coeficiente de determinación da una idea del ajuste total conseguido, midiendo la fracción de la variación alrededor de la media, que es explicada por el modelo. El valor más cercano a uno (1) significa una mejor predicción obtenida por ese modelo.

Las expresiones matemáticas de  $R^2$  más comunes son: (196) Aguirre (2013) y (197) Loague y Green (1991) y Medina-Peralta y col. (2010)

$$(196) \text{ R}^2 = \left\{ \frac{\sum_{i=1}^n [(O_i - \bar{O}) * (E_i - \bar{E})]}{\sqrt{[\sum_{i=1}^n (O_i - \bar{O})^2] * [\sum_{i=1}^n (E_i - \bar{E})^2]}} \right\}^2$$

$$(197) \text{ R}^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (O_i - \bar{O})^2}{\sum_{i=1}^n (E_i - \bar{O})^2}$$

### 3.3.1.8.- Coeficiente de determinación ajustado ( $R^2_{adj}$ )

Crawley (2013) establece que el coeficiente de determinación ajustado se basa en la varianza general, en lugar de basarse en la suma de cuadrados explicada, suma de cuadrados de regresión, y la suma de cuadrados total.

La expresión matemática de  $R^2_{adj}$  dada por Crawley (2013), ecuación (198), es la que usa y calcula el software R-Project; pero hay una segunda ecuación de interés, ecuación (199), muy aplicada en Ciencias Biológicas dada por Quinn y Keough (2002):

$$(198) \quad R_{adj}^2 = \frac{\frac{[\sum_{i=1}^n (O_i - E_i)^2 + \sum_{i=1}^n (E_i - \bar{E})^2]}{n - 1} - SSE}{\frac{[\sum_{i=1}^n (O_i - E_i)^2 + \sum_{i=1}^n (E_i - \bar{E})^2]}{n - 1}}$$

donde SSE es la suma de cuadrados del error obtenida en el Análisis de Varianza

$$(199) \quad R_{adj}^2 = 1 - \left\{ \frac{(n - 1) * \sum_{i=1}^n (O_i - E_i)^2}{[\sum_{i=1}^n (O_i - E_i)^2 + \sum_{i=1}^n (E_i - \bar{E})^2] * (n - p - 1)} \right\}^2$$

### 3.3.1.9.- Coeficiente o Índice de Eficiencia de Nash-Sutcliffe ( $R_{Nash}^2$ )

Nash y Sutcliffe (1970) proponen este coeficiente, que llamaron **eficiencia de un modelo**, en sus trabajos con modelos hidrológicos, comparándolo con el coeficiente de determinación e interpretándolo como el coeficiente de correlación de Pearson. Gupta y col. (2009) señalan que mantiene su vigencia; ya que los criterios de error cuadrático medio (RMSS) y el índice de eficiencia de Nash-Sutcliffe, son los dos criterios más utilizados para la calibración y evaluación de modelos hidrológicos. Loague y Green (1991) señalan que este coeficiente indica la proporción de la variación total de los datos observados explicada por los datos predichos. En el Cuadro 13 se presentan las expresiones matemáticas de este índice.

Cuadro 13. Expresiones matemáticas del índice de eficiencia de Nash-Sutcliffe ( $R_{Nash}^2$ ).

Expresión Matemática	Referencia
(200) $R_{Nash}^2 = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n (O_i - E_i)^2}{\sum_{i=1}^n (O_i - \bar{O})^2}$	Deng y col. (2015) lo llaman <b>coeficiente de determinación de validación cruzada</b>
(201) $R_{Nash}^2 = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n (O_i - E_i)^2}{\sum_{i=1}^n (O_i - \bar{O})^2} = 1 - \frac{SSE}{SST}$	* Giraldo (2006) donde SSE es la suma de cuadrados del error y SST es la suma de cuadrados total * Li y col. (2016) llaman a esta expresión <b>pseudo-<math>R^2</math></b>
(202) $R_{Nash}^2 = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n (O_i - E_i)^2}{\sum_{i=1}^n (O_i - \bar{O})^2} = 1 - \frac{RMSS}{\sigma_o^2}$	* Gupta y col. (2009) donde $\sigma_o^2$ es la varianza de las observaciones * López y col. (2004) lo llaman <b>proporción de variación representada por el modelo</b>
(203) $R_{Nash}^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (O_i - \bar{O})^2 - \sum_{i=1}^n (O_i - E_i)^2}{\sum_{i=1}^n (O_i - \bar{O})^2}$	* Nash y Sutcliffe (1970) * Mayer y Butler (1993) * Loague y Green (1991) * Medina-Peralta y col. (2010) lo llaman <b>eficiencia de modelado</b>

El  $R^2_{Nash}$  es comúnmente la medida de elección para reportar y comparar el desempeño del modelo; ya que tiene la capacidad comparativa con respecto a uno basal, que en este caso se toma como la media de las observaciones; es decir, si por ejemplo,  $R^2_{Nash} < 0$ , el modelo no es mejor que el uso de la media observada como predictor. (Gupta y col., 2009, Loague y Green, 1991, Medina-Peralta y col., 2010)

La medida de desviación **eficiencia de modelado** (EF), ha sido reportada como la mejor medida de concordancia entre los valores observados y predichos (Mayer y Butler 1993).

Turchin (2003) lo denomina **coeficiente de predicción** e indica que mientras más cercano a uno, las predicciones del modelo son más precisas. Cuando está cercano a cero, el modelo no mejora nuestra capacidad de predicción. Mientras que Giraldo (2006) lo designa como **estadístico de ajuste  $R^2$** , y representa la proporción de la suma de cuadrados total correspondiente a la suma de cuadrados de regresión. Sea,  $SST = SSR + SSE$ , por tanto,  $SSR = SST - SSE$ ; entonces  $R^2$  sería el resultado de dividir ambos lados de la igualdad por SST. Además, aporta una regla para la interpretación de  $R^2$ : si  $R^2 \geq 0,70$  la predicción es buena;  $R^2 = 0,60$  la predicción es de buena a regular;  $R^2 = 0,40$  la predicción es de regular a mala; y  $R^2 = 0,20$  la predicción es desechable.

### 3.3.1.10.- Coeficiente de Nash-Sutcliffe corregido ( $R^2_{Nash\ corr}$ )

En este caso se realiza el ajuste del índice en base al número de parámetros que intervienen en el modelo. Las dos expresiones más comunes son:

McCuen y col. (2006), donde EMS es el error medio de sesgo:

$$(204) \quad R^2_{Nash\ corr} = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n (O_i - E_i)^2 + n * (EMS)^2}{\sum_{i=1}^n (O_i - \bar{O})^2}$$

Giraldo (2006) donde  $p$  es el número de parámetros del modelo

$$(205) \quad R^2_{Nash\ corr} = 1 - \frac{(n - 1) * \sum_{i=1}^n (O_i - E_i)^2}{(n - p) * \sum_{i=1}^n (O_i - \bar{O})^2} = 1 - \frac{(n - 1) * SSE}{(n - p) * SST}$$

### 3.3.1.11.- Factor de sesgo (“bias factor” Bf)

Buelvas (2013) propone que un factor sesgo igual a uno o ligeramente mayor, indica un modelo seguro para el caso de la tasa específica de crecimiento cuyo valor observado es inferior al estimado por el modelo predictivo, en este sentido el modelo proporciona un margen de seguridad.

La expresión matemática de Bf depende del logaritmo seleccionado para el cálculo:

Buelvas (2013) y Li y col. (2016), usan logaritmos base 10.

$$(206) \quad Bf = 10^{\left(\frac{1}{n}\right) * \left\{ \sum_{i=1}^n \left[ \log_{10} \left( \frac{E_i}{O_i} \right) \right] \right\}}$$

López y col. (2004), usan logaritmos neperianos.

$$(207) \quad Bf = e^{\left(\frac{1}{n}\right) * \left\{ \sum_{i=1}^n \left[ \ln \left( \frac{E_i}{O_i} \right) \right] \right\}}$$

### 3.3.1.12.- Factor de exactitud (“accuracy factor” Af)

Según Buelvas (2013), el factor de exactitud es una medida de la proximidad del promedio entre las predicciones y las observaciones. El valor máximo alcanzado por Af significa menos exactitud en la estimación; es decir, un valor de Af de 1,7 indica que las predicciones, en promedio, difieren un 70% de las observaciones (valores experimentales). El valor de Af cercano a uno, es el ideal, según Mishra y col. (2017); pues significa que las predicciones estarían muy cercanas a las observaciones.

La expresión matemática de Af depende del logaritmo seleccionado para el cálculo:

Li y col. (2016) y Luo y col. (2017), usan logaritmos base 10.

$$(208) \quad Af = 10^{\left(\frac{1}{n}\right) * \left\{ \sum_{i=1}^n \left| \log_{10} \left( \frac{E_i}{O_i} \right) \right| \right\}}$$

López y col. (2004), usan logaritmos neperianos.

$$(209) \quad Af = e^{\sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n \left[ \ln(E_i) - \ln(O_i) \right]^2}{n}}}$$

### 3.3.2.- Criterios de información

Los criterios de información, comparan todos los modelos candidatos a la vez y se basan en la distancia esperada, cuantificada de una manera que proviene de la teoría de la información, entre un modelo particular y el modelo "verdadero" (Burnham y Anderson, 2002). En la práctica, todos los métodos teóricos de la información se reducen al hallazgo del modelo que minimiza algún criterio que es la suma de un término basado en la función de verosimilitud y un término de penalización, que es distinto para diferentes criterios de información. Turchin (2003) considera que son la mejor herramienta para la selección de modelos. Según él, la primera opción es el criterio de información de Akaike; aunque en ocasiones su liberalidad se convierte en un

problema y, entonces recomienda el criterio de información bayesiano de Schwarz.

En todos los criterios siguientes  $p$  es el número de parámetros del modelo,  $n$  el número de datos y

$$(210) \text{ LogLik} = \text{Ln}[\mathcal{L}(\hat{\theta})]$$

el logaritmo de la función de verosimilitud.

### 3.3.2.1.- Criterio de información de Akaike (AIC)

Akaike (1973) se basó en la distancia de Kullback-Leibler, que es una medida de separación o distancia entre dos distribuciones, para proponer la adopción de una cantidad para medir la discrepancia entre las distribuciones de probabilidad estimada y la verdadera, con la finalidad de definir la función de pérdida de una estimación. En el Cuadro 14 se muestran algunas de las expresiones propuestas del AIC.

Cuadro 14. Expresiones matemáticas del criterio de información de Akaike (AIC).

Expresión Matemática	Referencia
(211) $AIC = -2 * \text{Ln}[\mathcal{L}(\hat{\theta})] + 2 * p$	Akaike (1973)
(212) $AIC = -2 * \text{Ln}[\mathcal{L}(\hat{\theta})] + 2 * (p + 1)$	* Ritz y Streibig (2009) * Crawley (2013) * Usada por el software R-Project
(213) $AIC = -2 * \text{Ln}[\mathcal{L}(\hat{\theta})] + 3 * p$	* Andrews y Currin (2003) * Yang y Yang (2007) * Lin y col. (2017) llamado <b>AIC3</b>
(214) $AIC = -2 * \text{Ln}[\mathcal{L}(\hat{\theta})] + 2 * p + \frac{(2 * p + 1)}{n - p - 1}$	Fabozzi y col. (2014)
(215) $AIC = n * \text{Ln}(\hat{\sigma}^2) + 2 * p$	Burnham y Anderson (2002) ( $\hat{\sigma}^2$ varianza estimada de residuales)
(216) $AIC = n * \text{Ln}[2 * \pi] + n * \text{Ln}(\hat{\sigma}^2) + n + 2 * \frac{n * (p + 1)}{n - p - 2}$	Bozdogan (2000) llamado <b>AIC corregido</b>
(217) $AIC = \frac{\sum_{i=1}^n (O_i - E_i)^2}{n} * e^{\frac{2 * p}{n}} = \frac{(n - p) * \hat{\sigma}^2}{n} * e^{\frac{2 * p}{n}}$	Giraldo (2006)
(218) $AIC = \frac{-2 * \text{Ln}[\mathcal{L}(\hat{\theta})]}{n} + \frac{2 * p}{n}$	Medel (2012)
(219) $AIC = n * \text{Ln} \left[ \frac{RSS}{n} \right] + 2 * (p + 1) + \frac{2 * (p + 1) * (p + 2)}{n - p - 2}$	López y col. (2004) donde RSS es la suma de cuadrados de residuos
(220) $AIC = n * \text{Ln}[2 * \pi] + n + n * \text{Ln} \left[ \frac{RSS}{n} \right] + 2 * (p + 1)$	Ritz y Streibig (2009)
(221) $AIC = -2 * \text{Ln}[RSS] - 2 * (p + 1) + n * \text{Ln}(n)$	Quinn y Keough (2002)

Akaike demostró que la función de pérdida más natural y razonable para desarrollar una teoría asintótica unificada de la estimación viene siendo el doble del logaritmo neperiano de la función de verosimilitud. El principio de máxima verosimilitud implica la minimización de la función de pérdida de la estimación; es decir, la cercanía de la distribución estimada a la verdadera. (Akaike, 1973, Burnham y Anderson, 2002)

El enfoque de Akaike, según Aho y col. (2014), alcanza un objetivo importante: la eficiencia asintótica, que es esencialmente, minimizar el error de predicción. El AIC maximiza la precisión predictiva. Akaike (1978) resume el procedimiento simplemente a seleccionar el modelo con el AIC mínimo entre un conjunto de modelos propuestos y ajustados.

De acuerdo con Fabozzi y col. (2014), la selección de modelo que aplica AIC se basa en la fuerza de la evidencia y proporciona para cada uno de los modelos candidatos una medida de incertidumbre. Lo que es importante destacar es que el AIC podría identificar qué modelo es mejor entre los modelos candidatos, pero eso no significa que alguno de los modelos candidatos haga un buen trabajo explicando los datos.

### 3.3.2.2.- Criterio de información consistente de Akaike (CAIC)

Shiple y (2013) menciona que este criterio se obtuvo a partir de una corrección en el término de penalidad que mejora la consistencia del índice, y de allí su nombre.

Se conocen dos expresiones matemáticas del CAIC:

La recomendada por Shiple y (2013) y Afify y col. (2016):

$$(222) \quad CAIC = -2 * Ln[\mathcal{L}(\hat{\theta})] + \frac{2 * p * n}{n - p - 1}$$

La expresión enunciada por Bozdogan (1987) y recomendada por Anderson y col. (1998), Yang y Yang (2007) y Lin y col. (2017):

$$(223) \quad CAIC = -2 * Ln[\mathcal{L}(\hat{\theta})] + p * \{1 + Ln[n]\}$$

### 3.3.2.3.- Criterio de información de Sugiura (SAIC)

Hurvich y Tsai (1989), citados por Yang y Yang (2007), proponen esta versión del AIC que proviene de los postulados de Sugiura para modelos de regresión y series de tiempo. Anderson y col. (1998) señalan que fue diseñado como una corrección de segundo orden del AIC, basada en

la teoría normal. Wagenmakers y Farrell (2004) señalan que esta corrección se recomienda para muestras finitas cuando  $n/p < 40$ .

Se mencionan dos expresiones matemáticas del SAIC:

La recomendada por Anderson y col. (1998) y Yang y Yang (2007), quienes lo llaman **HTAIC**:

$$(224) \quad SAIC = -2 * Ln[\mathcal{L}(\hat{\theta})] + 2 * p + \frac{2 * (p + 1) * (p + 2)}{n - p - 2}$$

La expresión recomendada por Rao y Wu (2001) y Wagenmakers y Farrell (2004):

$$(225) \quad SAIC = -2 * Ln[\mathcal{L}(\hat{\theta})] + 2 * p + \frac{2 * p * (p + 1)}{n - p - 1}$$

### 3.3.2.4.- Criterio de información bayesiano de Schwarz (BIC)

Llamado así porque Schwarz (1978) aplicó principios bayesianos en su desarrollo, a diferencia de Akaike. De acuerdo con Aho y col. (2014), el BIC es consistente; por lo tanto, cuando el tamaño de la muestra aumenta, se selecciona el modelo correcto, de cualquier grupo de modelos. Caballero (2011) diferencia el BIC del AIC en cuanto al modelo seleccionado: mientras el BIC trata de seleccionar el modelo correcto, pues asume que este se encuentra entre los modelos probados; el AIC admite que el modelo correcto tal vez no se encuentre entre los probados y, por tanto, trata de obtener el modelo que proporcione las mejores predicciones entre los existentes. Medel (2012) señala que el  $BIC \leq AIC$  cuando  $n \geq 8$ , dado que el BIC penaliza con mayor severidad la inclusión de parámetros; así, teóricamente se sostiene que el BIC elige un menor número de parámetros que el AIC. En el Cuadro 15 se presentan varias expresiones usadas para el cálculo del BIC.

Cuadro 15. Expresiones matemáticas del criterio de información bayesiano de Schwarz (BIC).

Expresión Matemática	Referencia
(226) $BIC = -2 * Ln[\mathcal{L}(\hat{\theta})] + p * Ln[n]$	* Schwarz (1978) * Afify y col. (2016)
(227) $BIC = -2 * Ln[\mathcal{L}(\hat{\theta})] + (p + 1) * Ln[n]$	* Crawley (2013) * Usada por el software R-Project
(228) $BIC = -2 * Ln[RSS] - (p + 1) * Ln[n] + n * Ln(n)$	Quinn y Keough (2002)
(229) $BIC = \frac{\sum_{i=1}^n (O_i - E_i)^2}{n} * n^{\frac{p}{n}} = \frac{(n - p) * \hat{\sigma}^2}{n} * n^{\frac{p}{n}}$	Giraldo (2006)
(230) $BIC = \frac{-2 * Ln[\mathcal{L}(\hat{\theta})]}{n} + \frac{p * Ln[n]}{n}$	Medel (2012)

### 3.3.2.5.- Criterio de información de Draper (DBIC)

Draper (1995) sugirió una corrección al BIC que, según él, mejora el comportamiento del BIC en caso de muestras pequeñas:

La expresión matemática del DBIC, puede encontrarse de dos formas:

El desarrollo original de Draper (1995), recomendado por Yang y Yang (2007):

$$(231) \quad \mathbf{DBIC} = -2 * \mathbf{Ln}[\mathcal{L}(\hat{\theta})] + \mathbf{p} * [\mathbf{Ln}(\mathbf{n}) - \mathbf{Ln}(2 * \boldsymbol{\pi})]$$

La recomendada por Lin y col. (2017), que llaman **HBIC** pues según ellos fue desarrollado por Haughton en 1988

$$(232) \quad \mathbf{DBIC} = -2 * \mathbf{Ln}[\mathcal{L}(\hat{\theta})] + \mathbf{p} * \mathbf{Ln}\left(\frac{\mathbf{n}}{2 * \boldsymbol{\pi}}\right)$$

### 3.3.2.6.- Criterio de información de Hannan-Quinn (HQIC)

Hannan y Quinn (1979) diseñaron un procedimiento de estimación que, según ellos, es fuertemente consistente basado en aplicaciones de logaritmos para las autocorrelaciones parciales y que subestima el orden en menor grado, en comparación con otros procedimientos fuertemente consistentes, como AIC y BIC. Caballero (2011) simplemente lo considera una variante del BIC con una pequeña penalización de la magnitud del tamaño muestral.

La expresión matemática del HQIC, tiene dos formas, según la información que se tenga:

El desarrollo original de Hannan y Quinn (1979), que estima la verosimilitud:

$$(233) \quad \mathbf{HQIC} = \mathbf{Ln}[\hat{\sigma}^2] + \frac{2 * \mathbf{p} * \mathbf{c} * \mathbf{Ln}[\mathbf{Ln}(\mathbf{n})]}{\mathbf{n}}$$

donde **c** es una constante mayor que uno.

La recomendada por Yang y Yang (2007) y Afify y col. (2016), que considera la verosimilitud.

$$(234) \quad \mathbf{HQIC} = -2 * \mathbf{Ln}[\mathcal{L}(\hat{\theta})] + 2 * \mathbf{p} * \mathbf{Ln}[\mathbf{Ln}(\mathbf{n})]$$

### 3.3.2.7.- Criterio de información consistente de Yang y Yang (YYCAIC)

Yang y Yang (2007) desarrollaron una corrección para el AIC:

$$(235) \quad \mathbf{YYCAIC} = -2 * \mathbf{Ln}[\mathcal{L}(\hat{\theta})] + \mathbf{p} * \left[1 + \mathbf{Ln}\left(\frac{\mathbf{n} + 2}{24}\right)\right]$$

### 3.3.2.8.- Criterio de información bayesiano de Yang y Yang (YYBIC)

Yang y Yang (2007) desarrollaron una corrección para el BIC:

$$(236) \quad YYBIC = -2 * Ln[\mathcal{L}(\hat{\theta})] + p * Ln\left(\frac{n + 2}{24}\right)$$

Caballero (2011) y Lin y col. (2017) lo llaman **ABIC** o **BIC ajustado**

### 3.2.9.- Criterio de información de Rissanen (RIC)

Rissanen (1978) desarrollo un criterio que tiene el negativo de la función de verosimilitud como el término dominante, y también tiene términos que penalizan una sobreparametrización. Estos términos difieren del término correspondiente en el criterio de Akaike, y penalizan más fuertemente la sobreparametrización, en particular, para muestras grandes. Además, estos términos dependen del grado en que los parámetros afectan al valor del primer término dominante de máxima verosimilitud.

$$(237) \quad RIC = -2 * Ln[\mathcal{L}(\hat{\theta})] + p * Ln\left(\frac{n + 2}{24}\right) + 2 * Ln(p + 1)$$

### 3.3.2.10.- Expresión genérica de criterios de información (IC)

Sclove (1987) propuso una expresión matemática, basada en el parentesco entre los distintos criterios de información, que permite generar cada uno de los criterios mencionados con anterioridad:

$$(238) \quad IC = -2 * Ln[\mathcal{L}(\hat{\theta})] + A * p + B$$

donde **A** es el costo de ajustar un parámetro adicional y **B** es un término adicional que depende del criterio y del modelo.

La expresión de Sclove fue modificada por Yang y Yang (2007), agregando un término **C** que es una constante, y que permite incluir algunos criterios desarrollados posteriormente a Sclove (1987) y que no se ajustaban a su desarrollo matemático:

$$(239) \quad IC = -2 * Ln[\mathcal{L}(\hat{\theta})] + (A + C) * p + B$$

Por ejemplo, para obtener el AIC y el CAIC a partir de la ecuación (239), las expresiones **A**, **B** y **C** tendrían que tomar los valores siguientes: AIC, A = 2 y B = C = 0; CAIC (Bozdogan, 1987) A = Ln(n), B = 0, C = 1.

### 3.3.2.11.- Diferencia de AIC o delta AIC.

Caballero (2011) la definen como la diferencia entre el AIC de cada uno de los  $i$ -ésimos modelos candidatos y el AIC menor entre todos los  $i$ -ésimos modelos candidatos:

$$(240) \quad \Delta(AIC) = AIC_i - AIC_{min}$$

Según Fabozzi y col. (2014) esta diferencia se utiliza para determinar el nivel de apoyo o soporte para cada modelo candidato. Como regla general, si el delta AIC es:

- Menos de 2, esto indica que hay evidencia sustancial para apoyar el modelo candidato (es decir, el modelo candidato es casi tan bueno como el mejor modelo).
- Entre 4 y 7, esto indica que el modelo candidato tiene considerablemente menos apoyo.
- Mayor que 10, esto indica que esencialmente no hay soporte para el modelo candidato (es decir, es poco probable que sea el mejor modelo).

### 3.3.2.12.- Pesos o criterio ponderado de Akaike ( $w_k(AIC)$ )

Banks y Joyner (2017) señalan que esta es una forma de cuantificar cuanto más deseable es el mejor modelo que el segundo mejor modelo, o cualquiera de los  $i$ -ésimos modelos candidatos. Caballero (2011) interpreta los pesos de Akaike como la probabilidad de que el modelo  $k$  sea el mejor modelo (el que minimiza la distancia de Kullback-Leibler), dados los datos y el conjunto de  $i$ -ésimos modelos candidatos.

La expresión matemática de los pesos de Akaike es una razón que puede tomar dos formas:

Forma dada por Wagenmakers y Farrell (2004), Snipes y Taylor (2014), Banks y Joyner (2017), quienes trabajan con raíces cuadradas de las exponenciales,

$$(241) \quad w_k(AIC) = \frac{e^{-\frac{1}{2}\Delta_k(AIC)}}{\sum_{i=1}^I e^{-\frac{1}{2}\Delta_i(AIC)}}$$

Forma dada por Hobbs y Hilborn (2006), quienes toman cuadrados de las exponenciales,

$$(242) \quad w_k(AIC) = \frac{e^{-2\Delta_k(AIC)}}{\sum_{i=1}^I e^{-2\Delta_i(AIC)}}$$

### 3.3.2.13.- Razón de evidencia de pesos de Akaike

Banks y Joyner (2017) indican que por medio de esta razón se puede cuantificar cuantas veces un

modelo  $i$  es mejor que un modelo  $j$ : (Snipes y Taylor, 2014, Banks y Joyner, 2017)

$$(243) \quad \mathbf{Rw}_j = \frac{\mathbf{w}_i(AIC)}{\mathbf{w}_j(AIC)}$$

Kass y Raftery (1995), citados por Snipes y Taylor (2014), propusieron tomar logaritmos de la razón de evidencia:

$$(245) \quad \mathbf{LRw}_j = \mathbf{Log}_{10}(\mathbf{Rw}_j)$$

Según los autores citados, a priori, se decidió usar los términos “mínimo”, “sustancial”, “fuerte” y “decisivo” para diferencias de modelos, correspondiendo aproximadamente a  $\mathbf{LRw}_j$  mayores de 0, 0.5, 1 y 2 respectivamente.

3.3.2.14.- Diferencias, pesos y razón de evidencia de pesos de IC.

Buckland y col. (1997) y Wagenmakers y Farrell (2004) presentan una extensión de la diferencias, pesos y razón de evidencias de Akaike a cualquiera de los IC mencionados con anterioridad y que se pueden representar en la fórmula de Sclove (1987), sustituyendo en las expresiones el AIC por el IC correspondiente, con las mismas interpretaciones; es decir, podemos obtener Diferencia de IC, Pesos de IC y Razón de Evidencia de Pesos de IC:

$$(246) \quad \Delta(IC) = IC_i - IC_{min}$$

$$(247) \quad \mathbf{w}_k(IC) = \frac{e^{-\frac{1}{2} \Delta_k(IC)}}{\sum_{i=1}^I e^{-\frac{1}{2} \Delta_i(IC)}}$$

$$(248) \quad \mathbf{Rw} = \frac{\mathbf{w}_i(IC)}{\mathbf{w}_j(IC)}$$

# MATERIALES Y MÉTODOS

## 4.1.- Ubicación

La investigación se desarrolló en el Laboratorio de Bacterias Fitopatógenas del Instituto de Botánica Agrícola de la Facultad de Agronomía de la Universidad Central de Venezuela, ubicado en la Avenida Politécnico (prolongación de la Avenida Principal de El Milagro), Maracay, estado Aragua.

## 4.2.- Experimentación

La finalidad fue la obtención de información sobre el comportamiento de *Ralstonia solanacearum* (Smith) Yabuuchi *et al* en el suelo y de la manifestación externa de la Marchitez Bacteriana en plantas de Tomate (*Solanum lycopersicum* L.) en diferentes condiciones.

### 4.2.1.- Obtención de *R. solanacearum*

Se usaron aislamientos de *R. solanacearum*, provenientes de la colección del Laboratorio de Bacterias Fitopatógenas de la Facultad de Agronomía de la UCV.

Para determinar la viabilidad de los aislamientos, conservados en agua, con un ansa de platino se sembraron por agotamiento, como indica ATCC (American Type Culture Collection) (2013), en el medio Cloruro de tetrazolio, TZC de Kelman, usado, para distinguir *R. solanacearum* de otras bacterias durante el aislamiento y para distinguir colonias virulentas de colonias mutantes no virulentas durante la purificación de cultivos (French y col., 1995). Champoiseau (2008) indica que usualmente las colonias se hacen visibles entre 48 y 72 h después de la siembra, incubadas a 28 °C. Además señala que la diferenciación de colonias es posible porque en este medio las colonias virulentas aparecen blancas con el centro rosado; mientras que las colonias no virulentas aparecen color rojo oscuro. Posterior a la siembra, las capsulas se aislaron, usando bolsas plásticas, para evitar el contacto con otros organismos y fueron observadas diariamente para ver el crecimiento de la bacteria.

Se realizaron algunas pruebas rápidas y sencillas, para corroborar la identificación de la bacteria, como la Prueba de Oxidasa, como indica ATCC (2013), que consiste en tomar material de las colonias bacterianas, con un ansa de platino, y colocarlo en un papel de filtro impregnado con el reactivo fenildiamina; o la prueba de hipersensibilidad, que consiste en inyectar bajo la epidermis de hojas de plantas de tabaco de 30 días de germinadas, una suspensión bacteriana ajustada a una

concentración de  $10^8$  cel\*ml<sup>-1</sup> (con la ayuda del tubo número 3 de la escala de Mc Farland). (Ahmed y col., 2013).

La suspensión bacteriana también se sometió a una dilución seriada hasta  $10^{-7}$ , luego se tomó 0,1 ml de cada dilución, entre  $10^{-4}$  y  $10^{-7}$  y se sembró por extensión en placas de Petri, contentivas del medio TZC de Kelman, por triplicado, y se incubaron a 28 °C por 48 h ( ATCC, 2013). Esta siembra se realizó con la intención de definir cuál era la mejor dilución a usar durante el experimento para el conteo de las colonias de *R. solanacearum*, aquellas placas con menos de 250 colonias visibles, como recomiendan Harley y Prescott (2002). De acuerdo a este criterio, las diluciones que se usaron en el experimento para el conteo de las colonias fueron  $10^{-5}$  y  $10^{-6}$ .

#### **4.2.2.- Prueba de patogenicidad de *R. solanacearum***

La patogenicidad de *R. solanacearum* se probó, inoculando la bacteria de 48 horas de crecimiento sobre TZC, en plantas sanas de tomate. Las plantas de tomate a usar deben ser susceptibles a *R. solanacearum* causante de la marchitez bacteriana, como el híbrido 1418 (Mejías, 2010), o tolerantes, como la variedad Rio Grande (Hernández y col., 2005), usadas en otras experiencias en el laboratorio, pero dada la indisponibilidad de estos materiales en el mercado para el momento de realización del ensayo, se usaron plantas del Híbrido Aquiles, susceptible a la marchitez bacteriana.

Se preparó una suspensión bacteriana ajustada a una concentración de  $10^8$  cel\*ml<sup>-1</sup> (con la ayuda del tubo número 3 de la escala de Mc Farland), la cual fue inyectada en los tallos de las plantas de tomate sanas, dejando un testigo infiltrado con agua destilada estéril (ADE) (Hernández y col, 2005). Al manifestar los síntomas, se tomaron trozos del tallo para realizar el reaislamiento, lavándolos con ADE y macerándolos, luego se tomó una porción con un ansa de platino y se sembró en el medio TZC, dejándose incubar en condiciones de laboratorio por 48 h. Se seleccionaron aquellas colonias blancas con el centro rosado, crecidas después de las primeras 48 h, para obtener cultivos puros y patogénicos del mismo patógeno que se inoculó.

Para determinar el biovar del reaislamiento de *R. solanacearum* se utilizó la prueba fisiológica, desarrollada por Hayward (1964), basada en la capacidad de la cepa para oxidar carbohidratos: tres disacáridos (celobiosa, lactosa y maltosa) y tres alcoholes hexosa (manitol, dulcitol y sorbitol), como se muestra en el Cuadro 2 (Perea y col., 2011).

Para la prueba se preparó un litro de medio base: 1,0 g de NH<sub>4</sub>Cl, 4 g de K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub>, 4 g de

KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub>, 0,2 g de MgSO<sub>4</sub>+7H<sub>2</sub>O, 0,028 g de FeSO<sub>4</sub>, 0,003 g de ZnSO<sub>4</sub>, 0,01 g de ácido nicotínico y 0,018 g de rojo fenol. Weller y col. (1975) recomiendan este medio para evitar el uso de peptona, componente del medio de Hayward, que puede producir errores por ser una fuente nutritiva adicional disponible para la bacteria. Además, se usó rojo fenol basado en Huang y col. (2012), quienes lo recomiendan como indicador de cambio de pH en lugar de azul de bromotimol, componente del medio de Hayward, por ser de uso más común y menos costoso.

El medio base se esterilizó en autoclave siguiendo el procedimiento aplicado por Perea y col. (2011), y se prepararon soluciones 10% (p/v) de cada carbohidrato: 10 alícuotas, tubos previamente esterilizados, de 4,5 ml agregando 0,5 ml de solución madre del carbohidrato correspondiente, esterilizada por filtración y preparadas según indican French y col. (1995).

Se prepararon suspensiones, de 4 placas del reislamiento, de *R. solanacearum*, de colonias de 48 h de crecimiento en medio TZC, por dilución con ADE, ajustándola a una concentración de 10<sup>8</sup> cel\*ml<sup>-1</sup>. Con una pipeta estéril se adicionaron 0,1 ml de la suspensión bacteriana a ocho de los diez tubos preparados previamente con los medios de prueba de carbohidratos. Los dos tubos restantes, sin inocular, se usaron de testigo (French y col., 1995).

Los tubos se incubaron a 28 °C por dos semanas, observándolos al día 1, 3, 7 y 14, para evaluar el cambio de color de amarillo oscuro intenso a amarillo claro, lo que evidenciaría la producción de ácido a partir de los disacáridos y la oxidación de los alcoholes (Perea y col., 2011)

Una vez determinado el biovar, la raza del aislamiento se determinó usando la relación entre razas y biovars (Floyd, 2008), que se muestra en el Cuadro 1.

#### **4.2.3.- Obtención de la bacteria antagonista *Pseudomonas fluorescens* Migula**

Se usaron aislamientos de *P. fluorescens* provenientes de la colección del Laboratorio de Bacterias Fitopatógenas de la Facultad de Agronomía de la UCV.

El aislamiento de *P. fluorescens*, conservado en agua, se sembró por agotamiento, con la ayuda de un ansa de platino, en medio B de King, y se incubaron por 48 h a 28 °C. Transcurrido ese tiempo, se seleccionaron colonias típicas para obtener cultivos puros.

#### **4.2.4.- Confrontación *in vitro* de *P. fluorescens* con *R. solanacearum***

Los aislamientos de *P. fluorescens* seleccionados de la colección se confrontaron con el patógeno causante de la marchitez bacteriana del tomate, según el método de sensibilidad de disco de

Kirby-Bauer (Harley y Prescott, 2002); el cual consiste en:

Se prepararon suspensiones bacterianas a partir de los aislamientos puros previamente obtenidos, ajustándolas a una concentración de  $10^8$  cel\*ml<sup>-1</sup> (Hernández y col, 2005). La suspensión de *R. solanacearum* se sembró, por extensión en superficie, 0,1 ml en agar nutritivo (AN) dejándose secar. Luego se tomaron 10 µl de la suspensión de *P. fluorescens*, con la ayuda de la micropipeta, y se agregaron en discos de papel de filtro estériles de 6 mm de diámetro que estaban en placas de Petri estériles previamente identificadas. Finalmente, se colocaron 5 discos de papel de filtro en cada cápsula, impregnados previamente con *P. fluorescens*. Además se colocó en el centro de la cápsula un disco testigo impregnado sólo con ADE. Se identificaron las placas de Petri con la fecha y las bacterias que se estaban probando y se dejaron incubando por 48 h. Pasado este tiempo, se midió el halo de inhibición que producían, y se conservaron para su posterior utilización en el ensayo *in vivo*.

#### **4.2.5.- Obtención del extracto acuoso de *Ricinus communis* L. (Tártago)**

Se usó el extracto acuoso de tártago por ser una especie vegetal común en el Campus Maracay de la UCV y cuyas propiedades bactericidas sobre *R. solanacearum* se han probado, por Quintana (2010), en el laboratorio de Bacterias Fitopatógenas de la FAGRO. Posteriormente, Ribeiro y col. (2016) encontraron que los extractos de las hojas, etanólicos y acuosos, de tártago poseían actividad antimicrobiana sobre 33 diferentes especies de hongos y bacterias.

El material vegetal se colectó en el campus de la Facultad de Agronomía, UCV, ubicado en Maracay, Estado Aragua, a 400 m.s.n.m., se garantizó que el material estuviera sano, libre de cualquier tipo de daño causado por insectos, hongos, bacterias u otros. Se identificaron, en campo, según sus características morfológicas.

El material fresco colectado se lavó profusamente con ADE, para luego ser secado con papel estéril y macerado en un mortero estéril en proporción 1:5 P/V (1 g de material vegetal en 5 ml de ADE). El líquido resultante se filtró en gasa estéril, y se aplicó inmediatamente al suelo. (Maselli y col., 2006)

#### **4.2.6.- Efectividad *in vitro* del extracto acuoso**

El extracto acuoso de tártago se confrontó con el patógeno causante de la marchitez bacteriana del tomate, según el método de sensibilidad de disco de Kirby-Bauer para corroborar su efectividad (Harley y Prescott, 2002, Rashid y col., 2016):

Se preparó una suspensión de *R. solanacearum* a partir de los aislamientos puros obtenidos previamente, ajustándola a una concentración de  $10^8$  cel\*ml<sup>-1</sup> (Hernández y col, 2005). Luego, se sembró, por extensión en superficie, 0,1 ml en AN, dejándose secar. Luego se tomaron 10 µl del extracto vegetal, con la ayuda de la micropipeta, y se agregaron en discos de papel de filtro estériles de 6 mm de diámetro que estaban en placas de Petri estériles previamente identificadas. Finalmente, se colocaron 5 discos de papel de filtro en cada cápsula. Además se colocó en el centro de la cápsula un disco testigo impregnado sólo con ADE. Se identificaron las placas de Petri con la fecha y el extracto que se prueba y se dejaron incubando por 48 h. Pasado este tiempo, se midió el halo de inhibición que producían.

#### **4.2.7.- Prueba *in vivo* de antagonista, extracto acuoso y un producto comercial en plantas de tomate inoculadas con *R. solanacearum***

El extracto acuoso de tártago, la bacteria antagonista *P. fluorescens* y el producto comercial Timorex, basado en el extracto de la planta *M. alternifolia* (Stockton Group, 2013), se confrontaron con *R. solanacearum*, en un ensayo *in vivo* que se llevó a cabo en el umbráculo protegido contra insectos, asignado al Laboratorio de Bacterias Fitopatógenas.

El experimento se planificó en un diseño completamente aleatorizado, con 5 tratamientos y 3 réplicas. La unidad experimental consistió de una maceta de 1500 g de capacidad (1 planta por maceta). Los tratamientos fueron:

- Tratamiento 1: Plantas control. Plantas tratadas con ADE; sin inoculación de bacteria alguna ni tratadas con extracto o producto comercial. Este tratamiento se incluye con el fin de tener un patrón de medidas de plantas sin síntomas.
- Tratamiento 2: Plantas control. Plantas inoculadas solo con *R. solanacearum*. Este tratamiento se incluye para determinar el momento exacto de aparición de los síntomas de la marchitez bacteriana y así evaluar el comportamiento con el resto de los tratamientos.
- Tratamiento 3: Plantas inoculadas con *R. solanacearum* y tratadas con extracto acuoso de *R. communis* (Tártago).
- Tratamiento 4: Plantas inoculadas con *R. solanacearum* y tratadas con la bacteria antagonista *P fluorescens*.
- Tratamiento 5: Plantas inoculadas con *R. solanacearum* y tratadas con el producto comercial Timorex

A fin de establecer el ensayo, antes de aplicar los tratamientos se adquirieron plántulas de tomate del híbrido Aquiles, de 25 días de germinadas, en un vivero comercial con la garantía de que las plantas estaban sanas y libres de inóculos patógenos (Anexo 1). El sustrato de las macetas consistió de 1500 g de una mezcla de tres partes de suelo por una de turba, desinfectado previamente con calor húmedo a una temperatura aproximadamente de 100 °C por 9 h continuas, con la finalidad de tener un suelo estéril y así asegurar que el patógeno que se inoculó (*R. solanacearum*) fuera el causante de los síntomas que se presentarían en las plantas tratadas.

Las plantas se trasplantaron a las macetas del ensayo, con el suelo a capacidad de campo. En ese momento se realizaron las inoculaciones y se iniciaron las aplicaciones del extracto vegetal, la bacteria antagonista y el producto comercial que constituyen los tratamientos del experimento. Usando para ello la técnica de vaciado al suelo (French y Hebert, 1980, Vanitha y col., 2009), que se describe a continuación para cada uno.

En el suelo de las macetas del tratamiento 1 se vació ADE. En los tratamientos del 2 al 5, el suelo de las macetas se inoculó con una suspensión de *R. solanacearum* ajustada a una concentración de  $10^8$  cel\*ml<sup>-1</sup> (Hernández y col, 2005), 48 h antes del trasplante de las plantas de tomate a dichas macetas. En los tratamientos 1 y 2, el sistema radical de las plantas a trasplantar a las macetas se sumergió en ADE, antes de proceder a la siembra.

En el tratamiento 3, el sistema radical de las plantas a trasplantar a las macetas fue sumergido por una hora en el extracto vegetal correspondiente, antes de proceder a la siembra (Díaz y col, 2003). Posteriormente, se realizaron aplicaciones semanales del extracto, agregando 10 ml en la base de cada planta.

En el tratamiento 4, se preparó una suspensión ajustada a una concentración de  $10^8$  cel\*ml<sup>-1</sup>, de 48 h de crecimiento sobre el medio B de King, de *P fluorescens*. El sistema radical de las plantas a trasplantar a las macetas se sumergió en la suspensión, antes de proceder a la siembra (Mizaghi y col, 1992). Posteriormente, se realizaron aplicaciones semanales de la bacteria antagonista, agregando al suelo 10 ml de la suspensión descrita en la base de cada planta.

En el tratamiento 5, el sistema radical de las plantas a trasplantar a las macetas se sumergió en una solución al 1 % (dosis comercial) del producto Timorex, antes de proceder a la siembra. Posteriormente, se realizaron aplicaciones semanales agregando 10 ml al 1 %, del producto comercial en la base de cada planta (DEAQ, 2014). (Anexo 2)

A partir del trasplante, cada 7 días y hasta la semana 19, se cuantificó la población de *R. solanacearum* en el suelo de cada maceta, el grado de severidad de la marchitez bacteriana en cada planta de tomate y el número de plantas enfermas en cada tratamiento.

Para la cuantificación de la población de *R. solanacearum* en el suelo, se tomó 1 gr de suelo de la zona cercana a la raíz principal de la planta (10 cm de profundidad) en cada maceta, y se mezcló con 9 ml de una solución salina (SS) al 0,85% (8,5 g de NaCl en 1000 ml de ADE) preparada para tal fin. Esta fue la solución madre de cada maceta (Anexo 3); la cual se sometió a una dilución seriada hasta  $10^{-4}$  y  $10^{-5}$ , luego se tomó 0,1 ml de cada dilución y se sembró por extensión en placa de Petri, por triplicado, como indica ATCC (2013). (Anexos 4 al 8)

Dados los elevados costos y disponibilidad de reactivos para preparar el medio TZC de Kelman, se decidió usar, por primera vez en siembra por extensión de soluciones provenientes de muestras de suelo, una adaptación que había venido probando la profesora Yonis Hernández en el laboratorio con cultivos puros, trabajo por publicar, que consiste de: 20 g de Agar Nutritivo, (que proporciona 5 g de peptona de carne, 3 g de extracto de carne y 12 g de agar-agar); 10 g de glucosa o sacarosa, 5 ml de solución al 1% de cloruro de tetrazolio (TZC) y 1000 ml de ADE.

Las placas sembradas, se incubaron a 28 °C por 48 h y se contaron las colonias en aquellas placas con menos de 250 colonias visibles. (Harley y Prescott, 2002) (Anexo 9)

Para determinar el número de colonias por gramo de suelo (UFC/g de suelo), se usó la fórmula dada por Chakravarty y Kalita (2012):

$$\text{Colonias por g de suelo} = \frac{\text{n}^\circ \text{ colonias en placa}}{\text{dilución usada}} = \text{UFC/g de suelo}$$

En este caso, las diluciones usadas fueron  $10^{-5}$  y  $10^{-6}$ , por tanto las fórmulas aplicadas:

$$\text{Colonias por g de suelo} = \frac{\text{colonias en placa}}{10^{-5}} = \text{n}^\circ \text{ colonias en placa} * 10^5 \text{ UFC/g de suelo}$$

$$\text{Colonias por g de suelo} = \frac{\text{colonias en placa}}{10^{-6}} = \text{n}^\circ \text{ colonias en placa} * 10^6 \text{ UFC/g de suelo}$$

El promedio de esas seis placas, se tomó como el número de colonias por gramo de suelo (UFC/g de suelo) correspondiente a esa muestra en ese punto de la serie de tiempo.

La severidad de la marchitez bacteriana en las plantas de tomate se expresó con un número, del 0 al 5, que representan los 6 grados de severidad definidos por Winstead y Kelman (1952). La escala mencionada se presenta en el Cuadro 16.

Cuadro 16.- Escala de evaluación visual de la severidad de la marchitez bacteriana del tomate (*S. lycopersicum*) producida por *R. solanacearum*.

Nº	Descripción
0	Sin síntomas.
1	Una hoja parcialmente marchita.
2	Dos o tres hojas marchitas.
3	Todas las hojas marchitas a excepción de 2 o 3 ápices.
4	Todas las hojas marchitas.
5	Muerte de la planta.

Fuente: Winstead y Kelman (1952)

Con el grado de severidad, se calcula el Índice de Enfermedad (IE), en porcentaje, mediante la fórmula (Myint, 2011, Chen y col. 2015 adaptada de Winstead y Kelman, 1952):

$$IE = \frac{\sum_{i=0}^5 (n_i * k_i)}{Z * N} * 100$$

donde:

$n_i$  = número de plantas enfermas en el i-ésimo grado de severidad en el tratamiento

$k_i$  = el i-ésimo grado de severidad asignado en el tratamiento

Z = el máximo grado de severidad asignado en el tratamiento

N = número total de plantas observadas en el tratamiento

También, en cada tratamiento, se calculó el Índice de Incidencia de la Marchitez (IIM), en porcentaje, de acuerdo a la siguiente expresión (Narasimha y col., 2013):

$$IIM = \frac{m}{N} * 100$$

donde:

m = número de plantas enfermas en el tratamiento

N = número total de plantas observadas en el tratamiento

#### 4.2.8.- Prácticas agronómicas y fitosanitarias en el umbráculo

El umbráculo asignado al Laboratorio de Bacterias Fitopatógenas posee condiciones de aislamiento, protegido contra insectos, con materiales de construcción traslúcidos y porosos finos; con una temperatura interna promedio de 27 a 29 °C. En él se llevó a cabo la fase experimental que consistió de 20 semanas de mantenimiento de 15 plantas de tomate, en macetas, para las determinaciones semanales descritas antes.

Las plantas se regaron diariamente con agua corriente del acueducto, garantizando las mejores

condiciones de humedad del suelo para el desarrollo de *R. solanacearum* y de *P. fluorescens*. Se fertilizó el suelo con una fórmula completa (20-20-20) al momento del trasplante, a razón de 1,5 g de fórmula por litro de agua de riego, y se realizó un reabonado a los 30 días después del primero, con el mismo producto y con la misma dosis. (Anexo 10)

Se monitoreó el ataque de insectos y hongos, para tomar las medidas necesarias. No se esperaban ataques de hongos del suelo, por la desinfección del sustrato, ni de insectos, por la protección del umbráculo; sin embargo, se tenían preparadas aplicaciones de insecticidas, fundamentalmente contra mosca blanca (*Bemisia tabaci*) insecto-plaga que ha atacado en algunas experiencias previas en el umbráculo.

Se estableció un sistema de tutores 25 días después del trasplante, y de amarre 40 días después del trasplante. Este sistema de amarre se corregía cada semana de acuerdo a la necesidad de cada planta. (Anexos 11 al 13)

Al final del ensayo, el material vegetal fue desechado y el suelo de las macetas esterilizado de la misma forma inicial, para garantizar que no quedara algún posible vehículo con inóculo bacteriano que pudiera poner en riesgo la sanidad del umbráculo.

### **4.3.- Análisis estadístico**

El ensayo se extendió por 19 semanas después del trasplante, 133 días. Con toma de datos cada semana, es decir, 20 mediciones de cada una de las variables de interés a analizar, las cuales corresponden a:

a.- Tamaño de la población de *R. solanacearum* en el suelo, medido en UFC/g de suelo cada semana a partir del trasplante. Esta es una variable continua, por lo que se verificó el cumplimiento de los supuestos del análisis de la varianza (ANAVAR), pruebas de Wilk-Shapiro (normalidad), Bartlett (homocedasticidad), rachas (independencia). En aquellos casos en que se satisfacían los supuestos, se procedió a realizar el ANAVAR y las pruebas de comparaciones múltiples mínima diferencia significativa y honestamente significativa de Tukey; así como la prueba de comparación contra el testigo de Dunnett. En los casos de incumplimiento de los supuestos, se procedió a realizar la prueba de Kruskal-Wallis (ANAVAR no paramétrico) y prueba de medias. Todas estas pruebas se realizaron usando el software STATISTIX 8.0.

b.- Grado de severidad de la marchitez bacteriana, medida de acuerdo a una escala del 0 al 5, como se muestra en el Cuadro 16. Esta es una variable discreta en escala ordinal, por lo que se

aplicó una prueba de Kruskal-Wallis (ANAVAR no paramétrico) y su respectiva prueba de medias, en caso de detectarse una significación en el efecto de tratamiento. Todas estas pruebas se realizaron usando el software STATISTIX 8.0.

#### **4.4.- Modelos matemáticos**

Los datos de UFC/g de suelo, de IE y de IIM, obtenidos de cada tratamiento en la fase experimental, se graficaron y se trataron de ajustar las UFC/g de suelo a uno o más de los modelos matemáticos revisados en la literatura y seleccionados para esta fase. Esta selección se realizó tomando en cuenta: los basamentos teóricos de los modelos, el ajuste gráfico a la tendencia de los datos y la obtención de estimadores iniciales de los parámetros para realizar el ajuste con el software computacional.

A los efectos del trabajo de modelado, se trabajó con 32 series de datos, UFC/g de suelo, y el manejo de ellas se hizo con el software Microsoft Excel 2010. En el Cuadro 17 se muestran las series confeccionadas en las condiciones de las plantas definidas como total, enfermas y sanas:

1.- Serie definida sobre todo el experimento, llamada Total, es el promedio de todas las plantas del experimento. Con esta serie se pretende idealizar lo que pasa en campo, donde hay plantas sanas y enfermas conviviendo en un cultivo y en condiciones particulares no necesariamente homogéneas.

2.- Series definidas en cada tratamiento:

2.1.- Total, es el promedio de todas las plantas del tratamiento. Con esta serie se pretende idealizar lo que pasa en campo, en presencia de la condición particular tratada.

2.2.- Sanas, es el promedio de las plantas que no enfermaron en el tratamiento.

2.3.- Enfermas, es el promedio de todas las plantas que enfermaron en el tratamiento.

A su vez, sobre estas condiciones se definieron series de diferentes longitudes:

a.- Serie completa: se hace el ajuste con toda la serie de datos; es decir, se modela la vida de la bacteria en el suelo durante las 19 semanas.

b.- En dos fases, creciente y decreciente: las series Total experimento, Total de cada tratamiento y Enfermas de cada tratamiento, se dividieron en dos fases. El punto marcador de la división es el mayor crecimiento alcanzado en la gráfica, a partir del cual comenzó el descenso de la misma. En

general, coincide con el momento en que mueren las plantas, por acción de la marchitez bacteriana, y las poblaciones de la bacteria en el suelo comienzan a declinar.

Cuadro 17.- Series generadas a los fines de modelar el comportamiento de *R. solanacearum* en el suelo bajo las diferentes condiciones del estudio.

SERIE		LONGITUD
TOTAL		Completa
		Creciente hasta el día 49
		Decreciente a partir del día 56
TRATAMIENTO 1	Total	Completa
TRATAMIENTO 2	Total	Completa
		Creciente hasta el día 56
		Decreciente a partir del día 63
	Sanas	Completa
	Enfermas	Completa
		Creciente hasta el día 56
Decreciente a partir del día 63		
TRATAMIENTO 3	Total	Completa
		Creciente hasta el día 91
		Decreciente a partir del día 98
	Sanas	Completa
	Enfermas	Completa
		Creciente hasta el día 98
Decreciente a partir del día 105		
TRATAMIENTO 4	Total	Completa
		Creciente hasta el día 70
		Decreciente a partir del día 77
	Sanas	Completa
	Enfermas	Completa
		Creciente hasta el día 84
Decreciente a partir del día 91		
TRATAMIENTO 5	Total	Completa
		Creciente hasta el día 49
		Decreciente a partir del día 56
	Sanas	Completa
	Enfermas	Completa
		Creciente hasta el día 49
Decreciente a partir del día 56		

Se seleccionaron un total de 82 modelos a ajustar, incluyendo diferentes formas de un mismo modelo pero diferenciadas por el número de parámetros involucrados. El ajuste de los datos experimentales se realizó usando el software libre R-Project. Los modelos usados se listan a continuación, indicando en paréntesis el número que identifica la ecuación en la revisión de la

literatura: 4 Fases (165), Asimétrico (145), Baranyi-Roberts (166), Bass (104), Beta (146), Bilogístico (105), Blumberg (147), Brody (5), Chapman Richards (51), Expolineal (172), Expolineal Simétrico (173), Exponencial (1 y 2), Exponencial Geométrico Generalizado (90), Exponencial Inverso Generalizado (91), Exponencial Lineal Generalizado (92), Exponencial Negativo (4), Exponencial Poisson (93), Exponencial Poisson Generalizado (94), Frechet (121), Frechet Exponencial (122), Frechet Weibull (124), Función Racional (150), Función Racional Cuadrática (151), Geométrico Exponenciado (95), Gompertz (22 y 24), Hiperbólico (152), Huang (175), Janoschek (80), Korf (96), Levakovic (157), Lindley (125), Lindley Potencia (128), Log Logístico (108), Logaritmo Recíproco (112), Logístico (10 y 19), Logístico Generalizado (20), Logístico Medio Exponenciado (117), Mitscherlich (98), MMF (163), Monomolecular (3), Pareto (130), Pareto Exponenciado (132), Pareto Exponencial (133), Pareto Generalizado (134), Pareto Weibull (136), Polinomial Exponencial (103), Potencias (137, Lineal 139, Cuadrático 140, Cúbico 141, Cuarto Grado 142), Rayleigh (84), Richards (48, 56, 57 y 58), Ricker (88), Schnute (118), Sloboda (119), Stannard (120), Theta Logístico (65, 66 y 67), Von Bertalanffy (35, 36, 37, 39, 40, 41 y 42) y Weibull (69, 70, 73, 74, 75, 76, 77 y 78).

A partir de las pruebas de los modelos seleccionados en el ajuste de los datos, se procedió a enunciar los 5 modelos matemáticos que mejor describían la dinámica poblacional en el suelo, de *R. solanacearum* creciendo sola, creciendo en presencia de la bacteria antagonista, creciendo en presencia del extracto vegetal y creciendo en presencia del producto comercial; bajo las 32 condiciones de estudio de las series de datos.

En la selección de los modelos se consideraron varios enfoques: tendencias gráficas, pruebas de t y F realizadas por el software R-Project, coeficientes basados en desviación entre estimados y observados y criterios de información. En total se usaron 40 índices, y para definir los 5 mejores modelos, para cada uno de ellos se tomaron los primeros 5 modelos y se le asignó un número de orden, 5 al primero hasta 1 al quinto. Luego se sumaron todos los números de orden obtenidos por cada modelo y se seleccionaron los 5 de mayor puntuación. Todos estos índices se calcularon con los softwares R-Project y Microsoft Excel 2010.

Los criterios usados se listan a continuación: error cuadrático medio (184), raíz del error cuadrático medio (185 y 186), error estándar de predicción (187), error medio absoluto (191), coeficiente de error medio absoluto (194), error medio relativo (195), coeficiente de determinación (196 y 197), coeficiente de determinación ajustado (198 y 199), índice de

eficiencia de Nash-Sutcliffe (203, índice de eficiencia de Nash-Sutcliffe corregido (204), factor de sesgo (206), factor de exactitud (208 y 209), logaritmo de la función de verosimilitud (210), criterio de información de Akaike (211, 212, 213, 219 y 221), criterio de información consistente de Akaike (222), criterio de información de Sugiura (224), criterio de información de bayesiano de Schwarz (223, 226, 227 y 228), criterio de información de Draper (231), criterio de información de Hannan Quinn (233 y 234), criterio de información consistente de Yang y Yang (235), criterio de información de bayesiano de Yang y Yang (236), criterio de información de Rissanen (237), diferencia de AIC o delta AIC (240), pesos de Akaike (241), razón de evidencia de pesos de Akaike (243), diferencia de BIC o delta BIC (246), pesos de BIC (247) y razón de evidencia de pesos de BIC (248).

#### **4.5.- Relación entre dinámica poblacional en el suelo y marchitez bacteriana**

A partir de los datos obtenidos en el experimento, se procedió a relacionar matemáticamente la dinámica poblacional, en el suelo, de *R. solanacearum* (UFC/g de suelo) con la manifestación de la marchitez bacteriana en las plantas (IE e IIM), creciendo sola, creciendo en presencia de bacterias antagonistas, creciendo en presencia de extractos vegetales y creciendo en presencia del producto comercial.

Dada la naturaleza de la escala de las que se obtienen el IE y el IIM, se procedió a correlacionar las variables en estudio usando el Coeficiente de Correlación de Spearman.

La correlación por rangos de Spearman ( $r_s$ ), según Shih y Fay (2017), es la correlación de Pearson aplicada a los rangos de los X y de los Y. Sean  $R_i$  (con  $i = 1, 2, \dots, n$ ) los rangos de  $X = X_1, X_2, \dots, X_n$ , y  $S_i$  (con  $i = 1, 2, \dots, n$ ) los rangos de  $Y = Y_1, Y_2, \dots, Y_n$ , con  $\bar{R}$  y  $\bar{S}$  los rangos promedios; entonces para establecer la existencia de correlación entre las variables X y Y, se aplica la siguiente ecuación:

$$r_s = \frac{\sum_{i=1}^n (R_i - \bar{R})(S_i - \bar{S})}{\sqrt{[\sum_{i=1}^n (R_i - \bar{R})^2] * [\sum_{i=1}^n (S_i - \bar{S})^2]}}$$

Donde existía algún tipo de correlación lineal significativa, se intentó establecer un modelo de regresión lineal que, en combinación con los modelos anteriores, permitiera predecir el comportamiento de la enfermedad en función de la dinámica poblacional de la bacteria en el suelo. Todas estas pruebas se realizaron usando el software STATISTIX 8.0.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### 5.1.- Obtención de *R. solanacearum*

Las pruebas realizadas para corroborar la identificación de la bacteria, como la prueba de oxidasa y la prueba de hipersensibilidad en plantas de tabaco resultaron positivas, como es de esperar en *R. solanacearum*.

### 5.2.- Prueba de patogenicidad de *R. solanacearum*

A los tres días de inoculadas, las plantas manifestaron los síntomas de la marchitez bacteriana, como se observa en la Figura 9. En los reaislamientos, se obtuvo el mismo tipo de colonias que las de los aislamientos inoculados.



Figura 9.- (A) Planta de tomate manifestando los síntomas de la marchitez bacteriana, posterior a la inoculación en la prueba de patogenicidad. (B) Colonias de *R. solanacearum* creciendo en medio TZC reaisladas de tallos de plantas enfermas en la prueba de patogenicidad.

### 5.3.- Determinación de biovar y raza de *R. solanacearum*

Los resultados de la prueba fisiológica, mostrados en la Figura 10, indican que hubo producción de ácido a partir de los disacáridos: celobiosa, maltosa y lactosa; mientras que no hubo oxidación de los alcoholes hexosa: manitol, dulcitol y sorbitol. De acuerdo con la información del Cuadro 2, esto es típico del Biovar 2 (French y col., 1995).



Figura 10.- Tubos correspondientes a la prueba fisiológica de determinación del biovar de *R. solanacearum* reislada de tallos de plantas enfermas en la prueba de patogenicidad. Los tubos a la derecha, de color amarillo claro, contienen los disacáridos con reacción positiva. Los de color más oscuro y rojizo, a la izquierda, son los de los alcoholes con reacción negativa.

Una vez que se concluyó que la cepa de *R. solanacearum* usada en el experimento corresponde al Biovar 2, se determinó que corresponde a la Raza 3, usando la relación entre razas y biovares, que se muestra en el Cuadro 1 y de acuerdo con Ahmed y col. (2013) que señalan que de todas las relaciones entre razas y biovares, la única correlación positiva que se ha podido establecer es entre el biovar 2 y la raza 3. Además, coincide con hospedante y ubicación geográfica dados por Champoiseau (2009), cuando indica que *R. solanacearum* raza 3 biovar 2 es la bacteria patógena de plantas que se encuentra en las tierras altas de los trópicos y en las regiones subtropicales del mundo y que causa podredumbre parda (o marchitez bacteriana) de la papa, marchitez bacteriana del Sur en el geranio y marchitez bacteriana del tomate.

#### **5.4.- Obtención de la bacteria antagonista *Pseudomonas fluorescens* Migula**

El aislamiento de *P. fluorescens*, conservado en agua en el laboratorio, se sembró por agotamiento en medio B de King. Después de 48 horas de incubación a 28 °C, se obtuvieron colonias redondeadas, de color amarillento y que se tornaron verde fluorescentes a la exposición a la luz ultravioleta. Esta es la descripción de la colonia típica que hacen Stolp y Gadkari, 1981 y Chakravarty y Kalita, 2012. Estas colonias se seleccionaron y replicaron en AN para obtener los cultivos puros que se usaron en la experimentación.

#### **5.5.- Confrontación *in vitro* de *P. fluorescens* y extracto acuoso de *R. communis* (Tártago) con *R. solanacearum***

La bacteria *P. fluorescens*, confrontada con *R. solanacearum*, produjo halos de inhibición desde 12 mm hasta 25 mm de esta última; ratificando lo reportado por Mejías (2010), quien realizó 33 aislamientos bacterianos de la rizósfera de plantas de tomate, sembradas en campos de cultivo contaminados con el patógeno, y 23 del suelo; de los cuales 31 inhibieron el crecimiento *in vitro* de *R. solanacearum*, con halos de inhibición entre 2 y 29 mm de diámetro, siendo los 5 aislamientos de mejor comportamiento de la especie *P. fluorescens*. Los aislamientos que provocaron los mayores halos de inhibición de *R. solanacearum*, se conservaron para su posterior utilización en el ensayo *in vivo*.

En el caso del extracto acuoso de las hojas de tártago, de la confrontación con el patógeno se obtuvieron halos de inhibición entre 6 y 14 mm, resultados que coinciden con: (a) Rampadarath y Puchooa (2016) quienes obtuvieron hasta 21 mm de diámetro de halos de inhibición cuando usaron extracto de tártago en pruebas *in vitro* con varias bacterias Gram negativas, en particular de partes maduras del follaje; (b) Ribeiro y col. (2016) quienes reportan importante inhibición de hongos y bacterias con extractos de hojas de tártago, (c) Singh y col. (2012) que reportan que el tártago contiene alcaloides cuya actividad anti hongos está comprobada; y (d) Rashid y col. (2016) quienes obtuvieron halos de inhibición de 11 mm en adelante (11 con 5 microgramos por ml y 25 con 100 microgramos), en ensayos *in vitro* con *R. solanacearum* y *Pseudomonas syringae*, con extractos en agua, acetona, metanol y alcohol del fruto de la planta *Rhus coriaria*; demostrando que los de mejor comportamiento eran los extractos acuosos.

## **5.6.- Prueba *in vivo* de antagonista, extracto acuoso y un producto comercial en plantas de tomate inoculadas con *R. solanacearum***

### **5.6.1.- Medio de cultivo para *R. solanacearum* usado en las siembras en el laboratorio**

En la Figura 11, se observa el crecimiento de *R. solanacearum* en el medio TZC de Kelman y en el medio ajustado para este trabajo por Hernández en el laboratorio. Son similares en cuanto a relieve, mucosidad y la disposición de esta en torno a la colonia. La diferencia es en la tonalidad del color de las colonias. Las colonias en el medio ajustado en el laboratorio son de coloración más oscura que las típicas colonias que crecen en TZC. Una posible explicación es que sea el efecto de la peptona contenida en el agar nutritivo usado. Thomas y Upreti (2014) comprobaron que la procedencia y el tiempo de almacenamiento de la peptona usada en la preparación del medio TZC, influye de manera determinante en la coloración de las colonias de *R. solanacearum*.

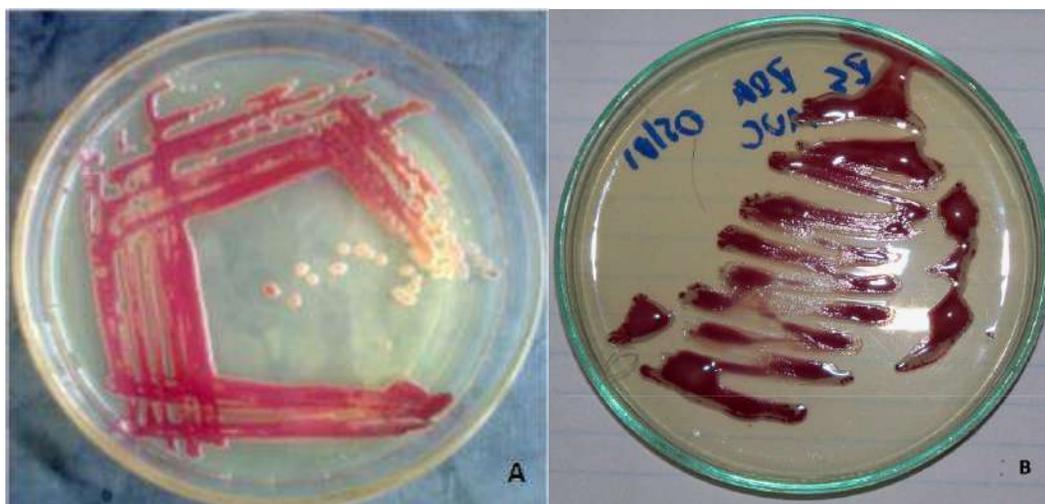


Figura 11.- Cultivos de *R. solanacearum* creciendo en: (A) medio TZC de Kelman, tomado de Narasimha y col. (2013) y (B) medio adaptado por Hernández para este trabajo.

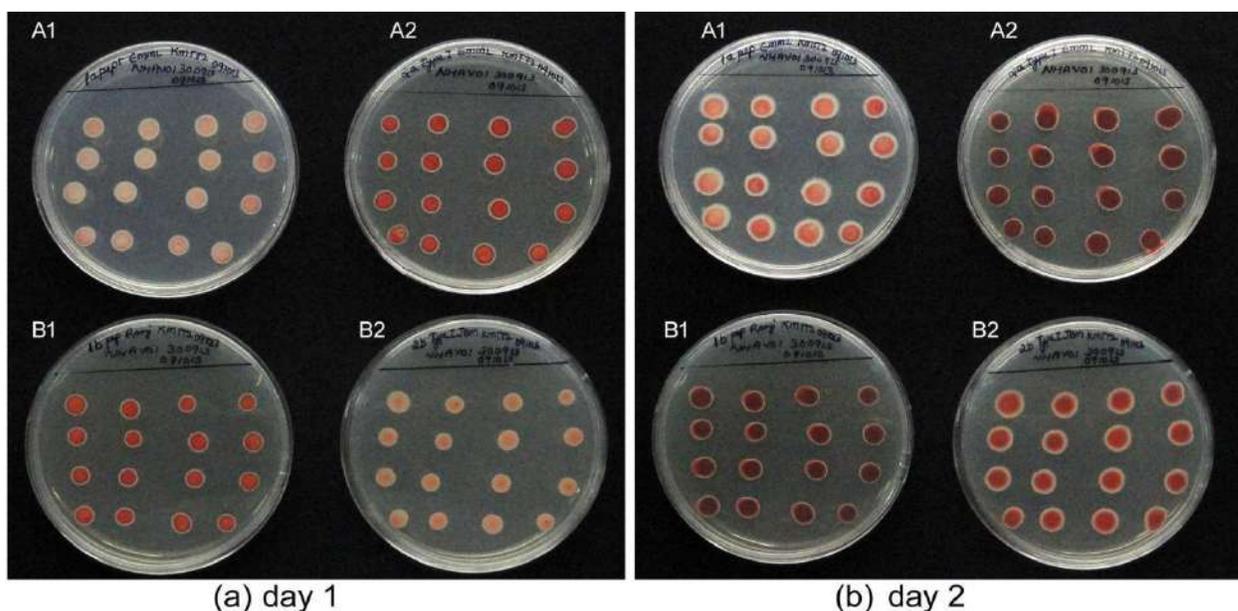


Figura 12.- Colonias de *R. solanacearum* creciendo en medio TZC con: (A1) peptona bacteriológica Hi Media de reciente adquisición, (A2) peptona bacteriológica Hi Media almacenada por tiempo prolongado, (B1) peptona Tipo-1 de reciente adquisición, y (B2) peptona Tipo-1 almacenada por tiempo prolongado, tomado de Thomas y Upreti (2014).

En la Figura 12, podemos observar cultivos de *R. solanacearum* creciendo en medios preparados con peptona de diferentes orígenes y tiempos de almacenamiento desde su adquisición. La combinación presente en la Figura 11, también está presente en la Figura 12; es decir, es posible que la discrepancia en la tonalidad obtenida en nuestro experimento, con respecto a la tonalidad que reporta la bibliografía para el crecimiento en TZC, sea debida a la peptona utilizada; tal y como sucedió en los experimentos de Thomas y Upreti (2014).

## 5.6.2.- Población de *R. solanacearum* en el Suelo

### 5.6.2.1.- Análisis del comportamiento en el experimento

En la Figura 13 se observa el comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el suelo durante el ensayo. Los tratamientos 5 (T5: Timorex) y 3 (T3: extracto tártago) fueron los que mantuvieron una mayor carga bacteriana en el suelo durante el desarrollo del experimento; mientras que el tratamiento 4 (T4 *P. fluorescens*) mantuvo poblaciones mucho menos numerosas de *R. solanacearum* en el suelo.

Estos resultados no son inusuales, lo que pareciera ser inusual es el comportamiento del tratamiento 2 (T2: *R. solanacearum*), el testigo enfermo, ya que la población de *R. solanacearum* en el suelo fue casi tan baja como la que mostró el tratamiento 1 (T1: testigo sano).

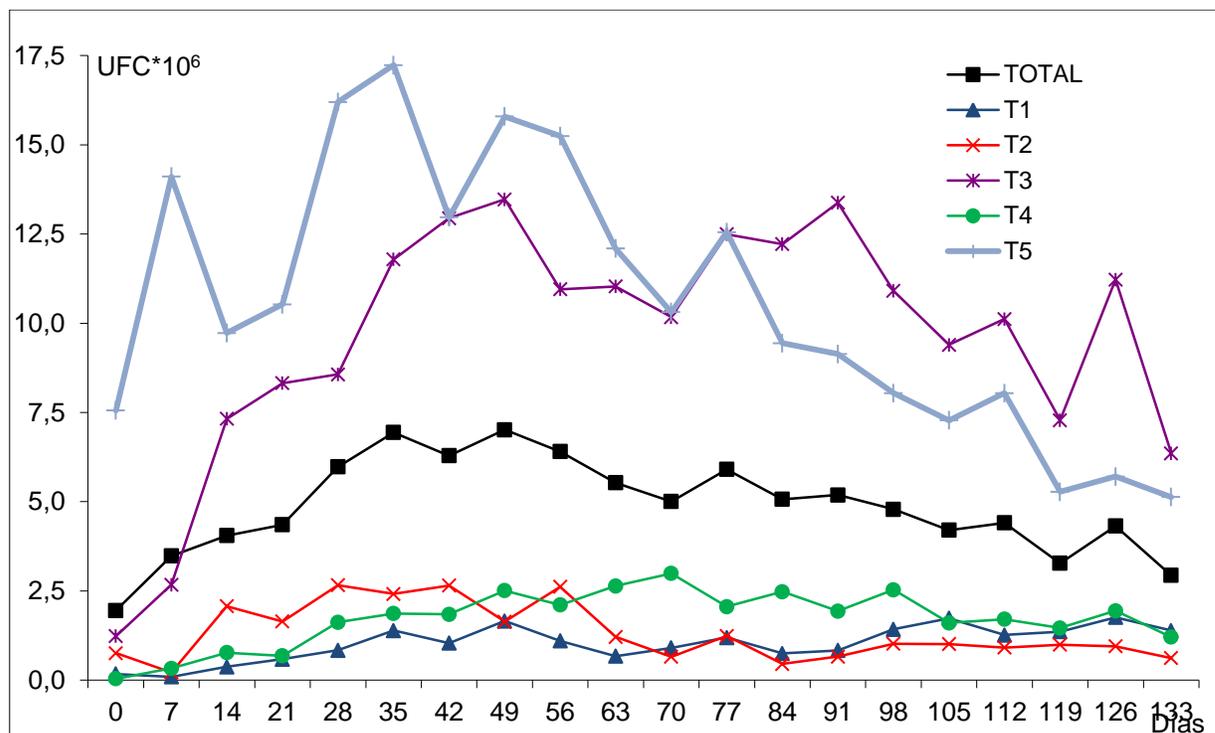


Figura 13.- Población de *R. solanacearum* por tratamiento y total, medido en millones de UFC/g suelo. T1: testigo sano, T2: *R. solanacearum*, T3: tártago, T4: *P. fluorescens*, T5: Timorex.

Esta anomalía no parece tener explicación en las condiciones de experimentación; pues el experimento se planificó completamente al azar, es decir, las plantas que se adjudicaron a los distintos tratamientos estaban mezcladas y las condiciones del umbráculo fueron uniformes para todas. De hecho, la temperatura promedio en el umbráculo, 28 °C, era ideal para el crecimiento de *R. solanacearum*, según Champoiseau (2009) quien señala que la raza 3 biovar 2 es más severa

en plantas entre 24 y 35°C (temperatura óptima de 27°C) y que se presentan disminuciones en la virulencia cuando las temperaturas exceden 35°C o caen debajo de 12°C; Singh y col. (2014) realizaron estudios en tomate en invernaderos con inoculación de *R. solanacearum* con control de temperatura, probando varias entre 20 y 40 °C, obteniendo los mejores crecimientos de la bacteria y mayor severidad de la enfermedad a los 35 °C. Wei y col. (2017) consiguieron que al final de la primavera y a principios del otoño eran las épocas más difíciles para el combate de la enfermedad; pues las temperaturas entre 25 y 30 °C eran las mejores para el desarrollo de la bacteria y, por ende, era más difícil su control.

Si se observa la Figura 13 y se considera que la gráfica TOTAL corresponde al comportamiento promedio de todas las poblaciones del experimento, se puede establecer que los tratamientos con poblaciones por encima del promedio, T3 y T5, fueron aquellos a los cuales se le hacían aplicaciones semanales de extractos vegetales; es decir, tenían una fuente de materiales orgánicos que no tenían los otros tres tratamientos, cuyas poblaciones estuvieron por debajo del promedio. Suponer que los extractos vegetales pueden tener un efecto benéfico o promotor de la población de *R. solanacearum* en el suelo pudiera ser temerario dada la información que se obtuvo en el experimento que no es concluyente respecto al efecto promotor de materiales orgánicos; sin embargo es coincidente con Zhou y col. (2014) quienes probaron el efecto de la aplicación de mutantes de *R. solanacearum* como antagonistas de fertilizantes orgánicos como biocontrol y sus combinaciones, consiguiendo que las poblaciones de *R. solanacearum* en el suelo eran mayores en todos los tratamientos que tenían fertilizantes orgánicos e incluso, el de mayor tamaño poblacional fue el tratamiento solo fertilizantes orgánicos; concluyendo que esos compuestos promovieron el crecimiento de *R. solanacearum* en el suelo, lo que resultó en una mayor incidencia de la enfermedad.

En general, el comportamiento de las series que describen las poblaciones de *R. solanacearum* en el suelo es un aumento progresivo hasta alcanzar un pico para luego decaer con mayor o menor tasa dependiendo del tratamiento. La Figura 14 muestra este comportamiento promedio, con un marcado y rápido crecimiento hasta el día 49 después de la inoculación y luego un decaimiento más lento hasta el final del experimento. Este mismo comportamiento reportaron Arenas y col (2004) quienes encontraron que la población de *R. solanacearum* en el suelo, crecía hasta 49 días después del trasplante, y después comenzaba a decrecer gradualmente.

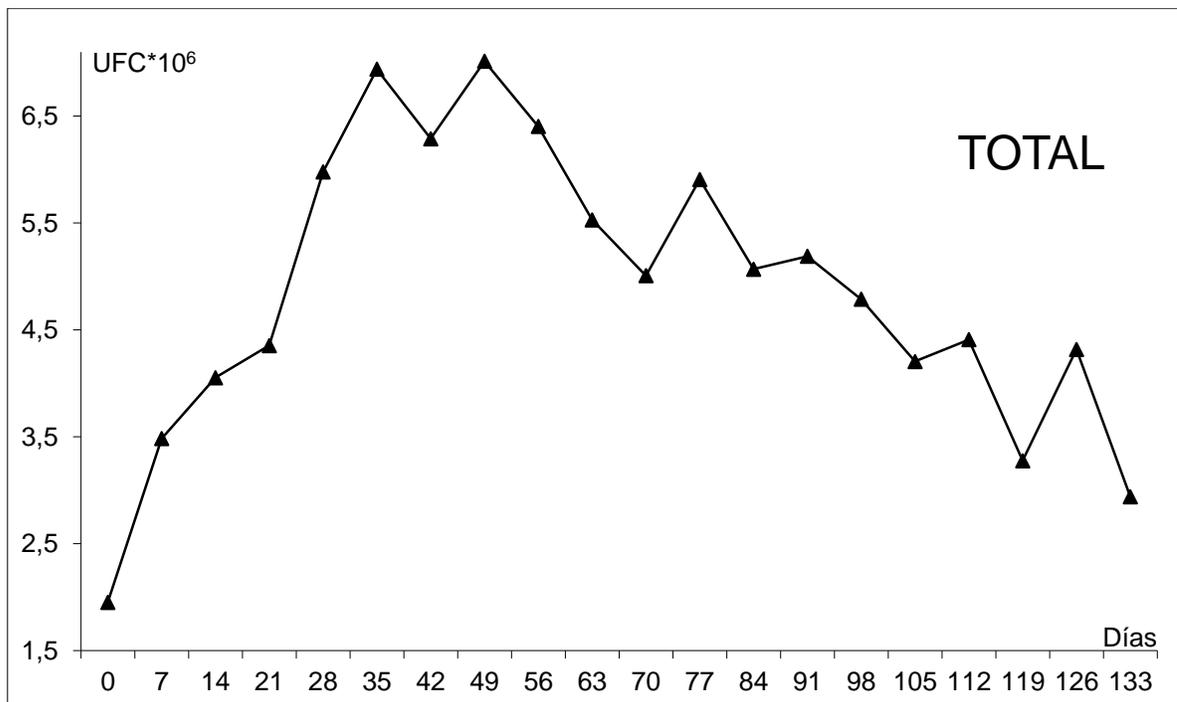


Figura 14.- Comportamiento de la población de *R. solanacearum* creciendo en promedio en el experimento (Total), medido en millones de UFC/g suelo.

Basado en ese crecimiento diferencial en dos fases, se decidió realizar una comparación de tratamientos en el día 56 después del trasplante y una segunda comparación en el día 133.

La prueba de Wilk y Shapiro y la gráfica de normalidad, para la información al día 56 que se muestra en el Cuadro 18, indican que este supuesto no se cumple, al nivel de 5% (Anexo 14). La prueba de Bartlett, indica que el supuesto de homocedasticidad si se cumple, al nivel del 5%. También se cumple el supuesto de independencia, según la prueba de las rachas (Anexo 15).

Dado que el supuesto de normalidad no se cumple y el de independencia se cumple ajustadamente al nivel 5% (al 6% falla); se decidió realizar la prueba de Kruskal Wallis. Esta prueba detectó que existen diferencias, al nivel del 5%, entre los tratamientos (Anexo 16).

La agrupación de tratamientos en grupos homogéneos de medias, (Anexo 17), y cuyos resultados se muestran resumidos en la Figura 15, indican que, al nivel 5%, se pueden dar por diferentes los tratamientos 1 y 5; pero no son estadísticamente diferentes el resto de los tratamientos. El tratamiento 5 tiene la mayor población; pero esta no es estadísticamente distinta de las poblaciones de los tratamientos 3, 4 y 2; pero si del tratamiento 1. Este último es agrupado en un segundo grupo de medias con los tratamientos 3, 4 y 2.

Cuadro 18.- Población de *R. solanacearum* (en millones de UFC/g de suelo) al día 56 y al día 133 después del trasplante en cada una de las unidades experimentales.

Tratamiento	Réplica	Población de <i>R. solanacearum</i> (en millones de UFC/g suelo) al día 56 después del trasplante	Población de <i>R. solanacearum</i> (en millones de UFC/g suelo) al día 133 después del trasplante
1	1	1,53	1,10
	2	0,70	1,18
	3	1,07	1,88
2	1	1,48	0,45
	2	1,42	1,15
	3	4,95	0,25
3	1	12,23	4,67
	2	10,80	4,50
	3	9,82	9,90
4	1	2,97	2,67
	2	1,53	0,60
	3	1,82	0,35
5	1	17,95	6,08
	2	13,12	7,30
	3	14,67	2,00

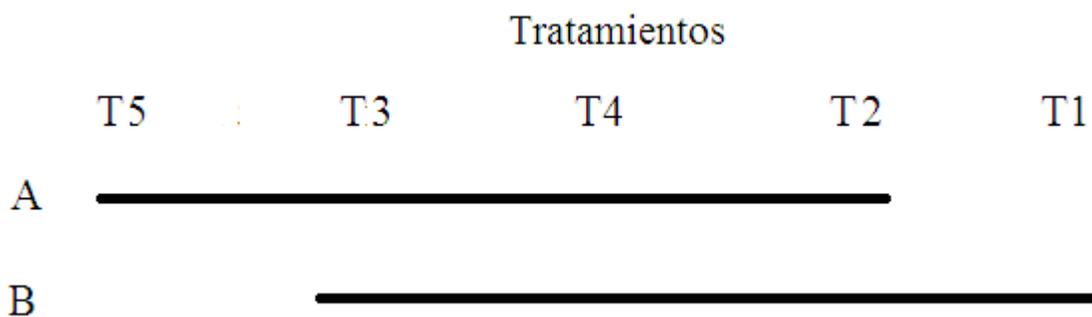


Figura 15.- Prueba de comparaciones múltiples de Kruskal Wallis para la población de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas (UFC\*10<sup>6</sup>/g de suelo) al día 56 después del trasplante. T1: testigo sano, T2: *R. solanacearum*, T3: tártago, T4: *P. fluorescens*, T5: Timorex.

La prueba de Wilk y Shapiro y la gráfica de normalidad, para la información correspondiente al día 133 que se muestra en el Cuadro 18, indican que este supuesto no se cumple, al nivel de 5% (Anexo 18). La prueba de Bartlett, indica que el supuesto de homocedasticidad se cumple ajustadamente, a nivel del 5%, con igual resultado para el supuesto de independencia, según la prueba de las rachas (Anexo 19).

Dado que el supuesto de normalidad no se cumple y los de homocedasticidad e independencia se

cumplen al nivel 5%; pero ajustadamente (al nivel 7% fallan ambos); se decidió realizar una prueba de Kruskal Wallis en lugar del ANAVAR paramétrico. Con esta prueba se concluye que no existen diferencias, al nivel del 5%, entre los tratamientos comparados (Anexo 20). Los resultados de esta prueba señalan que, al final del experimento, la población de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas de todos los tratamientos es estadísticamente la misma. Por supuesto, se observan diferencias, por ejemplo el tratamiento 2 reporta cerca de 600000 UFC/g de suelo; mientras que el tratamiento 3 posee más 6300000 UFC/g de suelo, es decir, 10 veces uno con respecto al otro. Lo que nos dice la prueba es que dadas las diferencias entre todos ellos, el valor de la diferencia entre dos pares de medias de tratamientos necesario para declarar estadísticamente distintos esos tratamientos, es superior a cualquiera de las diferencias observadas. Por ello, estadísticamente, al nivel 5 %, se dice que no hay evidencia para declarar distintos los tratamientos. Esto se explica por la importante reducción de las poblaciones en los tratamientos desde el día 56 hasta el día 133; particularmente en el tratamiento 5.

#### 5.6.2.2.- Análisis del comportamiento en plantas sanas y enfermas

La dinámica de *R. solanacearum* en el suelo acusa diferencias muy marcadas en función de la manifestación o no de marchitez bacteriana en las plantas de tomate. Se mencionó el aparente comportamiento en dos fases de la población de la bacteria y esto coincide con la marchitez y muerte de algunas plantas.

En la Figura 16 se observa el comportamiento de las poblaciones de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas cuyas plantas se mantuvieron sanas durante el experimento. Las poblaciones de la bacteria en el suelo crecen hasta tener un cierto nivel de estabilidad, donde la tendencia de los tratamientos 3 y 5 aparecen por encima del promedio y los tratamientos 2 y 4 por debajo de este. De este análisis se excluyó el tratamiento 1, pues todas sus plantas se mantuvieron sanas, como se esperaba. En todo caso, el comportamiento de la bacteria en el suelo de las macetas del tratamiento 1 es similar al descrito en este apartado (ver Figura 18).

En la Figura 17 se observa el comportamiento de las poblaciones de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas cuyas plantas manifestaron síntomas de la marchitez bacteriana hasta su muerte. Las poblaciones de la bacteria en el suelo crecen rápidamente, en particular las del tratamiento 5; hasta llegar a un punto en el cual inician un pronunciado descenso. El inicio del mencionado descenso en el tamaño poblacional pareciera coincidir con la muerte de las plantas; lo que implica una reducción en la capacidad del suelo, en el entorno de las raíces, para sostener la población.

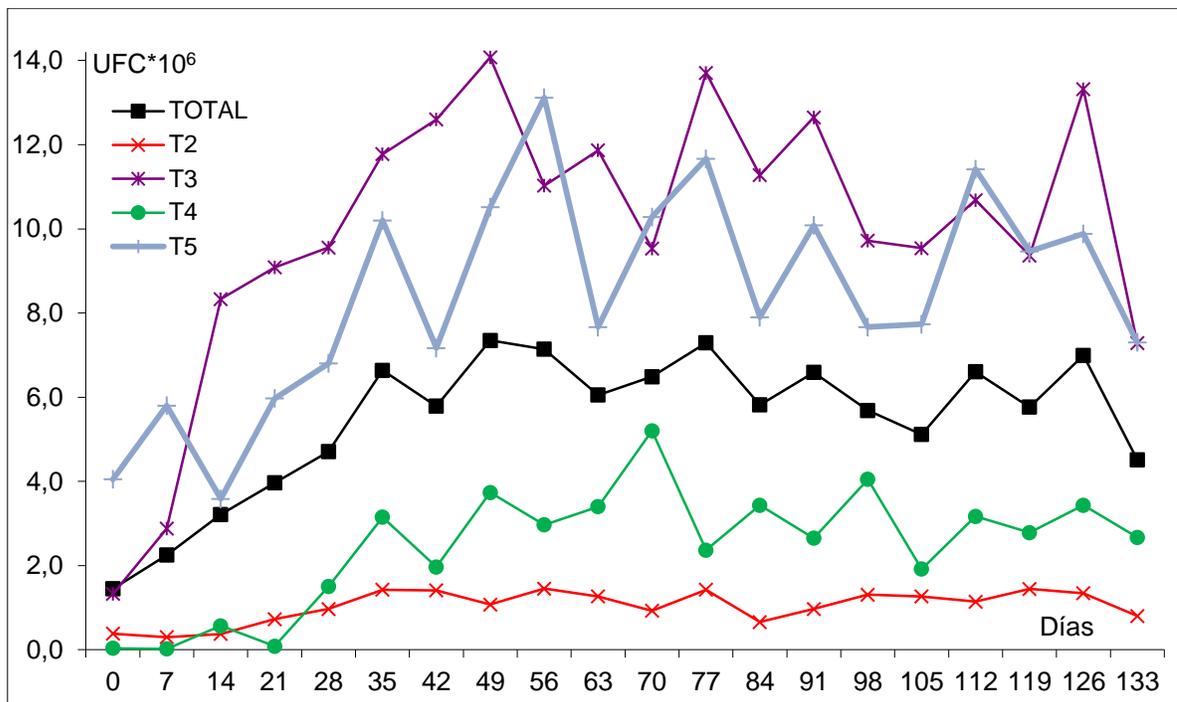


Figura 16.- Población promedio de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas cuyas plantas se mantuvieron sanas durante el experimento, medido en millones de UFC/g suelo. T2: *R. solanacearum*, T3: tártago, T4: *P. fluorescens*, T5: Timorex.

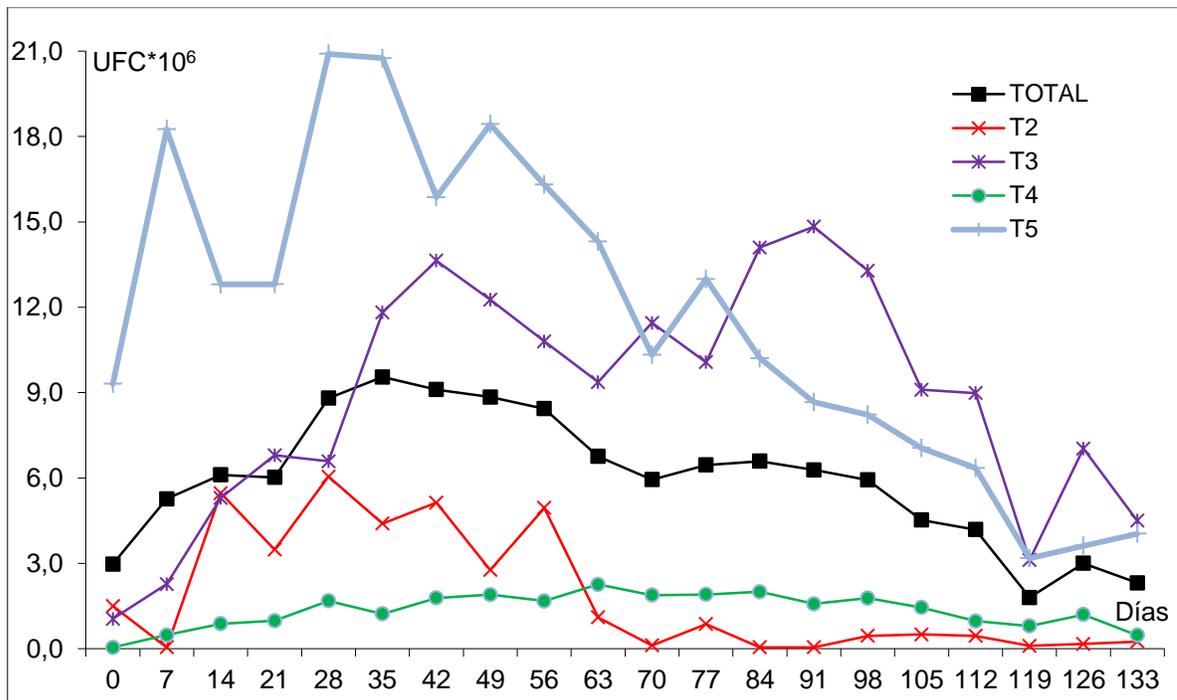


Figura 17.- Población promedio de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas cuyas plantas manifestaron síntomas de marchitez bacteriana e incluso murieron como consecuencia de esta, medido en millones de UFC/g suelo. T2: *R. solanacearum*, T3: tártago, T4: *P. fluorescens*, T5: Timorex.

### 5.6.2.3.- Análisis del comportamiento de cada tratamiento

Tratamiento 1: En la Figura 18 se puede observar el comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas del tratamiento 1, plantas sin inocular bacteria con aplicación semanal de ADE (testigo sano). Inicialmente, la población crece de forma sostenida hasta el día 49, a partir del cual inicia un crecimiento más moderado con oscilaciones; lo cual da la sensación de tendencia a la estabilidad.

La presencia de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas del tratamiento 1, a pesar de usar suelo estéril con aplicaciones semanales de ADE, no es de extrañar, por ejemplo, Chakravarty y Kalita (2012) reportaron que el testigo sano tuvo una incidencia de 5% de la marchitez bacteriana en sus ensayos en berenjena y tomate. El agua de riego, proveniente del acueducto, pudo haber estado contaminada y constituir una fuente de inóculo que afectaría, de existir, todas las plantas en la misma magnitud. Otra opción es la transferencia desde las macetas vecinas, o; aunque con muy baja probabilidad de ocurrencia, es posible la existencia de un umbral de inóculo.

Tratamiento 2: Previamente se mencionó que el comportamiento de la bacteria *R. solanacearum* en el suelo de las macetas del tratamiento 2, plantas inoculadas con dicha bacteria y con aplicación semanal de ADE (testigo sano), es inusual y sin una explicación clara. Es inusual por el tamaño de la población, relativamente pequeño, y porque solo manifestó la enfermedad el 33,33 % de las plantas del tratamiento. Sin embargo, en cuanto al comportamiento promedio, es similar al resto.

En la Figura 19 se observa que inicialmente la población crece de forma acelerada hasta el día 28, manteniendo el nivel más o menos constante hasta el día 56 cuando cae abruptamente. Esta caída coincide con la muerte de las plantas enfermas en el tratamiento; pues el contenido de bacterias en el suelo de estas plantas triplicaba el de las plantas del tratamiento que no enfermaron.

Tratamiento 3: Las poblaciones de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas del tratamiento 3, plantas inoculadas con la bacteria y con aplicación semanal de extracto acuoso de hojas de Tártago, fueron las segundas más altas; sin embargo, solo manifestó la enfermedad el 33,33 % de las plantas del tratamiento y fueron las más tardías en enfermar de todo el experimento. En la Figura 20 se observa que inicialmente la población crece de forma acelerada hasta el día 49, manteniendo el nivel más o menos constante hasta el día 91 cuando cae a una tasa muy parecida a la de crecimiento inicial. Esta caída coincide con la muerte de las plantas enfermas.

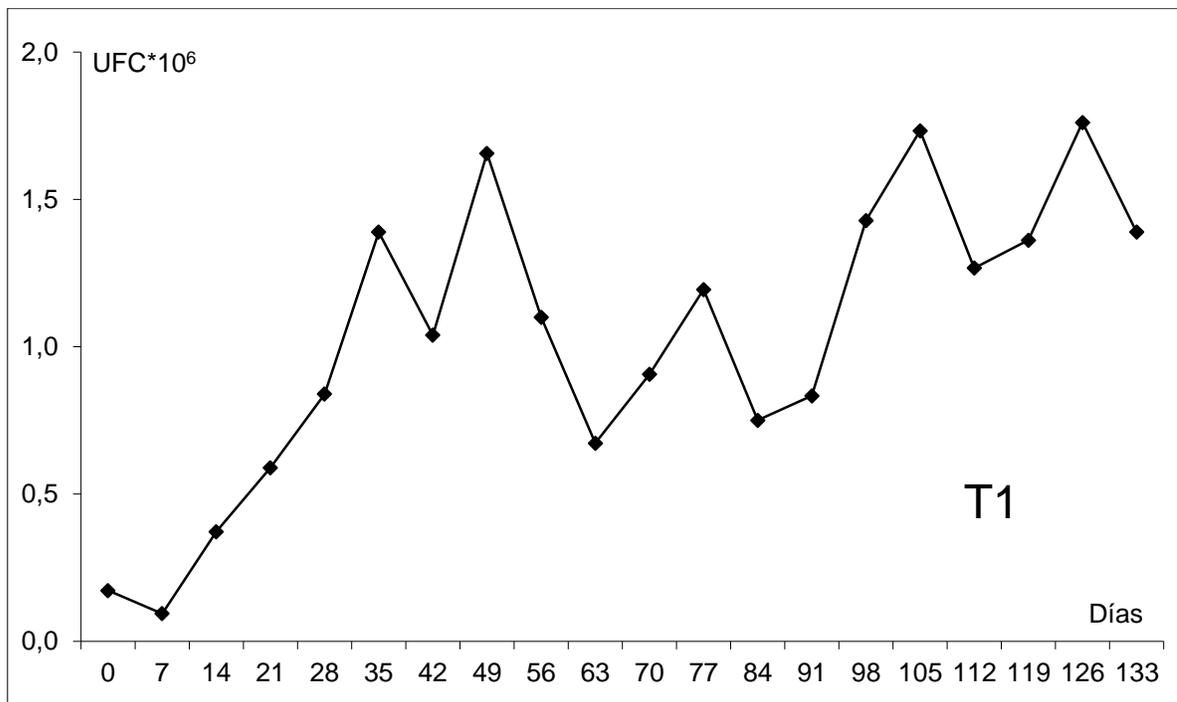


Figura 18.- Población promedio de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas correspondientes al Tratamiento 1 (testigo sano), medido en millones de UFC/g suelo.

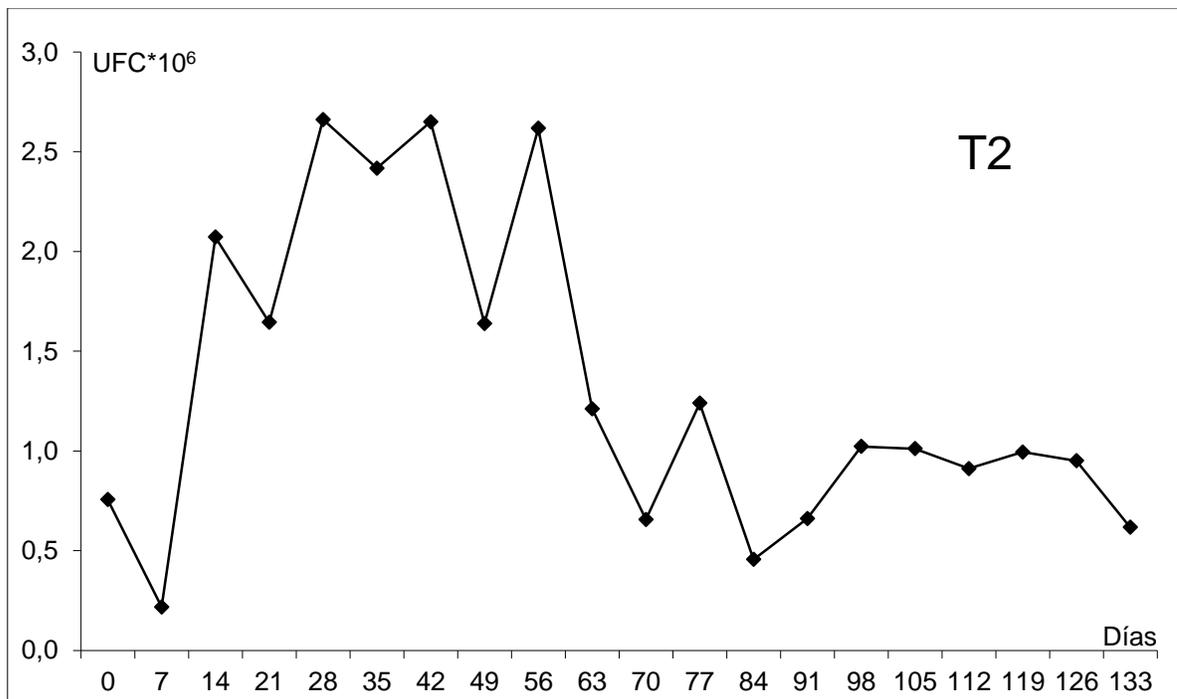


Figura 19.- Población promedio de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas correspondientes al Tratamiento 2 (testigo enfermo), medido en millones de UFC/g suelo.

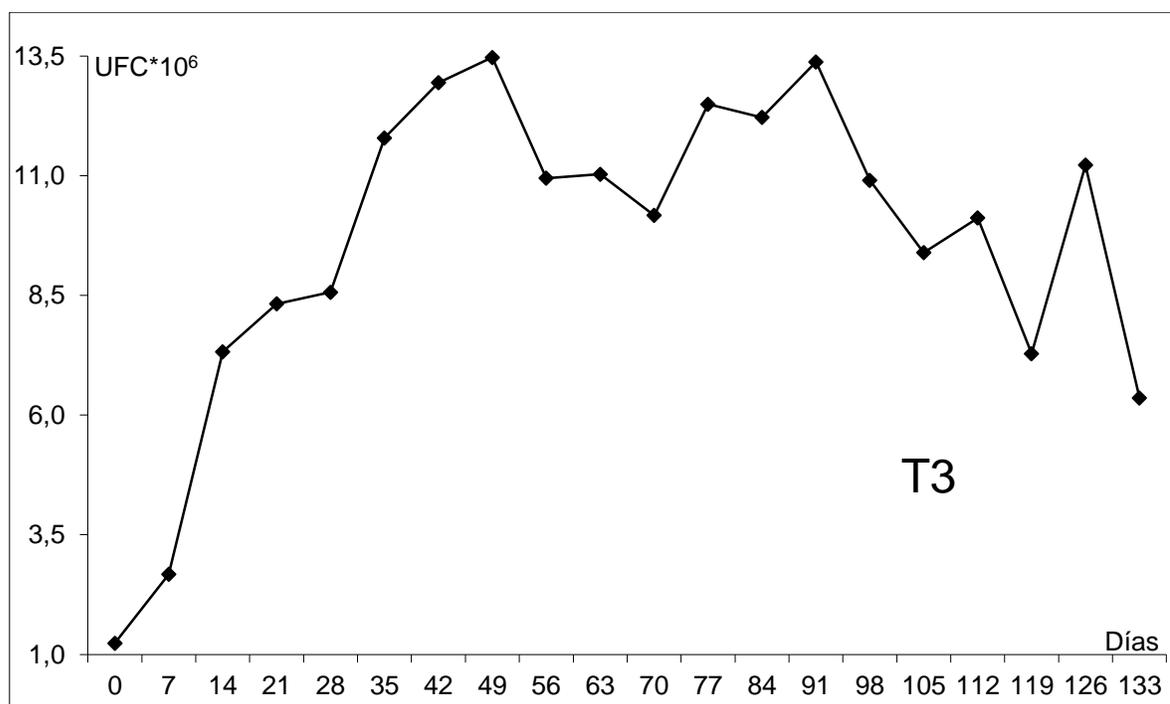


Figura 20.- Población promedio de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas correspondientes al Tratamiento 3 (tratado con extracto de hojas de Tártago), medido en millones de UFC/g suelo.

En la confrontación *in vitro*, el extracto acuoso de Tártago resultó muy efectivo en inhibir el crecimiento de *R. solanacearum*; sin embargo, *in vivo* no fue tan efectivo; aunque pareciera detener de alguna manera la expresión de la marchitez bacteriana. Similares resultados obtuvo Quintana (2010), quien probó, *in vitro*, extractos de 19 especies vegetales obteniendo los mejores resultados en la inhibición del crecimiento de *R. solanacearum* con el extracto acuoso de Tártago; pero en plantas de tomate tratadas con este extracto observó hasta un 15% de marchitez bacteriana.

En este tratamiento, y más marcadamente en el tratamiento 5, se observó un tipo de colonias más mucoides que las del resto de los tratamientos. Esto fue asociado con las caracterizaciones de Wei y col. (2013) y Zheng y col. (2014) acerca de la mucosidad y la patogenicidad, que se revisará en la descripción del tratamiento 5.

Tratamiento 4: En la Figura 21 se observa el comportamiento de las poblaciones de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas del tratamiento 4, plantas inoculadas con la bacteria y con aplicación semanal de suspensiones de la bacteria antagonista *P. fluorescens*. Inicialmente la población crece de forma acelerada hasta el día 70, a partir del cual cae a una tasa menor hasta el final del experimento. Esta caída no coincide con la muerte de las plantas enfermas en el

tratamiento, como en otros casos, más bien parece un comportamiento natural. En este tratamiento, se manifestó la enfermedad en el 66,66 % de las plantas del tratamiento, la más alta junto con el tratamiento 5.

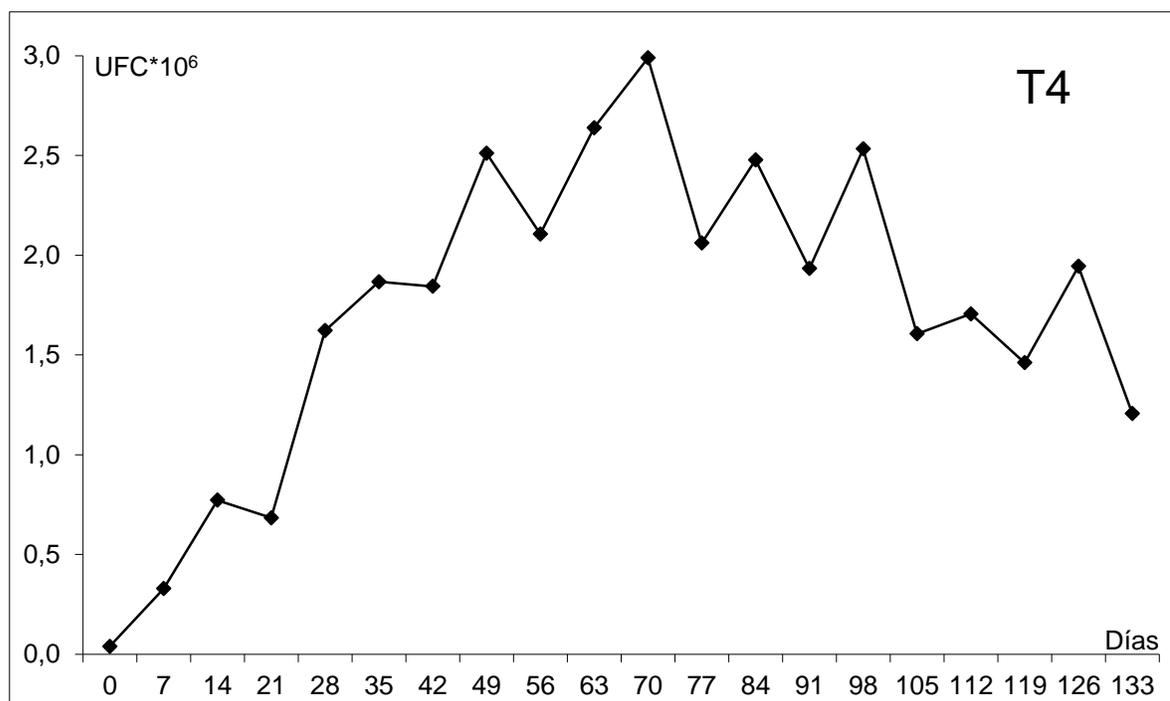


Figura 21.- Población promedio de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas correspondientes al Tratamiento 4 (tratado con la bacteria *P. fluorescens*), medido en millones de UFC/g suelo.

En la confrontación *in vitro*, *P. fluorescens* resultó muy efectiva en inhibir el crecimiento de *R. solanacearum*; por lo que se esperaba el mismo comportamiento en la confrontación *in vivo*. Similares resultados obtuvieron Ramadasappa y col. (2012) quienes tomaron 128 muestras de suelos de cultivos de tomate infestados con *R. solanacearum*, identificaron 2560 rizobacterias de las cuales 297 tenían potencial antagonista, por pruebas *in vitro*, y 10 de ellas tenían probados efectos de inhibición sobre *R. solanacearum* *in vivo*. Las 10 eran cepas de *P. fluorescens*.

La alta incidencia de la marchitez bacteriana en las plantas de este tratamiento, no concuerda con los resultados de Vanitha y col. (2009) quienes encontraron que *P. fluorescens* redujo significativamente la incidencia de marchitez bacteriana en los cultivares de tomate que probaron bajo condiciones de invernadero; tampoco con los de Mejías (2010) quien en pruebas *in vivo* de capacidad antagonista de aislamientos de la rizósfera y del suelo en plantas de tomate, obtuvo que *P. fluorescens* presentó el mejor comportamiento inhibitorio a la marchitez bacteriana por presentar el menor número de plantas afectadas con el patógeno, además que alargó el periodo de

incubación de la enfermedad; ni con los de Chakravarty y Kalita (2012) quienes en berenjena y tomate obtuvieron una incidencia 33,35% con tratamientos de *P. fluorescens*, determinando una correlación negativa de 0,485 entre *R. solanacearum* cepas y *P. fluorescens*, así como correlación negativa de 0,15 entre *P. fluorescens* e incidencia de la marchitez, y, por el contrario, hallaron correlación positiva entre *R. solanacearum* y la incidencia de marchitez de 0,95; o con los resultados de Kheirandish y Harighi (2015), en trabajos en laboratorio e invernadero con *R. solanacearum* Raza 3 Biovar 2 en papa, obtuvieron buen control de la marchitez bacteriana y efecto promotor del crecimiento con la bacteria *P. fluorescens*; quien redujo la incidencia de la enfermedad en un 38% con respecto al testigo.

¿Cómo explicar que *P. fluorescens* ayudó a mantener baja la población de *R. solanacearum* en el suelo; pero no pudo impedir una alta manifestación de la marchitez bacteriana en las plantas de tomate?, la respuesta tal vez sea una simple cuestión de capacidad y/o condiciones adecuadas para la competencia entre las bacterias. Chakravarty y Kalita (2012) consiguieron cierta relación entre las poblaciones del patógeno y del antagonista y la manifestación de la enfermedad, a mayor población del patógeno mayor manifestación de la enfermedad y menor población del antagonista, a mayor población del antagonista menor población del patógeno y menor manifestación de la enfermedad; pareciera que el establecimiento en la rizósfera de uno u otro es determinante y esto depende de las condiciones de suelo que favorezcan a uno u otro. Chen y col. (2015) plantean la misma hipótesis de la ventaja competitiva; pero con aislamientos de mutantes no patogénicos de *R. solanacearum* quienes proporcionan buen control de la enfermedad cuando las condiciones de inoculación (cantidad y tiempo) del mutante le permitían tomar ventajas y superar a las bacterias patogénicas. Sun y col. (2017) determinaron que *P. putida* es capaz de controlar la marchitez bacteriana en tomate, si logra colonizar las raíces antes de que *R. solanacearum* penetre estas y acceda al xilema de la planta.

Pareciera que a pesar que las poblaciones de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas del tratamiento 4 son bajas, la bacteria en su interacción con su antagonista *P. fluorescens*, fue capaz de superarla en la competencia por la colonización de las raíces de las plantas de tomate.

Tratamiento 5: Las poblaciones de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas del tratamiento 5, plantas inoculadas con la bacteria y con aplicación semanal del producto comercial Timorex, fueron las más altas; así como la incidencia de la enfermedad, que alcanzó el 66,66 % de las plantas del tratamiento y fueron las más rápidas en enfermar de todo el experimento. En la Figura

22 se observa que inicialmente la población crece de forma acelerada hasta el día 35, manteniendo el nivel más o menos constante hasta el día 56 cuando cae a una tasa muy rápida hasta el final del experimento. Esta caída coincide con la muerte de las plantas enfermas.

Timorex está catalogado como fungicida; sin embargo, Hernández y col. (2013a) y Hernández y col. (2013b) habían tenido experiencias promisorias en su uso como controlador de enfermedades bacterianas; por ello se incluyó en el experimento; aunque, en esa investigación no se obtuvieron resultados positivos con él. Las poblaciones de la bacteria en el suelo fueron las más altas de todos los tratamientos, llegando a cuadruplicar a alguno de ellos, y la colonización de las plantas fue relativamente rápida; pues en el día 21 ya se tenían manifestaciones de la marchitez en plantas con este tratamiento.

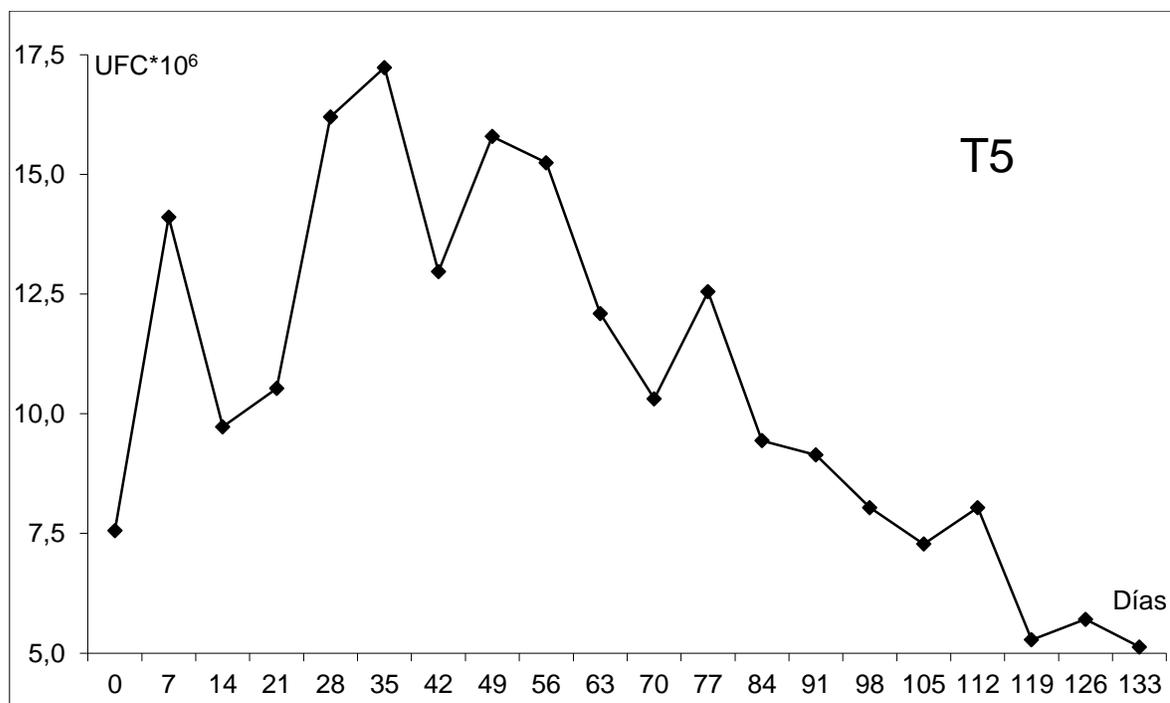


Figura 22.- Población promedio de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas correspondientes al Tratamiento 5 (producto comercial Timorex), medido en millones de UFC/g suelo.

Un tema importante con este tratamiento fue la presencia de colonias mucoides en gran proporción en las placas de Petri. Estas formas solo se presentaron en este tratamiento y en el tratamiento 3; pero en proporción mucho más baja, y por ello, no se pudo realizar ningún manejo estadístico de esos datos. En la Figura 23 se observa el detalle de la colonia típica, más o menos redondeada con coloración oscura o de bordes blancos y rosada en el centro; así como de las colonias mucoides, irregulares, extendidas, con gran cantidad de líquido blanquecino.

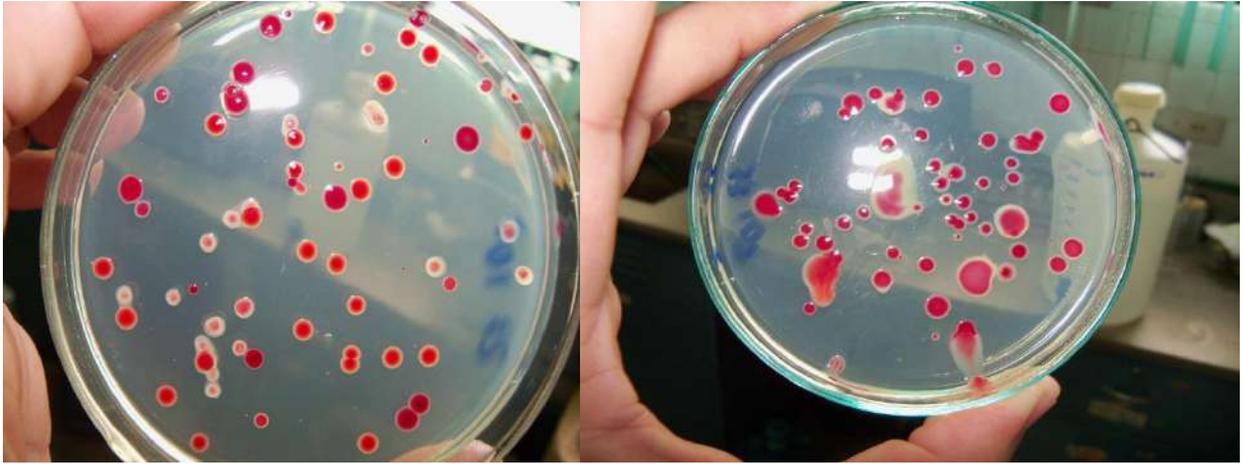


Figura 23.- Colonias de *R. solanacearum* correspondientes al tratamiento 5 (producto comercial Timorex): a la izquierda las colonias típicas que se observaron en todo el experimento, a la derecha las colonias mucoides que solo se observaron en este tratamiento y en el tratamiento 3 (extracto de tártago) en menor proporción.

Wei y col. (2013) relacionaron esta característica de las colonias con la virulencia de *R. solanacearum*, lo que ellos llaman tipo fluido; en suelo de plantas de tomate sanas este tipo de población fue significativamente menor que la de las plantas marchitas. Las proporciones entre el número de tipos afluidos (colonias poco mucoides) y el de los tipos fluidos en los suelos de plantas de tomate sanas fueron significativamente mayores que las de plantas marchitas.

Zheng y col. (2014) basándose en la morfología de la colonia en medio TTC, las dividieron en tres tipos patogénicos o patotipos que se pueden observar en la Figura 24: (a) virulento, en el que la forma de la colonia era irregular, altamente móvil, húmedo y exhibía una mancha rosa en el centro de la colonia, (b) provisional, en la cual la colonia estaba húmeda en la superficie, y mostraba una mancha de color rojo oscuro en medio y un estrecho borde blanco, y (c) avirulento, en el que la colonia era redonda, inmóvil, seca y mostraba una mancha de color rojo oscuro en medio de la colonia y un borde estrecho o nulo. Los tres patotipos de *R. solanacearum* coexistieron en un sistema de crecimiento competitivo en el campo del tomate, y su distribución se correlacionó estrechamente con la severidad de la marchitez bacteriana del tomate; es decir, en plantas sanas hay solo patotipo avirulento, en los primeros grados de la escala de severidad, predominan los avirulentos y provisional, en los grados intermedios, predominan provisional y virulento, y en los grados altos de severidad, predomina el patotipo virulento.

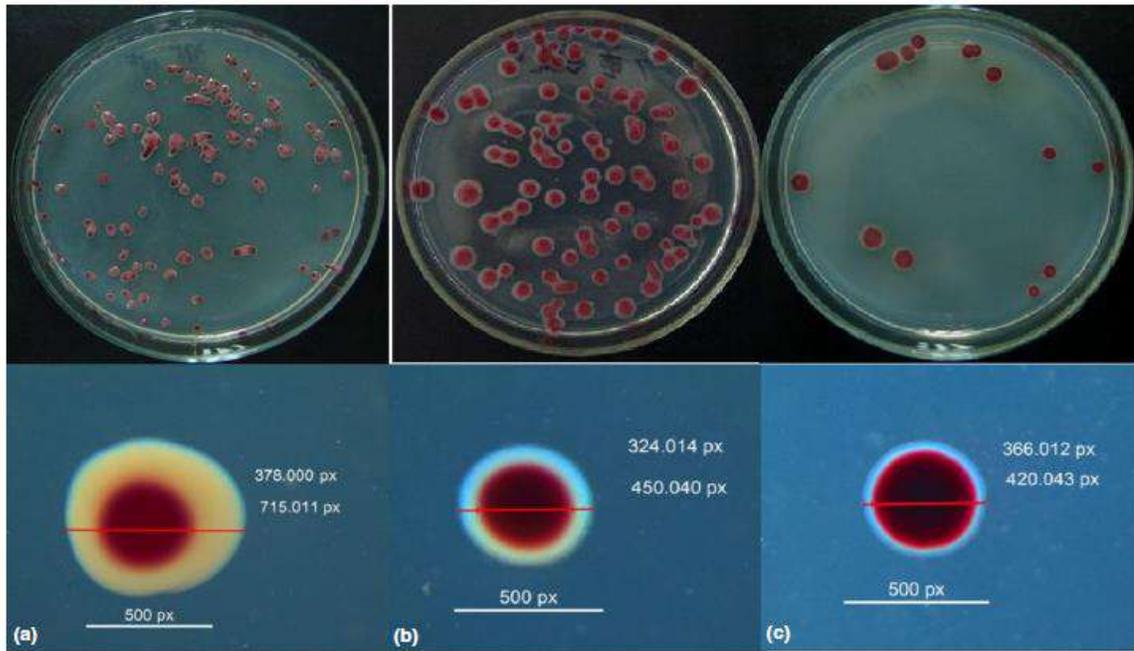


Figura 24.- Colonias de *R. solanacearum* creciendo en medio TTC, clasificadas en: (a) virulenta, (b) provisional y (c) avirulenta; tomada de Zheng y col. (2014).

Es notoria la similitud de las colonias mostradas en las Figuras 23 y 24; por lo que se puede asumir que la severidad con la que se manifestó la Marchitez Bacteriana del Tomate en el tratamiento 5, se debe a la presencia de los tres patotipos en proporciones importantes; en particular a la presencia del patotipo virulento.

### 5.6.3.- Manifestación de la marchitez bacteriana en las plantas

En las Figuras 25 y 26 se puede observar el comportamiento del Índice de Enfermedad (IE) y del Índice de Incidencia de la Marchitez (IIM). Los tratamientos 5 (T5: Timorex) y 3 (T3: extracto de tártago) son los que alcanzaron el mayor nivel de incidencia con 66,66 %; mientras que el tratamiento 1 (T1: testigo sano) no manifestó la enfermedad.

La enfermedad fue más severa en el tratamiento 5; ya que los síntomas iniciaron a los 7 días del trasplante y la muerte del 66,66 % de las plantas del tratamiento se dio a los 49 días.

La Figura 28 muestra plantas jóvenes del tratamiento 5 con síntomas de marchitez y la muerte posterior de las mismas. Las plantas de este tratamiento enfermaron más temprano, incluso, que el testigo enfermo, lo que junto con los altos niveles poblacionales de *R. solanacearum* en el suelo, parece indicar que el producto comercial Timorex, además de inefectivo en el control de la bacteria, estimula de alguna manera su actividad.

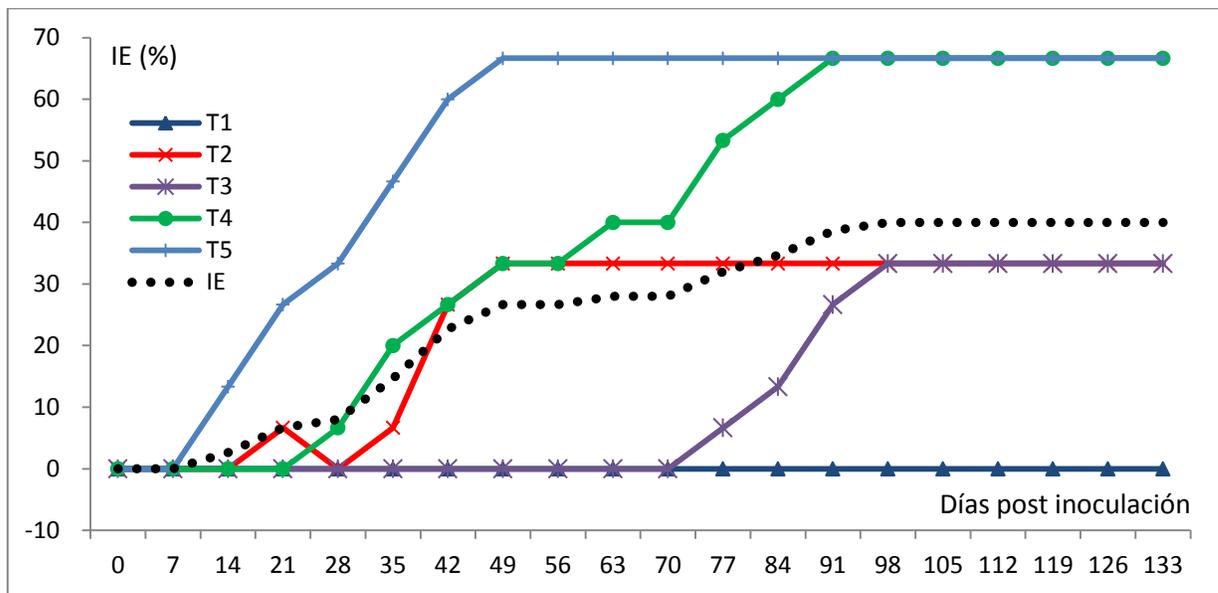


Figura 25.- Índice de enfermedad calculado para cada tratamiento (T1 hasta T5) y en promedio en el experimento (IE), medido en porcentaje.

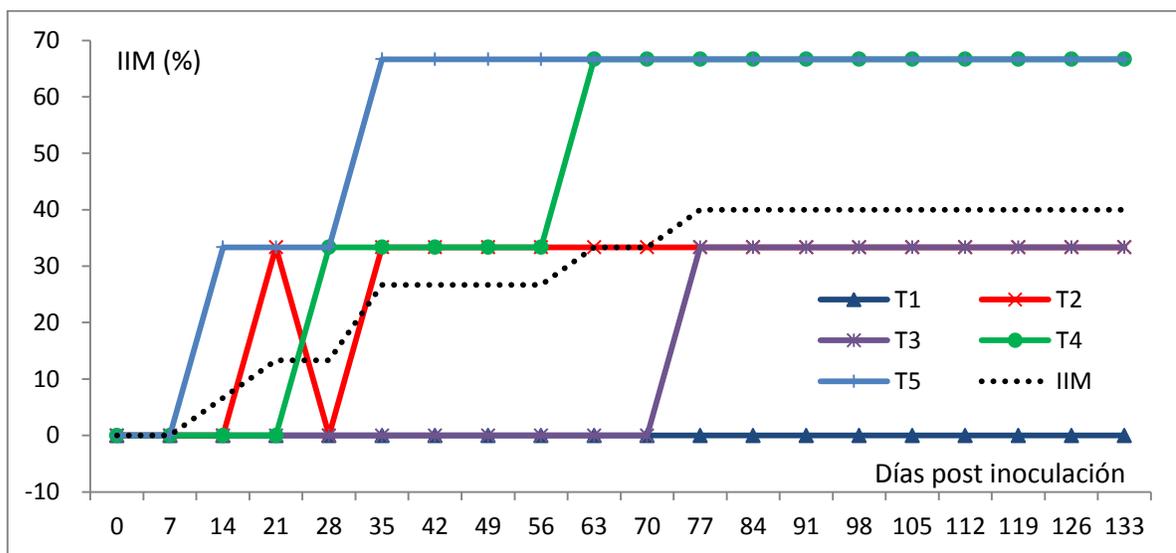


Figura 26.- Índice de incidencia de la marchitez calculado para cada tratamiento (T1 hasta T5) y en promedio en el experimento (IE), medido en porcentaje.

El tratamiento 2 (T2: testigo enfermo), también manifestó tempranamente síntomas de la enfermedad; aunque en este caso solo el 33,33 % enfermó. En la Figura 27 se puede observar plantas de este tratamiento con síntomas de marchitez y la muerte de las mismas.

El tratamiento 4 soportó por más tiempo la enfermedad; es decir, mientras en los otros tratamientos las plantas murieron entre 4 y 6 semanas después de la aparición de los primeros síntomas, en el tratamiento 4 las plantas enfermas tardaron entre 9 y 10 semanas desde la

aparición de los síntomas hasta su muerte.

El tratamiento 3 presentó contrastes interesantes. Junto al tratamiento 5, presentó las poblaciones más altas de *R. solanacearum* en el suelo, incluso presentó las formas mucoides asociadas a cepas virulentas; sin embargo, la enfermedad se manifestó entre 7 y 9 semanas después que en el resto de los tratamientos y tanto el IE como el IIM alcanzaron el 33,33 %; es decir, un nivel inferior a los tratamientos 4 y 5. La referencia a contrastes interesantes es que se supone, por los resultados de la población en el suelo, que los extractos vegetales favorecieron el desarrollo de *R. solanacearum*, lo cual pareciera corroborarse por la agresividad de la marchitez bacteriana en el tratamiento 5; sin embargo, lo tardío de la manifestación de la enfermedad en este tratamiento pudiera deberse a algún tipo de barrera y/o estímulo a las raíces que produce el extracto de tártago y que provoca esta especie de resistencia a la enfermedad.

#### 5.6.3.1.- Análisis al día 133 después del trasplante

Basado en el comportamiento del IE y del IIM, se decidió realizar una comparación del grado de severidad entre los tratamientos para el día 133, al final del experimento.



Figura 27.- Planta correspondiente al tratamiento 2 (testigo enfermo), con síntomas de la marchitez bacteriana del tomate.



Figura 28.- Plantas correspondientes al tratamiento 5 (tratado con el producto comercial Timorex), mostrando síntomas de la marchitez bacteriana del tomate.

Cuadro 19.- Grado de severidad de la marchitez bacteriana del tomate (en la escala de Winstead y Kelman, 1952) al día 133 después del trasplante en cada una de las unidades experimentales.

Tratamiento	Réplica	Grado de severidad (del 0 al 5)
1	1	0
	2	0
	3	0
2	1	0
	2	0
	3	5
3	1	0
	2	5
	3	0
4	1	0
	2	5
	3	5
5	1	5
	2	0
	3	5

En el Cuadro 19 se presentan los valores del grado de severidad de la marchitez bacteriana del tomate, expresados en la escala de Winstead y Kelman (1952), que es una escala ordinal, por lo que se aplicó la prueba de Kruskal Wallis para realizar la comparación de tratamientos. Con los resultados de esta prueba señalan que no existen diferencias, al nivel del 5%, entre los tratamientos comparados (Anexo 21).

Los resultados de la prueba de Kruskal Wallis señalan que, al final del experimento, no hay diferencias estadísticamente importantes en el comportamiento de la enfermedad entre los tratamientos. Tal vez el tamaño del experimento impida que esta metodología detecte las diferencias que, desde el punto de vista biológico, observamos y que se mencionaran en el análisis previo a esta prueba.

### **5.7.- Modelos matemáticos**

Los datos de UFC/g de suelo, obtenidos de cada tratamiento en la fase experimental, se graficaron y se trataron de ajustar los modelos matemáticos seleccionados para esta fase.

En total se seleccionaron, a partir de las tendencias gráficas, un total de 82 modelos a ajustar, incluyendo diferentes formas de un mismo modelo pero diferenciadas por el número de parámetros involucrados. El ajuste se realizó usando el software R-Project por medio de una rutina que realiza los siguientes procesos: declaración de las variables y los datos, gráfica de dispersión de los datos observados, especificación del modelo a probar, declaración de valores iniciales de los parámetros del modelo, presentación de criterios de selección y gráfica de predicciones del modelo. (Anexo 22)

De los modelos probados solo 10 de ellos no se ajustaron a ninguna de las series de datos manejadas: 4 fases, expolineal, Frechet exponencial, Frechet Weibull, Huang, logístico generalizado, Pareto exponenciado, Pareto exponencial, Pareto Weibull, y Weibull (ecuación 76); 25 modelos tuvieron algún ajuste entre 1 y 9 de las series de datos; el resto de los modelos ajustaron al menos a 10 de las series probadas.

Las series de datos tienen, básicamente, un comportamiento creciente al inicio hasta alcanzar un máximo y de allí en adelante puede suceder: (a) un descenso que le dé a la gráfica una forma acampanada con cierta simetría, como por ejemplo se observa en la Figura 21; o (b) asimétrica a la derecha, como por ejemplo se muestra en la Figura 14; o (c) un descenso brusco, como por ejemplo se observa en la Figura 19; también puede suceder que a partir del máximo (d) la gráfica

tienda a estabilizarse en ese valor, como por ejemplo se muestra en la Figura 18.

### 5.7.1.- Total experimento

El promedio de UFC/g de suelo de todas las plantas del experimento, sin importar tratamiento ni condición, se modeló en una serie completa y en dos fases: serie creciente hasta el día 49 y serie decreciente desde el día 56 en adelante. Esta serie presenta una forma acampanada asimétrica a la derecha cuyo máximo puede ubicarse en el día 49, como se observa en la Figura 30, por ello ese es el punto de separación en fases.

De los modelos probados, 50 tuvieron algún grado de ajuste en la serie completa, 36 en la fase creciente hasta el día 49 y 10 en la fase decreciente a partir del día 56. En los Cuadros 20, 22 y 23 se presentan algunos de los criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos (los más conocidos por razones de espacio) y el resultado de la metodología de escogencia para la serie completa, para la fase creciente hasta el día 49 y para la fase decreciente a partir del día 56, respectivamente. En los Cuadros 21, 24 y 25 se presentan los 5 mejores modelos para la serie completa, para la fase creciente hasta el día 49 y para la fase decreciente a partir del día 56, respectivamente, y sus parámetros estimados. En la Figura 29 se observa la gráfica del mejor modelo seleccionado para la serie completa y en la Figura 30, la gráfica de los mejores modelos seleccionados para cada una de las dos fases en que se separó la serie.

Cuadro 20.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el total del experimento, serie completa.

	Beta	F Racional	F Racional Cuad	Pol Grado 3	Pol Grado 4
RECM	2,441	2,122	<b>1,986</b>	2,177	2,109
R <sup>2</sup>	0,830	0,875	<b>0,888</b>	0,864	0,872
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,810	0,852	<b>0,867</b>	0,838	0,838
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,829	0,870	<b>0,887</b>	0,864	0,872
Ln(LIK)	-16,268	-13,468	<b>-12,139</b>	-13,985	-13,350
AIC	38,536	34,936	<b>32,278</b>	35,970	36,700
BIC	41,523	38,919	<b>36,261</b>	39,953	41,679
HQIC	9,335	9,058	<b>8,879</b>	9,124	9,107
Criterios en 1º	1	1	36	0	0
Criterios en 2º	0	21	1	1	14
Criterios en 3º	0	9	0	19	6
Criterios en 4º	10	6	0	15	7
Criterios en 5º	23	0	1	1	11
Puntos	48	128	<b>185</b>	92	99

Cuadro 21.- Modelos de predicción del comportamiento de la población total de *R. solanacearum* en el experimento, serie completa.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Función Racional Cuadrática	$P(t) = \frac{2,022 + (0,123) * t}{1 - (1,161 * 10^{-2}) * t + (3,358 * 10^{-4}) * t^2}$
Función Racional Cuarta	$P(t) = \frac{(1,223) * t^{0,492}}{1 + (3,403 * 10^{-5}) * t^{2,334}}$
Cúbico	$P(t) = 1,76 + (0,24) * t - (4,345 * 10^{-3}) * t^2 + (2,854 * 10^{-5}) * t^3 - (6,858 * 10^{-8}) * t^4$
Beta	$P(t) = (6,103) * \left(1 + \frac{50,887 - t}{121,234}\right) * \left(\frac{t}{50,887}\right)^{0,42}$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1° al 5° mejores.

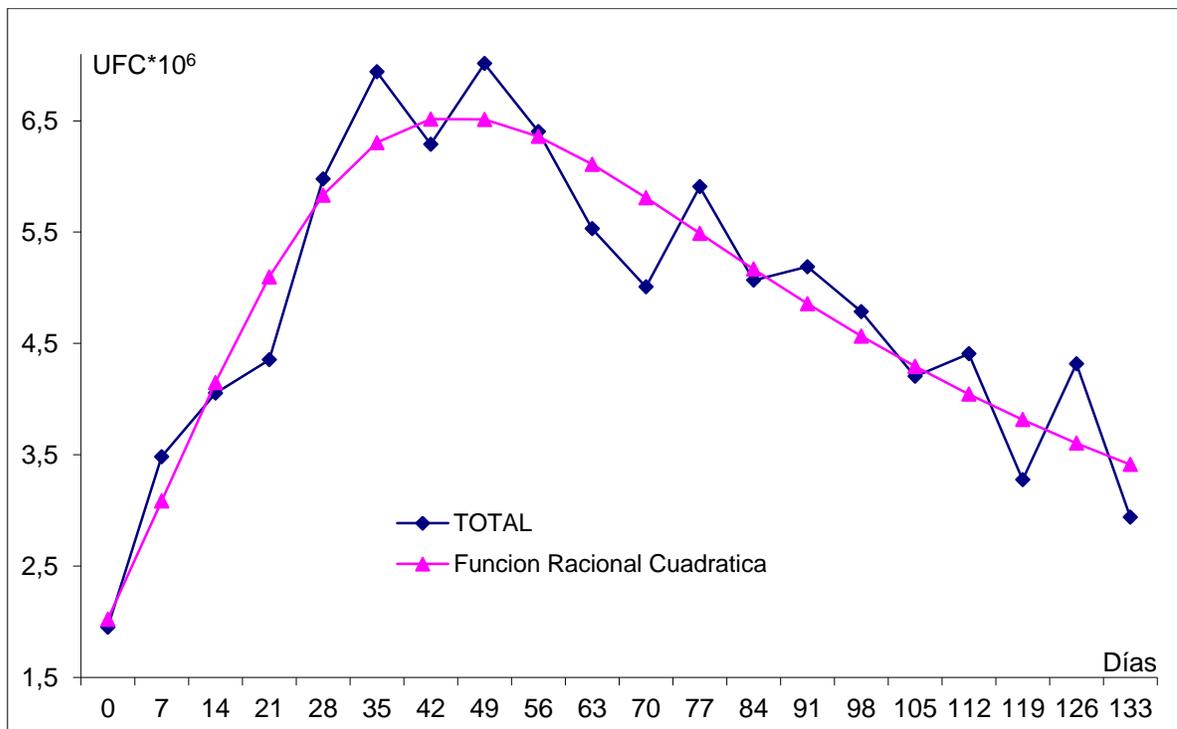


Figura 29.- Valores observados de la población total de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, en el experimento, serie completa.

Cuadro 22.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el total del experimento, serie creciente hasta el día 49.

	Baranyi Roberts	Bilogístico	Gompertz	Pol Grado 2	Weibull
RECM	1,106	<b>0,620</b>	1,116	1,105	0,911
R <sup>2</sup>	0,948	<b>0,984</b>	0,947	0,948	0,966
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,908	<b>0,962</b>	0,925	0,927	0,941
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,948	<b>0,984</b>	0,947	0,948	0,964
Ln(LIK)	-3,838	<b>0,794</b>	-3,911	-3,833	-2,289
AIC	13,676	<b>8,412</b>	13,822	13,666	12,578
BIC	13,914	<b>8,809</b>	14,060	13,904	12,896
HQIC	6,200	<b>3,919</b>	6,227	6,198	5,763
Criterios en 1º	0	35	0	0	0
Criterios en 2º	0	0	0	3	32
Criterios en 3º	2	0	0	19	1
Criterios en 4º	13	0	8	3	0
Criterios en 5º	1	0	11	10	1
Puntos	33	<b>175</b>	27	85	132

Cuadro 23.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el total del experimento, serie decreciente a partir del día 56.

	F Racional Cuad	Gompertz	Lineal	Pol Grado 2	Pol Grado 4
RECM	<b>1,367</b>	1,446	1,458	1,440	1,390
R <sup>2</sup>	<b>0,828</b>	0,811	0,808	0,813	0,826
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,910	0,911	<b>0,919</b>	0,912	0,894
Ln(LIK)	<b>-5,867</b>	-6,547	-6,646	-6,496	-6,072
AIC	19,734	19,094	<b>17,292</b>	18,992	22,144
BIC	21,674	20,549	<b>18,262</b>	20,447	24,569
HQIC	7,332	7,377	<b>7,275</b>	7,365	7,504
Criterios en 1º	11	0	17	0	7
Criterios en 2º	6	0	2	0	11
Criterios en 3º	1	0	0	1	0
Criterios en 4º	0	0	2	35	1
Criterios en 5º	1	36	0	2	0
Puntos	83	36	<b>97</b>	75	81

Cuadro 24.- Modelos de predicción del comportamiento de la población total de *R. solanacearum* en el experimento, serie fase creciente hasta el día 49.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Bilogístico	$P_{(t)} = \frac{3,897}{1 + e^{-0,357*(t-0,079)}} + \frac{2,876}{1 + e^{-0,357*(t-25,292)}}$
Weibull	$P_{(t)} = (6,831) * \left\{ 1 - \left[ 1 + (e^{(0,083*t)^{3,107}} - 1)^{0,136} \right]^{-1} \right\}$
Cuadrático	$P_{(t)} = 2,013 + (0,174) * t - (1,47 * 10^{-3}) * t^2$
Baranyi-Roberts	$P_{(t)} = 7,436 * e^{0,072 * t} * \left[ \frac{e^{-0,072 * t} - e^{-0,072 * (t-1,775)} + e^{0,129}}{1,472 + e^{0,072 * (t-1,775)} + e^{-0,129}} \right]$
Gompertz	$P_{(t)} = 7,799 * e^{-1,321 * e^{-0,052 * t}}$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1° al 5° mejores.

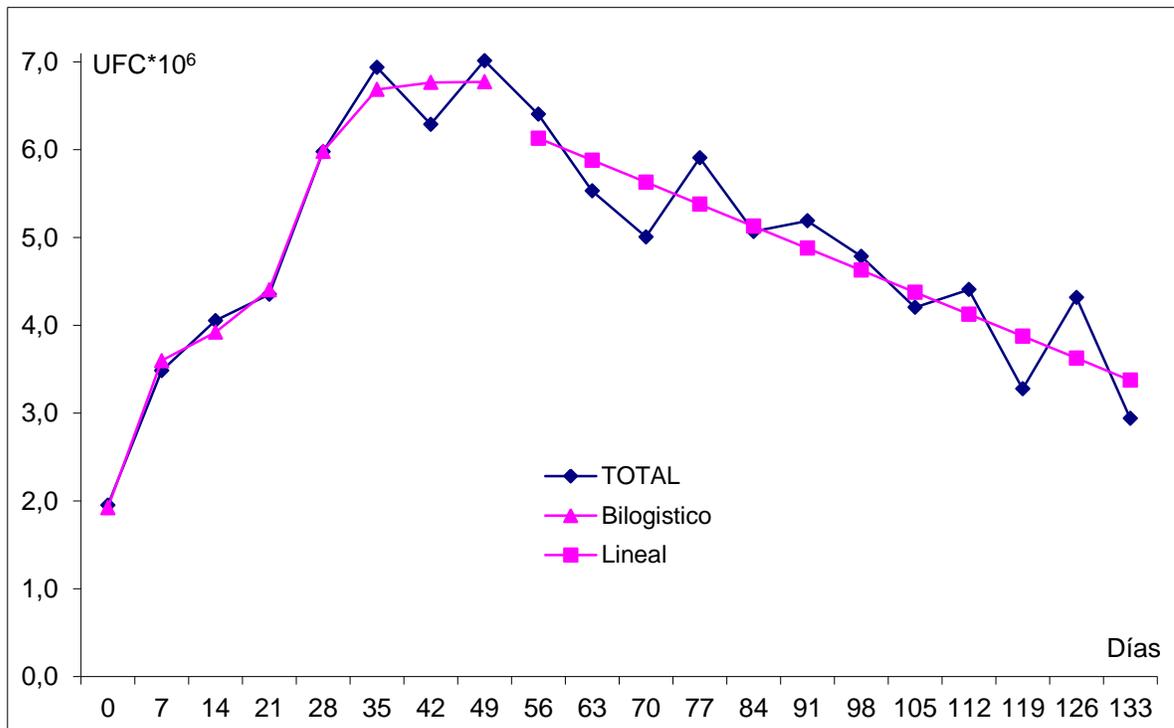


Figura 30.- Valores observados de la población total de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, en el experimento, en dos fases: serie creciente hasta el día 49 y serie decreciente desde el día 56 en adelante.

Cuadro 25.- Modelos de predicción del comportamiento de la población total de *R. solanacearum* en el experimento, serie fase decreciente a partir del día 56.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Lineal	$P_{(t)} = 8,134 - (0,036) * t$
Función Racional Cuadrática	$P_{(t)} = \frac{12,49 - (9,499 * 10^{-2}) * t}{1 + (1,03 * 10^{-2}) * t - (1,368 * 10^{-4}) * t^2}$
Cuarto Grado	$P_{(t)} = 37,93 - (1,38) * t + (2,19 * 10^{-2}) * t^2 - (1,53 * 10^{-4}) * t^3 + (3,87 * 10^{-7}) * t^4$
Cuadrático	$P_{(t)} = 7,066 - (0,012) * t - (1,28 * 10^{-4}) * t^2$
Gompertz	$P_{(t)} = 18,494 * e^{(0,007 * t - 1,018 * e^{0,007 * t})}$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1° al 5° mejores.

### 5.7.2.- Tratamiento 1: Testigo sano. Serie total.

El promedio de UFC/g de suelo de las plantas del tratamiento 1 se modeló en una serie completa dado que no enfermó ninguna planta de este grupo y todas presentaron un crecimiento rápido, al inicio, para luego marcar una cierta tendencia a la estabilidad, como se muestra en la Figura 31.

De los modelos probados 46 tuvieron algún grado de ajuste en la serie T1. En el Cuadro 26 se presentan algunos de los criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia, mientras que en el Cuadro 27 se presentan los 5 mejores modelos y sus parámetros estimados. En la Figura 31 se observa la gráfica del mejor modelo seleccionado para la serie Tratamiento 1.

Cuadro 26.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para la serie tratamiento 1.

	Bilogístico	Log Recíproco	F Racional	Hiperbólico	Levakovic
RECM	<b>1,086</b>	1,320	1,284	1,346	1,283
R <sup>2</sup>	<b>0,771</b>	0,640	0,677	0,612	0,677
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	<b>0,710</b>	0,620	0,616	0,591	0,616
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	<b>0,742</b>	0,619	0,639	0,604	0,640
Ln(LIK)	<b>-0,075</b>	-3,977	-3,417	-4,363	-3,413
AIC	<b>10,150</b>	11,954	14,834	12,726	14,826
BIC	15,129	<b>13,945</b>	18,817	14,717	18,809
HQIC	<b>5,472</b>	6,790	6,960	6,940	6,958

Cuadro 26.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para la serie tratamiento 1. (continuación)

	Bilogístico	Log Recíproco	F Racional	Hiperbólico	Levakovic
Criterios en 1º	27	9	0	0	0
Criterios en 2º	0	8	6	0	6
Criterios en 3º	0	2	1	9	3
Criterios en 4º	0	0	2	4	10
Criterios en 5º	0	0	10	1	0
Puntos	<b>135</b>	83	41	36	53

Cuadro 27.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el experimento, serie tratamiento 1.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Bilogístico	$P(t) = \frac{1,048}{1 + e^{-0,273*(t - 18,62)}} + \frac{0,463}{1 + e^{-0,273*(t - 96,931)}}$
Logaritmo Recíproco	$P(t) = e^{(0,430 - \frac{16,969}{t})}$
Levakovic	$P(t) = \frac{0,420 * t^{4,474}}{(206200 + t^{4,474})^{0,945}}$
Función Racional	$P(t) = \frac{(2,368 * 10^{-6}) * t^{4,694}}{1 + (5,641 * 10^{-6}) * t^{4,449}}$
Hiperbólico	$P(t) = \frac{0,053 * t}{1 + 0,03 * t}$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1º al 5º mejores.

### 5.7.3.- Tratamiento 2: Testigo enfermo. Serie total.

El promedio de UFC/g de suelo de todas las plantas del tratamiento 2, sin importar su condición, se modeló en una serie completa y en dos fases: serie creciente hasta el día 56 y serie decreciente desde el día 63 en adelante. Esta serie, como se aprecia en la Figura 33, presenta un crecimiento inicial rápido hasta alcanzar un máximo que puede ubicarse en el día 56, por ello ese es el punto de separación en fases, de allí en adelante presenta una brusca caída a niveles poblacionales comparativamente muy bajos. De los modelos probados, 22 tuvieron algún grado de ajuste en la serie completa, 33 en la fase creciente hasta el día 56 y 8 en la fase decreciente a partir del día 63.

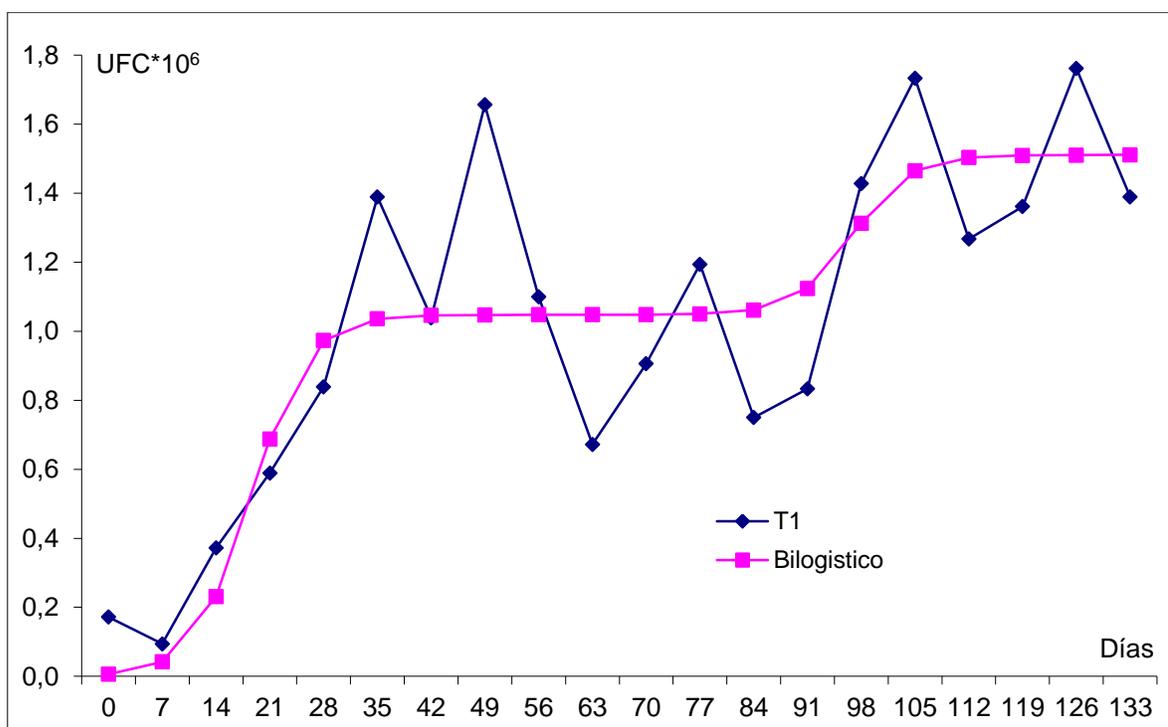


Figura 31.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, serie tratamiento 1.

Cuadro 28.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 2 serie completa.

	F Racional	F Racional Cuad	Levakovic	Pol Grado 4	Ricker
RECM	1,955	<b>1,873</b>	1,943	1,933	2,233
R <sup>2</sup>	0,720	<b>0,724</b>	0,717	0,675	0,639
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,668	<b>0,672</b>	0,664	0,601	0,619
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,667	0,695	0,671	<b>0,752</b>	0,566
Ln(LIK)	-11,825	<b>-10,974</b>	-11,707	-11,603	-14,491
AIC	31,650	<b>29,948</b>	31,414	33,206	32,982
BIC	35,633	<b>33,931</b>	35,397	38,185	34,973
HQIC	8,834	<b>8,707</b>	8,816	8,873	9,061
Criterios en 1º	1	23		14	1
Criterios en 2º	2	9	14	4	9
Criterios en 3º	13	2	21	1	
Criterios en 4º	20	5	2	5	5
Criterios en 5º	1		1	13	7
Puntos	93	<b>167</b>	124	112	58

En los Cuadros 28, 30 y 31 se presentan algunos de los criterios aplicados en la selección de los 5

mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para la serie completa, para la fase creciente hasta el día 56 y para la fase decreciente a partir del día 63, respectivamente; mientras que en los Cuadros 29, 32 y 33 se presentan los 5 mejores modelos para la serie completa, para la fase creciente hasta el día 56 y para la fase decreciente a partir del día 63, respectivamente, y sus parámetros estimados.

Cuadro 29.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 2, serie completa.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Racional Cuadrática	$P_{(t)} = \frac{0,397 + (0,385) * t}{1 - (3,685 * 10^{-2}) * t + (7,992 * 10^{-4}) * t^2}$
Levakovic	$P_{(t)} = \frac{1341,525 * t^{2,054}}{(754,124 + t^{2,054})^{1,767}}$
Cuarto Grado	$P_{(t)} = 0,12 + (0,17) * t - (4,55 * 10^{-3}) * t^2 + (4,04 * 10^{-5}) * t^3 - (1,20 * 10^{-7}) * t^4$
Función Racional	$P_{(t)} = \frac{(2,453 * 10^{-2}) * t^{1,595}}{1 + (4,73 * 10^{-5}) * t^{2,982}}$
Ricker	$P_{(t)} = 0,187 * t * e^{-0,031 * t}$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1° al 5° mejores.

Cuadro 30.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 2 serie creciente hasta el día 56.

	Blumberg Loglogístico	Frechet Korf	Lindley	Pol Grado 4	Rayleigh
RECM	1,332	1,320	1,399	<b>1,130</b>	1,410
R <sup>2</sup>	0,799	<b>0,804</b>	0,729	0,794	0,761
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,732	<b>0,738</b>	0,690	0,589	0,727
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,714	0,719	0,685	<b>0,794</b>	0,679
Ln(LIK)	-5,462	-5,383	-5,902	<b>-3,982</b>	-5,978
AIC	16,924	16,766	<b>15,804</b>	17,964	15,956
BIC	17,516	17,358	<b>16,198</b>	18,950	16,350
HQIC	6,842	6,819	6,824	<b>6,699</b>	6,846
Criterios en 1º	0	3	15	18	0
Criterios en 2º	0	12	1	0	17
Criterios en 3º	12	3	1	0	0
Criterios en 4º	4	11	0	0	0
Criterios en 5º	8	0	0	0	1
Puntos	52	<b>94</b>	82	90	69

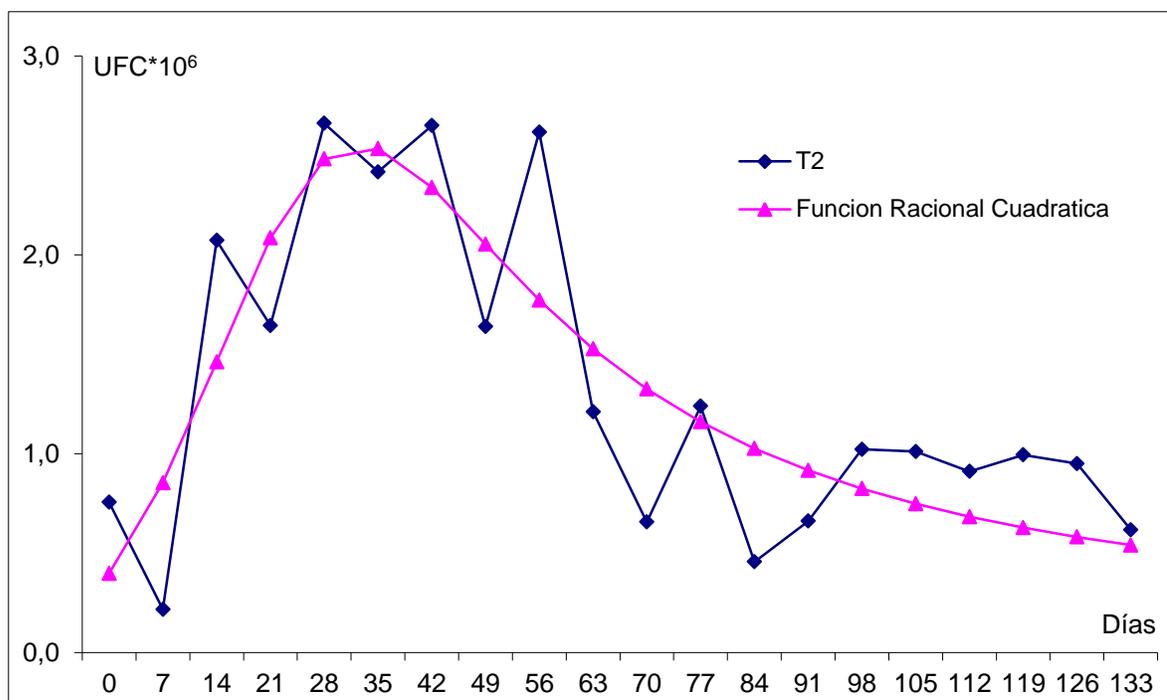


Figura 32.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 2, serie completa.

Cuadro 31.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 2 serie decreciente a partir del día 63.

	Exponencial	Log Recíproco	F Racional Cuad	Pol Grado 3	Pol Grado 4
RECM	0,792	0,787	0,775	0,649	<b>0,648</b>
R <sup>2</sup>	0,024	0,037	0,067	0,344	<b>0,346</b>
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	-0,085	-0,071	-0,332	<b>0,061</b>	-0,092
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,023	0,036	0,065	0,343	<b>0,347</b>
Ln(LIK)	0,151	0,218	0,390	<b>2,338</b>	2,355
AIC	3,698	3,564	7,220	<b>3,324</b>	5,290
BIC	4,494	<b>4,360</b>	8,812	4,916	7,279
HQIC	2,808	2,644	4,088	<b>2,200</b>	2,727
Criterios en 1º	0	9	0	14	15
Criterios en 2º	10	7	0	14	7
Criterios en 3º	7	1	20	0	0
Criterios en 4º	2	11	0	0	1
Criterios en 5º	0	3	0	6	1
Puntos	65	101	60	<b>132</b>	106

Las gráficas del mejor modelo seleccionado para la serie completa y para cada una de las dos fases en que se separó la serie se muestran en las Figuras 32 y 33, respectivamente.

Cuadro 32.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 2, serie fase creciente hasta el día 56.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Frechet	$P_{(t)} = 2.328 * e^{-\left(\frac{8.811}{t}\right)^{3.494}}$
Korf	$P_{(t)} = 2.328 * e^{-2006 * t^{-3.494}}$
Cuarto Grado	$P_{(t)} = 0,67 - (0,10) * t + (1,77 * 10^{-2}) * t^2 - (5,49 * 10^{-4}) * t^3 + (4,94 * 10^{-6}) * t^4$
Lindley	$P_{(t)} = 2,403 * \left[1 - \left(\frac{1,154 + 0,154 * t}{1,154}\right) * e^{-0,154 * t}\right]$
Rayleigh	$P_{(t)} = 2,347 * (1 - e^{-\frac{t^2}{168,923}})$
Blumberg	$P_{(t)} = \frac{2,297 * t^{5,484}}{332200 + t^{5,484}}$
Log Logístico	$P_{(t)} = \frac{2,297}{1 + 332100 * e^{-5,484 * \ln(t)}}$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1° al 5° mejores. El 1° lugar fue ocupado por los modelos Frechet y Korf; mientras que el 5° lugar lo ocuparon los modelos Blumberg y log logístico.

Cuadro 33.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 2, serie fase decreciente a partir del día 63.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Cúbico	$P_{(t)} = 15,66 - (0,47) * t + (4,95 * 10^{-3}) * t^2 - (1,67 * 10^{-5}) * t^3$
Cuarto Grado	$P_{(t)} = 9,66 - (0,21) * t + (7,58 * 10^{-4}) * t^2 + (1,24 * 10^{-5}) * t^3 - (7,43 * 10^{-8}) * t^4$
Logaritmo Recíproco	$P_{(t)} = e^{\left(0,34 - \frac{19,987}{t}\right)}$
Exponencial	$P_{(t)} = 1,064 * e^{-0,002 * t}$
Función Racional Cuadrática	$P_{(t)} = \frac{1,18 - (9,871 * 10^{-3}) * t}{1 - (4,656 * 10^{-3}) * t - (3,115 * 10^{-5}) * t^2}$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1° al 5° mejores.

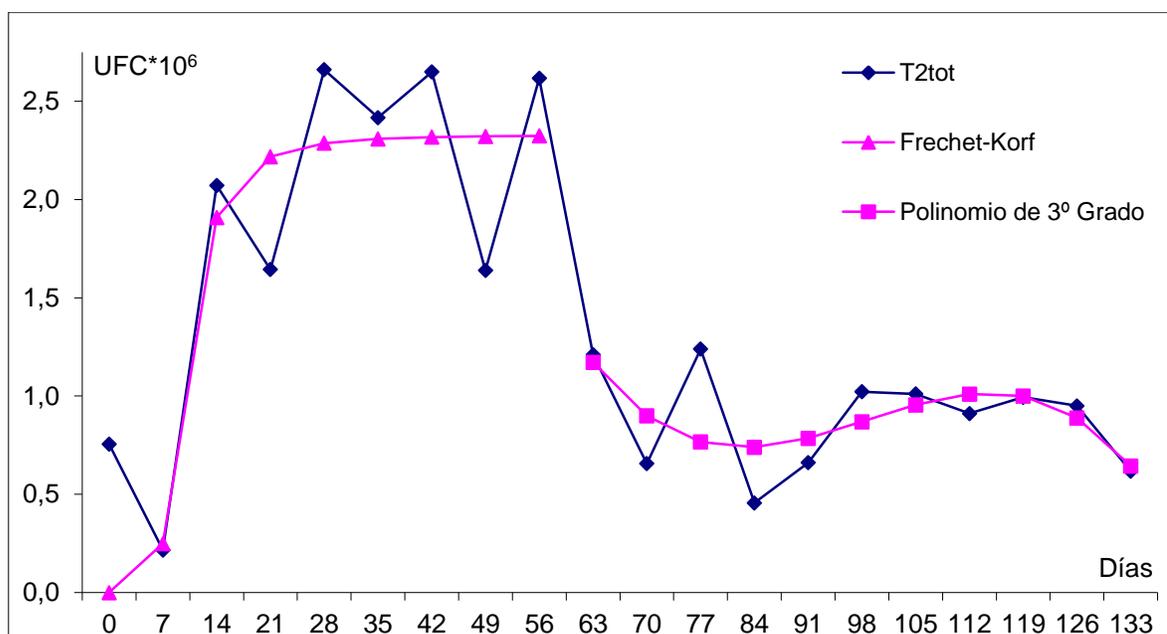


Figura 33.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 2, en dos fases: serie creciente hasta el día 56 y serie decreciente desde el día 63 en adelante.

#### 5.7.4.- Tratamiento 2: Testigo enfermo. Serie plantas sanas.

El promedio de UFC/g de suelo de las plantas sanas del tratamiento 2 se modeló en una serie completa dado que su comportamiento presentó un crecimiento rápido, al inicio, para luego marcar una cierta tendencia a la estabilidad, como se aprecia en la Figura 34.

Cuadro 34.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para la serie tratamiento 2 plantas sanas.

	Janoschek	Logístico	MMF	Rayleigh	Weibull
RECM	<b>0,962</b>	0,966	0,969	1,064	<b>0,962</b>
R <sup>2</sup>	0,668	0,665	0,663	<b>0,695</b>	0,668
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,606	0,602	0,600	<b>0,678</b>	0,606
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	<b>0,668</b>	0,665	0,663	0,594	<b>0,668</b>
Ln(LIK)	<b>2,351</b>	2,266	2,214	0,335	<b>2,351</b>
AIC	3,298	<b>1,468</b>	3,572	3,330	3,298
BIC	7,281	<b>4,455</b>	7,555	5,321	7,281
HQIC	4,076	<b>2,051</b>	4,350	3,719	4,076
Criterios en 1º	12	11	0	3	12
Criterios en 2º	9	7	1	11	9
Criterios en 3º	1	3	10	1	1
Criterios en 4º	0	9	10	1	0
Criterios en 5º	1	1	3	2	1
Puntos	100	<b>111</b>	57	66	100

De los modelos probados, 42 tuvieron algún grado de ajuste en la serie tratamiento 2 plantas sanas. En el Cuadro 34 se presentan algunos de los criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia, y en el Cuadro 35 los 5 mejores modelos para la serie; además de sus parámetros estimados. En la Figura 34 se observa la gráfica del mejor modelo seleccionado para la serie tratamiento 2 plantas sanas.

Cuadro 35.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 2, serie plantas sanas.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Logístico	$P(t) = 0,334 + \frac{0,0008}{[0,0009 + 0,855 * e^{-0,31 * t}]}$
Weibull	$P(t) = 1,191 - 0,856 * e^{-9,17 * 10^{-7} * t^{4,343}}$
Janoschek	$P(t) = 1,191 * (1 - 0,719 * e^{-9,18 * 10^{-7} * t^{4,343}})$
Rayleigh	$P(t) = 1,189 * (1 - e^{-\frac{t^2}{396,277}})$
MMF	$P(t) = \frac{1,738 * 10^{10} + 1,188 * t^{7,988}}{5,01 * 10^{10} + t^{7,988}}$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1° al 5° mejores.

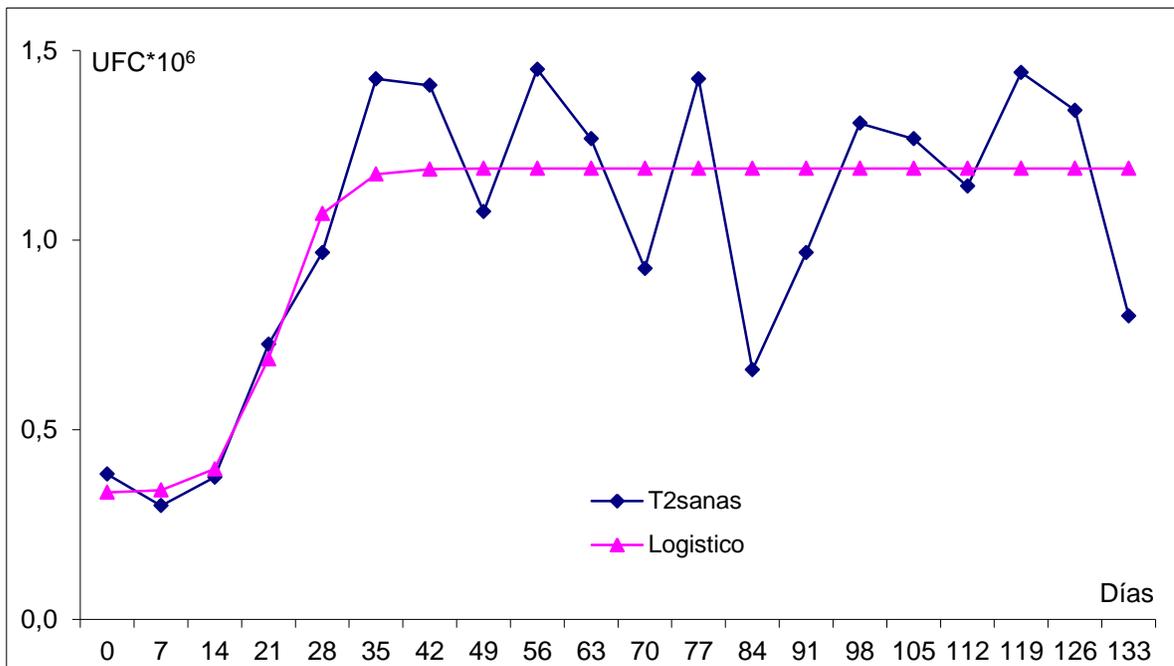


Figura 34.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, en la serie plantas sanas del tratamiento 2.

### 5.7.5.- Tratamiento 2: Testigo enfermo. Serie plantas enfermas.

El promedio de UFC/g de suelo de todas las plantas enfermas del tratamiento 2, se modeló en una serie completa y en dos fases: serie creciente hasta el día 56 y serie decreciente desde el día 63 en adelante. Esta serie, mostrada en la Figura 36, presenta un crecimiento inicial rápido hasta alcanzar un máximo que puede ubicarse en el día 56, por ello ese es el punto de separación en fases, de allí en adelante presenta una brusca caída a niveles poblacionales comparativamente muy bajos.

De los modelos probados, 10 tuvieron algún grado de ajuste en la serie completa, 21 en la fase creciente hasta el día 56 y 6 en la fase decreciente a partir del día 63. En los Cuadros 36, 38 y 39 se presentan algunos de los criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para la serie completa, para la fase creciente hasta el día 56 y para la fase decreciente a partir del día 63, respectivamente. En los Cuadros 37, 40 y 41 se presentan los 5 mejores modelos para la serie completa, para la fase creciente hasta el día 56 y para la fase decreciente a partir del día 63, respectivamente, y sus parámetros estimados. En la Figura 35 se observa la gráfica del mejor modelo seleccionado para la serie completa y en la Figura 36, la gráfica de los mejores modelos seleccionados para cada una de las dos fases en que se separó la serie.

Cuadro 36.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia en el tratamiento 2 plantas enfermas serie completa.

	Beta	F Racional Cuad	Pol grado 3	Pol Grado 4	Ricker
RECM	6,774	4,726	5,302	<b>4,724</b>	5,420
R <sup>2</sup>	0,514	0,737	0,686	<b>0,751</b>	0,638
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,457	<b>0,687</b>	0,627	0,685	0,618
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,488	<b>0,751</b>	0,686	<b>0,751</b>	0,672
Ln(LIK)	-36,682	-29,481	-31,783	<b>-29,473</b>	-32,223
AIC	79,364	<b>66,962</b>	71,566	68,946	68,446
BIC	82,351	70,945	75,549	73,925	<b>70,437</b>
HQIC	10,865	<b>10,479</b>	10,621	10,510	10,587
Criterios en 1º	0	17	1	10	10
Criterios en 2º	0	19	0	15	5
Criterios en 3º	0	1	14	13	10
Criterios en 4º	0	1	22	1	14
Criterios en 5º	32	0	0	0	0
Puntos	32	<b>166</b>	91	151	128

Cuadro 37.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 2 plantas enfermas, serie completa.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Función Racional Cuadrática	$P(t) = \frac{1,716 - (0,006) * t}{1 - (4,237 * 10^{-2}) * t + (6,181 * 10^{-4}) * t^2}$
Cuarto Grado	$P(t) = 0,18 + (0,41) * t - (1,14 * 10^{-2}) * t^2 + (1,03 * 10^{-4}) * t^3 - (3,05 * 10^{-7}) * t^4$
Ricker	$P(t) = 0,576 * t * e^{-0,045 * t}$
Cúbico	$P(t) = 1,157 + (0,228) * t - (4,619 * 10^{-3}) * t^2 + (2,189 * 10^{-5}) * t^3$
Beta	$P(t) = (3,705) * \left(1 + \frac{19,874 - t}{95,042}\right) * \left(\frac{t}{19,874}\right)^{0,209}$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1° al 5° mejores.

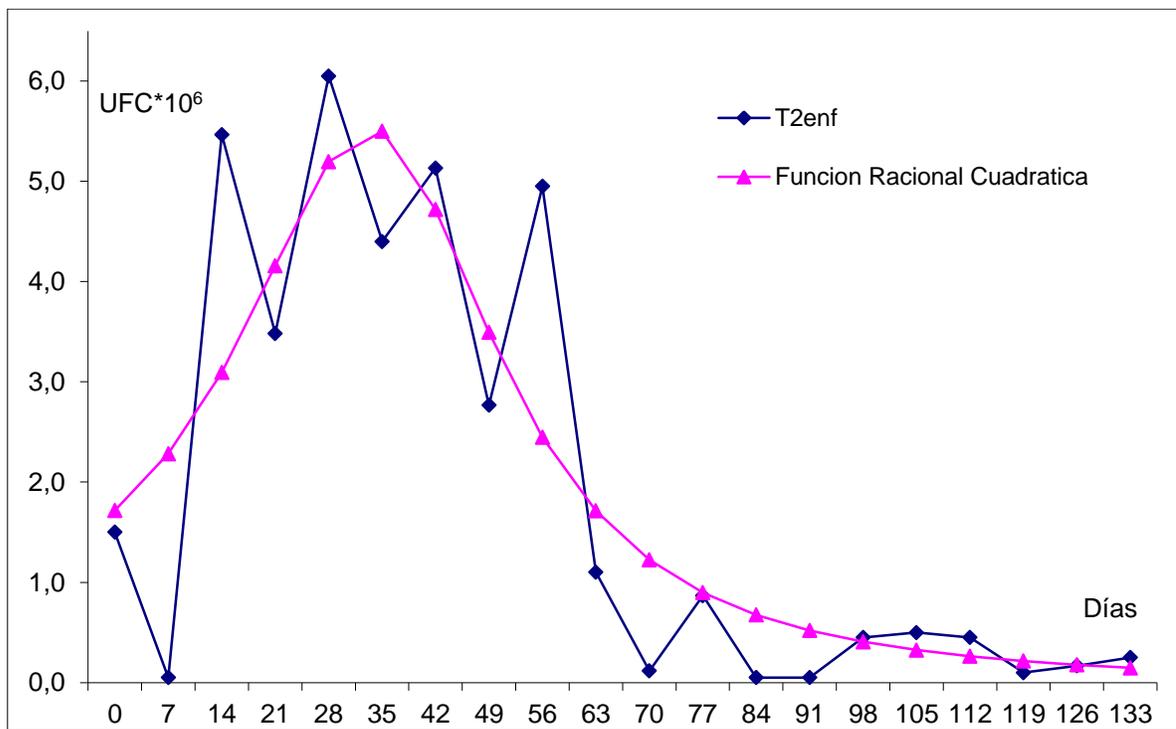


Figura 35.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 2 plantas enfermas, serie completa.

Cuadro 38.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el Tratamiento 2 serie creciente hasta el día 56.

	Weibull Expon	Rayleigh	Ricker	von Bertalanffy	Pol Grado 4
RECM	3,387	3,807	3,887	3,677	<b>3,187</b>
R <sup>2</sup>	0,639	0,613	0,502	0,651	<b>0,763</b>
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,279	0,557	0,430	0,528	<b>0,623</b>
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,639	0,544	0,525	0,580	<b>0,681</b>
Ln(LIK)	-13,861	-14,916	-15,101	-14,602	<b>-13,315</b>
AIC	37,722	<b>33,832</b>	34,202	35,204	34,630
BIC	38,708	<b>34,226</b>	34,596	35,796	35,419
HQIC	8,550	8,495	8,518	8,519	<b>8,418</b>
Criterios en 1º	1	12	0	0	19
Criterios en 2º	11	6	12	4	0
Criterios en 3º	1	1	4	10	0
Criterios en 4º	5	10	0	7	8
Criterios en 5º	2	1	1	4	3
Puntos	64	108	61	64	<b>114</b>

Cuadro 39.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 2 serie decreciente a partir del día 63.

	Exponencial	Lineal	Pol Grado 3	Pol Grado 4	Ricker
RECM	0,953	0,985	0,864	<b>0,812</b>	0,964
R <sup>2</sup>	0,295	0,196	0,382	<b>0,454</b>	0,293
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	<b>0,216</b>	0,107	0,117	0,091	0,214
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,248	0,196	0,382	<b>0,454</b>	0,230
Ln(LIK)	-1,888	-2,254	-0,810	<b>-0,127</b>	-2,022
AIC	<b>7,776</b>	8,508	9,620	10,254	8,044
BIC	<b>8,572</b>	9,304	11,212	12,243	8,840
HQIC	5,257	5,495	5,202	<b>5,067</b>	5,347
Criterios en 1º	17	1	0	21	1
Criterios en 2º	1	0	21	0	17
Criterios en 3º	10	15	4	0	1
Criterios en 4º	12	8	1	1	3
Criterios en 5º	0	1	13	3	12
Puntos	<b>143</b>	67	111	110	94

Cuadro 40.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 2 plantas enfermas, serie fase creciente hasta el día 56.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Cuarto Grado	$P_{(t)} = 1,16 - (0,51) * t + (3,63 * 10^{-2}) * t^2 - (1,22 * 10^{-3}) * t^3 + (9,19 * 10^{-6}) * t^4$
Rayleigh	$P_{(t)} = 4,621 * (1 - e^{-\frac{t^2}{113,628}})$
Weibull Exponenciado	$P_{(t)} = 4,607 * \left[1 - e^{-(8,969 * 10^{-2} * t)^{12,62}}\right]^{0,77}$
von Bertalanffy	$P_{(t)} = 4,661 * (1 - 2,03 * e^{-0,25 * t})^3$
Ricker	$P_{(t)} = 0,407 * t * e^{-0,031 * t}$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1° al 5° mejores.

Cuadro 41.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 2 plantas enfermas, serie fase decreciente a partir del día 63.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Exponencial	$P_{(t)} = 3,257 * e^{-0,024 * t}$
Cúbico	$P_{(t)} = 14,71 - (0,433) * t + (4,27 * 10^{-3}) * t^2 - (1,383 * 10^{-5}) * t^3$
Cuarto Grado	$P_{(t)} = 63,58 - (2,56) * t + (3,84 * 10^{-2}) * t^2 - (2,51 * 10^{-4}) * t^3 + (6,06 * 10^{-7}) * t^4$
Ricker	$P_{(t)} = 0,106 * t * e^{-0,036 * t}$
Lineal	$P_{(t)} = 1,022 - (0,007) * t$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1° al 5° mejores.

### 5.7.6.- Tratamiento 3: Extracto de tártago. Serie total.

El promedio de UFC/g de suelo de todas las plantas del Tratamiento 3, sin importar su condición, se modela en una serie completa y en dos fases: serie creciente hasta el día 91 y serie decreciente desde el día 98 en adelante. Esta serie presenta un crecimiento inicial rápido hasta alcanzar un máximo que puede ubicarse en el día 49; pero se mantiene oscilando en su cercanía hasta el día 91, por ello ese es el punto de separación en fases, de allí en adelante presenta una caída lenta;

pero sostenida. La gráfica, que se puede observar en la Figura 38, toma una forma acampanada con ligera asimetría a la derecha.

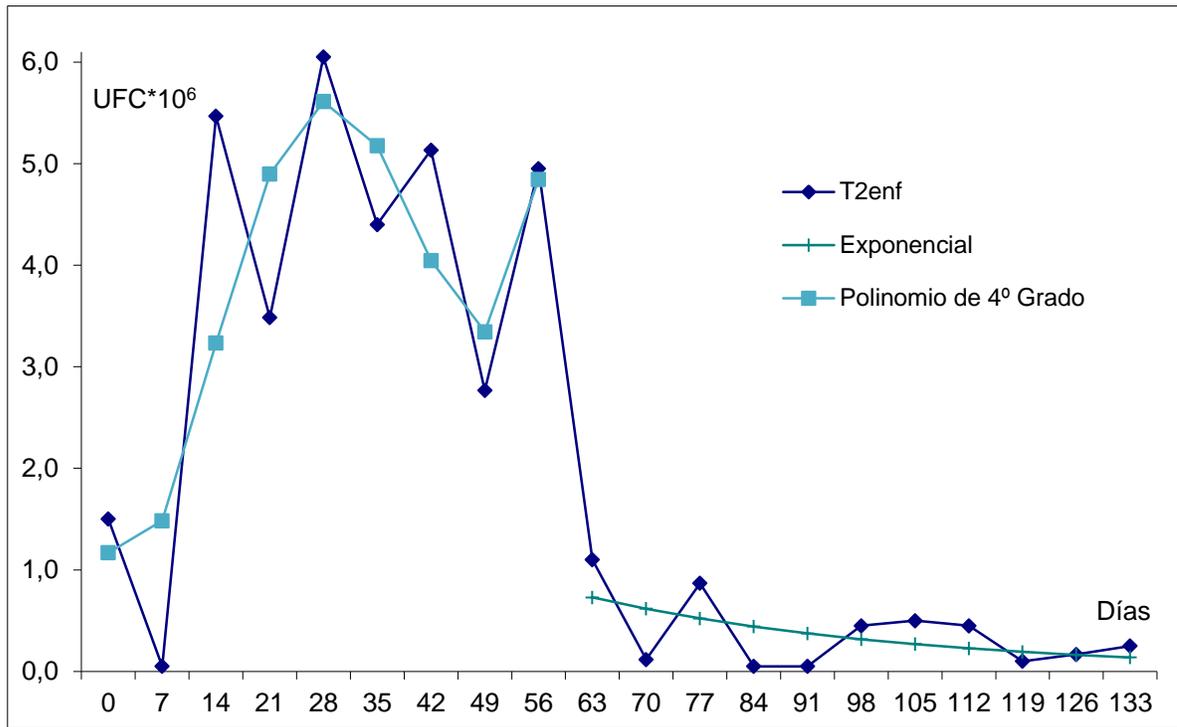


Figura 36.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 2 plantas enfermas, en dos fases: serie creciente hasta el día 56 y serie decreciente desde el día 63 en adelante.

De los modelos probados, 59 tuvieron algún grado de ajuste en la serie completa, 60 en la fase creciente hasta el día 91 y solo 3 en la fase decreciente a partir del día 98; presentándose en los Cuadros 42 y 44 algunos de los criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para la serie completa y para la fase creciente hasta el día 91, respectivamente, y en el Cuadro 45 se muestran los 3 únicos modelos ajustados para la fase decreciente a partir del día 98. De igual manera, se presentan las expresiones matemáticas de los 5 mejores modelos para la serie completa y para la fase creciente hasta el día 91 en los Cuadros 43 y 46; mientras que en el Cuadro 47 se presentan los 3 modelos ajustados para la fase decreciente a partir del día 98, y sus parámetros estimados. En la Figura 37 se observa la gráfica del mejor modelo seleccionado para la serie completa y en la Figura 38, la gráfica de los mejores modelos seleccionados para cada una de las dos fases en que se separó la serie.

Cuadro 42.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 3 serie completa.

	Beta	F Racional Cuad	Pol Grado 3	Pol Grado 4	Ricker
RECM	6,231	6,074	6,092	<b>5,884</b>	6,049
R <sup>2</sup>	0,828	0,823	0,824	0,836	<b>0,841</b>
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,807	0,790	0,791	0,792	<b>0,833</b>
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,816	0,825	0,824	<b>0,836</b>	0,827
Ln(LIK)	-35,011	-34,502	-34,560	<b>-33,866</b>	-34,421
AIC	76,022	77,004	<b>75,120</b>	75,732	74,842
BIC	79,009	80,987	78,107	79,715	<b>77,829</b>
HQIC	10,776	10,775	10,751	<b>10,740</b>	10,743
Criterios en 1º	0	0	1	17	19
Criterios en 2º	8	1	13	2	12
Criterios en 3º	7	19	5	4	0
Criterios en 4º	9	5	13	7	0
Criterios en 5º	2	10	4	1	5
Puntos	73	81	102	120	<b>148</b>

Cuadro 43.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 3, serie completa.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Ricker	$P_{(t)} = 0,567 * t * e^{-0,017 * t}$
Cuarto Grado	$P_{(t)} = 0,56 + (0,54) * t - (9,19 * 10^{-3}) * t^2 + (6,79 * 10^{-5}) * t^3 - (2 * 10^{-7}) * t^4$
Cúbico	$P_{(t)} = 1,208 + (0,419) * t - (4,715 * 10^{-3}) * t^2 + (1,463 * 10^{-5}) * t^3$
Función Racional Cuadrática	$P_{(t)} = \frac{1,016 + (0,367) * t}{1 - (3,753 * 10^{-3}) * t + (3,024 * 10^{-4}) * t^2}$
Beta	$P_{(t)} = (12,324) * \left(1 + \frac{68,205 - t}{104,412}\right) * \left(\frac{t}{68,205}\right)^{0,653}$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1º al 5º mejores.

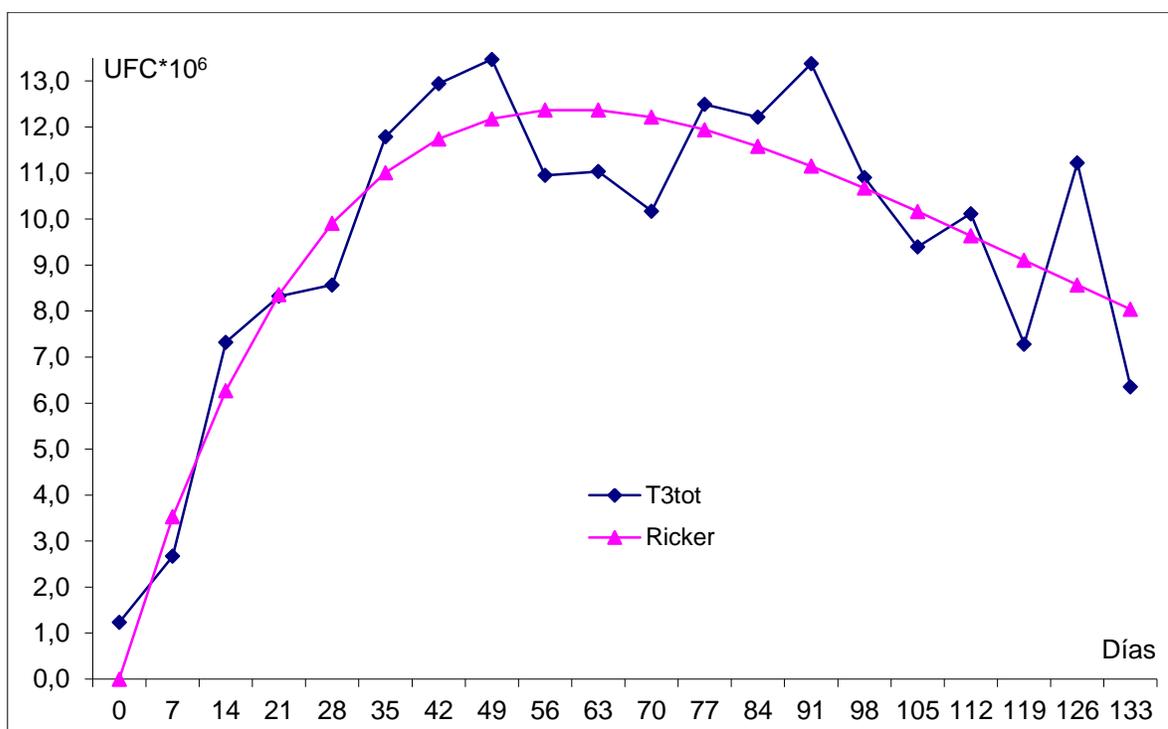


Figura 37.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor Modelo, en el Tratamiento 3, serie completa.

Cuadro 44.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 3 serie creciente hasta el día 91.

	Bass	Bilogístico	Lindley	Pol Grado 3	Pol Grado 4
RECM	4,285	3,463	4,253	3,872	<b>3,439</b>
R <sup>2</sup>	0,912	<b>0,943</b>	0,916	0,921	0,938
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,904	<b>0,917</b>	0,901	0,898	0,910
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,903	0,937	0,905	0,921	<b>0,938</b>
Ln(LIK)	-21,763	-18,782	-21,657	-20,344	<b>-18,683</b>
AIC	47,526	47,564	<b>47,314</b>	48,688	47,366
BIC	48,804	50,759	<b>48,592</b>	51,244	50,561
HQIC	9,577	9,443	9,568	9,540	<b>9,434</b>
Criterios en 1º	1	8	12		15
Criterios en 2º	9	14	2		10
Criterios en 3º	3	1		20	2
Criterios en 4º	2	3	1		
Criterios en 5º	1				
Puntos	55	105	70	60	<b>121</b>

Cuadro 45.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 3 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 3 serie decreciente a partir del día 98.

	Exponencial	Log Recíproco	Lineal
RECM	3,980	<b>3,887</b>	4,044
R <sup>2</sup>	0,547	<b>0,567</b>	0,526
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,885	<b>0,890</b>	0,882
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,541	<b>0,562</b>	0,526
Ln(LIK)	-12,791	<b>-12,624</b>	-12,903
AIC	29,582	<b>29,248</b>	29,806
BIC	29,474	<b>29,140</b>	29,698
HQIC	7,966	<b>7,941</b>	7,982
Criterios en 1º	2	37	1
Criterios en 2º	37	3	0
Criterios en 3º	1	0	39
Criterios en 4º	0	0	0
Criterios en 5º	0	0	0
Puntos	156	<b>197</b>	122

Cuadro 46.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 3, serie fase creciente hasta el día 91.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Cuarto Grado	$P_{(t)} = 0,96 + (0,36) * t + (2,09 * 10^{-3}) * t^2 - (1,56 * 10^{-4}) * t^3 + (1,17 * 10^{-6}) * t^4$
Bilogístico	$P_{(t)} = \frac{8,048}{1 + e^{-0,436 * (t - 8,486)}} + \frac{4,063}{1 + e^{-0,436 * (t - 31,104)}}$
Lindley	$P_{(t)} = 12,099 * \left[ 1 - \left( \frac{1,117 + 0,117 * t}{1,117} \right) * e^{-0,117 * t} \right]$
Cúbico	$P_{(t)} = 0,276 + (0,593) * t - (0,01) * t^2 + (5,638 * 10^{-5}) * t^3$
Bass	$P_{(t)} = 12,208 * \left[ \frac{1 - e^{-0,084 * t}}{1 + e^{-0,084 * t}} \right]$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1º al 5º mejores.

Cuadro 47.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 3, serie fase decreciente a partir del día 98.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Logaritmo Recíproco	$P_{(t)} = e^{\left(0,949 + \frac{145,476}{t}\right)}$
Exponencial	$P_{(t)} = 37,441 * e^{-0,012 * t}$
Lineal	$P_{(t)} = 22,691 - (0,115) * t$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1º al 3º, siendo los únicos que ajustaron.

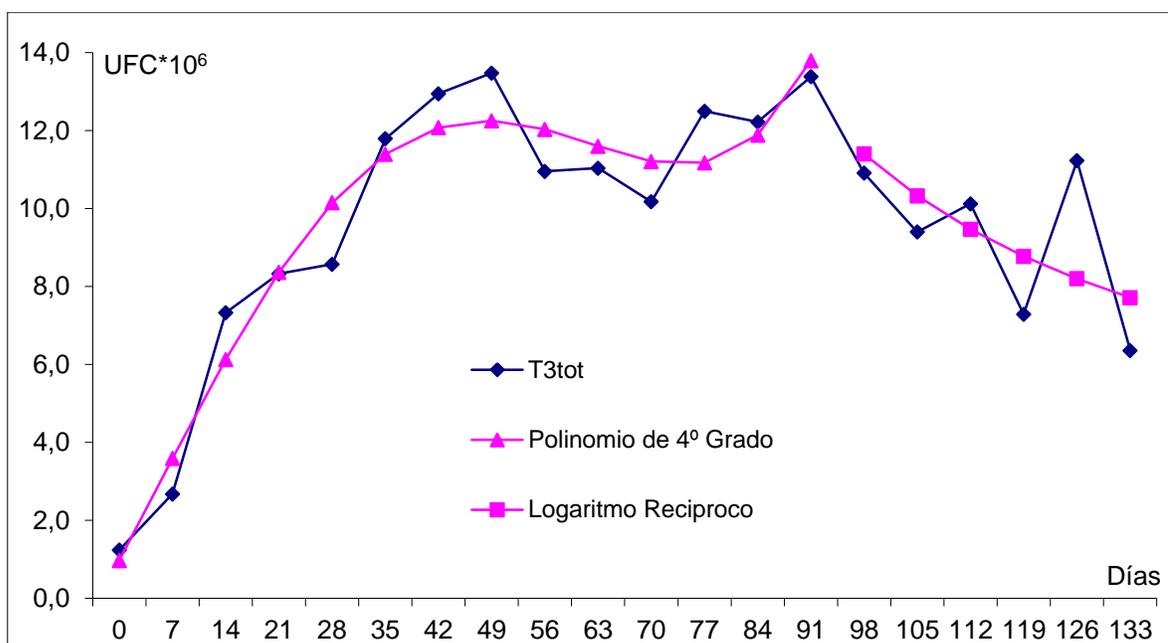


Figura 38.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 3, en dos fases: serie creciente hasta el día 91 y serie decreciente desde el día 98 en adelante.

### 5.7.7.- Tratamiento 3: Extracto de tártago. Serie plantas sanas.

El promedio de UFC/g de suelo de las plantas sanas del tratamiento 3 se modeló en una serie completa dado que su comportamiento presentó un crecimiento rápido, al inicio, para luego marcar una cierta tendencia a decrecer; pero lentamente, como se muestra en la Figura 39.

Cuadro 48.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 3 serie plantas sanas.

	F Racional	F Racional Cuad	Levakovic	Pol Grado 4	Ricker
RECM	6,479	6,573	<b>6,475</b>	6,499	7,070
R <sup>2</sup>	0,794	0,788	0,796	0,792	<b>0,805</b>
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,778	0,749	0,758	0,737	<b>0,795</b>
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,785	0,787	<b>0,793</b>	0,792	0,754
Ln(LIK)	-35,794	-36,082	<b>-35,781</b>	-35,855	-37,539
AIC	79,588	80,164	79,562	81,710	<b>79,078</b>
BIC	83,571	84,147	83,545	86,689	<b>81,069</b>
HQIC	10,845	10,860	<b>10,844</b>	10,874	10,884
Criterios en 1º	0	0	16	0	17
Criterios en 2º	10	1	6	13	0
Criterios en 3º	6	15	12	2	0
Criterios en 4º	12	10	1	3	2
Criterios en 5º	5	1	2	2	2
Puntos	87	70	<b>144</b>	66	91

De los modelos probados, 60 tuvieron algún grado de ajuste en la serie tratamiento 3 plantas sanas. En el Cuadro 48 se presentan algunos de los criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia, en el Cuadro 49 se presentan los 5 mejores modelos así como sus parámetros estimados, y en la Figura 39 se observa la gráfica del mejor modelo seleccionado para la serie tratamiento 3 plantas sanas.

Cuadro 49.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 3, serie plantas sanas.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Levakovic	$P(t) = \frac{846,116 * t^{1,253}}{(96,303 + t^{1,253})^{1,679}}$
Ricker	$P(t) = 0,569 * t * e^{-0,016 * t}$
Función Racional	$P(t) = \frac{(0,497) * t^{1,07}}{1 + (0,002) * t^{1,687}}$
Función Racional Cuadrática	$P(t) = \frac{0,817 + (0,556) * t}{1 + (0,011) * t - (3,111 * 10^{-4}) * t^2}$
Cuarto Grado	$P(t) = 0,56 + (0,626) * t - (0,012) * t^2 + (9,397 * 10^{-5}) * t^3 - (2,734 * 10^{-7}) * t^4$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1° al 5° mejores.

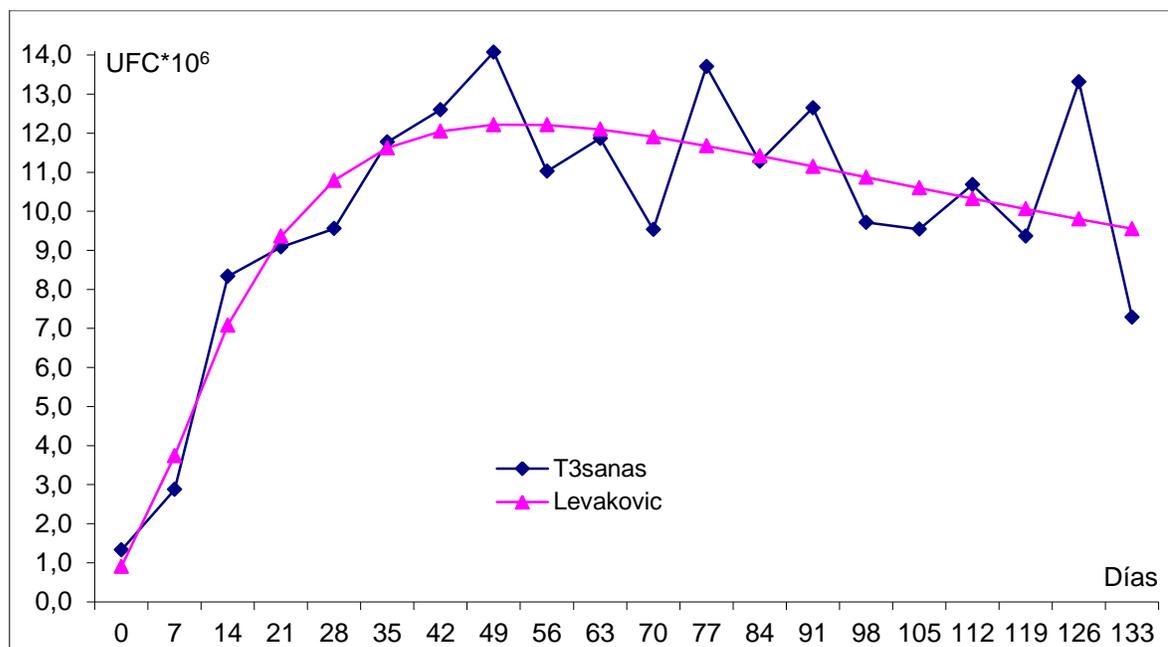


Figura 39.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, en la serie plantas sanas del tratamiento 3.

### 5.7.8.- Tratamiento 3: Extracto de tártao. Serie plantas enfermas.

El promedio de UFC/g de suelo de todas las plantas enfermas del Tratamiento 3 se modeló en una serie completa y en dos fases: serie creciente hasta el día 98 y serie decreciente desde el día 105 en adelante. Esta serie, que se muestra en la Figura 41, presenta un crecimiento inicial rápido hasta alcanzar un máximo que puede ubicarse en el día 42; aunque tiene otro pico en el día 91. Entre los dos picos la serie oscila, con tendencia a mantenerse en niveles altos hasta que el día 98 inicia un descenso, por ello ese es el punto de separación en fases, de allí en adelante presenta una caída sostenida; pero lenta. La curva tiene forma de campana, con cierta simetría o muy ligera asimetría a la derecha.

De los modelos probados, 43 tuvieron algún grado de ajuste en la serie completa, 47 en la fase creciente hasta el día 98 y 5 en la fase decreciente a partir del día 105. En los Cuadros 50, 52 y 53 se presentan algunos de los criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para la serie completa, para la fase creciente hasta el día 98 y para la fase decreciente a partir del día 105, respectivamente. En los Cuadros 51, 54 y 55 se presentan los 5 mejores modelos para la serie completa, para la fase creciente hasta el día 98 y para la fase decreciente a partir del día 105, y sus parámetros estimados. En la Figura 40 se muestra la gráfica del mejor modelo seleccionado para la serie completa y en la Figura 41, la gráfica de los mejores modelos seleccionados para cada una de las fases en que se separó la serie.

Cuadro 50.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia en el tratamiento 3 plantas enfermas serie completa.

	Beta	Bilogístico	Pol Grado 2	Pol Grado 3	Pol Grado 4
RECM	<b>7,887</b>	8,774	8,749	8,728	8,694
R <sup>2</sup>	<b>0,816</b>	0,770	0,761	0,762	0,764
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	<b>0,767</b>	0,743	0,733	0,717	0,701
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	<b>0,806</b>	0,759	0,761	0,762	0,764
Ln(LIK)	<b>-39,727</b>	-41,858	-41,800	-41,751	-41,674
AIC	<b>89,454</b>	89,716	89,600	91,502	93,348
BIC	94,433	92,703	<b>92,587</b>	95,485	98,327
HQIC	<b>11,067</b>	11,120	11,117	11,138	11,157
Criterios en 1º	26	0	10	1	0
Criterios en 2º	1	14	8	5	9
Criterios en 3º	8	8	2	9	8
Criterios en 4º	0	0	16	21	0
Criterios en 5º	2	14	2	2	11
Puntos	<b>160</b>	94	122	96	71

Cuadro 51.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 3 plantas enfermas, serie completa.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Beta	$P(t) = (12,626) * \left(1 + \frac{69,842 - t}{76,32}\right) * \left(\frac{t}{69,842}\right)^{0,915}$
Cuadrático	$P(t) = 0,643 + (0,338) * t - (2,37 * 10^{-3}) * t^2$
Cúbico	$P(t) = 0,338 + (0,368) * t - (2,932 * 10^{-3}) * t^2 + (2,791 * 10^{-6}) * t^3$
Bilogístico	$P(t) = \frac{12,226}{1 + e^{-0,139 * (t - 19,34)}} - \frac{8,154}{1 + e^{-0,139 * (t - 112,004)}}$
Cuarto Grado	$P(t) = -8,21 * 10^{-3} + (0,43) * t - (5,32 * 10^{-3}) * t^2 + (3 * 10^{-5}) * t^3 - (1 * 10^{-7}) * t^4$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1° al 5° mejores.

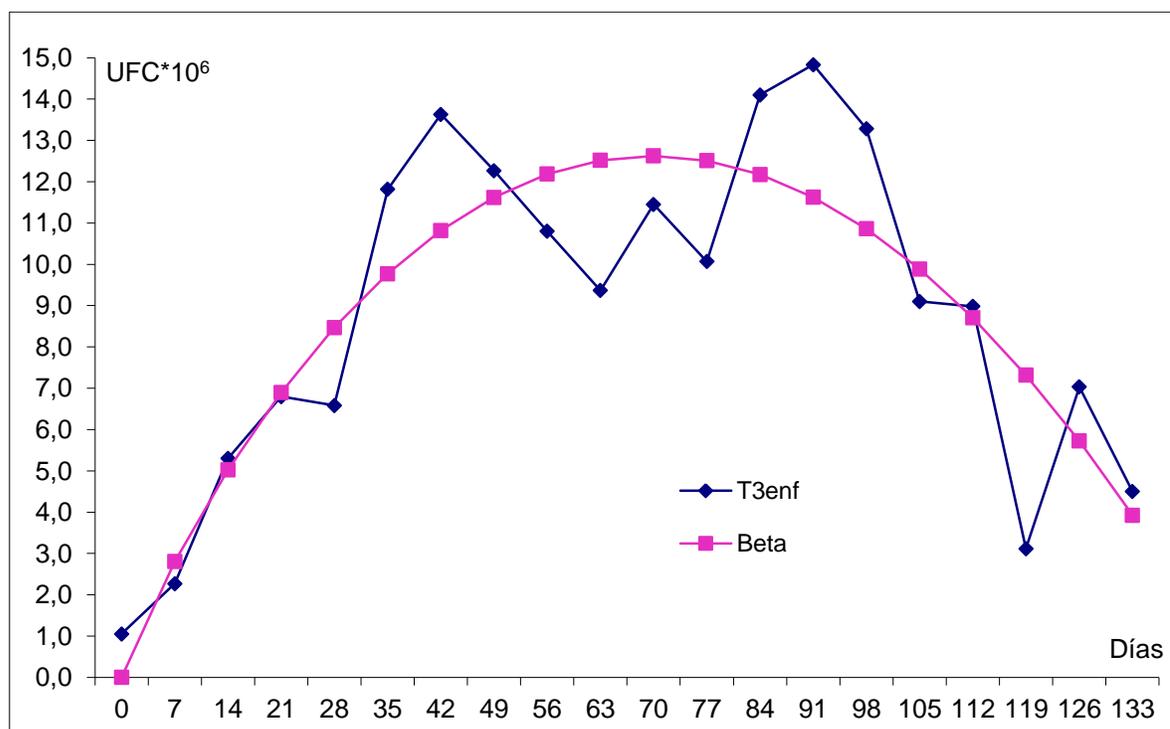


Figura 40.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 3 plantas enfermas, serie completa.

Cuadro 52.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 3 plantas enfermas serie creciente hasta el día 98.

	Bass	Bilogístico	Log Recíproco	Pareto Gen	Pol Grado 4
RECM	6,387	<b>5,546</b>	6,388	6,404	5,932
R <sup>2</sup>	0,854	<b>0,884</b>	0,855	0,834	0,863
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,830	0,837	<b>0,844</b>	0,821	0,808
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,841	<b>0,880</b>	0,841	0,840	0,863
Ln(LIK)	-28,789	<b>-26,669</b>	-28,791	-28,826	-27,678
AIC	<b>61,578</b>	63,338	61,582	61,652	65,356
BIC	<b>62,994</b>	66,878	62,998	63,068	68,896
HQIC	10,167	<b>10,125</b>	10,167	10,170	10,193
Criterios en 1º	8	21	5	0	0
Criterios en 2º	0	0	13	5	18
Criterios en 3º	2	0	1	9	0
Criterios en 4º	3	1	0	3	0
Criterios en 5º	0	2	1	1	0
Puntos	52	<b>109</b>	81	54	72

Cuadro 53.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 3 plantas enfermas serie decreciente a partir del día 105.

	Exponencial	Log Recíproco	Lineal	Pol Grado 2	Ricker
RECM	3,918	3,870	4,026	<b>3,803</b>	3,927
R <sup>2</sup>	0,478	0,485	0,434	<b>0,495</b>	0,478
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,304	<b>0,314</b>	0,245	-0,010	0,304
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,464	0,477	0,434	<b>0,495</b>	0,461
Ln(LIK)	<b>0,000</b>	<b>0,000</b>	-10,035	-9,750	-9,911
AIC	<b>4,000</b>	<b>4,000</b>	24,070	25,500	23,822
BIC	<b>3,219</b>	<b>3,219</b>	23,289	24,328	23,041
HQIC	<b>2,338</b>	<b>2,338</b>	7,140	7,179	7,118
Criterios en 1º	18	23	3	8	1
Criterios en 2º	13	8	0	4	15
Criterios en 3º	8	6	9	0	18
Criterios en 4º	1	3	20	9	6
Criterios en 5º	0	0	8	17	0
Puntos	168	<b>171</b>	90	91	131

Cuadro 54.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 3 plantas enfermas, serie fase creciente hasta el día 98.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Bilogístico	$P(t) = \frac{11,279}{1 + e^{-0,138*(t - 17,368)}} + \frac{3,495}{1 + e^{-0,138*(t - 85,671)}}$
Logaritmo Recíproco	$P(t) = e^{\left(2,724 - \frac{15,041}{t}\right)}$
Cuarto Grado	$P(t) = 0,47 + (0,34) * t + (3 * 10^{-4}) * t^2 - (8,93 * 10^{-5}) * t^3 + (6,67 * 10^{-7}) * t^4$
Pareto Generalizado AJUSTÓ EL CASO $b = 0$	$P(t) = \begin{cases} K * \left[1 - \left(1 - \frac{b * t}{a}\right)^{\frac{1}{b}}\right] & \text{si } b \neq 0 \\ 13,399 * \left[1 - e^{-\left(\frac{t}{27,198}\right)}\right] & \text{si } b = 0 \end{cases}$
Bass	$P(t) = 12,481 * \left[\frac{1 - e^{-0,083 * t}}{1 + e^{-0,083 * (t - 11,973)}}\right]$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1° al 5° mejores.

Cuadro 55.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 3 plantas enfermas, serie fase decreciente a partir del día 105.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Logaritmo Recíproco	$P(t) = e^{\left(-1,181 + \frac{357,602}{t}\right)}$
Exponencial	$P(t) = 141,655 * e^{-0,026*t}$
Ricker	$P(t) = 3,317 * t * e^{-0,035*t}$
Cuadrático	$P(t) = 126,976 - (1,877) * t + (7,216 * 10^{-3}) * t^2$
Lineal	$P(t) = 25,502 - (0,159) * t$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1° al 5° mejores.

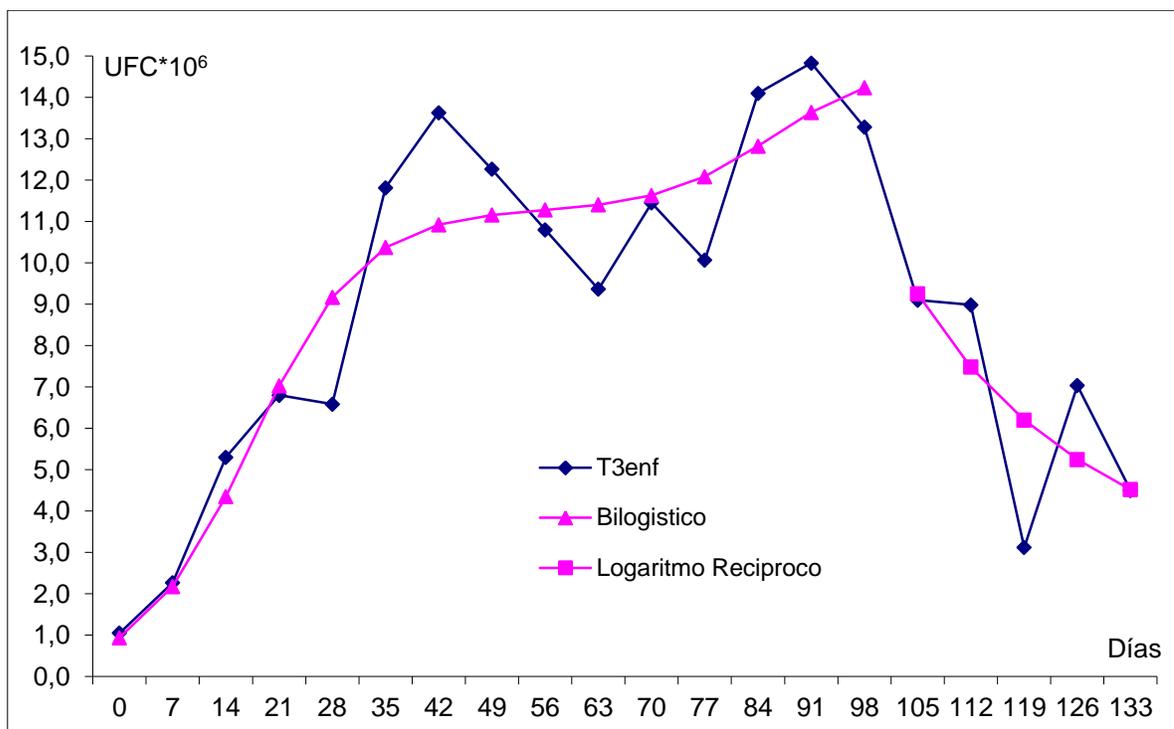


Figura 41.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, en las plantas enfermas del tratamiento 3, en dos fases: serie creciente hasta el día 98 y serie decreciente desde el día 105 en adelante.

#### 5.7.9.- Tratamiento 4: *Pseudomonas fluorescens*. Serie total

El promedio de UFC/g de suelo de todas las plantas del tratamiento 4, sin importar su condición, se modeló en una serie completa y en dos fases: serie creciente hasta el día 70 y serie decreciente desde el día 77 en adelante. Esta serie presenta un crecimiento inicial sostenido hasta alcanzar un máximo que puede ubicarse en el día 70, por ello ese es el punto de separación en fases, de allí en adelante presenta un descenso que le da una apariencia de campana con un sesgo positivo o asimetría a la derecha, tal y como se observa en la Figura 43.

De los modelos probados, 52 tuvieron algún grado de ajuste en la serie completa y en la fase creciente hasta el día 70; mientras que en la fase decreciente a partir del día 77, solo ajustaron 9 modelos. En los Cuadros 56, 58 y 59 se presentan algunos de los criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para la serie completa, para la fase creciente hasta el día 70 y para la fase decreciente a partir del día 77, respectivamente. En los Cuadros 57, 60 y 61 se presentan los 5 mejores modelos para la serie completa, para la fase creciente hasta el día 70 y para la fase decreciente a partir del día 77, respectivamente, y sus parámetros estimados. En la Figura 42 se observa la gráfica del mejor

modelo seleccionado para la serie completa y en la Figura 43, la gráfica de los mejores modelos seleccionados para cada una de las dos fases en que se separó la serie.

Cuadro 56.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 4 serie completa.

	Beta	Bilogístico	Pol Grado 2	Pol Grado 3	Pol Grado 4
RECM	1,375	1,225	<b>1,215</b>	1,324	1,232
R <sup>2</sup>	0,832	0,869	<b>0,873</b>	0,851	0,871
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,812	0,834	<b>0,850</b>	0,811	0,837
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,840	0,873	<b>0,875</b>	0,856	0,871
Ln(LIK)	-4,786	-2,481	<b>-2,324</b>	-4,041	-2,592
AIC	15,572	14,962	<b>12,648</b>	16,082	15,184
BIC	18,559	19,941	<b>16,631</b>	20,065	20,163
HQIC	7,257	6,792	<b>6,509</b>	7,178	6,836
Criterios en 1º	0	0	28	0	6
Criterios en 2º	9	18	6	0	3
Criterios en 3º	1	9	0	0	17
Criterios en 4º	3	4	0	25	1
Criterios en 5º	14	3	0	5	0
Puntos	59	110	<b>164</b>	55	95

Cuadro 57.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 4, serie completa.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Cuadrático	$P_{(t)} = 3,316 * 10^{-2} + (6,475 * 10^{-2}) * t - (4,224 * 10^{-4}) * t^2$
Bilogístico	$P_{(t)} = \frac{2,618}{1 + e^{-0,095 * (t - 26,84)}} - \frac{1,19}{1 + e^{-0,095 * (t - 99,312)}}$
Cuarto Grado	$P_{(t)} = 1,4 * 10^{-3} + (4,31 * 10^{-2}) * t + (6 * 10^{-4}) * t^2 - (1 * 10^{-5}) * t^3 + (6 * 10^{-8}) * t^4$
Beta	$P_{(t)} = (2,429) * \left(1 + \frac{76,112 - t}{78,126}\right) * \left(\frac{t}{76,112}\right)^{0,974}$
Cúbico	$P_{(t)} = -0,196 + (8,161 * 10^{-2}) * t - (7,475 * 10^{-4}) * t^2 + (1,63 * 10^{-6}) * t^3$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1º al 5º mejores.

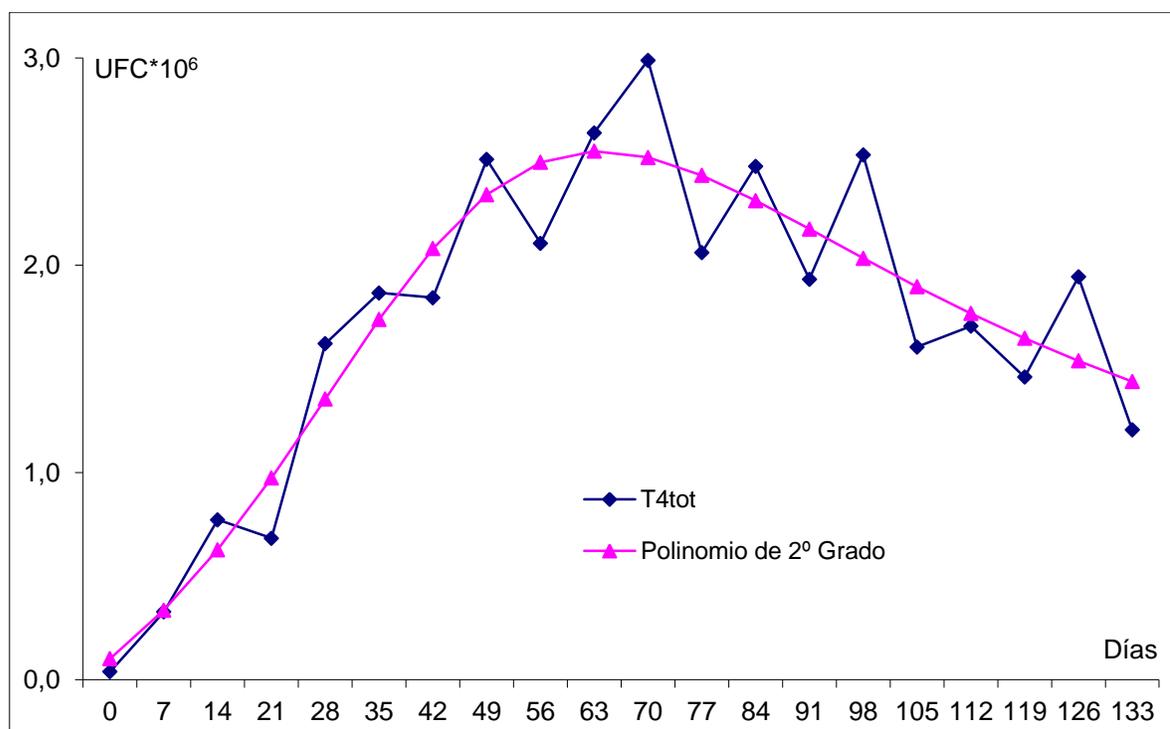


Figura 42.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 4, serie completa.

Cuadro 58.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 4 serie creciente hasta el día 70.

	Bass	Bilogístico	Expon Negat	Hiperbólico	Pol Grado 4
RECM	0,689	<b>0,615</b>	0,694	0,695	0,627
R <sup>2</sup>	0,952	<b>0,961</b>	0,950	0,950	0,960
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,940	0,936	<b>0,945</b>	<b>0,945</b>	0,933
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,952	<b>0,962</b>	0,951	0,951	0,960
Ln(LIK)	1,672	<b>2,936</b>	1,600	1,585	2,710
AIC	<b>0,656</b>	4,128	0,800	0,830	4,580
BIC	<b>1,452</b>	6,117	1,596	1,626	6,569
Criterios en 1º	10	12	6	0	5
Criterios en 2º	0	5	10	6	12
Criterios en 3º	1	0	0	11	0
Criterios en 4º	1	0	2	0	0
Criterios en 5º	0	0	0	0	1
Puntos	55	<b>80</b>	74	57	74

Cuadro 59.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 4 serie decreciente a partir del día 77.

	Asimétrico	Exponencial	Lineal	Pol Grado 2	Pol Grado 3
RECM	0,872	0,902	0,889	0,872	<b>0,856</b>
R <sup>2</sup>	0,513	0,469	0,493	0,520	<b>0,530</b>
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,351	0,393	<b>0,421</b>	0,349	0,248
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,512	0,478	0,493	0,512	<b>0,530</b>
Ln(LIK)	-1,654	-1,954	-1,821	-1,655	<b>-1,481</b>
AIC	9,308	7,908	<b>7,642</b>	9,310	10,962
BIC	9,900	8,302	<b>8,036</b>	9,902	11,751
HQIC	5,258	5,127	<b>5,035</b>	5,259	5,455
Criterios en 1º	0	2	18	0	20
Criterios en 2º	12	18	2	14	0
Criterios en 3º	25	0	6	9	0
Criterios en 4º	1	6	14	17	1
Criterios en 5º	2	14	0	0	19
Puntos	127	108	<b>144</b>	117	121

Cuadro 60.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 4, serie fase creciente hasta el día 70.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Bilogístico	$P_{(t)} = \frac{2,239}{1 + e^{-0,12*(t-23,01)}} - \frac{22,51}{1 + e^{-0,12*(t-97,87)}}$
Exponencial Negativo	$P_{(t)} = 6,103 * (1 - e^{-0,009*t})$
Cuarto Grado	$P_{(t)} = 8,4 * 10^{-2} + (4,3 * 10^{-3}) * t + (3,4 * 10^{-3}) * t^2 - (8 * 10^{-5}) * t^3 + (6 * 10^{-7}) * t^4$
Hiperbólico	$P_{(t)} = \frac{0,152 * t}{1 + 0,063 * t}$
Bass	$P_{(t)} = 3,642 * \left[ \frac{1 - e^{-0,032 * t}}{1 + e^{-0,032*(t-10,921)}} \right]$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1º al 5º mejores.

Cuadro 61.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 4, serie fase decreciente a partir del día 77.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Lineal	$P(t) = 3,579 - (0,016) * t$
Asimétrico	$P(t) = 2,37 * \left[ 1 - \frac{1}{1 + \left( \frac{t}{141,183} \right)^{-5,019}} \right]$
Cúbico	$P(t) = -12,92 + (0,452) * t - (4,33 * 10^{-3}) * t^2 + (1,312 * 10^{-5}) * t^3$
Cuadrático	$P(t) = 1,475 + (0,025) * t - (1,967 * 10^{-4}) * t^2$
Exponencial	$P(t) = 4,46 * e^{-0,008*t}$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1° al 5° mejores.

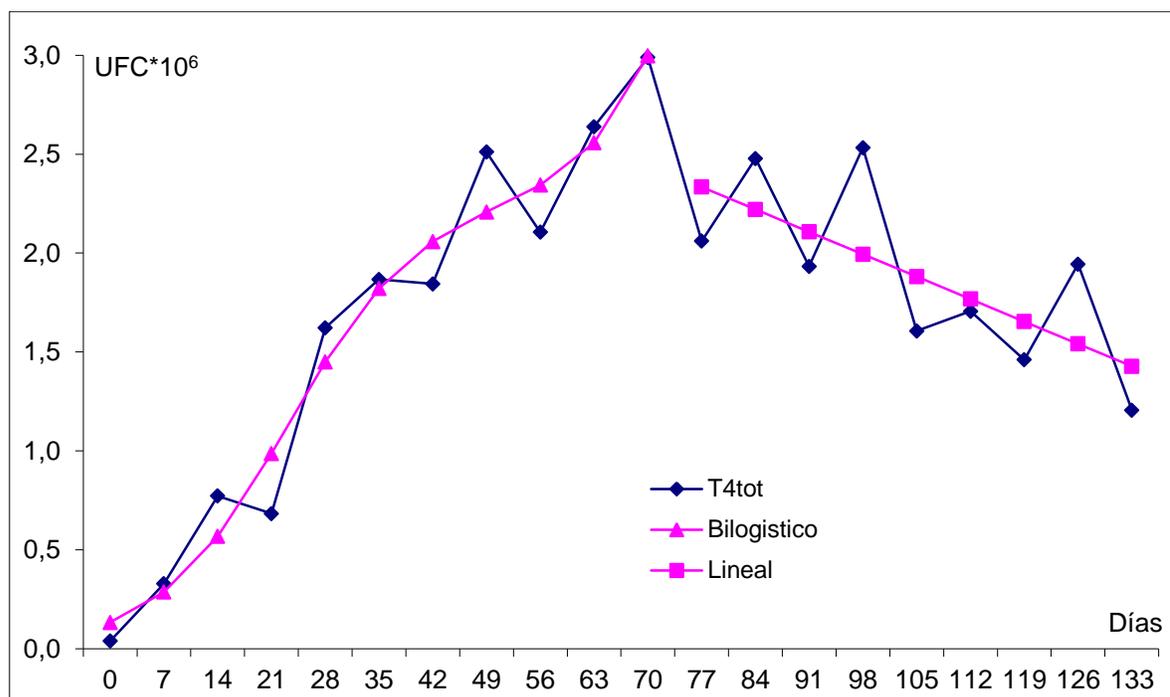


Figura 43.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 4, en dos fases: serie creciente hasta el día 70 y serie decreciente desde el día 77 en adelante.

#### 5.7.10.- Tratamiento 4: *Pseudomonas fluorescens*. Serie plantas sanas.

El promedio de UFC/g de suelo de las plantas sanas del tratamiento 4 se modeló en una serie completa dado que su comportamiento presentó un crecimiento rápido, al inicio, para luego marcar una cierta tendencia a la estabilidad, como se observa en la Figura 44.

Cuadro 62.- Algunos de los criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para la serie tratamiento 4 plantas sanas.

	Asimétrico	Bilogístico	Frechet-Korf	Levakovic	Rayleigh
RECM	3,174	3,170	<b>3,069</b>	3,090	3,350
R <sup>2</sup>	0,756	<b>0,759</b>	0,751	0,756	0,682
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,727	<b>0,731</b>	0,684	0,711	0,665
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,738	0,738	<b>0,755</b>	0,751	0,708
Ln(LIK)	-21,519	-21,499	<b>-20,848</b>	-20,987	-22,600
AIC	49,038	<b>48,998</b>	51,696	49,974	49,200
BIC	52,025	51,985	56,675	53,957	<b>51,191</b>
HQIC	9,853	9,852	9,882	<b>9,851</b>	9,903
Criterios en 1º	0	7	11	2	9
Criterios en 2º	2	12	0	10	3
Criterios en 3º	20	11	0	1	0
Criterios en 4º	6	0	0	1	0
Criterios en 5º	5	1	1	0	1
Puntos	85	<b>117</b>	56	55	58

Cuadro 63.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en, la serie plantas sanas del tratamiento 4.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Bilogístico	$P(t) = \frac{3,651}{1 + e^{-0,145*(t - 31,157)}} - \frac{0,729}{1 + e^{-0,145*(t - 81,802)}}$
Asimétrico	$P(t) = 3,144 * \left[ 1 - \frac{1}{1 + \left(\frac{t}{28,143}\right)^{-11,131}} \right]$
Rayleigh	$P(t) = 3,218 * (1 - e^{-\frac{t^2}{1023,79}})$
Frechet	$P(t) = 3,192 * e^{-\left(\frac{26,71}{t}\right)^{7,296}}$
Korf	$P(t) = 3,162 * e^{-2,566*10^{10} * t^{-7,296}}$
Levakovic	$P(t) = \frac{23,92 * t^{3,833}}{(8,205 * 10^5 + t^{3,833})^{1,114}}$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1º al 5º mejores. Los modelos Frechet y Korf ajustaron los mismos valores, por lo que los índices los declaran similares y ocupan el 4º lugar.

De los modelos probados, 37 tuvieron algún grado de ajuste en la serie Tratamiento 4 Plantas Sanas. En el Cuadro 62 se presentan algunos de los criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia. En el Cuadro 63 se presentan los 5 mejores modelos y sus parámetros estimados. En la Figura 44 se observa la gráfica del mejor modelo seleccionado para la serie.

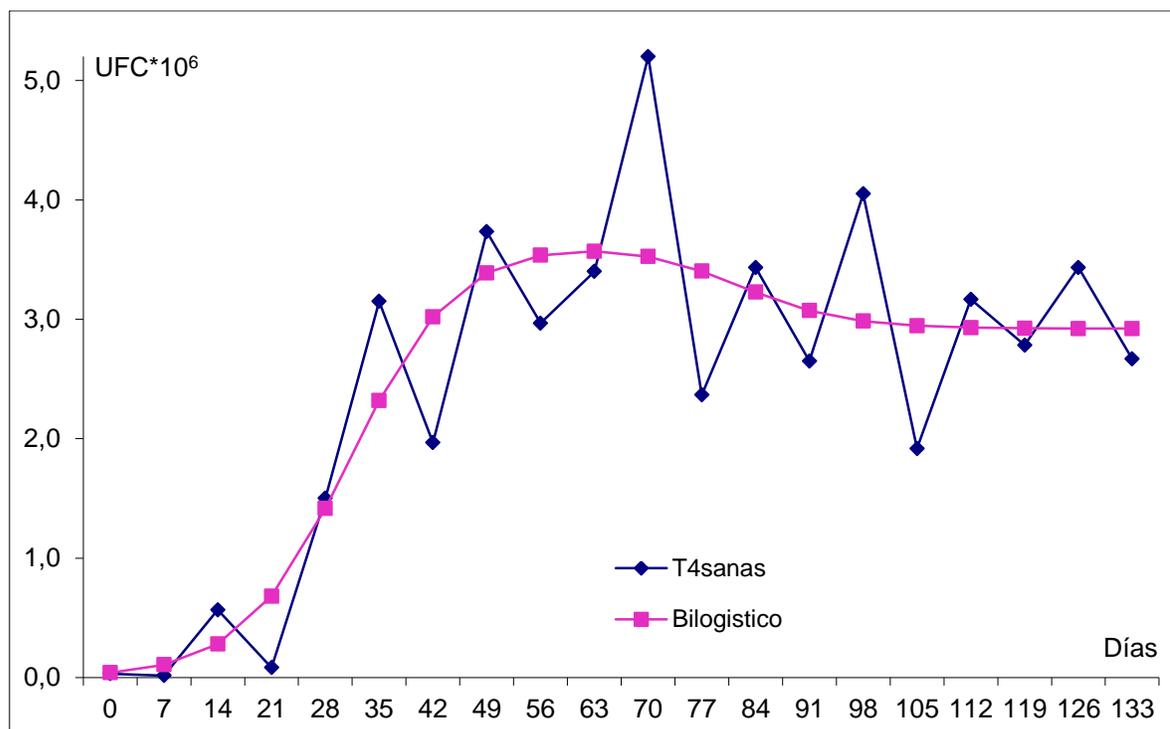


Figura 44.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, en las plantas sanas del tratamiento 4.

#### 5.7.11.- Tratamiento 4: *Pseudomonas fluorescens*. Serie plantas enfermas.

El promedio de UFC/g de suelo de todas las plantas enfermas del Tratamiento 4 se modeló en una serie completa y en dos fases: serie creciente hasta el día 84 y serie decreciente desde el día 91 en adelante. En la Figura 46 se puede observar como esta serie presenta una tendencia creciente sostenida más o menos hasta el día 84, por ello ese es el punto de separación en fases, de allí en adelante presenta una tendencia decreciente, que le da la forma de campana casi simétrica, con una ligera asimetría a la derecha.

De los modelos probados, 52 tuvieron algún grado de ajuste en la serie completa, 55 en la fase creciente hasta el día 84 y solamente 4 en la fase decreciente a partir del día 91. En los Cuadros 64, 66 y 67 se presentan algunos de los criterios aplicados en la selección de los 5 mejores

modelos y el resultado de la metodología de escogencia para la serie completa, para la fase creciente hasta el día 84 y para la fase decreciente a partir del día 91, respectivamente. En los Cuadros 65, 68 y 69 se presentan los 5 mejores modelos para la serie completa, para la fase creciente hasta el día 84 y para la fase decreciente a partir del día 91, respectivamente, y sus parámetros estimados. En la Figura 45 se observa la gráfica del mejor modelo seleccionado para la serie completa y en la Figura 46, la gráfica de los mejores modelos seleccionados para cada una de las dos fases en que se separó la serie.

Cuadro 64.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia en el tratamiento 4 plantas enfermas, serie completa.

	Beta	F Racional	Pol Grado 2	Pol Grado 3	Pol Grado 4
RECM	0,899	0,895	0,915	0,883	<b>0,879</b>
R <sup>2</sup>	0,877	0,877	0,878	0,886	<b>0,887</b>
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,863	0,854	0,864	<b>0,865</b>	0,858
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,882	0,883	0,878	0,886	<b>0,888</b>
Ln(LIK)	3,702	3,806	3,358	4,057	<b>4,169</b>
AIC	1,404	0,388	0,716	<b>0,114</b>	1,662
BIC	<b>1,583</b>	4,371	2,271	3,869	6,641
Criterios en 1º	17	0	0	10	10
Criterios en 2º	3	8	15	13	5
Criterios en 3º	5	19	5	14	4
Criterios en 4º	11	9	6	0	1
Criterios en 5º	1	0	11	0	17
Puntos	135	107	98	<b>144</b>	101

Cuadro 65.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 4 plantas enfermas, serie completa.

Modelo	Expresión del Modelo con sus Respectivos Parámetros
Cúbico	$P_{(t)} = 5,261 * 10^{-2} + (6,262 * 10^{-2}) * t - (5,809 * 10^{-4}) * t^2 + (1 * 10^{-6}) * t^3$
Beta	$P_{(t)} = (1,943) * \left(1 + \frac{67,235 - t}{76,905}\right) * \left(\frac{t}{67,235}\right)^{0,874}$
Función Racional	$P_{(t)} = \frac{(0,145) * t^{0,659}}{1 + (7,604 * 10^{-11}) * t^{5,061}}$
Cuarto Grado	$P_{(t)} = 0,09 + (0,055) * t - (3,164 * 10^{-4}) * t^2 - (2,101 * 10^{-6}) * t^3 + (1 * 10^{-8}) * t^4$
Cuadrático	$P_{(t)} = 0,157 + (0,052) * t - (3,728 * 10^{-4}) * t^2$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1º al 5º mejores.

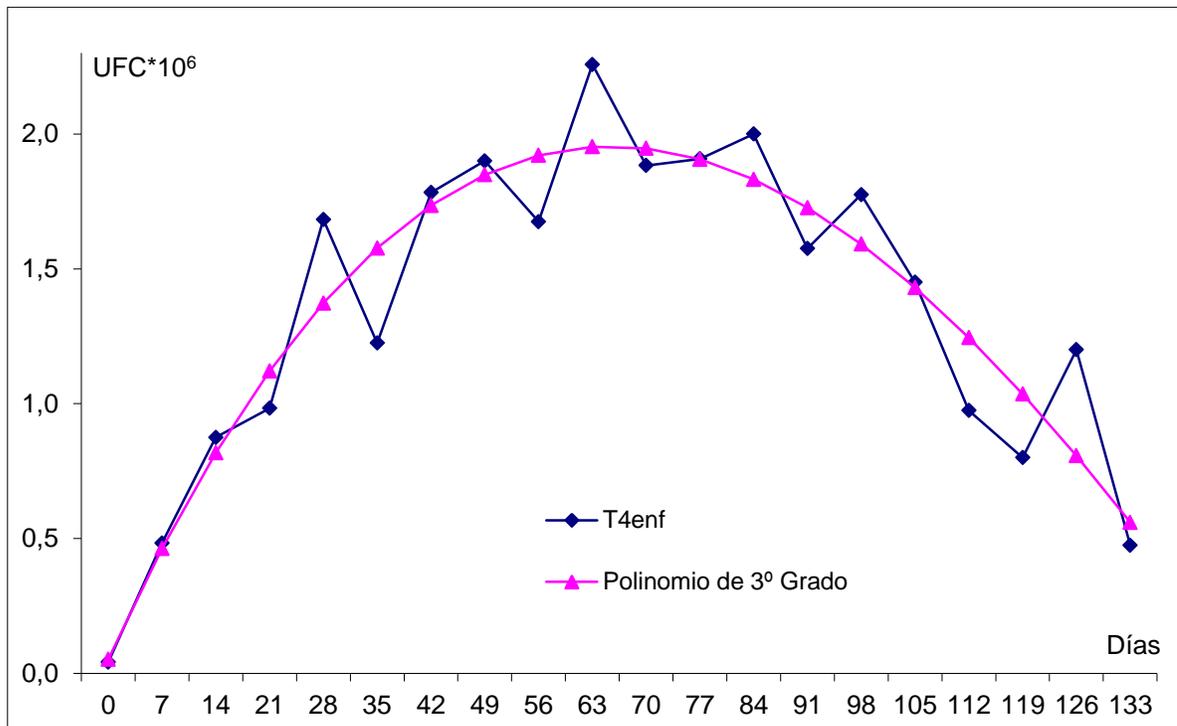


Figura 45.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 4, serie completa.

Cuadro 66.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 4 plantas enfermas, serie creciente hasta el día 84.

	Expon Negat	Logístico	Pol Grado 3	Pol Grado 4	Ricker
RECM	0,647	0,642	0,638	<b>0,637</b>	0,640
R <sup>2</sup>	0,922	0,922	0,923	0,923	<b>0,925</b>
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,915	0,896	0,897	0,885	<b>0,919</b>
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,921	0,922	<b>0,923</b>	<b>0,923</b>	0,922
Ln(LIK)	3,880	3,989	4,075	<b>4,093</b>	4,025
AIC	3,760	1,978	0,150	1,814	<b>0,050</b>
BIC	2,630	1,283	2,110	4,639	<b>0,920</b>
Criterios en 1º	0	0	5	12	19
Criterios en 2º	18	6	10	0	0
Criterios en 3º	0	1	0	0	10
Criterios en 4º	0	6	2	6	0
Criterios en 5º	1	1	0	0	0
Puntos	73	40	69	72	<b>125</b>

Cuadro 67.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 4 modelos ajustados y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 4 plantas enfermas, serie decreciente a partir del día 91.

	Asimétrico	Exponencial	Lineal	Ricker
RECM	<b>0,577</b>	0,605	0,581	0,598
R <sup>2</sup>	<b>0,738</b>	0,701	0,733	0,707
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,607	0,641	<b>0,680</b>	0,649
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	<b>0,737</b>	0,711	0,733	0,717
Ln(LIK)	<b>0,723</b>	0,398	0,676	0,475
AIC	4,554	3,204	<b>2,648</b>	3,050
BIC	4,392	3,096	<b>2,540</b>	2,942
HQIC	2,213	1,703	<b>0,464</b>	1,429
Criterios en 1º	20	2	18	0
Criterios en 2º	0	0	20	20
Criterios en 3º	0	18	2	20
Criterios en 4º	20	20	0	0
Criterios en 5º	0	0	0	0
Puntos	140	104	<b>176</b>	140

Cuadro 68.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 4 plantas enfermas, serie fase creciente hasta el día 84.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Ricker	$P_{(t)} = 0,071 * t * e^{-0,013*t}$
Exponencial Negativo	$P_{(t)} = 2,123 * (1 - e^{-0,037*t})$
Cuarto Grado	$P_{(t)} = 0,047 + (0,068) * t - (9,526 * 10^{-4}) * t^2 + (7,477 * 10^{-6}) * t^3 - (3 * 10^{-8}) * t^4$
Cúbico	$P_{(t)} = 0,06 + (6,372 * 10^{-2}) * t - (6,77 * 10^{-4}) * t^2 + (2,248 * 10^{-6}) * t^3$
Logístico	$P_{(t)} = -2,906 + \frac{14,661}{[2,959 + 1,997 * e^{-0,052*t}]}$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1º al 5º mejores.

Cuadro 69.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 4 plantas enfermas, serie fase decreciente a partir del día 91.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Lineal	$P_{(t)} = 4,093 - (0,026) * t$
Asimétrico	$P_{(t)} = 1,994 * \left[ 1 - \frac{1}{1 + \left(\frac{t}{118,629}\right)^{-6,669}} \right]$
Ricker	$P_{(t)} = 0,315 * t * e^{-0,031*t}$
Exponencial	$P_{(t)} = 12,398 * e^{-0,021*t}$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1º al 4º. Solo estos 4 ajustaron.

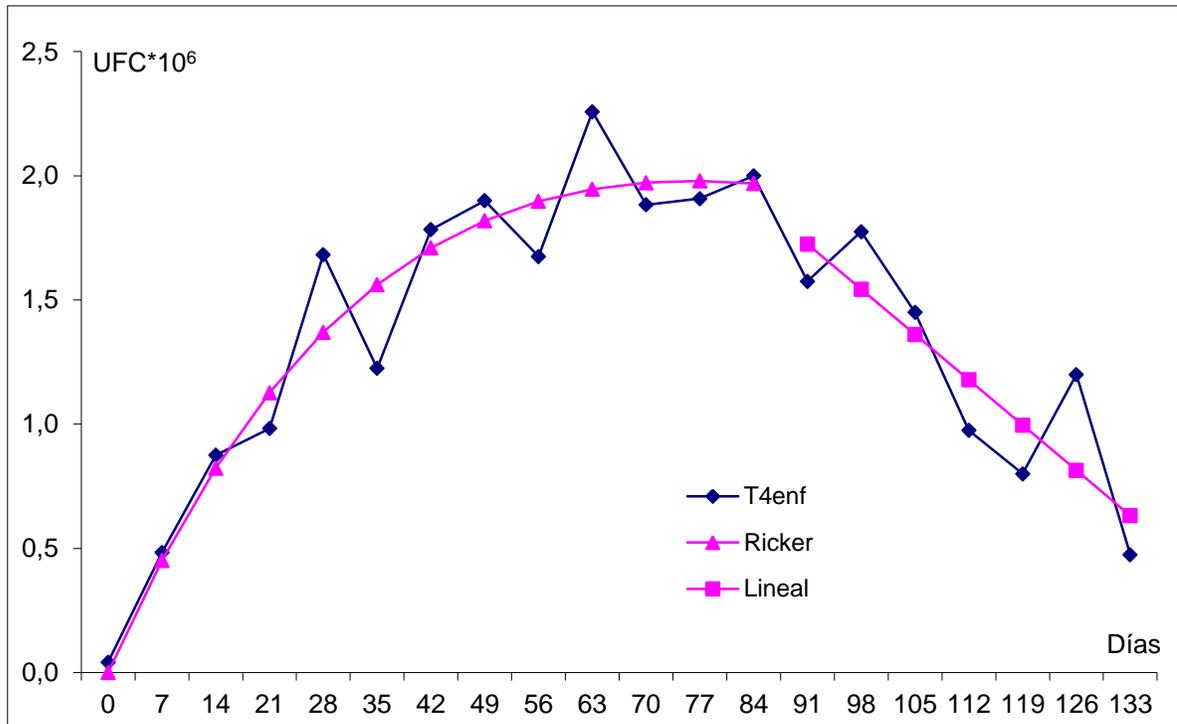


Figura 46.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, en las plantas enfermas del tratamiento 4, en dos fases: serie creciente hasta el día 84 y serie decreciente desde el día 91 en adelante.

#### 5.7.12.- Tratamiento 5: Timorex. Serie total.

El promedio de UFC/g de suelo de todas las plantas del tratamiento 5, sin importar su condición, se modeló en una serie completa y en dos fases: serie creciente hasta el día 49 y serie decreciente desde el día 56 en adelante. Esta serie presenta un crecimiento inicial rápido, como se observa en la Figura 48, hasta alcanzar un máximo que puede ubicarse en el día 49, por ello ese es el punto de separación en fases, de allí en adelante presenta una caída que le da una forma de campana asimétrica a la derecha.

De los modelos probados, 16 tuvieron algún grado de ajuste en la serie completa, 28 en la fase creciente hasta el día 49 y 10 en la fase decreciente a partir del día 56. En los Cuadros 70, 72 y 73 se presentan algunos de los criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para la serie completa, para la fase creciente hasta el día 49 y para la fase decreciente a partir del día 56, respectivamente. En los Cuadros 71, 74 y 75 se presentan los 5 mejores modelos para la serie completa, para la fase creciente hasta el día 49 y para la fase decreciente a partir del día 56, respectivamente, y sus parámetros estimados. En la

Figura 47 se observa la gráfica del mejor modelo seleccionado para la serie completa y en la Figura 48, la gráfica de los mejores modelos seleccionados para cada una de las dos fases en que se separó la serie.

Cuadro 70.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 5 serie completa.

	Beta	F Racional	F Racional Cuad	Pol Grado 3	Pol Grado 4
RECM	8,041	7,480	<b>7,328</b>	7,460	7,453
R <sup>2</sup>	0,757	0,796	<b>0,802</b>	0,792	0,793
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,729	0,757	<b>0,765</b>	0,753	0,737
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,759	0,791	<b>0,799</b>	0,792	0,793
Ln(LIK)	-40,113	-38,665	<b>-38,256</b>	-38,613	-38,593
AIC	86,226	85,330	<b>84,512</b>	85,226	87,186
BIC	89,213	89,313	<b>88,495</b>	89,209	92,165
HQIC	11,037	10,991	<b>10,971</b>	10,989	11,012
Criterios en 1º	0	1	36	0	0
Criterios en 2º	6	3	1	12	15
Criterios en 3º	3	10	0	23	1
Criterios en 4º	6	24	0	1	8
Criterios en 5º	20	0	1	2	13
Puntos	65	95	<b>185</b>	121	92

Cuadro 71.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 5, serie completa.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Función Racional Cuadrática	$P_{(t)} = \frac{8,545 + (7,319 * 10^{-2}) * t}{1 - (1,713 * 10^{-2}) * t + (2,721 * 10^{-4}) * t^2}$
Cúbico	$P_{(t)} = 8,371 + (0,366) * t - (6,108 * 10^{-3}) * t^2 + (2,4 * 10^{-5}) * t^3$
Función Racional	$P_{(t)} = \frac{(6,85) * t^{0,233}}{1 + (1,671 * 10^{-6}) * t^{2,974}}$
Cuarto Grado	$P_{(t)} = 8,237 + (0,393) * t - (7 * 10^{-3}) * t^2 + (3 * 10^{-5}) * t^3 - (4 * 10^{-8}) * t^4$
Beta	$P_{(t)} = (14,205) * \left(1 + \frac{33,618 - t}{122,742}\right) * \left(\frac{t}{33,618}\right)^{0,274}$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1º al 5º mejores.

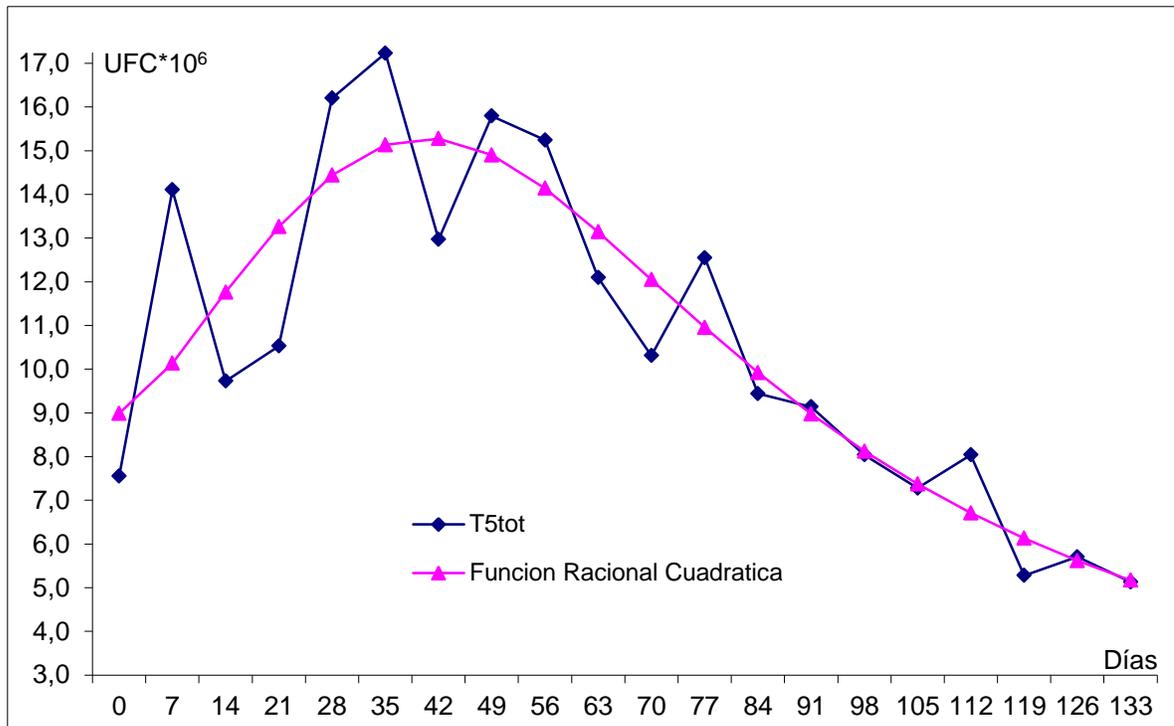


Figura 47.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 5, serie completa.

Cuadro 72.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 5 serie creciente hasta el día 49.

	Log Recíproco	Hiperbólico	Mitscherlich Monomolecular	Potencias	Odd Weibull
RECM	6,766	6,722	6,495	6,503	6,500
R <sup>2</sup>	0,456	0,468	0,496	0,494	0,492
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,366	0,379	0,294	0,292	0,112
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,453	0,460	0,496	0,494	0,495
Ln(LIK)	-18,329	-18,277	-18,001	-18,011	-18,009
AIC	40,658	40,554	42,002	42,022	44,018
BIC	40,817	40,713	42,240	42,260	44,336
HQIC	8,774	8,768	8,791	8,792	8,843
Criterios en 1º	0	17	9	0	5
Criterios en 2º	16	3	2	6	10
Criterios en 3º	4	0	0	10	0
Criterios en 4º	0	0	7	1	1
Criterios en 5º	0	0	1	3	0
Puntos	76	97	68	59	67

Cuadro 73.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 5 serie decreciente a partir del día 56.

	Asimétrico	F Racional Cuad	Pol Grado 2	Pol Grado 4	Ricker
RECM	3,155	3,079	3,163	<b>2,921</b>	3,381
R <sup>2</sup>	0,907	0,912	0,907	<b>0,921</b>	0,899
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	<b>0,924</b>	0,919	<b>0,924</b>	0,916	<b>0,924</b>
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,415	0,420	0,415	<b>0,430</b>	0,402
Ln(LIK)	-15,906	-15,613	-15,938	<b>-14,981</b>	-16,736
AIC	37,812	39,226	37,876	39,962	<b>37,472</b>
BIC	39,267	41,166	39,331	42,387	<b>38,442</b>
HQIC	<b>8,920</b>	8,944	8,924	8,929	8,958
Criterios en 1º	2	1	0	17	17
Criterios en 2º	1	17	4	1	1
Criterios en 3º	17	1	1	1	0
Criterios en 4º	18	0	11	2	1
Criterios en 5º	1	2	23	0	0
Puntos	<b>102</b>	78	64	96	91

Cuadro 74.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 5, serie fase creciente hasta el día 49.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Hiperbólico	$P_{(t)} = \frac{7,539 * t}{1 + 0,497 * t}$
Logaritmo Recíproco	$P_{(t)} = e^{(2,695 - \frac{1,362}{t})}$
Mitscherlich	$P_{(t)} = 16,593 - 8,004 * (0,959)^{-t}$
Monomolecular	$P_{(t)} = 16,593 * (1 - 0,482 * e^{-0,042 * t})$
Odd Weibull	$P_{(t)} = 28,417 * \left\{ 1 - \left[ 1 + (e^{(0,025 * t)^{1,281}} - 1)^{0,222} \right]^{-1} \right\}$
Potencias	$P_{(t)} = -32,459 + 39,275 * t^{0,051}$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1º al 5º mejores. Los modelos Mitscherlich y monomolecular presentan valores estimados similares, clasificando ambos como 3º mejor modelo.

Cuadro 75.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 5, serie fase decreciente a partir del día 56.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Asimétrico	$P_{(t)} = 25,193 * \left[ 1 - \frac{1}{1 + \left(\frac{t}{65,51}\right)^{-1,856}} \right]$
Cuarto Grado	$P_{(t)} = 132,1 - 5 * t + (7,789 * 10^{-2}) * t^2 - (5 * 10^{-4}) * t^3 + (1 * 10^{-6}) * t^4$
Ricker	$P_{(t)} = 0,995 * t * e^{-0,025 * t}$
Función Racional Cuadrática	$P_{(t)} = \frac{126,6 - (0,821) * t}{1 + (0,127) * t - (8,135 * 10^{-4}) * t^2}$
Cuadrático	$P_{(t)} = 26,242 - (0,257) * t - (7,391 * 10^{-4}) * t^2$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1° al 5° mejores.

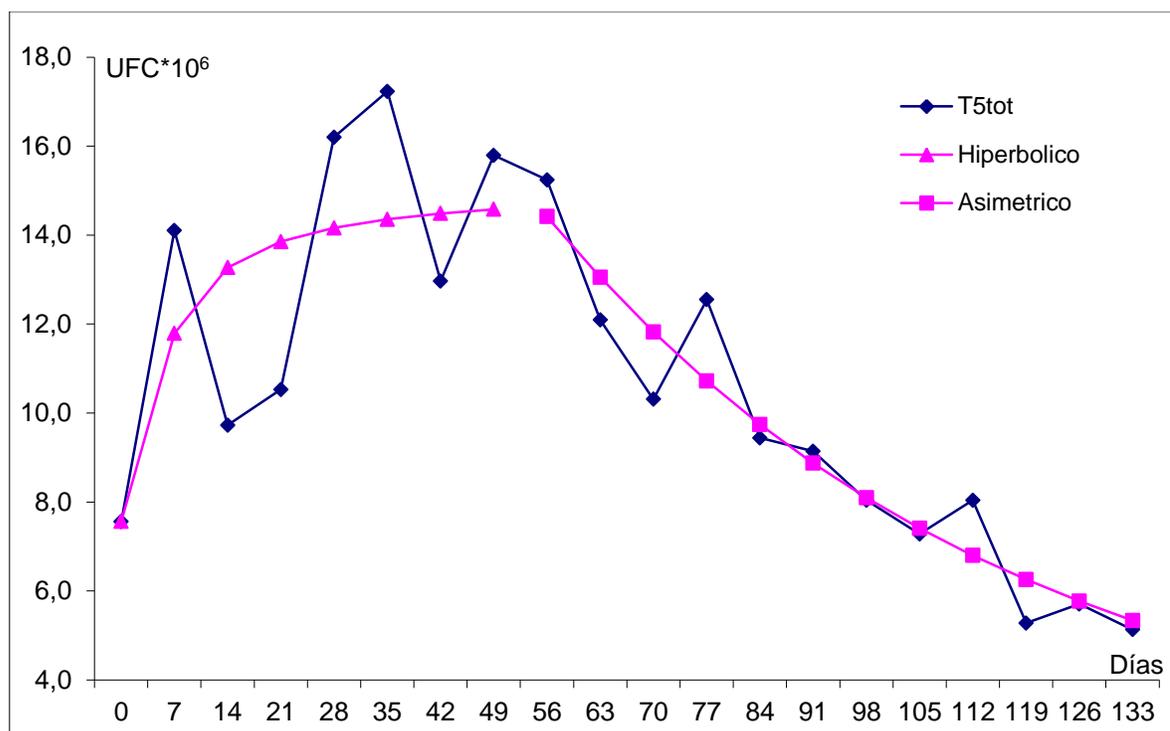


Figura 48.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 5, en dos fases: serie creciente hasta el día 49 y serie decreciente desde el día 56 en adelante.

### 5.7.13.- Tratamiento 5: Timorex. Serie plantas sanas.

El promedio de UFC/g de suelo de las plantas sanas del tratamiento 5 se modeló en una serie completa dado que su comportamiento presentó un crecimiento rápido, al inicio, para luego marcar una cierta tendencia a la estabilidad, como se muestra en la Figura 49.

De los modelos probados, 50 tuvieron algún grado de ajuste en la serie tratamiento 5 plantas sanas. En el Cuadro 76 se presentan algunos de los criterios aplicados en la selección de los mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia. En el Cuadro 77 se presentan los mejores modelos y sus parámetros estimados. En la Figura 49 se observa la gráfica del mejor modelo seleccionado para la serie.

Cuadro 76.- Algunos criterios aplicados en la selección de los mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para la serie tratamiento 5 plantas sanas.

	Janoschek Weibull	Logístico	Richards Stannard Theta Logístico von Bertalanffy	Sloboda	Odd Weibull
RECM	7,123	7,145	7,293	7,120	<b>7,110</b>
R <sup>2</sup>	0,582	0,579	0,566	0,582	<b>0,589</b>
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,503	0,500	0,485	0,504	<b>0,512</b>
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,582	0,579	0,562	0,582	<b>0,583</b>
Ln(LIK)	-37,688	-37,748	-38,159	-37,680	<b>-37,652</b>
AIC	83,376	81,496	82,318	<b>81,360</b>	83,304
BIC	87,359	84,483	85,305	<b>84,347</b>	87,287
HQIC	10,943	10,920	10,941	<b>10,917</b>	10,941
Criterios en 1º	0	0	0	11	17
Criterios en 2º	3	13	0	14	1
Criterios en 3º	15	12	10	3	4
Criterios en 4º	2	0	0	2	3
Criterios en 5º	5	5	2	0	1
Puntos	66	93	32	<b>124</b>	108

Cuadro 77.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 5, serie plantas sanas.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Sloboda	$P(t) = 9,769 * e^{- (0,707)*e^{- (2,437*10^{-10}) * t^{6,624}}}$
Odd Weibull	$P(t) = 9,476 * \left\{ 1 - \left[ 1 + \left( e^{(0,074 * t)^{6,392}} - 1 \right)^{0,01} \right]^{-1} \right\}$
Logístico	$P(t) = 4,588 + \frac{0,008}{[0,002 + 4,895 * e^{-0,293 * t}]}$
Weibull	$P(t) = 9,468 - 4,799 * e^{-4,168 * 10^{-11} * t^{7,089}}$
Janoschek	$P(t) = 9,468 * (1 - 0,507 * e^{-4,178 * 10^{-11} * t^{7,089}})$
Richards	$P(t) = \frac{9,511}{[1 + e^{-(0,024) * (11,301) * (t - 38,802)}]^{(1/11,301)}}$
Stannard	$P(t) = 9,511 * \left[ 1 + e^{-\left(\frac{-0,942 + 0,024 * t}{0,088}\right)} \right]^{-0,088}$
Theta Logístico	$P(t) = \frac{9,511}{[1 + 11,302 * e^{-(0,274) * (t - 29,964)}]^{(1/11,302)}}$
von Bertalanffy	$P(t) = \{(8,832 * 10^{-12}) + (3,701 * 10^{-7}) * e^{-(0,274) * t}\}^{-0,089}$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1° al 5° mejores. Los modelos Janoschek y Weibull empataron en el 4° lugar y en el 5° se ubicaron Richards, Stannard, Theta Logístico y Von Bertalanffy

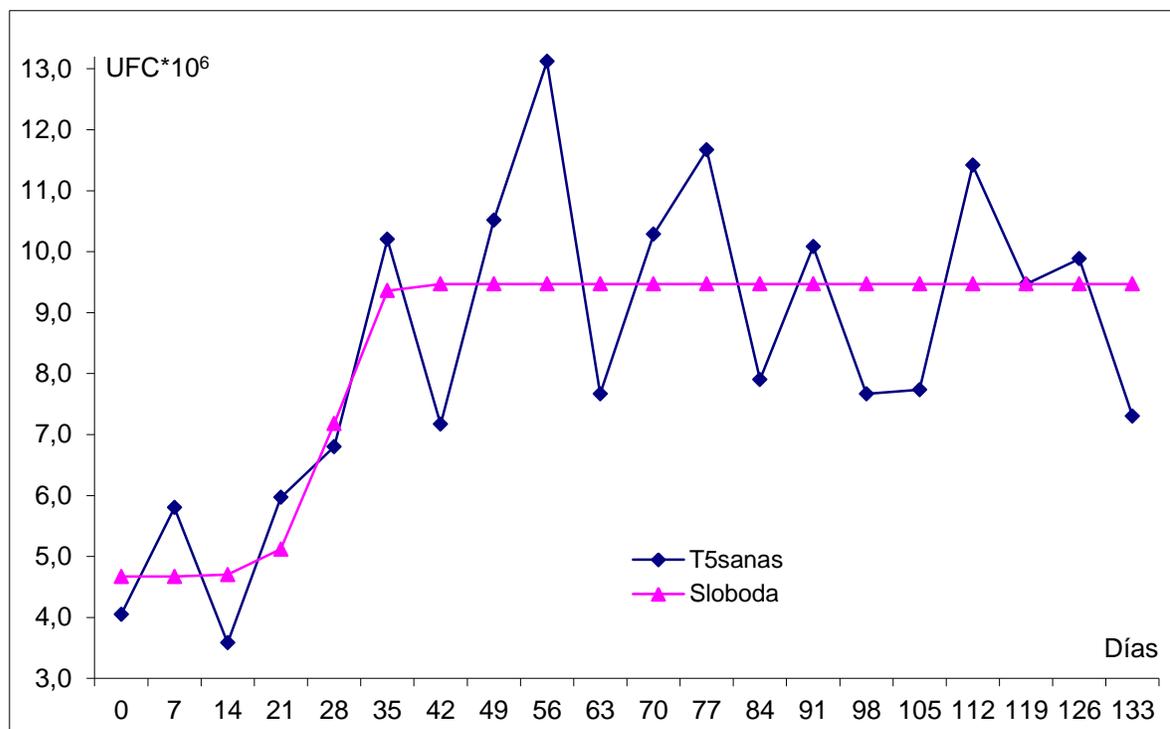


Figura 49.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, en las plantas sanas del tratamiento 5.

### 5.7.14.- Tratamiento 5: Timorex. Serie plantas enfermas.

El promedio de UFC/g de suelo de todas las plantas enfermas del Tratamiento 5 se modeló en una serie completa y en dos fases: serie creciente hasta el día 49 y serie decreciente desde el día 56 en adelante. Esta serie presenta un crecimiento inicial rápido hasta alcanzar un máximo que puede ubicarse en el día 49, por ello ese es el punto de separación en fases, de allí en adelante presenta una caída relativamente rápida a niveles poblacionales comparativamente muy bajos. En la Figura 51 se muestra como toma una forma acampanada asimétrica a la derecha.

De los modelos probados, 14 tuvieron algún grado de ajuste en la serie completa, 32 en la fase creciente hasta el día 49 y 9 en la fase decreciente a partir del día 56. En los Cuadros 78, 80 y 81 se presentan algunos de los criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para la serie completa, para la fase creciente hasta el día 49 y para la fase decreciente a partir del día 56, respectivamente. En los Cuadros 79, 82 y 83 se presentan los 5 mejores modelos para la serie completa, para la fase creciente hasta el día 49 y para la fase decreciente a partir del día 56, respectivamente, y sus parámetros estimados. En la Figura 50 se observa la gráfica del mejor modelo seleccionado para la serie completa y en la Figura 51, la gráfica de los mejores modelos seleccionados para cada una de las dos fases en que se separó la serie.

Cuadro 78.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia en el tratamiento 5 plantas enfermas serie completa.

	Beta	F Racional	F Racional Cuad	Pol Grado 3	Pol Grado 4
RECM	10,209	<b>9,302</b>	9,399	9,410	9,359
R <sup>2</sup>	0,819	<b>0,852</b>	0,847	0,848	0,850
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,798	<b>0,824</b>	0,818	0,819	0,810
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,821	<b>0,851</b>	0,848	0,848	0,850
Ln(LIK)	-44,887	<b>-43,026</b>	-43,233	-43,256	-43,148
AIC	95,774	<b>94,052</b>	94,466	94,512	96,296
BIC	98,761	<b>98,035</b>	98,449	98,495	101,275
HQIC	11,255	<b>11,195</b>	11,204	11,205	11,223
Criterios en 1º	0	35	0	1	0
Criterios en 2º	4	0	15	2	16
Criterios en 3º	0	2	13	22	0
Criterios en 4º	11	0	7	12	9
Criterios en 5º	23	1	0	1	8
Puntos	61	<b>182</b>	113	104	90

Cuadro 79.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 5, plantas enfermas, serie completa.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Función Racional	$P(t) = \frac{(9,074) * t^{0,213}}{1 + (3,826 * 10^{-7}) * t^{3,396}}$
Función Racional Cuadrática	$P(t) = \frac{11,275 - (1,241 * 10^{-2}) * t}{1 - (2,041 * 10^{-2}) * t + (2,809 * 10^{-4}) * t^2}$
Cúbico	$P(t) = 10,9 + (0,446) * t - (8,164 * 10^{-3}) * t^2 + (3,325 * 10^{-5}) * t^3$
Cuarto Grado	$P(t) = 10,5 + (0,523) * t - (1,094 * 10^{-2}) * t^2 + (6 * 10^{-5}) * t^3 - (1 * 10^{-7}) * t^4$
Beta	$P(t) = (17,215) * \left(1 + \frac{27,857 - t}{112,08}\right) * \left(\frac{t}{27,857}\right)^{0,249}$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1° al 5° mejores.

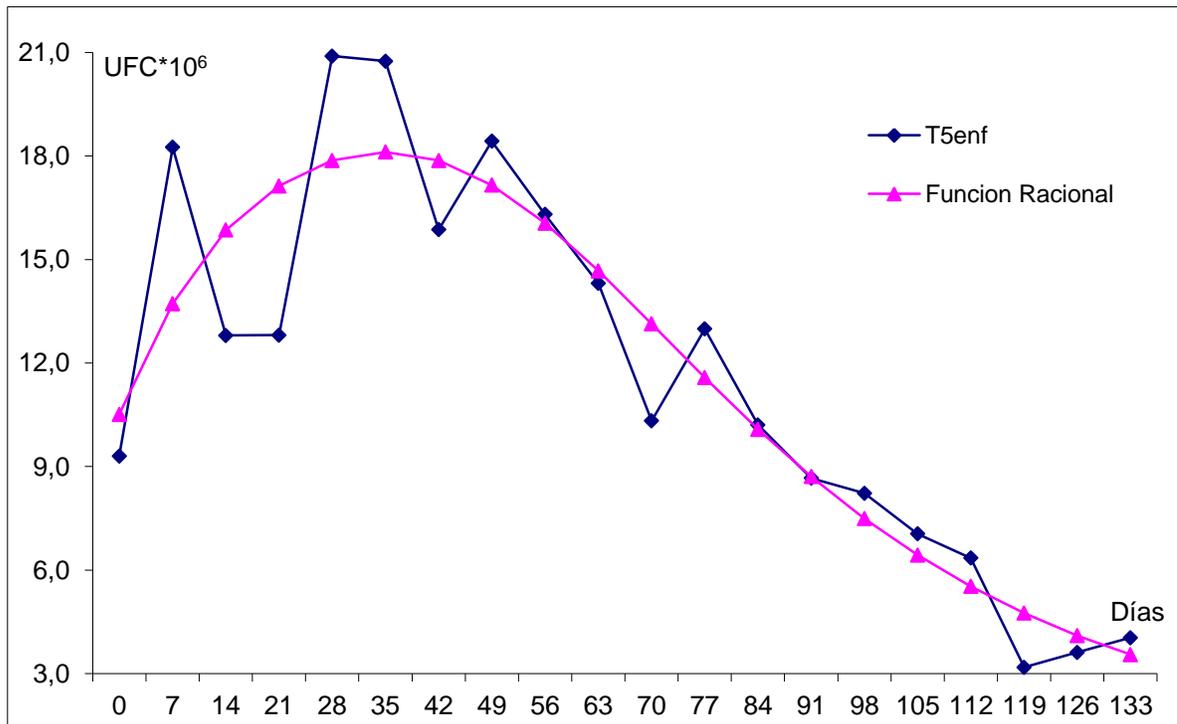


Figura 50.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor modelo, en el tratamiento 5 plantas enfermas, serie completa.

Cuadro 80.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 5 plantas enfermas serie creciente hasta el día 49.

	Lindley	Pareto	Potencias	Pol Grado 4	Rayleigh
RECM	8,401	8,273	<b>7,981</b>	8,200	8,325
R <sup>2</sup>	0,408	0,442	<b>0,481</b>	0,452	0,435
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,309	0,219	0,273	-0,279	<b>0,341</b>
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,425	0,442	<b>0,481</b>	0,452	0,435
Ln(LIK)	-20,060	-19,938	<b>-19,650</b>	-19,867	-19,988
AIC	44,120	45,876	45,300	49,734	<b>43,976</b>
BIC	44,279	46,114	45,538	50,131	<b>44,135</b>
HQIC	8,945	8,981	8,954	9,066	<b>8,938</b>
Criterios en 1º	0	0	16	2	13
Criterios en 2º	13	0	1	8	8
Criterios en 3º	6	10	1	0	0
Criterios en 4º	0	8	10	0	0
Criterios en 5º	3	4	2	1	5
Puntos	73	50	<b>109</b>	43	102

Cuadro 81.- Algunos criterios aplicados en la selección de los 5 mejores modelos y el resultado de la metodología de escogencia para el tratamiento 5 plantas enfermas serie decreciente a partir del día 56.

	Exponencial	F Racional Cuad	Potencias	Pol Grado 4	Ricker
RECM	3,811	3,614	3,610	<b>3,073</b>	3,686
R <sup>2</sup>	0,925	0,934	0,935	<b>0,953</b>	0,931
R <sup>2</sup> <sub>adj</sub>	0,917	0,910	0,920	<b>0,925</b>	0,924
R <sup>2</sup> <sub>Nash</sub>	0,927	0,934	0,935	<b>0,953</b>	0,932
Ln(LIK)	-18,171	-17,537	-17,524	<b>-15,591</b>	-17,774
AIC	40,342	43,074	41,048	41,182	<b>39,548</b>
BIC	41,312	45,014	42,503	43,607	<b>40,518</b>
HQIC	9,114	9,151	9,098	<b>8,998</b>	9,072
Criterios en 1º	2	0	0	23	14
Criterios en 2º	13	2	15	2	4
Criterios en 3º	0	16	5	1	2
Criterios en 4º	2	0	16	0	2
Criterios en 5º	3	2	2	0	0
Puntos	69	58	109	<b>126</b>	96

Cuadro 82.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 5 plantas enfermas, serie fase creciente hasta el día 49.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Potencias	$P_{(t)} = 9,364 + 4,004 * t^{0,206}$
Rayleigh	$P_{(t)} = 17,117 * (1 - e^{-\frac{t^2}{5,095}})$
Lindley	$P_{(t)} = 17,148 * \left[1 - \left(\frac{1,717 + 0,717 * t}{1,717}\right) * e^{-0,717 * t}\right]$
Pareto	$P_{(t)} = 19,101 * \left[1 - \left(\frac{t}{0,682}\right)^{-0,658}\right]$
Cuarto Grado	$P_{(t)} = 10,52 + (0,864) * t - (5,756 * 10^{-2}) * t^2 + (1 * 10^{-3}) * t^3 - (1 * 10^{-5}) * t^4$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1° al 5° mejores.

Cuadro 83.- Modelos de predicción del comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el tratamiento 5 plantas enfermas, serie fase decreciente a partir del día 56.

Modelo	Expresión del modelo con sus respectivos parámetros
Cuarto Grado	$P_{(t)} = 202,1 - (8,265) * t + (0,135) * t^2 - (9,749 * 10^{-4}) * t^3 + (2 * 10^{-6}) * t^4$
Potencias	$P_{(t)} = 191,208 - 126,729 * t^{0,081}$
Ricker	$P_{(t)} = 1,56 * t * e^{-0,031 * t}$
Exponencial	$P_{(t)} = 45,869 * e^{-0,019 * t}$
Función Racional Cuadrática	$P_{(t)} = \frac{41,88 - (0,257) * t}{1 + (1,491 * 10^{-2}) * t - (3,296 * 10^{-5}) * t^2}$

Los modelos en el cuadro se presentan en orden del 1° al 5° mejores.

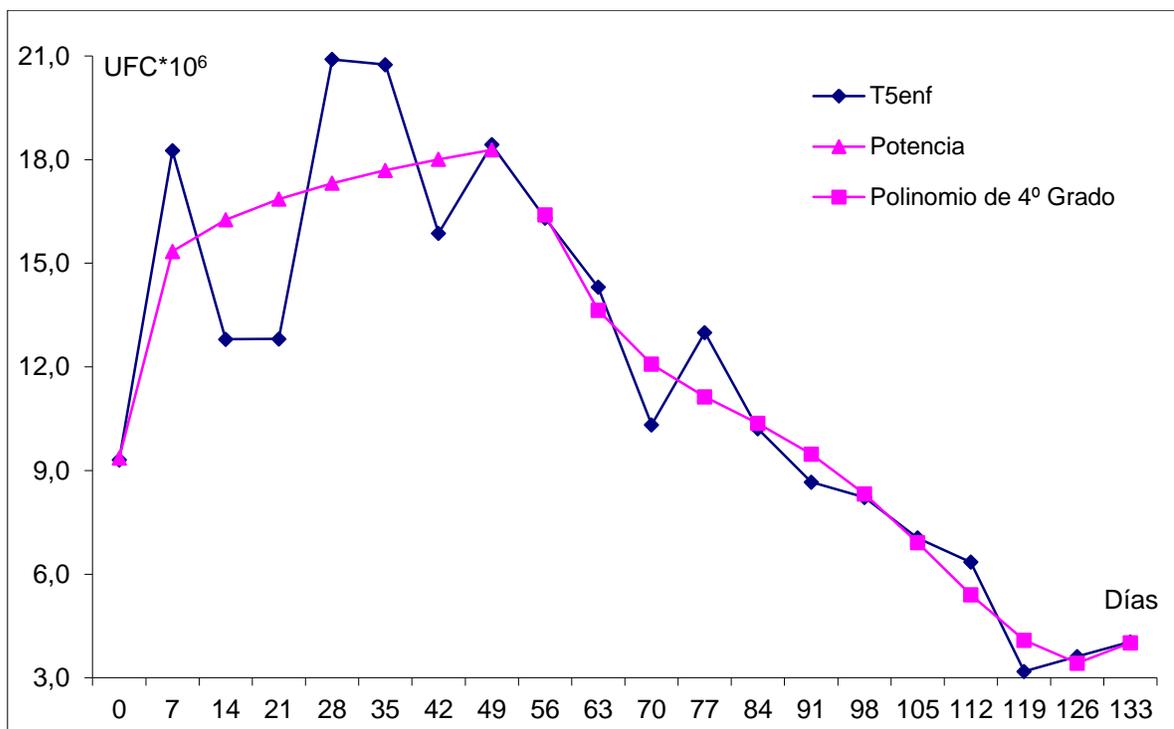


Figura 51.- Valores observados de la población de *R. solanacearum*, y ajustados con el mejor Modelo, en las Plantas Enfermas del Tratamiento 5, en dos fases: serie creciente hasta el día 49 y serie decreciente desde el día 56 en adelante.

En general, se observó que *R. solanacearum* se comporta de manera diferente en el suelo, de acuerdo a como se relaciona con la planta de tomate. La población de la bacteria crece relativamente rápido en el suelo hasta alcanzar un máximo, de allí en adelante puede:

a) Seguir una tendencia a la estabilidad, alrededor de un tamaño poblacional de aparente equilibrio. Este comportamiento se dió en todos los casos en que las plantas no enfermaron. Pareciera que la bacteria es capaz de vivir en la rizósfera, aprovechando la presencia de la planta y su actividad radicular; pero sin afectarla.

b) Disminuir las poblaciones en el suelo, lo cual sucede a diferentes tasas, generando gráficas acampanadas (cóncavas hacia abajo) con cierto grado de simetría o con asimetría a la derecha, lo que se conoce como “tina de baño”. Este comportamiento se dio en los casos en que las plantas enfermaron, y el descenso en la población de la bacteria coincidió con la muerte de las plantas. Aparentemente, al morir la planta, las poblaciones de la bacteria son insostenibles sin los aportes nutricionales de las raíces; por ende estas disminuyen a niveles de sobrevivencia; coincidiendo con Rueda-Puente y col. (2014) quienes indican que sin hospedante la bacteria puede sobrevivir si se limita a una baja actividad metabólica y tiene una baja competencia microbiana.

## 5.8.- Relación entre dinámica poblacional en el suelo y marchitez bacteriana

En el Cuadro 84 se resume la información del índice de correlación de Spearman entre la población de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas, en UFC\*10<sup>6</sup>/g de suelo, y (a) severidad de la marchitez bacteriana del tomate (SM), índice de incidencia de la enfermedad (IIM) y (c) índice de enfermedad (IE). Los resultados indican que, en el experimento, no hay correlación entre las variables, al clásico nivel de 5%; es decir, la población de la bacteria en el suelo no condiciona la aparición o no de la enfermedad en la planta. Si se está dispuesto a aumentar el nivel a 7%, es posible declarar significativa la correlación con SM en el tratamiento 4, que tiene una  $p = 0,069$ ; sin embargo, si recordamos que la correlación se mide entre 0 y 1; siendo 0 indicador de no correlación y 1 indicador de correlación perfecta, pudiendo asumir la convención de que una correlación de 0,50 marca el límite entre buena ( $> 0,50$ ) y mala ( $< 0,50$ ) correlación; entonces diríamos que el índice de correlación = 0,4153 del tratamiento 4 no es bueno.

Cuadro 84.- Análisis de correlación por rangos de Spearman para la población de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas (UFC\*10<sup>6</sup>/g de suelo) vs la severidad de la marchitez (SM), vs el índice de incidencia de la marchitez (IIM) y vs el índice de enfermedad (IE) al día 133 después del trasplante.

	Total	T2	T3	T4	T5
SM	-0.0476	-0.3334	-0.0967	0.4153	-0.2861
(p)	0.8412	0.1504	0.6813	0.0690	0.2188
IIM	-0.0396	-0.0217	0.1133	0.2540	-0.1696
(p)	0.8662	0.9265	0.6305	0.2124	0.4722
IE	-0.1320	-0.2919	-0.0259	0.3759	-0.3417
(p)	0.5768	0.2114	0.9165	0.1017	0.1392

Es lógico suponer que el tamaño de la población de la bacteria en el suelo tiene influencia directa en la manifestación de la enfermedad. Arwiyanto y col. (2011) reportaron que la densidad poblacional de *R. solanacearum* en el suelo está correlacionada positivamente con la incidencia de la marchitez. Chakravarty y Kalita (2012), en ensayos en berenjena, cuantificaron la correlación entre población de la bacteria en el suelo y el índice de enfermedad en 0,95.

Kang y col. (2004), trabajando en tabaco, reportan igualmente correlación positiva; pero durante los dos primeros meses del cultivo, en los últimos dos meses el índice de correlación está por

debajo de 0,5. En la Figura 52 se muestran los resultados de su ensayo, y se observa como las poblaciones de la bacteria caen en la medida en que la marchitez aumenta, lo cual coincide con la descripción realizada del tratamiento 5 en este trabajo; lo cual se atribuyó a un efecto de retraso en relación a la pérdida de sostén del medio al enfermar y morir las plantas, el principal suplidor de medios de supervivencia para la bacteria en el suelo.

Los resultados obtenidos en el presente trabajo, coinciden con Wei y col. (2017) quienes, trabajando en plantas de tomate, concluyeron que las densidades de *R. solanacearum* se correlacionaron positivamente con el aumento de la temperatura y no se correlacionaron linealmente con el índice de enfermedad. Ellos observaron que las densidades de la bacteria en el suelo fueron más altas durante la primavera temprana en comparación con la estación de primavera, a pesar de que el IE fue mayor durante la última temporada de primavera. Tal vez esto explique lo obtenido por Kang y col. (2004); pero no lo obtenido en el presente trabajo; pues la temperatura en el umbráculo fue casi constante.

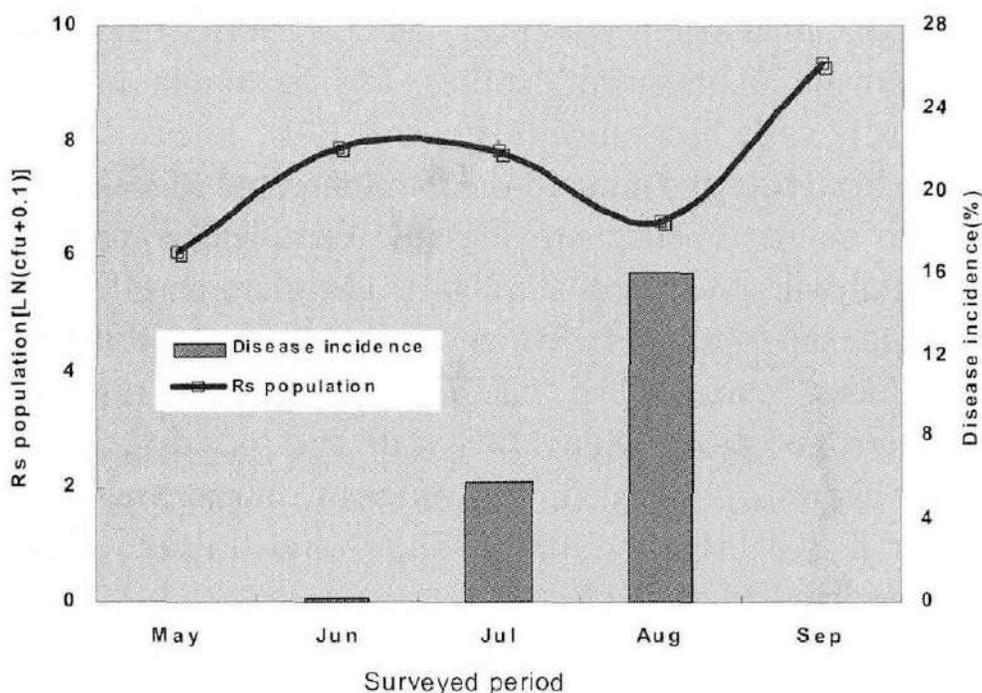


Figura 52.- Poblaciones de *R. solanacearum* en el suelo vs el Índice de Enfermedad, tomado de Kang y col. (2004).

Estos reportes contrastantes en relación a la presencia del patógeno en el suelo y la manifestación de la enfermedad, ratifican que esa dinámica es multifactorial y muy condicionada por el medio. Por ello se procedió a evaluar la correlación entre la población de *R. solanacearum* en el suelo y

la manifestación de la enfermedad en las plantas, en cada una de las réplicas de cada tratamiento de los que constó el experimento.

En el Cuadro 85 se muestran los resultados del índice de correlación de Spearman, entre población de la bacteria en el suelo y severidad de la enfermedad en la planta, para las dos réplicas donde este fue declarado significativo, al nivel 5%. En ambos casos, réplica 3 del tratamiento 2 y réplica 3 del tratamiento 5, se detectó una correlación negativa entre las variables; es decir, el aumento en la severidad de la enfermedad en las plantas produce una disminución de la densidad poblacional de la bacteria en el suelo, como señalaron Wei y col. (2017), reseñados previamente.

¿Cómo explicar este comportamiento si se ha observado que las poblaciones iniciales en el suelo aumentan y las plantas enferman en relación a ese aumento? Las Figuras 53 y 54, correspondientes a las réplicas número 3 de los tratamientos 2 y 5, respectivamente, muestran que inicialmente, después de la inoculación, la bacteria aumenta su población muy rápidamente, hasta alcanzar un máximo crecimiento. En ese momento, es que se observan los primeros síntomas de marchitez en las plantas, y a partir de allí la enfermedad avanza, deteriorando la planta, y esto produce una reducción, de manera abrupta, de la población de la bacteria en el suelo que coincide con la muerte de las plantas.

Cuadro 85.- Análisis de correlación por rangos de Spearman para la población de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas (UFC\*10<sup>6</sup>/g de suelo) vs la severidad de la marchitez (SM) en las réplicas número 3 de los tratamientos 2 y 5.

	Trat2 Rep3 UFC	Trat5 Rep3 UFC
SM	-0.4898	-0.6109
(p)	0.0298	0.0050

Lo que reflejan estos resultados de correlación, es lo que se ha venido discutiendo en el capítulo. La población de la bacteria en el suelo se comporta de manera diferente mientras la planta está sana, a que si está enferma a que si está muerta. Por ello se realizaron análisis de regresión lineal simple, en ambos casos: tratamiento 2 réplica 3 y tratamiento 5 réplica 3, de la severidad de la marchitez esperada en función de la densidad poblacional de la bacteria en el suelo. (Anexos 23, 24, 25 y 26)

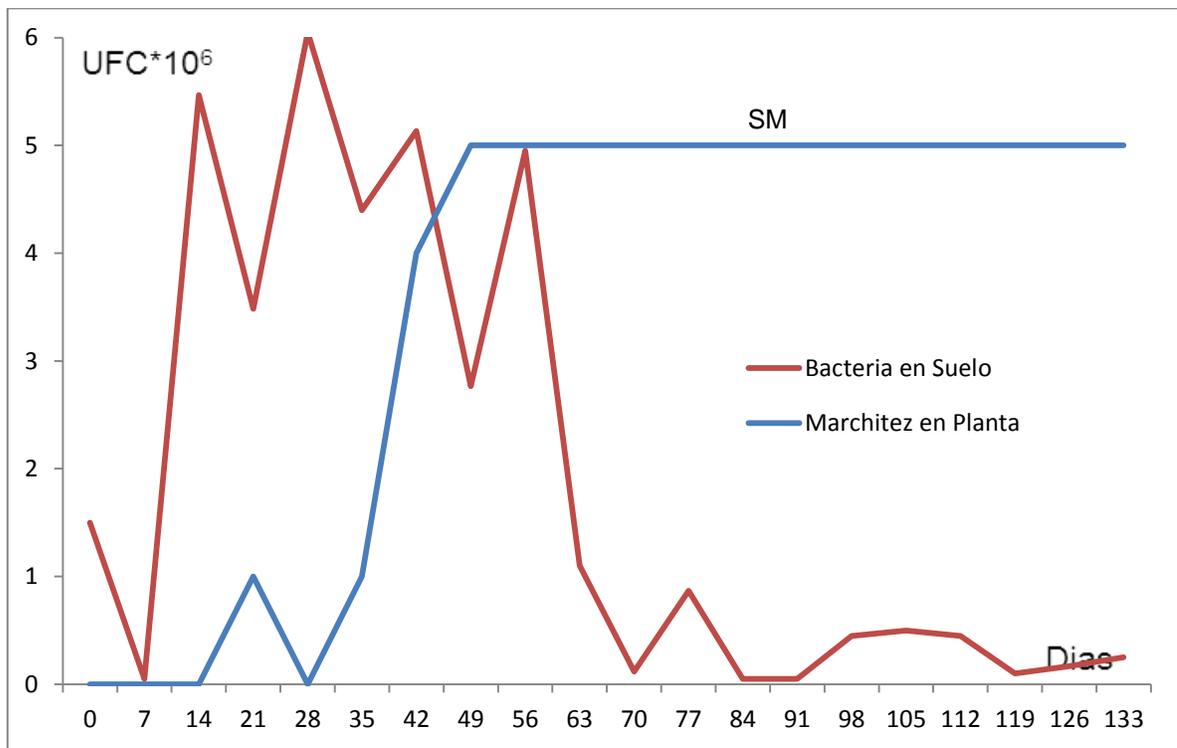


Figura 53.- Población de *R. solanacearum* en el suelo de la maceta (UFC\*10<sup>6</sup>/g de suelo) vs la severidad de la marchitez (SM) en la réplica número 3 del tratamiento 2.

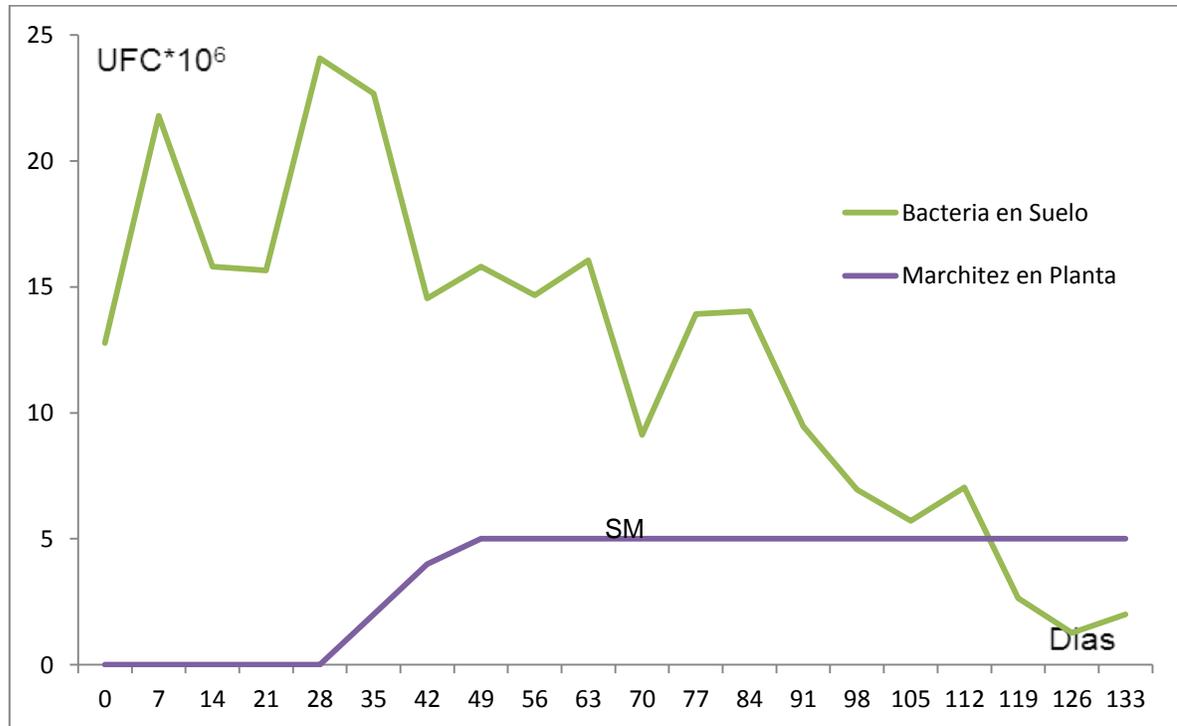


Figura 54.- Población de *R. solanacearum* en el suelo de la maceta (UFC\*10<sup>6</sup>/g de suelo) vs la severidad de la marchitez (SM) en la réplica número 3 del tratamiento 5.

En ambos casos el coeficiente de determinación es bajo, lo que hace poco confiables los modelos. Esto se corrobora al graficar la marchitez observada vs la esperada, de acuerdo a los modelos de regresión determinados. Inicialmente, los modelos de regresión, predicen una marchitez bacteriana severa, lo cual es imposible; ya que las plantas son sanas y recién se trasplantan a un suelo estéril inoculado con la bacteria. Luego la marchitez predicha comienza a descender, en la medida en que la población de la bacteria en el suelo aumenta, dada la correlación negativa, y luego que las curvas se cruzan, el modelo si tiene un comportamiento que sigue a lo sucedido en la realidad. Tal vez el retraso inicial producto del establecimiento, tanto de planta como bacteria, en el medio sea lo que produce esa distorsión en el modelo y, por ende, el bajo coeficiente de determinación. En todo caso, se consideró que este análisis no aportaba elementos conclusivos confiables y, por ello, no se usó de soporte para las conclusiones.

Dados los resultados, se puede afirmar que la manifestación de la marchitez bacteriana no depende solamente de la presencia de *R. solanacearum* en el suelo, sino que es una consecuencia de múltiples factores que favorecen la actividad de la bacteria. No fue posible establecer una relación matemática entre población de la bacteria en el suelo y manifestación de la enfermedad en la planta, debido a la ausencia de una relación de dependencia lo suficientemente fuerte entre ellas como para explicar el comportamiento de una a través de la otra. Se requiere cuantificar el efecto de otros factores involucrados y trabajar con técnicas del análisis multivariado para establecer una posible relación matemática que permita predecir la manifestación de la enfermedad en la planta a partir de la dinámica en el suelo, lo que contribuiría en la toma decisiones para el control de la enfermedad.

## CONCLUSIONES

- El medio de cultivo que se adaptó y usó en este experimento, en lugar del medio TZC de Kelman, mostró ser tan eficiente como este último en este tipo de investigación. En ese medio las colonias de *R. solanacearum* tuvieron características similares, a las que se observan creciendo sobre TZC, en cuanto a coloración, relieve, mucosidad y la disposición de esta en torno a la colonia.
- En la prueba *in vivo*, el comportamiento de la población de *R. solanacearum* en el suelo de los tratamientos 5 (producto comercial Timorex) y 3 (extracto acuoso de hojas de tártago) mantuvieron una mayor carga bacteriana en el suelo durante el desarrollo del experimento; mientras que el tratamiento 4 (*P. fluorescens*) mantuvo poblaciones mucho menos numerosas de *R. solanacearum* en el suelo.
- Los tratamientos 1 (testigo sano) y 2 (testigo enfermo) mantuvieron niveles poblacionales de *R. solanacearum* en el suelo notoriamente más bajos que los tratamientos 3 (extracto acuoso de hojas de tártago) y 5 (producto comercial Timorex); lo cual sugiere algún tipo de relación con la aplicación de extractos vegetales en estos dos últimos y el desarrollo de la población bacteriana.
- Los resultados de la prueba de Kruskal Wallis, al día 56 después del trasplante, indican que, al nivel 5%, se pueden dar por diferentes los tratamientos 1 y 5 (producto comercial Timorex); pero no son estadísticamente diferentes el resto de los tratamientos. El tratamiento 5 tiene la mayor población de *R. solanacearum* en el suelo; pero esta no es estadísticamente distinta de las poblaciones de los tratamientos 3, 4 (*P. fluorescens*) y 2; pero sí del tratamiento 1. Este último es agrupado en un segundo grupo de medias con los tratamientos 3, 4 (*P. fluorescens*) y 2.
- Los resultados de la prueba de Kruskal Wallis, al día 133 después del trasplante, indican que, al nivel 5%, los tratamientos no son estadísticamente diferentes. Esto es consecuencia de la importante reducción en las poblaciones hacia el final del experimento, particularmente en el tratamiento 5 (producto comercial Timorex).
- La población de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas tuvo un rápido incremento, a partir de la inoculación, hasta alcanzar un máximo, cerca de 7 u 8 semanas después. A partir de allí se diferencia el comportamiento en el suelo de las plantas que no manifestaron la enfermedad, en las cuales la población de la bacteria siguió una tendencia

a la estabilización; con respecto a las plantas que si manifestaron la enfermedad; en las cuales las poblaciones descendieron, paulatinamente mientras las plantas se mantuvieron vivas o drásticamente, posterior a la muerte de las plantas.

- En los tratamientos 3 y 5 (producto comercial Timorex), particularmente en este último, se observaron los tres tipos de colonias: virulentos, provisional y no virulento. No fue posible realizar ningún análisis estadístico, dado que no se presentaron en todos los tratamientos; pero se asocia la virulencia de la enfermedad en el tratamiento 5 con este hallazgo.
- Todos los tratamientos inoculados con la bacteria manifestaron la marchitez bacteriana del tomate; por lo que la prueba de Kruskal Wallis no arroja diferencias entre tratamientos en cuanto a índice de enfermedad (IE) ni índice de incidencia de la marchitez (IIM).
- Los resultados de la prueba de campo no son lo suficientemente contundentes como para recomendar alguno de los tratamientos en el control de la marchitez bacteriana. *P. fluorescens* mantuvo las poblaciones de *R. solanacearum* en niveles bajos; pero las plantas se enfermaron en una proporción importante. El extracto de tártago retrasó la aparición de la enfermedad y disminuyó la agresividad de la misma; pero las poblaciones de *R. solanacearum* en el suelo fueron muy altas. El producto comercial Timorex no parece ser recomendable para el control de la marchitez bacteriana del tomate.
- En las plantas sanas, las poblaciones de *R. solanacearum* en el suelo siguieron un patrón creciente hasta alcanzar cierta estabilidad. Modelos de tipo sigmoidales fueron los de mejor ajuste en estos casos.
- En las plantas enfermas, las poblaciones de *R. solanacearum* en el suelo siguieron un patrón cóncavo hacia abajo tipo campana o tipo tina de baño, dependiendo de la asimetría mostrada y de la brusquedad de la caída después de alcanzar el máximo. Los modelos de mejor ajuste en estos casos fueron los polinómicos, racionales y con distribuciones sesgadas positivamente, como Weibull o Ricker.
- En el modelado por fases, los de mejor ajuste en la fase de crecimiento fueron los modelos sigmoides, mientras que en la fase de decrecimiento los modelos exponenciales y lineales fueron los de mejor comportamiento. En ambos casos, los modelos polinomiales tuvieron alguna participación.
- No se pudo establecer correlación entre las poblaciones de *R. solanacearum* en el suelo y

el grado de severidad de la enfermedad; excepto en una réplica del tratamiento 2 y una del tratamiento 5 (producto comercial Timorex). En ambos casos se estableció una correlación negativa entre las variables.

- Dados los resultados de comportamiento de las poblaciones de *R. solanacearum* en el suelo y el grado de severidad o el índice de incidencia de la enfermedad en las plantas, no se pudo establecer relación matemática entre ellas. Pareciera que la manifestación de la enfermedad no depende exclusivamente de la presencia de la bacteria en el suelo, sino que es una consecuencia de una conjunción de factores que favorecen la actividad de esta.

## RECOMENDACIONES

- Repetir la experiencia de este trabajo, aumentando el número de réplicas, de antagonistas y de extractos. Esto, tal vez, permita establecer relaciones que en esta investigación no se pudieron determinar, para lo cual se requiere de la disposición de recursos y personal calificado; por lo que se tendrían que procurar alianzas que incorporen estos al laboratorio de bacterias fitopatógenas.
- Ofertar a la comunidad científica el medio para *R. solanacearum* adaptado y usado en este experimento, como una opción menos costosa para este tipo de investigaciones.
- Diseñar experiencias que permitan medir la relación y/o efecto de los extractos sobre las condiciones del suelo para dar soporte a las poblaciones bacterianas; así como, el efecto de competencia y/o antibiótico de los antagonistas.
- Continuar el estudio de los modelos matemáticos revisados para esta experiencia; así como de los criterios de bondad de ajuste.
- Diseñar y desarrollar experiencias que permitan cuantificar las poblaciones bacterianas en la planta, como una forma de establecer la relación con las poblaciones en el suelo y la manifestación de la enfermedad.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abo-Elyousr, K; Ibrahim, Y; Balabel, N. 2012. Induction of disease defensive enzymes in response to treatment with acidbenzolar-S-methyl (ASM) and *Pseudomonas fluorescens* Pf2 and inoculation with *Ralstonia solanacearum* race 3, biovar 2 (phylotypeII). Journal of Phytopathology. DOI:10.1111/j.1439-0434.2012.01915.x.
- Afify, A; Yousof, H; Cordeiro, G; Ortega, E; Nofal, Z. 2016. The Weibull Frechet distribution and its applications. Journal of Applied Statistics. DOI:10.1080/02664763.2016.1142945.
- Agrios, G. 2005. Fitopatología. 2ª ed. México. Editorial Limusa. 838 p.
- Aguirre, J. 2013. Variabilidad de la inactivación microbiana y de la fase de latencia de los microorganismos supervivientes a diferentes tratamientos conservantes de alimentos. Tesis Dr. Madrid. España. Departamento de Nutrición, Bromatología y Tecnología de los Alimentos. Facultad de Veterinaria. Universidad Complutense de Madrid. 283 p.
- Ahmad, M; Raqab, M; Kundu, D. 2016. Discriminating between the generalized Rayleigh and Weibull distributions: some comparative studies. Communications in Statistics - Simulation and Computation. DOI:10.1080/03610918.2015.1136415.
- Ahmed, N; Islam, R; Hossain, M; Meah, M; Hossain, M. 2013. Determination of races and biovars of *Ralstonia solanacearum* causing bacterial wilt disease of potato. Journal of Agricultural Science. 5(6):86-93.
- Aho, K; Derryberry, D; Peterson, T. 2014. Model selection for ecologists: the worldviews of AIC and BIC. Ecology. 95(3):631-636.
- Akaike, H. 1973. Information theory and an extension of the maximum likelihood principle. 2nd International Symposium of Information Theory. Petrov, BN; Csaki, F. eds., Akademiai Kiado. Budapest. 267-281. In: Parzen, E; Tanabe, K; Kitagawa, G. editors. 1998. Selected papers of Hirotugu Akaike. New York. U.S.A. Springer-Verlag. 199-213 p.
- Akaike, H. 1978. A Bayesian analysis of the minimum AIC procedure. Annals of the Institute of Statistical Mathematics. 30: Part A 9-14. In: Parzen, E; Tanabe, K; Kitagawa, G. editors. 1998. Selected papers of Hirotugu Akaike. Springer-Verlag. New York. 275-280 p.
- Aliye, N; Fininsa, C; Hiskias, Y. 2008. Evaluation of rhizosphere bacterial antagonists for their potential to bioprotect potato (*Solanum tuberosum*) against bacterial wilt (*Ralstonia solanacearum*). Biological Control. 47:282-288.
- Alizadeh, M; Bagheri, S; Alizadeh, M; Nadarajah, S. 2016. A new four-parameter lifetime distribution. Journal of Applied Statistics. DOI:10.1080/02664763.2016.1182137.
- Alizadeh, M; Bagheri, S; Bahrami SE; Ghobadi, S; Nadarajah, S. 2017. Exponentiated power Lindley power series class of distributions: Theory and applications. Communications in Statistics - Simulation and Computation. DOI:10.1080/03610918.2017.1350270.

- Álvarez, B; Biosca, E; Lopez, M. 2010. On the life of *Ralstonia solanacearum*, a destructive bacterial plant pathogen. In: Mendes-Vilas, A. (Ed) Current research, technology and education topics in applied microbiology. Badajoz, Spain. Formatex. 1(2): 267-279. (Microbiology Series)
- Amaresan, N; Jayakumar, V; Kumar, K; Thajuddin, N. 2012. Endophytic bacteria from tomato and chilli, their diversity and antagonistic potential against *Ralstonia solanacearum*. Archives Of Phytopathology And Plant Protection 45:344-355.
- Analla, M. 1998. Model validation through the linear regression fit to actual versus predicted values. Agricultural Systems. 57(1): 115-119.
- Anderson, D; Burnham, K; White, G. 1998. Comparison of Akaike information criterion and consistent Akaike information criterion for model selection and statistical inference from capture-recapture studies. Journal of Applied Statistics. 25(2):263-282.
- Andrews, R; Currim, I. 2003. A comparison of segment retention criteria for finite mixture logit models. Journal of Marketing Research. 40(2):235-243.
- Anith, K; Momol, M; Kloepper, J; Marois, J; Olson, S; Jones, J. 2004. Efficacy of plant growth-promoting rhizobacteria, acibenzolar-S-methyl, and soil amendment for integrated management of bacterial wilt on tomato. Plant Disease. 88: 669-673.
- Arauz, L. 1998. Fitopatología: un enfoque agroecológico. San José de Costa Rica. Editorial de la Universidad de Costa Rica. 471 p.
- Archontoulis, S; Miguez, F. 2013. Nonlinear regression models and applications in agricultural research. Agronomy Journal. 105:1-13.
- Arenas, A; López, D; Álvarez, E; Llano, G; Loke, J. 2004. Efecto de prácticas ecológicas sobre la población de *Ralstonia solanacearum* Smith, causante de moko de plátano. Fitopatología Colombiana. 28(2):76-80.
- Arino, J; Wang, L; Wolkowicz, G. 2006. An alternative formulation for a delayed logistic equation. Journal of Theoretical Biology. 241:109-119.
- Arocha, A. 2010. Efecto de extractos etanólicos de *Gliricidia sepium* (Jacq) Stend, sobre el control de *Ralstonia solanacearum* Smith, en plantas de *Solanum melongena* L. Tesis Ing. Agr. Maracay. Venezuela. Universidad Central de Venezuela. 41 p.
- Arwiyanto, T; Semangun, H; Hidayah, B. 2011. Reduction of *Ralstonia solanacearum* population in soil with the use of susceptible cultivar of tomato. Acta Horticulturae. 914: 303-306.
- ATCC (American Type Culture Collection). 2013. Introduction to microbiology. Virginia. U.S.A. ATCC Culture Guides. 39 p.

Asgharzadeh, A; Fernández, J; Abdi, M. 2017. Confidence sets for the two-parameter Rayleigh distribution under progressive censoring. *Applied Mathematical Modelling*. DOI:10.1016/j.apm.2017.03.047.

Bacaër, N. 2011. A short history of mathematical population dynamics. London. U.K. Springer-Verlag. 160 p.

Bakouch, H; Al-Zahrani, B; Al-Shomrani, A; Marchi, V; Louzada, F. 2012. An extended Lindley distribution. *Journal of the Korean Statistical Society*. 41:75-85.

Banks, H; Joyner, M. 2017. AIC under the framework of least squares estimation. *Applied Mathematics Letters*. DOI: 10.1016/j.aml.2017.05.005.

Banks, H; Collins, E; Flores, K; Pershad, P; Stemkovski, M; Stephenson, L. 2016. Statistical error model comparison for logistic growth of green algae (*Raphidocelis subcapiala*). *Applied Mathematics Letters*. DOI: 10.1016/j.aml.2016.09.006.

Baranyi, J. 2010. Modeling and parameter estimation of bacterial growth with distributed lag time. Ph.D. Thesis. Hungary. University of Szeged. 94 p.

Baranyi, J; Roberts, T. 1994. A dynamic approach to predicting bacterial growth in food. *International Journal of Food Microbiology* 23:277-294.

Baranyi, J; Roberts, T; McClure, P. 1993. A non-autonomous differential equation to model bacterial growth. *Food Microbiology* 10:43-59.

Barker, D; Sibly, R. 2008. The effects of environmental perturbation and measurement error on estimates of the shape parameter in the theta-logistic model of population regulation. *Ecological Modeling* 219:170-177.

Barrales, L; Peña, I; Fernández, P. 2004. Validación de modelos: un enfoque aplicado. *Agricultura Técnica*. 64(1):21-32.

Barreto-Souza, W; Cribari-Neto, F. 2009. A generalization of the exponential-Poisson distribution. *Statistics and Probability Letters*. 79:2493-2500.

Barreto-Souza, W; Lemos, A; Cordeiro, G. 2011. The Weibull-geometric distribution. *Journal of Statistical Computation and Simulation*. 81(5):645-657.

Barreto-Souza, W; Santos, A; Cordeiro, G. 2010. The beta generalized exponential distribution. *Journal of Statistical Computation and Simulation*. 80(2):159-172.

Bass, F. 1969. A new product growth for model consumer durables. *Management Science*. 16(5):215-227.

Bass, F; Krishnan, T; Jain, D. 1994. Why the Bass model fits without decision variables. *Marketing Science*. 13(3):203-223.

Begon, M; Townsend, C; Harper, J. 2006. Ecology from individuals to ecosystems. 4<sup>o</sup> ed. Oxford. U.K. Blackwell Publishing Ltd. 738 p.

Bellocchi, G; Rivington, M; Donatelli, M; Matthews, K. 2010. Validation of biophysical models: issues and methodologies. A review. *Agronomy for Sustainable Development*. 30 (1): 109-130.

Benkhelifa, L. 2017. The Marshall-Olkin extended generalized Lindley distribution: Properties and applications. *Communications in Statistics-Simulation and Computation*. DOI: 10.1080/03610918.2016.1277747.

Bertalanffy, L. von. 1957. Quantitative laws in metabolism and growth. *The Quarterly Review of Biology* 32:217-231.

Bhati, D; Malik, M. 2016. On Lindley-exponential distribution: properties and application. arXiv:1406.3106.

Bhunchoth, A; Phironrit, N; Leksomboon, C; Chatchawankanphanich, O; Kotera, S; Narulita, E; Kawasaki, T; Fujie, M; Yamada, T. 2015. Isolation of *Ralstonia solanacearum*-infecting bacteriophages from tomato fields in Chiang Mai, Thailand, and their experimental use as biocontrol agents. *Journal of Applied Microbiology*. 118: 1023-1033.

Bidram, H; Behboodíán, J; Towhidi, M. 2013. A new generalized exponential geometric distribution. *Communications in Statistics - Theory and Methods*. 42(3): 528-542.

Bindi, M; Miglietta, F; Gozzini, B; Orlandini, S; Seghi, L. 1997. A simple model for simulation of growth and development in grapevine (*Vitis vinifera* L.). II. Model validation. *Vitis*. 36(2): 73-76.

Bindya, L; Murthy, H; Jayashankar, M; Govindaiah, M. 2010. Mathematical models for egg production in an Indian colored broiler dam line. *International Journal of Poultry Science*. 9(9): 916-919.

Birch, C. 1999. A new generalized logistic sigmoid growth equation compared with the Richards growth equation. *Annals of Botany*. 83:713-723.

Blasco, A. 1999. La descripción del crecimiento. Informe técnico ocasional n<sup>o</sup> 6. Valencia. España. Universidad Politécnica de Valencia. 21 p.

Bolker, B. 2007. *Ecological models and data in R*. New Jersey. U.S.A. Princeton University Press. 508 p.

Booth, G; Welch, B; Jacobson, T. 1990. Seedling growth rate of 3 subspecies of big sagebrush. *Journal of Range Management*. 43(5):432-436.

Boucher, C; Genin, S. 2004. The *Ralstonia solanacearum*-plant interaction. In: Talbot, NJ. (Ed). *Plant-pathogen interactions*. Annual Plant Reviews. Boca Ratón. U.S.A. Blackwell Publishing Ltd. CRC Press LLC. 92-112 p.

- Bozdogan, H. 1987. Model selection and Akaike's information criterion (AIC): the general theory and its analytical extensions. *Psychometrika*. 52(3):345-370.
- Bozdogan, H. 2000. Akaike's information criterion and recent developments in information complexity. *Journal of Mathematical Psychology*. 44:62-91.
- Buchanan, R; Whiting, R; Damert, W. 1997. When is simple good enough: a comparison of the Gompertz, Baranyi, and three-phase linear models for fitting bacterial growth curves. *Food Microbiology*. 14: 313-326.
- Buckland, S; Burnham, K; Augustin, N. 1997. Model selection: an integral part of inference. *Biometrics*. 53(2):603-618.
- Buddenhagen, I; Kelman, A. 1964. Biological and physiological aspects of bacterial wilt caused by *Pseudomonas solanacearum*. *Annual Review Phytopathology*. 2:203-230.
- Buevas, G. 2013. Desarrollo y validación de modelos matemáticos predictivos del crecimiento microbiano para estimación de la vida útil en jamón lonchado empacado al vacío. Tesis MSc. Medellín. Colombia. Universidad Nacional de Colombia. 121 p.
- Burnham, K; Anderson, D. 2002. Model selection and multimodel inference. A practical information-theoretic approach. 2° ed. New York. U.S.A. Springer-Verlag Inc. 512 p.
- Caballero, F. 2011. Selección de modelos mediante criterios de información en análisis factorial. Aspectos teóricos y computacionales. Tesis Dr. Granada. España. Universidad de Granada. 178 p
- Castro, G; Valbuena, E; Sánchez, E; Bríñez, W; Vera, H; Leal, M. 2008. Comparación de modelos sigmoidales aplicados al crecimiento de *Lactococcus lactis* subsp. *lactis*. *Revista Científica, FCV-LUZ*. XVIII(5):582-588.
- Cayré, M; Vignolo, G; Garro, O. 2000. Validación y comparación de modelos de crecimiento microbiano. Universidad Nacional Del Nordeste, Argentina. *Comunicaciones Científicas y Tecnológicas*. 4 p.
- Cayré, M; Vignolo, G; Garro, O. 2007. Selección de un modelo primario para describir la curva de crecimiento de bacterias lácticas y *Brochothrix thermosphacta* sobre emulsiones cárnicas cocidas. *Información Tecnológica*. 18(3): 23-29.
- Correia, J; Tremarin, A; Longhi, D; Rosa, A; Mattar, B; Borges, J; Falcao, G. 2016. Predictive modeling of the growth of *Lactobacillus viridescens* under non-isothermal conditions. *Procedia Food Science*. 7:29-32.
- Costa, L., de Jesús, W. y Ribeiro, F. 2002. Modelos aplicados en fitopatología. *Revista de la Facultad de Ciencias Agrarias UNCuyo*. XXXIV(1):81-92.
- Crawley, M. 2013. The R book. 2ª ed. West Sussex. U.K. John Wiley & Sons, Ltd. 1072 p.

Chakravarty, G; Kalita, M. 2012. Biocontrol potential of *Pseudomonas fluorescens* against bacterial wilt of Brinjal and its possible plant growth promoting effects. *Annals of Biological Research* 3:5083-5094.

Champoiseau, PG. 2008. *R. solanacearum* / Culture media. The United States Department of Agriculture – National Research Initiative Program (2007-2010). 4 p.

Champoiseau, PG. 2009. *Ralstonia solanacearum* raza 3 biovar 2. The United States Department of Agriculture – National Research Initiative Program (2007-2010). 15 p.

Chen, D; Li, C; Wu, K; Xun, G; Yuan, S; Shen, Q; Shen, B. 2015. A *phcA*<sup>-</sup> marker-free mutant of *Ralstonia solanacearum* as potential biocontrol agent of tomato bacterial wilt. *Environmental Microbiology*. Doi:10.1111/j.1462-2920.2012.02860.x.

Chen, P; Ye, Z; Zhao, X. 2016. Minimum distance estimation for generalized Pareto distribution. *Communications in Statistics-Simulation and Computation*. Doi:10.1080/03610918.2016.1249884.

Chiam, H; Harris, I. 1982. A model for noninhibitory microbial growth. *Biotechnology and Bioengineering*. XXIV:37-55.

Chiappa, X; Galindo, M; Cervantes, A. 2009. Introducción a los modelos matemáticos de crecimiento con aplicaciones en sistemas biológicos. México. Universidad Nacional Autónoma de México. UMDI-Sisal, Facultad de Ciencias. Facultad de Estudios Superiores Zaragoza. 148 p.

Chirinos, J. 2009. Uso de extractos naturales para el control de enfermedades en plantas en Venezuela. *INIA Divulga* 14:40-42.

Dantigny, P; Paule-Marina, S; Judet-Correia, D; Bensoussan, M. 2011. A new model for germination of fungi. *International Journal of Food Microbiology*. 146: 176-181.

DEAQ. 2014. Timorex Gold (en línea). Consultado: Abril, 2014. Disponible en <http://www.agroquimicos-organicosplm.com/timorex-gold-2137-9#inicio>

Deberdt, P; Perrin, B; Coranson-Beaudu, R; Duyck, P-F; Wicker, E. 2012. Effect of *Allium fistulosum* extracto on *Ralstonia solanacearum* populations and tomato bacterial wilt. *Plant Disease* 96:687-692.

Deng, B; Yun, Y; Liang, Y; Cao, D; Xu, Q; Yi, L; Huang, X. 2015. A new strategy to prevent over-fitting in partial least squares models based on model population analysis. *Analytica Chimica Acta*. 880: 32-41.

Dennett, M; Ishag, K. 1998. Use of the expolinear growth model to analyse the growth of faba bean, peas and lentils at three densities: predictive use of the model. *Annals of Botany*. 82: 507-512.

- Denny, T. 2006. Plant pathogenic *Ralstonia* species. In: Gnanamanickam, SS. (Ed). Plant-associated bacteria. Dordrecht, The Netherlands. Springer. 573-644 p.
- Dey, S; Devendra, K; Ramos, P; Louzada, F. 2016. Exponentiated Chen distribution: properties and estimation. Communications in Statistics – Simulation and Computation. DOI:10.1080/03610918.2016.1267752.
- Dey, S; Saha, M; Maiti, S; Jun, C. 2017. Bootstrap confidence intervals of generalized process capability index  $C_{pyk}$  for Lindley and power Lindley Distributions. Communications in Statistics – Simulation and Computation. DOI: 10.1080/03610918.2017.1280166.
- Díaz, C; Narváez, S; Montoya, J; Alonso, M; Esparza, J; Candelas-Cadillo, M; Cedillo, M; Ramírez, P; Rodríguez, R; Nevárez, G. 2008. Modelo matemático para la viabilidad de diferentes bacterias lácticas en la producción de ácido láctico. X Congreso Nacional de Ciencia y Tecnología de los Alimentos. En Revista Salud Pública y Nutrición. Edición Especial N° 8.
- Díaz, J; Bustamante, E; Sánchez, V; Schlönvoigt, A. 2003. Enmiendas y microorganismos antagonistas para el manejo de *Pseudomonas solanacearum* en tomate. Manejo Integrado de Plagas y Agroecología 69:27-33.
- Díaz, R. 1993. Situación actual y potencial de las principales hortalizas que se siembran en Venezuela. FONAIAP Divulga 44:36-40.
- Doan, T; Nguyen, T. 2006. Status of research on biological control of tomato and groundnut bacterial wilt in Vietnam. In: Zeller, W; Ullrich, C. (Eds) Proceedings of the 1st international symposium on biological control of bacterial plant diseases. Berlin, Germany. Federal Biological Research Centre for Agriculture and Forestry (BBA). 105-111 p.
- Draper, D. 1995. Assessment and propagation of model uncertainty. Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological). 57(1):45-97.
- Draper, N; Smith, H. 1998. Applied regression analysis. 3ª ed. New York. U.S.A. Wiley series in probability and statistics. John Wiley & Sons Inc. 706 p.
- Durán, V; Cazorla, F. 1996. Perspectivas del control biológico de enfermedades en plantas. Encuentros en la Biología N° 35 (Edición para internet) ISSN (versión electrónica) 2254-0296 Universidad de Málaga. (en línea). Consultado: Mayo, 2016. Disponible en <http://www.encuentros.uma.es/encuentros35/microb35.html>
- Eberhardt, L; Breiwick, J; Demaster, D. 2008. Analyzing population growth curves. Oikos. 117:1240-1246.
- Egghe, L; Rao, R. 1992. Classification of growth models based on growth rates and its applications. Scientometrics. 25(1):5-46.
- El-Gohary, A; Alshamrani, A; Al-Otaibi, A. N. 2013. The generalized Gompertz distribution. Applied Mathematical Modeling. 37:13-24.

Elhalag, K; Messiha, N; Emara, H; Abdallah, S. 2016. Evaluation of antibacterial activity of *Stenotrophomonas maltophilia* against *Ralstonia solanacearum* under different application conditions. *Journal of Applied Microbiology*. 120:1629-1645.

Eljounaidi, K; Lee, S; Bae, H. 2016. Bacterial endophytes as potential biocontrol agents of vascular wilt diseases—review and future prospects. *Journal of Applied Microbiology*. 103:62-68.

English, S; Bateman, A; Clutton, T. 2012. Lifetime growth in wild meerkats: incorporating life history and environmental factors into a standard growth model. *Oecologia*. 169: 143-153.

EU. European Union. 2006. Commission Directive 2006/63/CE of 14 July 2006 amending Annexes II to VII to Council Directive 98/57/EC on the control of *Ralstonia solanacearum* (Smith) Yabuuchi *et al.* *Official Journal of the European Union L*. 206: 36-106.

Ezziyyani, M; Sid Ahmed, A; Pérez, A; Requena, M; Candela, M. 2006. Control biológico por microorganismos antagonistas. *Horticultura* 191:8-15.

Fabozzi, F; Focardi, S; Rachev, S; Arshanapalli, B. 2014. *The basics of financial econometrics: tools, concepts, and asset management applications*. New Jersey, U.S.A. John Wiley & Sons, Inc. 415 p.

FAOSTAT. 2016. Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación. (en línea). Consultado: Mayo, 2016. Disponible en [http://faostat3.fao.org/home/index\\_es.html?locale=es#DOWNLOAD](http://faostat3.fao.org/home/index_es.html?locale=es#DOWNLOAD)

Fekedulegn, D; Mac Siurtain, M; Colbert, J. 1999. Parameter estimation of nonlinear growth models in forestry. *Silva Fennica*. 33(4): 327–336.

Fernández, O. 2001. Microorganismos antagonistas para el control fitosanitario. *Manejo Integrado de Plagas* 62:96-100.

Floyd, J. 2008. *New Pest Response Guidelines: Ralstonia solanacearum* race 3 biovar 2. USDA–APHIS–PPQ–Emergency and Domestic Programs, Riverdale, Maryland. [http://www.aphis.usda.gov/import\\_export/plants/manuals/index.shtml](http://www.aphis.usda.gov/import_export/plants/manuals/index.shtml)

Forrester, D; Tachauer, I; Annighoefer, P; Barbeito, I; Pretzsch, H; Ruiz-Peinado, R; Stark, H; Vacchiano, G; Zlatanov, T; Chakraborty, T; Saha, S; Sileshi, G. 2017. Generalized biomass and leaf area allometric equations for European tree species incorporating stand structure, tree age and climate. *Forest Ecology and Management*. 396:160-175.

French, EB; Gutarra, L; Aley, P; Elphinstone, J. 1995. Cultura media for *Ralstonia solanacearum* isolation, identification and maintenance. *Fitopatología* 30:126-130.

French, EB; Hebert, TT. 1980. *Métodos de investigación fitopatológica*. San José. Costa Rica. Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura (IICA). Serie de libros y materiales educativos N° 43. 290 p.

García, R; García, A; Delgado, L. 1999a. Distribución, incidencia y variabilidad de *Ralstonia solanacearum*, agente causal de la marchitez bacteriana de la papa en el estado Mérida. *Bioagro* 11:12-23.

García, R; García, A; Delgado, L. 1999b. Marchitez bacteriana del tomate causada por el biovar 2 A, de *Ralstonia solanacearum* en algunas localidades del estado Mérida-Venezuela. *Revista Forestal Venezolana* 43:183-189.

Garg, R; Dube, M; Kumar, K; Krishna, H. 2016. On randomly censored generalized inverted exponential distribution. *American Journal of Mathematical and Management Sciences*. 35(4): 361-379.

Genin, S; Denny, T. 2012. Pathogenomics of the *Ralstonia solanacearum* species complex. *The Annual Review of Phytopathology*. 50:67-89.

Ghitany, M; Atieh, B; Nadarajah, S. 2008. Lindley distribution and its application. *Mathematics and Computers in Simulation*. 78: 493-506.

Gibson, A; Bratchell, N; Roberts, T. 1987. The effect of sodium chloride and temperature on the rate and extent of growth of *Clostridium botulinum* type A in pasteurized pork slurry. *Journal of Applied Bacteriology*. 62:479-490.

Gillman, M; Hails, R. 1997. An introduction to ecological modeling. Putting practice into theory. 3<sup>a</sup> ed. Oxford. U.K. Blackwell Sciences Ltd. Series Methods in Ecology. 202 p.

Giraldo, N. 2006. Series de tiempo con R. Colección Notas de clase. Medellín, Colombia. Universidad Nacional de Colombia. 176 p.

Gompertz, B. 1825. On the nature of the function expressive of the law of human mortality, and on a new mode of determining the value of life contingencies. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London* 115:513-583.

González, JM. 1995. Modelling enteric bacteria survival in aquatic systems. *Hydrobiología* 316:109-116.

Goudriaan, J. 1994. Using the expolinear growth equation to analyze resource capture. In: Monteith, J; Scott, R; Unsworth, M. (eds). *Resource capture by crops*. Nottingham. U.K. Nottingham University Press. 99–110 p.

Goudriaan, J; Monteith, J. 1990. A mathematical function for crop growth based on light interception and leaf area expansion. *Annals of Botany*. 66: 695-701.

Grijnspeerdt, K; Vanrolleghem, P. 1999. Estimating the parameters of the Baranyi model for bacterial growth. *Food Microbiology*. 16:593-605.

Guevara, Y; Maselli, A; Sánchez, M. 2000. Efecto de extractos vegetales sobre bacterias fitopatógenas (en línea). Manejo Integrado de Plagas. 56: 38-44. Consultado: Abril, 2014. Disponible en <http://web.catie.ac.cr/informacion/RMIP/rmip56/art4-a.htm>

Gui, W. 2015. Exponentiated half logistic distribution: different estimation methods and joint confidence regions. Communications in Statistics – Simulation and Computation. DOI: 10.1080/03610918.2015.1122053.

Gunasekera, S. 2015. Inferences on functions of Pareto parameters with application to income inequality measures. Communications in Statistics-Simulation and Computation. DOI:10.1080/03610918.2014.983653.

Gündüz, F; Genç, A. 2016. The exponentiated Frechet regression: an alternative model for actuarial modelling purposes Journal of Statistical Computation and Simulation, DOI:10.1080/00949655.2016.1164160.

Gupta, H; Kling, H; Yilmaz, K; Martínez, G. 2009. Decomposition of the mean squared error and NSE performance criteria: Implications for improving hydrological modelling. Journal of Hydrology. 377: 80-91.

Gupta, BM; Sharma, P; Kumar, S. 1999. Growth of world and indian physics literature. Scientometrics 44:5-16.

Guseo, R. 2016. Diffusion of innovations dynamics, biological growth and catenary function. Physica A. 464: 1-10.

Haile, S; Jeong, J; Chen, X; Cheng, Y. 2016. A 3-parameter Gompertz distribution for survival data with competing risks, with an application to breast cancer data. Journal of Applied Statistics. DOI: 10.1080/02664763.2015.1134450.

Hannan, E; Quinn, B. 1979. The determination of the order of an autoregression. Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological). 41(2): 190-195.

Harley, J; Prescott, L. 2002. Laboratories exercises in microbiology. 5<sup>a</sup> ed. The McGraw-Hill Companies. 449 p.

Harmsen, K. 2000. A modified Mitscherlich equation for rainfed crop production in semi-arid areas: 1. Theory. Netherlands Journal of Agricultural Science. 48:237-250.

Harrison, S. 1990. Regression of a model on real-system output: an invalid test of model validity. Agricultural Systems. 34: 183-190.

Hayward, AC. 1964. Characteristics of *Pseudomonas solanacearum*. Journal of Applied Bacteriology 27:265-277.

Hayward, AC. 1991. Biology and epidemiology of bacterial wilt caused by *Pseudomonas solanacearum*. Annual Review of Phytopathology 29:65-87.

Hernández, A; Heydrich, M; Velázquez, M; Hernández, A. 2006. Perspectivas del empleo de rizobacterias como agentes de control biológico en cultivos de importancia económica. *Revista Mexicana de Fitopatología* 24:42-49.

Hernández, Y; Mariño, N; Trujillo, G; Urbina, C. 2005. Invasión de *Ralstonia solanacearum* en tejidos de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill). *Revista Facultad de Agronomía (LUZ)* 22:181-190.

Hernández, Y; Mago, M; Paiva, B; Mejías, R; Rodulfo, P; Quintana, Y. 2013a. Evaluación en casa de cultivo de algunas alternativas para el control de *Ralstonia solanacearum* Smith, causante de la marchitez bacteriana en tomate. XXIII Congreso Venezolano de Fitopatología. Sociedad Venezolana de Fitopatología. Caracas. Venezuela.

Hernández, Y; Mejías, R; Paiva, B; Madriz, P; Rodulfo P. 2013b. Evaluación en condiciones de umbráculo de diferentes alternativas de control de *Pectobacterium carotovorum* causante de la pudrición blanda de la papa (*Solanum tuberosum* L.). XXIII Congreso Venezolano de Fitopatología. Sociedad Venezolana de Fitopatología. Caracas. Venezuela.

Herrera, D; Hernández, Y. 2014. Técnicas de inmunofluorescencia indirecta y microaglutinación en portaobjeto para el diagnóstico rápido de *Ralstonia solanacearum* Smith en tomate (*Solanum lycopersicum* L.). *Revista de la Facultad de Agronomía (UCV)*. 40(3): 125-133.

Hobbs, N; Hilborn, R. 2006. Alternatives to statistical hypothesis testing in ecology: a guide to self teaching. *Ecological Applications*. 16(1): 5-19.

Holmberg, A. 1982. On the practical identifiability of microbial growth models incorporating Michaelis-Menten type nonlinearities. *Mathematical Biosciences* 62:23-43.

Horita, M; Tsuchiya, K; Suga, Y; Yano, K; Waki, T; Kurose, D; Furuya, N. 2014. Current classification of *Ralstonia solanacearum* and genetic diversity of the strains in Japan. 16(1): 5-19.

Huang, L. 2013. Optimization of a new mathematical model for bacterial. *Food Control* 32:283-288.

Huang, L. 2016. Mathematical modeling and validation of growth of *Salmonella enteritidis* and background microorganisms in potato salad – One-step kinetic analysis and model development. *Food Control*. 68: 69-76.

Huang, Q; Yan, X; Wang, J. 2012. Improved biovar test for *Ralstonia solanacearum*. *Journal of Microbiological Methods*. 88:271-274.

INIA - Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas. 2005. El cultivo de hortalizas en Venezuela. Maracay. Venezuela. 192 páginas. (Serie Manuales de Cultivo INIA N° 2).

- Juška, A; Gedminienė, G; Ivanec, R. 2006. Growth of microbial populations. Mathematical modeling, laboratory exercises and model-based data analysis. *Biochemistry and Molecular Biology Education*. 36(6):417-422.
- Kaps, M; Herring, W; Lamberson, W. 2000. Genetic and environmental parameters for traits derived from the Brody growth curve and their relationships with weaning weight in Angus cattle. *Journal Animal Science*. 78: 1436-1442.
- Kang, Y; Chung, Y; Yu, Y. 2004. Relationship between the population of *Ralstonia solanacearum* in soil and the incidence of bacterial wilt in the naturally infested tobacco fields. *The Plant Pathology Journal*. 20(4):289-292.
- Karadavut, U; Palta, C; Kökten, K; Badoğlu, A. 2010. Comparative study on some non-linear growth models for describing leaf growth of maize. *International Journal of Agriculture & Biology*. 12: 227-230.
- Khamis, A; Ismail, A; Haron, K; Mohammed, A. 2005. Nonlinear growth models for modeling oil palm yield growth. *Journal of Mathematics and Statistics*. 1(3): 225-233.
- Kheirandish, Z; Harighi, B. 2015. Evaluation of bacterial antagonists of *Ralstonia solanacearum*, causal agent of bacterial wilt of potato, *Biological Control*. 86: 14-19.
- Kim, B; French, E; Caldwell, D; Harrington, E; Iyer-Pascuzzi, A. 2016. Bacterial wilt disease: host resistance and pathogen virulence mechanisms. *Physiological and Molecular Plant Pathology*. DOI: 10.1016/j.pmpp.2016.02.007.
- Kim, J; Ahn, S; Ahn, S. 2017. Parameter estimation of the Pareto distribution using a pivotal quantity. *Journal of the Korean Statistical Society*. DOI: [10.1016/j.jkss.2017.01.004](https://doi.org/10.1016/j.jkss.2017.01.004).
- Kotb, M; Raqab, M. 2017. Inference and prediction for modified Weibull distribution based on doubly censored samples. *Mathematics and Computers in Simulation*. 132: 195-207.
- Kozusko, F; Bourdeau, M. 2011. Trans-theta logistics: a new family of population growth sigmoid functions. *Acta Biotheoretica* 59:273-289.
- Kuhi, HD; Kebreab, E; López, S; France, J. 2003. An evaluation of different growth functions for describing the profile of live weight with time (age) in meat and egg strains of chicken. *Poultry Science* 82:1536-1543.
- Kwak, A; Min, K; Lee, S; Kang, H. 2015. Water extract from spent mushroom substrate of *Hericium erinaceus* suppresses bacterial wilt disease of tomato. *Mycobiology*. 43(3): 311-318.
- Lemessa, F; Zeller, W. 2007. Screening rhizobacteria for biological control of *Ralstonia solanacearum* in Ethiopia. *Biological Control* 42:336-344.
- Levin, I; Nitsan, J. 1964. Use of the Mitscherlich equation in designing factorial fertilizer field experiments to reduce the number of treatments. *Plant and Soil*. 21(2):249-252.

- Li, J; Lou, Y. 2016. Characteristics of an epidemic outbreak with a large initial infection size. *Journal of Biological Dynamics*. 10(1): 366-378.
- Li, L; Cepeda, J; Subbiah, J; Froning, G; Juneja, V; Thippareddi, H. 2016. Dynamic predictive model for growth of *Salmonella* spp. in scrambled egg mix. *Food Microbiology*. DOI:10.1016/j.fm.2016.12.007.
- Lin, L; Huang, P; Weng, L. 2017. Selecting path models in SEM: a comparison of model selection criteria. *Structural Equation Modeling: A Multidisciplinary Journal*. DOI:10.1080/10705511.2017.1363652.
- Lindley, D. 1958. Fiducial distributions and Bayes' theorem. *Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological)*. 20(1):102-107.
- Loague, K; Green, R. 1991. Statistical and graphical methods for evaluating solute transport models: Overview and application. *Journal of Contaminant Hydrology*. 7:51-73.
- Lobry, JR; Flandrois, JP; Carret, G; Pave, A. 1992. Monod's bacterial growth model revisited. *Bulletin of Mathematical Biology* 54:117-122.
- López, S; France, J; Gerrits, W; Dhanoa, M; Humphries, D; Dijkstra, J. 2000. A generalized Michaelis-Menten equation for the analysis of growth. *Journal of Animal Science*. 78: 1816-1828.
- López, S; Prieto, M; Dijkstra, J; Dhanoa, M; France, J. 2004. Statistical evaluation of mathematical models for microbial growth. *International Journal of Food Microbiology*. 96: 289-300.
- Luo, K; Wang, J; Kim, S; Kim, S; Oh, D. 2017. Experimental studies and modeling the behavior of anaerobic growth of *Clostridium perfringens* in cooked rice under non-isothermal conditions. *Food Control*. 71: 137-142.
- Machado, A. 2015. Dinámica poblacional de adultos de cuatro especies de moscas de la fruta (Díptera: Tephritidae) en un cultivo de guayaba (*Psidium guajava* L.) en el sector Vega Grande Municipio Santiago Mariño, Estado Aragua. Tesis Ing. Agr. Maracay. Venezuela. Universidad Central de Venezuela. 24 p.
- Maiti, S; Mukherjee, I. 2017. On estimation of the PDF and CDF of the Lindley distribution. *Communications in Statistics - Simulation and Computation*. DOI:10.1080/03610918.2017.1311919.
- Maji, S; Chakrabartty, P. 2014. Biocontrol of bacterial wilt of tomato caused by *Ralstonia solanacearum* by isolates of plant growth promoting rhizobacteria. *Australian Journal of Crop Science*. 8(2):208-214.

Malathi, D; Muthulakshmi, S. 2016. Economic design of acceptance sampling plans for truncated life test using Frechet distribution. Journal of Applied Statistics. DOI:10.1080/02664763.2016.1169260.

Malthus, T. 1798. Essay on the principle of population. In Electronic Scholarly Publishing Project, 1998. London. 134 p.

Mansano, C; Stéfani, M; Pereira, M; Macente, B. 2012. Non-linear growth models for bullfrog tadpoles. *Ciência e Agrotecnologia*. 36(4): 454-462.

Mansfield, J; Genin, S; Magori, S; Citovsky, V; Sriariyanum, M; Ronald, P; Dow, M; Verdier, V., Beer, S; Machado, M; Toth, I; Salmond, G; Foster, G. 2012. Top 10 plant pathogenic bacteria in molecular plant pathology. *Molecular Plant Pathology*. 13:614-629.

Maselli, A; Rosales, L; Guevara, Y. 2006. Uso de extractos vegetales sobre *Xanthomonas phaseoli*, causante de la quemazón en *Phaseolus vulgaris* L. Revista Digital CENIAP HOY N° 12 septiembre-diciembre 2006, Maracay, Aragua, Venezuela. ISSN: 1690-4117 Depósito Legal: pp.200302AR1449 Sitio: [www.ceniap.gov.ve](http://www.ceniap.gov.ve)

Mayer, D; Butler, D. 1993. Statistical validation. *Ecological Modelling*. 68: 21-32.

McCuen, R; Knight, Z; Cutter, A. 2006. Evaluation of the Nash–Sutcliffe efficiency index. *Journal of Hydrologic Engineering*. 11(6):597-602.

Medawar, PB. 1940. The growth, growth energy and ageing of the chicken's heart. *Proceedings of the Royal Society London B*. 129:332-355.

Medel, C. 2012. Akaike or Schwarz? Which one is a better predictor of chilean GDP? (en línea). Munich Personal RePEc Archive. Paper N° 35950. 17 p. Disponible en <https://mpra.ub.uni-muenchen.de/35950/>.

Medina-Peralta, S; Vargas-Villamil, L; Navarro-Alberto, J; Canul-Pech, C; Peraza-Romero, S. 2010. Comparación de medidas de desviación para validar modelos sin sesgo, sesgo constante o proporcional. *Universidad y Ciencia Trópico Húmedo*. 26(3): 255-263.

Mejías, R. 2010. Uso de bacterias antagonistas para el control de la marchitez bacteriana *Ralstonia solanacearum* Smith en el cultivo de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill). Tesis Ing. Agr. Maracay, Venezuela. Universidad Central de Venezuela. 57 p.

Meyer, P. 1994. Bi-logistic growth. *Technological Forecasting and Social Change*. 47:89-102.

Meyer, P; Ausubel, J. 1999. Carrying capacity: a model with logistically varying limits. *Technological Forecasting and Social Change*. 61: 209-214.

Misaghi, I; Olsen, M; Billotte, J; Sonoda, R. 1992. The importance of rhizobacterial mobility in biocontrol of bacterial wilt of tomato. *Soil Biology & Biochemistry* 24:287-293.

- Mishra, A; Guo, M; Buchanan, R; Schaffner, D; Pradhan A. 2017. Development of growth and survival models for *Salmonella* and *Listeria monocytogenes* during non-isothermal time-temperature profiles in leafy greens. *Food Control*. 71: 32-41.
- Mitchell, P. 1997. Misuse of regression for empirical validation of models. *Agricultural Systems*. 54(3): 313-326.
- Monod, J. 1949. The growth of bacterial cultures. *Annual Review of Microbiology* 3:371-394.
- Montesinos, A. 2011. Estudio del AIC y BIC en la selección de modelos de vida con datos censurados. Tesis MSc. Guanajuato. México. Centro de Investigación en Matemáticas. 65 p.
- MPPAT. 2013. Tomate de consumo cerró el año con 168 mil toneladas. Ministerio del Poder Popular para la Agricultura y Tierras (en línea). Consultado: Abril, 2013. Disponible en [http://www.mat.gob.ve/busquedaNoticia/busquedas/mostrar\\_noticia.php?var=13954](http://www.mat.gob.ve/busquedaNoticia/busquedas/mostrar_noticia.php?var=13954)
- MPPAT. 2010. VII censo agrícola. Ministerio del Poder Popular para la Agricultura y Tierras (en línea). Consultado: Abril, 2013. Disponible en <http://censo.mat.gob.ve/>
- Muhammed, H. 2015. Bivariate inverse Weibull distribution. *Journal of Statistical Computation and Simulation*. DOI: 10.1080/00949655.2015.1110585.
- Muñoz-López, M; Edwards, M; Schumann, U; Andersen, R. 2015. Multiplicative modeling of four-phase microbial growth. *Pacific Journal of Mathematics for Industry*. DOI 10.1186/s40736-015-0018-0.
- Myers, R. 2001. Stock and recruitment: generalizations about maximum reproductive rate, density dependence, and variability using meta-analytic approaches. *ICES Journal of Marine Science*. 58: 937-951.
- Myint, W. 2011 Study on the response of three tomato cultivars tested with *Ralstonia* SP. causing bacterial wilt of tomato. *Yangon University of Distance Education Research Journal* 3:125-133.
- Nadarajah, S; Bakar, S. 2015. An exponentiated geometric distribution. *Applied Mathematical Modelling*. 40: 6775-6784.
- Nadarajah, S; Cordeiro, G; Ortega, E. 2013. The exponentiated Weibull distribution: a survey. *Statistical Papers*. 54: 839-877.
- Nakaho, K; Seo, S; Ookawa, K; Inoue, Y; Ando, S; Kanayama, Y; Miyashita, S; Takahashi, H. 2017. Involvement of a vascular hypersensitive response in quantitative resistance to *Ralstonia solanacearum* on tomato rootstock cultivar LS-89. *Plant Pathology*. 66: 150-158.
- Narasimha, K; Srinivas, C. 2012. *In vitro* screening of bioantagonistic agents and plant extracts to control bacterial wilt (*Ralstonia solanacearum*) of tomato (*Lycopersicon esculentum*). *Journal of Agricultural Technology*. 8(3): 999-1015.

Narasimha, M; Nirmala, D; Srinivas, C. 2013. Efficacy of *Trichoderma asperellum* against *Ralstonia solanacearum* under greenhouse conditions. *Annals of Plant Sciences*. 2(9):342-350.

Nash, J; Sutcliffe, I. 1970. River flow forecasting through conceptual models. Part I - A discussion of principles. *Journal of Hydrology*. 10:282-290.

NCBI. 2013. *Ralstonia solanacearum*. National Center for Biotechnology Information. (en línea). Consultado: Abril, 2013. Disponible en <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?mode=Info&id=305&lvl=3&lin=f&keep=1&srchmode=1&unlock>

Nelder, J. A. 1961. The fitting of a generalization of the logistic curve. *Biometrics*. 17(1):89-110.

Nutter, F. 2007. The role of plant disease epidemiology in developing successful integrated disease management programs. In: Ciancio, A; Mukerji, K. G. (Eds). *General concepts in integrated pest and disease management*. Dordrecht. The Netherlands. Springer. 45-79 p.

Ogle, D. 2013. FishR Vignette - Stock-Recruitment Models. Northland Colleague. <http://derekogle.com/fishR/examples/oldFishRVignettes/StockRecruit.pdf>

Ooshiro, A; Takaesu, K; Natsume, M; Taba, S; Nasu, K; Uehara, M; Muramoto, Y. 2004. Identification and use of a wild plant with antimicrobial activity against *Ralstonia solanacearum*, the cause of bacterial wilt of potato. *Weed Biology and Management* 4:187-194.

Paine, T; Marthews, T; Vogt, D; Purves, D; Rees, M; Hector, A; Turnbull, L. 2012. How to fit nonlinear plant growth models and calculate growth rates: an update for ecologists. *Methods in Ecology and Evolution*. 3: 245-256.

Paiva, B. 2010. Evaluación del uso de *Calotropis procera* (Ait) R.Br. y *Heliotropium indicum* L. en el control de *Ralstonia solanacearum* Smith en tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill). Tesis Ing. Agr. Maracay. Venezuela. Universidad Central de Venezuela. 46 p.

Pal, K; McSpadden, B. 2006. Biological control of plant pathogens. *The Plant Health Instructor*. DOI:10.1094/PHI-A-2006-1117-02.

Panik, M. 2014. *Growth curve modeling theory and applications*. New Jersey. U.S.A. John Wiley & Sons Inc. 450 p.

Pearl, R. 1927. The growth of populations. *The Quarterly Review of Biology* 2:532-548.

Pearl, R; Reed L. J. 1920. On the rate of growth of the population of the United States since 1790 and its mathematical representation. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 6:275-288.

Peeters, N; Guidot, A; Vailleau, F; Valls, M. 2013. *Ralstonia solanacearum*, a widespread bacterial plant pathogen in the post-genomic era. *Molecular Plant Pathology*. DOI:10.1111/mpp.12038.

- Peleg, M. 1996. A model of microbial growth and decay in closed habitat based on combined Fermi's and the logistic equations. *Journal of the Science of Food and Agriculture*. 71:225-230.
- Peleg, M; Corradini, M. 2011. Microbial growth curves: what the models tell us and what they cannot. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*. 51(10): 917-945.
- Peleg, M., Corradini, M. and Normand, M. 2007. The logistic (Verhulst) model for sigmoid microbial growth curves revisited. *Food Research International*. 40:808-818.
- Perea, S; García, E; Allende, M; Carrillo, F; León, F; Valdez, T; López S. 2011. Identificación de razas y biovares de *Ralstonia solanacearum* aisladas de plantas de tomate. *Revista Mexicana de Fitopatología* 29:98-108.
- Pérez, C; Silva, J. 2009. Modelo dinámico poblacional de *Aspergillus flavus* y *Fusarium verticillioides* en granos de maíz (*Zea mays* L.) almacenados. Tesis Ing. Agr. Maracay. Venezuela. Universidad Central de Venezuela. 23 p.
- Pérez, M; Albarracín, M; Moratinos, H; Zapata, F. 2012. Nota técnica: Rendimiento y calidad de fruto en cuatro cultivares de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) bajo condiciones protegidas. *Revista de la Facultad de Agronomía (LUZ)*. 29:395-412.
- Pham, D; Ba, D; Dao, N; Choi, G; Vu, T; Kim, J; Giang, T; Vu, H; Dang, Q. 2017. Antimicrobial efficacy of extracts and constituents fractionated from *Rheum tanguticum* Maxim. ex Balf. rhizomes against phytopathogenic fungi and bacteria. *Industrial Crops & Products*. 108: 442-450.
- Pimentel, F. 1953. The Use of Mitscherlich's Regression Law in the Analysis of Experiments with Fertilizers. *Biometrics*. 9(4):498-516.
- Prakasha, A; Darren-Grice, I; Vinay-Kumar, K; Sadashiva, M; Shankar, H; Umesha, S. 2017. Extracellular polysaccharide from *Ralstonia solanacearum*; a strong inducer of eggplant defense against bacterial wilt, *Biological Control*. DOI:10.1016/j.biocontrol.2017.04.012.
- Quinn, G; Keough, M. 2002. Experimental design and data analysis for biologists. Cambridge. Cambridge University Press. 597 p.
- Quintana, Y. 2010. Uso de extractos vegetales para el control de *Ralstonia solanacearum* Smith que ocasiona la marchitez bacteriana del tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill). Tesis Ing. Agr. Maracay. Venezuela. Universidad Central de Venezuela. 50 p.
- Radhi, M; Adam, M; Saud, H; Hamid, M; Tony, P; Tan, G. 2016. Efficacy of smart fertilizer for combating bacterial wilt disease in *Solanum lycopersicum*. *Direct Research Journal of Agriculture and Food Science*. 4(7): 137-143.
- Ramadasappa, S; Rai, A; Singh, R; Singh, A; Rai, R. 2012. Isolation and screening of *phlD*<sup>+</sup> plant growth promoting rhizobacteria antagonistic to *Ralstonia solanacearum*. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*. 28:1681-1690.

- Ramesh, R; Phadke, G. 2012. Rhizosphere and endophytic bacteria for the suppression eggplant wilt caused by *Ralstonia solanacearum*. *Crop Protection*. 37:35-41.
- Rampadarath, S; Puchooa, D. 2016. *In vitro* antimicrobial and larvicidal properties of wild *Ricinus communis* L. in Mauritius. *Asian Pacific Journal of Tropical Biomedicine*. 6(2): 100-107.
- Rao, C; Wu, Y. 2001. On model selection. In: Lahiri, P. (ed). 2001. Model selection. Beachwood. U.S.A. Institute of Mathematical Statistics, Ohio. Lecture Notes - Monograph Series. 38: 1-64.
- Raqab, M; Al-Awadhi, S; Kundu, D. 2017. Discriminating among Weibull, log-normal and log-logistic distributions., *Communications in Statistics - Simulation and Computation*. DOI:10.1080/03610918.2017.1315729.
- Rashid, T; Sijam, K; Kadir, J; Saud, H; Awla, H; Zulperi, D; Hata, E. 2016. Screening for active compounds in *Rhus coriaria* L. crude extract that inhibit the growth of *Pseudomonas syringae* and *Ralstonia solanacearum*. *Indian Journal Agricultural Research*. 50(1): 15-21.
- Rawlings, JO; Pentul, SG; Dickey, DA. 1998. Applied regression analysis: a research tool. 2<sup>a</sup> ed. New York. U.S.A. Springer text in statistics. Springer-Verlag. 658 p.
- Raza, W; Ling, N; Liu, D; Wei, Z; Huang, Q; Shen, Q. 2016. Volatile organic compounds produced by *Pseudomonas fluorescens* WR-1 restrict the growth and virulence traits of *Ralstonia solanacearum*. *Microbiological Research*. 192:106-113.
- Reich, N; Lessler, J; Sakrejda, K; Lauer, S; Iamsirithaworn, S; Cummings, D. 2016. Case study in evaluating time series prediction models using the relative mean absolute error. *The American Statistician*. 70: 285-292.
- Ribeiro, P; de Castro, R; Fernandez, L. 2016. Chemical constituents of the oilseed crop *Ricinus communis* and their pharmacological activities: A review. *Industrial Crops and Products*. 91: 358-376.
- Richards, FJ. 1959. A flexible growth function for empirical use. *Journal of Experimental Botany* 10:290-300.
- Ricker, W. 1954. Stock and recruitment. *Journal of the Fisheries Research Board of Canada*. 11(5): 559-623.
- Ricker, W. 1979. Growth rates and models. In: Hoar, WS; Randall, DJ; Brett, JR. (Eds). *Fish physiology*. Volumen VIII. Bioenergetics and growth. New York. U.S.A. Academic Press. 677-743 p.
- Rissanen, J. 1978. Modeling by shortest data description. *Automatica*. 14: 465-471.
- Ritz, C; Streibig, J. 2009. Nonlinear regression with R. New York. U.S.A. Springer Science+Business Media. 150 p.

Robles, B. 2012. Uso de microorganismos antagonistas y sustancias naturales como una alternativa ecológica en el control de enfermedades en cultivos. Centro de Biotecnología Universidad Nacional de Loja 1:34-43.

Rockwood, L. 2006. Introduction to population ecology. Oxford. U.K. Blackwell Publishing Ltd. 339 p.

Rodríguez, D. 2013. Nonlinear growth models R package growthmodels. <https://github.com/drodriguezperez/growthmodels>

Rodríguez, D; Sanabria, M. 2005 Efecto del extracto de tres plantas silvestres sobre la rizoctoniosis, la mancha sureña del maíz y los patógenos que las causan. Interciencia 30:739-744.

Rodríguez, M. 2003. Desarrollo y validación de modelos matemáticos para la predicción de vida comercial de productos cárnicos. Tesis Dr. Córdoba, España. Facultad de Veterinaria. Universidad de Cordoba. 273 p.

Rogovchenko, S; Rogovchenko, Y. 2009. Effect of periodic environmental fluctuations on the Pearl-Verhulst model. Chaos, Solitons and Fractals. 39: 1169-1181.

Rueda-Puente, E; Hernández-Montiel, L; Holguín-Peña, R; Ruiz, F; López, J; Huez, M; Jiménez, J; Borboa, J; Ortega-García, J. 2014. *Ralstonia solanacearum*: una enfermedad bacteriana de importancia cuarentenaria en el cultivo de *Solanum tuberosum* L. Invurnus. 9(1): 24-36.

Safni, I; Cleenwerck, I; De Vos, P; Fegan, M; Sly, L; Kappler, U. 2014. Polyphasic taxonomic revision of the *Ralstonia solanacearum* species complex: proposal to emend the descriptions of *R. solanacearum* and *R. syzygii* and reclassify current *R. syzygii* strains as *Ralstonia syzygii* subsp. *syzygii*, *R. solanacearum* phylotype IV strains as *Ralstonia syzygii* subsp. *indonesiensis* subsp. nov., banana blood disease bacterium strains as *Ralstonia syzygii* subsp. *celebesensis* subsp. nov., and *R. solanacearum* phylotypes I and III strains as *Ralstonia pseudosolanacearum* sp. nov. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology. DOI:10.1099/ijs.0.066712-0.

Sclove, S. 1987. Application of model-selection criteria to some problems in multivariate analysis. Psychometrika. 52(3): 333-343.

Schabenberger, O; Pierce, F. 2002. Contemporary statistical models for the plant and soil sciences. Boca Raton. U.S.A. CRC Press LLC. 730 p.

Schnute, J. 1981. A versatile growth model with statistically stable parameters. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences. 38: 1128- 1140.

Schwarz, G. 1978. Estimating the dimension of a model. The Annals of Statistics. 6(2): 461-464.

Seber, G; Wild, C. 2003. Nonlinear regression. New Jersey. U.S.A. John Wiley & Sons, Inc. 775 p.

Seo, J; Kim, Y. 2016. Objective Bayesian analysis based on upper record values from two-parameter Rayleigh distribution with partial information. Journal of Applied Statistics. DOI:10.1080/02664763.2016.12518862016.

Shafiei, S; Saboori, H; Dostparast, M. 2016. Generalized inferential procedures for generalized Lorenz curves under the Pareto distribution. Journal of Statistical Computation and Simulation. DOI:10.1080/00949655.2016.1207772.

Shakhatreh, M; Yusuf, A; Mugdadi, A. 2016. The beta generalized linear exponential distribution. Statistics. DOI:10.1080/02331888.2016.1230617.

Sheehy, J; Mitchell, P; Ferrer, A. 2004. Bi-phasic growth patterns in rice. Annals of Botany. 94: 811-817.

Shi, P; Chen, L; Hui, C; Grissino-Mayer, H. 2016. Capture the time when plants reach their maximum body size by using the beta sigmoid growth equation. Ecological Modelling. 320: 177-181.

Shi, P; Ishikawa, T; Sandhu, H; Hui, C; Chakraborty, A; Jin, X; Tachihara, K; Li, B. 2014. On the 3/4-exponent von Bertalanffy equation for ontogenetic growth. Ecological Modelling. 276: 23-28.

Shibu, M; Leffelaar, P; Van Keulen, H; Aggarwal, P. 2006. Quantitative description of soil organic matter dynamics – A review of approaches with reference to rice-based cropping systems. Geoderma. 137:1-18.

Shih, J; Fay, M. 2017. Pearson's Chi-square test and rank correlation inferences for clustered data. Biometrics. DOI:10.1111/biom.12653.

Shipley, B. 2013. The AIC model selection method applied to path analytic models compared using a d-separation test. Ecology. 94(3): 560-564.

Sibly, R; Barker, D; Denham, M; Hone, J; Pagel, M. 2005. On the regulation of populations of mammals, birds, fish, and insects. Science. 309:607-610.

Silveira, E; Michereff, S; Tavares, L; Mariano, R. 2011. Caracterización de aislamientos de *Ralstonia solanacearum* con base en componentes epidemiológicos. Interciencia 36:281-285.

Singh, D; Yadav, D; Sinha, S; Choudhary, G. 2014. Effect of temperature, cultivars, injury of root and inoculum load of *Ralstonia solanacearum* to cause bacterial wilt of tomato. Archives of Phytopathology and Plant Protection. 47(13): 1574-1583.

Singh, M; Ali, S; Akhtar, M; Suraj, K. 2012. Efficacy of plant extracts in plant disease management. Agricultural Sciences. 3(3): 425-433.

Siri, M. 2010. Estudio genómico comparativo de las cepas de *Ralstonia solanacearum* causantes de la marchitez bacteriana de la papa en Uruguay. Tesis Dr. Montevideo. Uruguay. Universidad de la República Uruguay. 200 p.

Snipes, M; Taylor, D. 2014. Model selection and Akaike information criteria: an example from wine ratings and prices. *Wine Economics and Policy*. 3: 3-9.

Sonar, K; Babhulkar, V. 2002. Application of Mitscherlich–Bray equation for fertilizer use in wheat. *Communications in Soil Science and Plant Analysis*. 33: 3241-3249.

Stockton Group. 2013. Timorex Gold. La nueva generación de biofungicidas. (en línea). Consultado: Abril, 2013. Disponible en <http://www.stockton-ag.com/wp-content/uploads/2013/03/TG-BananaBrochure-SPN.pdf>

Stolp, H; Gadkari, D. 1981. Nonpathogenic members of the genus *Pseudomonas*. In: Starr, M; Stolp, H; Trüper, H; Balows, A; Schlegel, H. (Eds). *The prokaryotes: a handbook on habitats, isolation and identification of bacteria*. Berlin, Germany. Springer-Verlag. Volumen I. 718-741 p.

Stone, R. 1980. Sigmoids. *Journal of Applied Statistics*. 7(1):59-119 .

Sun, D; Zhuo, T; Hu, X; Fan, X; Zou, H. 2017. Identification of a *Pseudomonas putida* as biocontrol agent for tomato bacterial wilt disease. *Biological Control*. DOI:10.1016/j.biocontrol.2017.07.015.

Tahir, M; Cordeiro, G; Alzaatreh, A; Mansoor, M; Zubair, M. 2014. A new Weibull-Pareto distribution: properties and applications. *Communications in Statistics - Simulation and Computation*. 45: 3548-3567.

Tan, S; Jiang, Y; Song, S; Huang, J; Ling, N; Xu, Y; Shen, Q. 2013. Two *Bacillus amyloliquefaciens* strains isolated using the competitive tomato root enrichment method and their effects on suppressing *Ralstonia solanacearum* and promoting tomato plant growth. *Crop Protection* 43:134-140.

Thomas, P; Upreti, R. 2014. Significant effects due to peptone in Kelman medium on colony characteristics and virulence of *Ralstonia solanacearum* in tomato. *The Open Microbiology Journal*. 8: 95-113.

Tjørve, K; Tjørve, E. 2017. A proposed family of unified models for sigmoidal growth. *Ecological Modelling*. 359:117-127.

Trejos, V; Alzate, J; Gómez, M. 2008. Descripción matemática y análisis de estabilidad de procesos fermentativos. *Dyna* 76:111-121.

Tsoularis, A; Wallace, J. 2002. Analysis of logistic growth models. *Mathematical Biosciences*. 179:21-55.

Tsuchiya, K. 2014. Genetic diversity of *Ralstonia solanacearum* and disease management strategy. *Journal of General Plant Pathology*. 80: 504-509.

- Turchin, P. 2003. Complex population dynamics: a theoretical / empirical synthesis. Monographs in Population Biology 35. New Jersey. U.S.A. Princeton University Press. 450 p.
- Turner, M; Blumenstein, B; Sebaugh, J. 1969. A generalization of the logistic law of growth. *Biometrics*. 25(3):577-580.
- Turner, M; Bradley, E; Kirk, K; Pruitt, K. 1976. A theory of growth. *Mathematical Biosciences*. 29:367-373.
- Vanitha, S; Niranjana, S; Mortensen, C; Umesha, S. 2009. Bacterial wilt of tomato in Karnataka and its management by *Pseudomonas fluorescens*. *BioControl*. 54: 685-695.
- Vega, C; Sadras, V; Andrade, F; Uhart, S. 2000. Reproductive allometry in soybean, maize and sunflower. *Annals of Botany*. 85: 461-468.
- Verma, M; Friedl, M; Finzi, A; Phillips, N. 2016. Multi-criteria evaluation of suitability of growth functions for modeling remotely sensed phenology. *Ecological Modelling*. 323: 123-132.
- Vogels, M; Zoekler, R; Stasiw, D; Cerny, L. 1976. P. F. Verhulst's "Notice sur la loi que la populations suit dans son accroissement" from *Correspondence Mathematique et Physique*. Ghent, Vol. X, 1838. *Journal of Biological Physics* 3:183-192.
- Wagenmakers, E; Farrell, S. 2004. AIC model selection using Akaike weights. *Psychonomic Bulletin & Review*. 11(1): 192-196.
- Wang, Y; Buchanan, R. 2016. Develop mechanistic models of transition periods between lag/exponential and exponential/stationary phase. *Procedia Food Science*. 7:163-167.
- Wei, Z; Huang, J; Tan, S; Mei, X; Shen, Q; Xu, Y. 2013. The cogeneric strain *Ralstonia pickettii* QL-A6 of *Ralstonia solanacearum* as an effective biocontrol agent for bacterial wilt of tomato. *Biological Control*. 65: 278-285.
- Wei, Z; Huang, J; Yang, T; Jousset, A; Xu, Y; Shen, Q; Friman, V. 2017. Seasonal variation in the biocontrol efficiency of bacterial wilt is driven by temperature-mediated changes in bacterial competitive interactions. *Journal of Applied Ecology*. DOI:10.1111/1365-2664.12873.
- Weibull, W. 1951. A statistical distribution function of wide applicability. *Journal of Applied Mechanics*. 18(1):293-297.
- Weller, D; Ritchie, D; White, J. 1975. Isolation and identification of plant pathogenic bacteria. In *Phytopathology Congress*. Minnesota. APS. Vol. 33. 58 p.
- Whiting, R; Buchanan, R. 1993. A classification of models in predictive microbiology – a reply to K. R. Davey. *Food Microbiology*. 10: 175-177.
- Winstead, N; Kelman, A. 1952. Inoculation techniques for evaluating resistance to *Pseudomonas solanacearum*. *Phytopathology* 42:628-634.

Wolf, K; Venus, J. 1992. Description of the delayed microbial growth by an extended logistic equation. *Acta Biotechnologica*. 12:405-410.

Wydra, K; Semrau, J; Dannon, E; Diogo, R. 2006. Characterization of the interaction of antagonistic bacteria and of silicon (SiO<sub>2</sub>) with tomato infected with *Ralstonia solanacearum*. In: Zeller, W; Ullrich, C. (Eds) Proceedings of the 1st international symposium on biological control of bacterial plant diseases. Berlin. Germany. Federal Biological Research Centre for Agriculture and Forestry (BBA). 112-118 p.

Yang, C; Yang, C. 2007. Separating latent classes by information criteria. *Journal of Classification*. 24: 183-203.

Yari, G; Tondpour, Z. 2016. Estimation of the Exponential Pareto II Distribution Parameters. *Communications in Statistics - Simulation and Computation*. DOI:10.1080/03610918.2016.1217012.

Yin, X; Goudriaan, J; Lantinga, E; Vos, J; Spiertz, H. 2003. A flexible sigmoid function of determinate growth. *Annals of Botany*. 91: 361-371.

Yuan, G; Li, Q; Qin, J; Ye, Y; Lin, W. 2012. Isolation of methyl gallate from *Toxicodendron sylvestre* and its effect on tomato bacterial wilt. *Plant Disease*. 96: 1143-1147.

Zeide, B. 1993. Analysis of growth equations. *Forest Science*. 39(3):594-616.

Zhao-gang, L; Feng-ri, L. 2003. The generalized Chapman-Richards function and applications to tree and stand growth. *Journal of Forestry Research*. 14(1):19-26.

Zheng, X; Zhu, Y; Liu, B; Zhou, Y; Che, J; Lin, N. 2014. Relationship between *Ralstonia solanacearum* diversity and severity of bacterial wilt disease in tomato fields in China. *Journal of Plant Diseases and Protection*. 119(4): 125-134.

Zhou, T; Li, C; Chen, D; Wu, K; Shen, Q; Shen, B. 2014. *phlF* mutant of *Pseudomonas fluorescens* J2 improved 2,4-DAPG biosynthesis and biocontrol efficacy against tomato bacterial wilt. *Biological Control*. 78:1-8.

Zill, D. 1997. Ecuaciones diferenciales, con aplicaciones de modelado. 6<sup>a</sup> ed. México D. F. México. International Thomson Editores S. A. 597 p.

Zwietering, MH; Jongenburger, I; Rombouts, FM; van't Riet, K. 1990. Modeling of the bacterial growth curve. *Applied and Environmental Microbiology* 56:1875-1881.

## **ANEXOS**

## ANEXO 1



Plantas de tomate (híbrido Aquiles) trasplantadas en macetas de 1500 g de capacidad, en las que se realizó el experimento.

## ANEXO 2



Detalle de las soluciones aplicadas semanalmente al experimento: ADE para los testigos, suspensión de *P. fluorescens*, extracto de hojas de Tártago y solución de Timorex.

### ANEXO 3



Preparación del medio de cultivo: agar nutritivo + glucosa (esterilizado) al que se le agrega el reactivo TZC, también esterilizado en autoclave.

### ANEXO 4



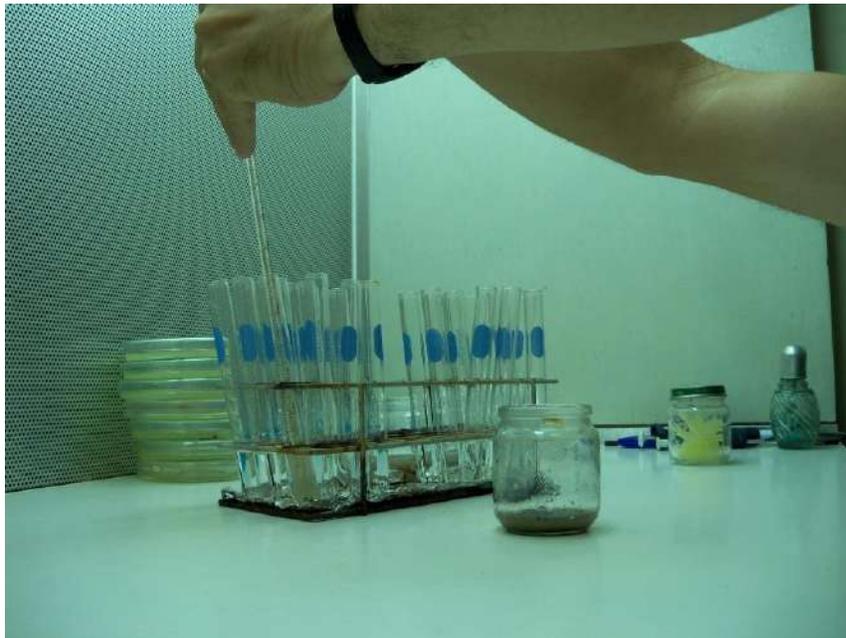
Vaciado del medio de cultivo en las placas de Petri, aproximadamente 20 ml por placa, esterilizadas en estufa.

## ANEXO 5



Solución madre de suelo de las macetas para la siembra en las placas de Petri.

## ANEXO 6



Dilución seriada para la siembra en las placas de las diluciones  $10^{-5}$  y  $10^{-6}$ , que se determinaron como las apropiadas para los contajes.

## ANEXO 7



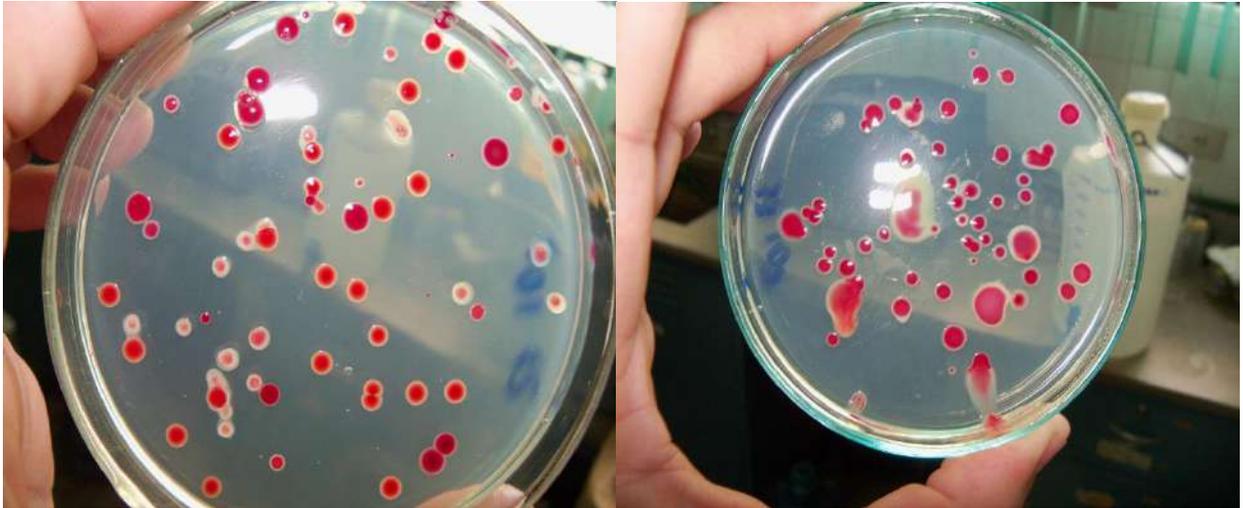
Siembra por extensión de las diluciones  $10^{-5}$  y  $10^{-6}$  en las placas. Detalle de la aplicación de la última dilución con la micropipeta.

## ANEXO 8



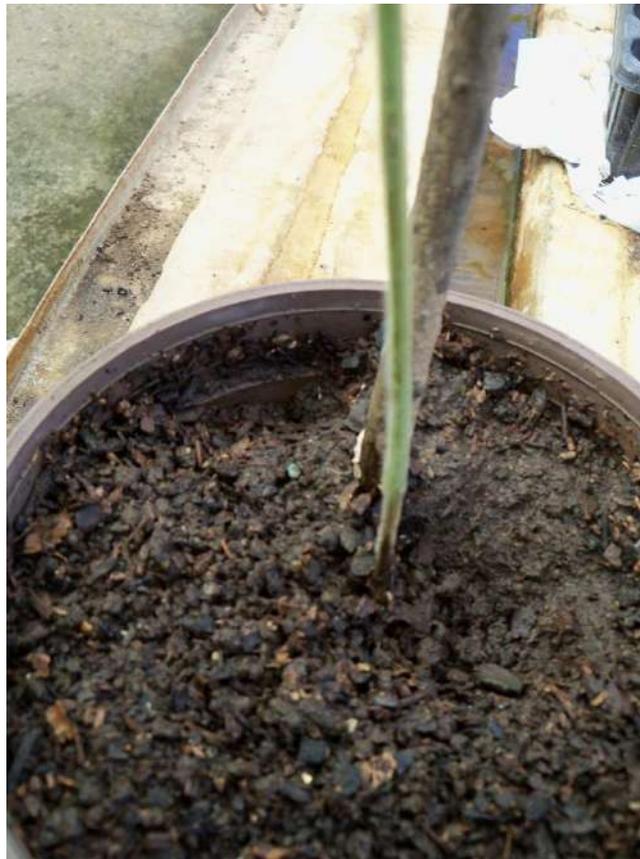
Siembra por extensión de las diluciones  $10^{-5}$  y  $10^{-6}$  en las placas. Detalle de la extensión de la última dilución con la varilla metálica.

## ANEXO 9



Detalle de placas después de 48 h de la siembra por extensión, con las colonias visibles y contables de *R. solanacearum*, caracterizadas por el color rojizo y la mucosidad

## ANEXO 10



Detalle de las aplicaciones diarias de riego a las macetas del experimento, tratando de mantener niveles de humedad adecuados para el desarrollo de la bacteria.

## ANEXO 11



Colocación de tutores a las plantas, para evitar su quiebre y/o contacto con las plantas vecinas.

## ANEXO 12



Primer amarrado guía, para mantener las plantas erguidas por encima de la altura de lo tutores.

### ANEXO 13



Amarrado más fuerte y apoyo de las plantas en el enmallado del techo del umbráculo.

### ANEXO 14

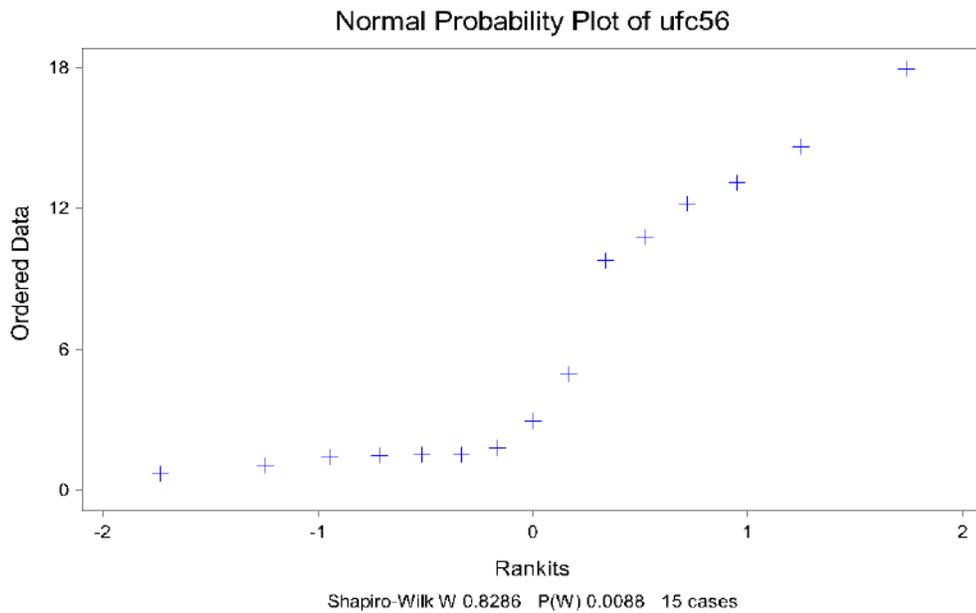


Gráfico de normalidad y resultados de la prueba de Wilk Shapiro, para la población de *R. solanacearum* (en millones de UFC/g de suelo) al día 56 después del trasplante.

## ANEXO 15

Pruebas de Bartlett y Rachas para la población de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas (UFC\*10<sup>6</sup>/g de suelo) al día 56 después del trasplante.

	Chi-Sq	DF	P
Bartlett's Test of Equal Variances	5.39	4	0.2492

---

**Runs Test**

Median	2.9670		
Values Above the Median	7		
Values below the Median	7		
Values Tied with the Median	1		
Runs Above the Median	2		
Runs Below the Median	2		
Total Number of Runs	4		
Expected Number of Runs	8.0		
P-Value, Two-Tailed Test		0.0501	

## ANEXO 16

Prueba de Kruskal Wallis para la población de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas (UFC\*10<sup>6</sup>/g de suelo) al día 56 después del trasplante.

trat	Mean Rank	Sample Size			
1	2.8	3			
2	5.3	3			
3	11.0	3			
4	6.8	3			
5	14.0	3			
Total	8.0	15			

---

Kruskal-Wallis Statistic	12.0465		
P-Value, Using Chi-Squared Approximation	0.0170		

---

**Parametric AOV Applied to Ranks**

Source	DF	SS	MS	F	P
Between	4	240.500	60.1250	15.4	0.0003
Within	10	39.000	3.9000		
Total	14	279.500			

## ANEXO 17

Prueba de comparaciones múltiples de Kruskal Wallis para la población de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas (UFC\*10<sup>6</sup>/g de suelo) al día 56 después del trasplante.

trat	Mean	Homogeneous Groups		
5	14.000	A		
3	11.000	AB		
4	6.8333	AB		
2	5.3333	AB		
1	2.8333	B		

---

Alpha	0.05		
Critical Z Value	2.807	Critical Value for Comparison	10.250

## ANEXO 18

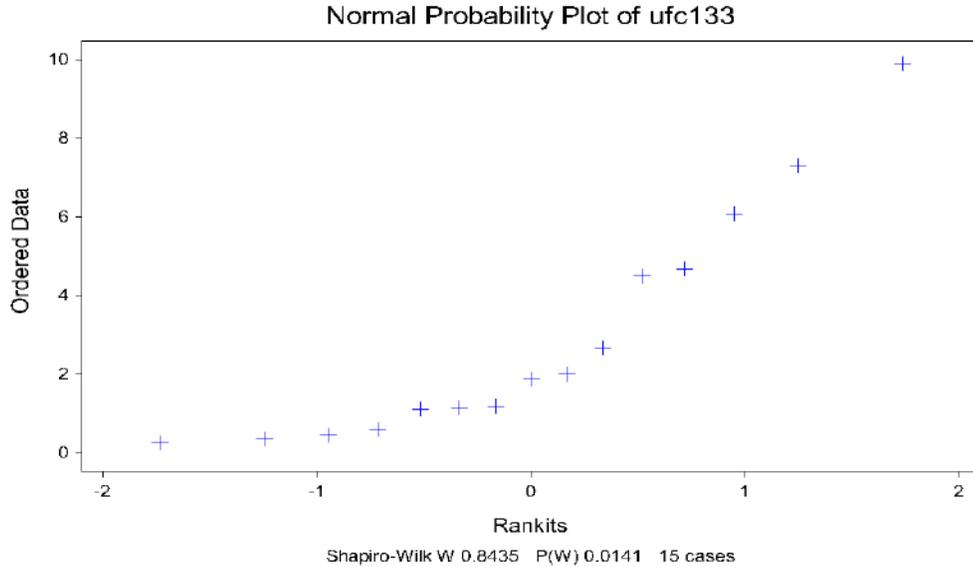


Gráfico de normalidad y resultados de la prueba de Wilk Shapiro, para la población de *R. solanacearum* (en millones de UFC/g de suelo) al día 133 después del trasplante.

## ANEXO 19

Pruebas de Bartlett y Rachas para la población de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas (UFC\*10<sup>6</sup>/g de suelo) al día 133 después del trasplante.

	Chi-Sq	DF	P
Bartlett's Test of Equal Variances	8.56	4	0.0730
<b>Runs Test</b>			
Median	1.8830		
Values Above the Median	7		
Values below the Median	7		
Values Tied with the Median	1		
Runs Above the Median	2		
Runs Below the Median	2		
Total Number of Runs	4		
Expected Number of Runs	8.0		
P-Value, Two-Tailed Test	0.0501		

## ANEXO 20

Prueba de Kruskal Wallis para la población de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas (UFC\*10<sup>6</sup>/g de suelo) al día 133 después del trasplante.

trat	Mean Rank	Sample Size
1	6.7	3
2	3.3	3
3	12.7	3
4	5.3	3
5	12.0	3
Total	8.0	15

Kruskal-Wallis Statistic 10.2667  
P-Value, Using Chi-Squared Approximation 0.0562

Parametric AOV Applied to Ranks					
Source	DF	SS	MS	F	P
Between	4	205.333	51.3333	6.88	0.0063
Within	10	74.667	7.4667		
Total	14	280.000			

## ANEXO 21

Prueba de Kruskal Wallis para el Grado de Severidad de la Marchitez Bacteriana del Tomate al día 133 después del trasplante.

trat	Mean Rank	Sample Size
1	5.0	3
2	7.5	3
3	7.5	3
4	10.0	3
5	10.0	3
Total	8.0	15

Kruskal-Wallis Statistic 3.6296  
P-Value, Using Chi-Squared Approximation 0.4584

Parametric AOV Applied to Ranks					
Source	DF	SS	MS	F	P
Between	4	52.500	13.1250	0.88	0.5121
Within	10	150.000	15.0000		
Total	14	202.500			

## ANEXO 22

Rutina utilizada en el ajuste de los modelos con el software R-Project, ejemplificada con el modelo de crecimiento asimétrico en el tratamiento 1.

```

title 'Curva de Crecimiento Asimétrico: col=K*(1-(1/(1+(t/m)^n))';
deer <- read.table("T1.txt",header=T)
attach(deer)
names(deer)
plot(col ~ t, xlab = "Días", ylab = "UFC", ylim = c(0, 2),pch=21,col="purple",bg="green")
model <- nls(col~K*(1-(1/(1+(t/m)^n))),start=list(K=1.8, m=28, n=1), trace=TRUE)
summary(model)
fitmod <- fitted(model)
  resid <- fitmod-col
  data <- data.frame(fitmod = fitmod, residual = resid)
  mss <- sum((fitmod - mean(fitmod))^2)
  rss <- sum(resid^2)
  R2 <- mss/(mss + rss)
  rmse <- sqrt(rss)
  AIC <- AIC(model)
  BIC <- BIC(model)
  logLik <- logLik(model)
  list(fitmod, R2=R2, AIC=AIC,BIC=BIC,rmse=rmse,logLik=logLik)
plot(col ~ t, xlab = "Días", ylab = "UFC mill", ylim = c(0, 2),pch=21,col="purple",bg="green")
av <- seq(0,133,7)
bv <- predict(model,list(t=av))
lines(av,bv,col="black")

```

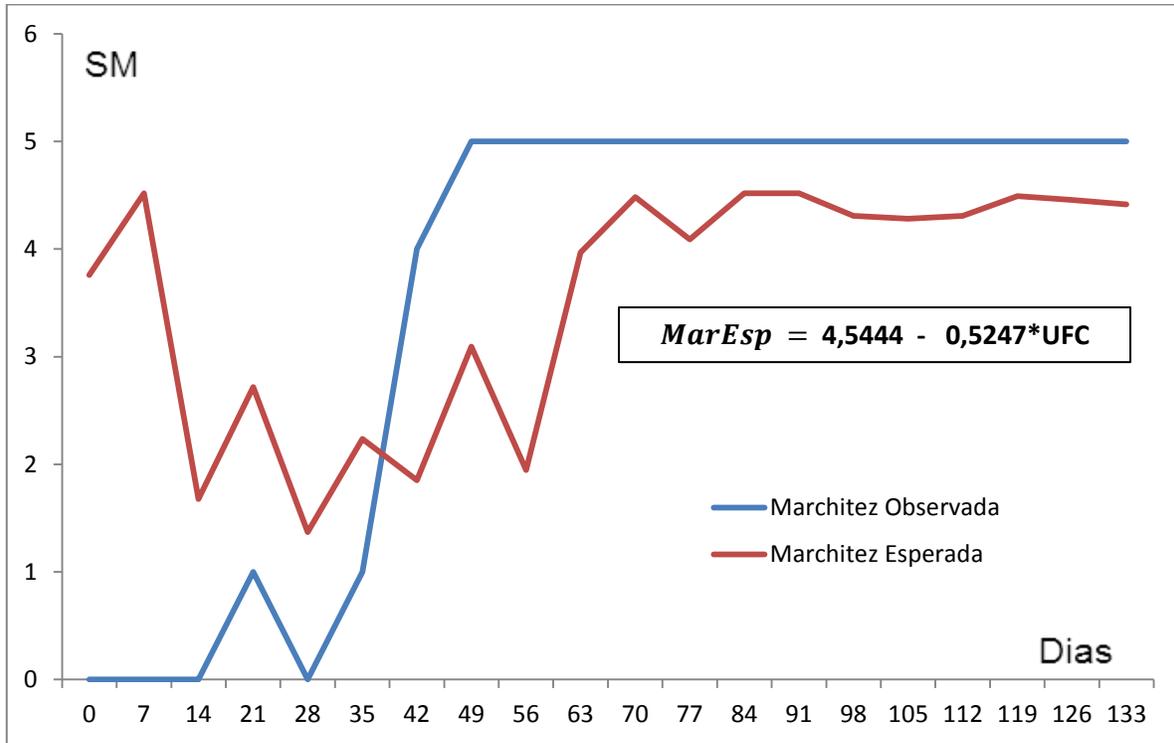
## ANEXO 23

Análisis de regresión para la predicción del grado de severidad de la marchitez bacteriana en función de la población de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas de la réplica 3 del tratamiento 2 (UFC\*10<sup>6</sup>/g de suelo).

Predictor					
Variables	Coefficient	Std Error	T	P	
Constant	4.54440	0.57579	7.89	0.0000	
T2R3ufc	-0.52473	0.20264	-2.59	0.0185	
R-Squared					
	0.2714	Resid. Mean Square (MSE)		3.68137	
Adjusted R-Squared					
	0.2309	Standard Deviation		1.91869	
Source					
DF	SS	MS	F	P	
Regression	1	24.6853	24.6853	6.71	0.0185
Residual	18	66.2647	3.6814		
Total	19	90.9500			

## ANEXO 24

Predicción del grado de severidad de la marchitez bacteriana en función de la población de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas de la réplica 3 del tratamiento 2 (UFC\*10<sup>6</sup>/g de suelo) vs la marchitez observada.



## ANEXO 25

Análisis de regresión para la predicción del grado de severidad de la marchitez bacteriana en función de la población de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas de la réplica 3 del tratamiento 5 (UFC\*10<sup>6</sup>/g de suelo).

Predictor					
Variables	Coefficient	Std Error	T	P	
Constant	6.12764	0.84560	7.25	0.0000	
T5R3ufc	-0.20962	0.06083	-3.45	0.0029	
R-Squared	0.3975	Resid. Mean Square (MSE)	3.11121		
Adjusted R-Squared	0.3640	Standard Deviation	1.76386		
Source	DF	SS	MS	F	P
Regression	1	36.9483	36.9483	11.88	0.0029
Residual	18	56.0017	3.1112		
Total	19	90.9500			

## ANEXO 26

Predicción del grado de severidad de la marchitez bacteriana en función de la población de *R. solanacearum* en el suelo de las macetas de la réplica 3 del tratamiento 5 (UFC\*10<sup>6</sup>/g de suelo) vs la marchitez observada.

