

UNIVERSIDAD AGRARIA DE LA HABANA

“Fructuoso Rodríguez Pérez”



**FACULTAD DE CIENCIAS TÉCNICAS
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS BÁSICAS**

CENTRO NACIONAL DE SANIDAD AGROPECUARIA



GRUPO DE INFORMATIZACIÓN

MODELACIÓN Y SIMULACIÓN DE LA INTERACCIÓN PLANTA- *Meloidogyne incognita* KOFOID Y WHITE (CHITWOOD) – *Trichoderma asperellum* SAMUELS, LIECKFELDT & NIRENBERG

Tesis presentada en opción al título de Master en Biomatemática

Autor: Ing. Hugo Benítez García

Mayabeque 2019

UNIVERSIDAD AGRARIA DE LA HABANA

“Fructuoso Rodríguez Pérez”



**FACULTAD DE CIENCIAS TÉCNICAS
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS BÁSICAS**

CENTRO NACIONAL DE SANIDAD AGROPECUARIA



GRUPO DE INFORMATIZACIÓN

MODELACIÓN Y SIMULACIÓN DE LA INTERACCIÓN PLANTA- *Meloidogyne incognita* KOFOID Y WHITE (CHITWOOD) – *Trichoderma asperellum* SAMUELS, LIECKFELDT & NIRENBERG

Tesis presentada en opción al título de Master en Biomatemática

Autor: Ing. Hugo Benítez García

Tutor: Dra. C. Ileana Miranda Cabrera

Mayabeque 2019

Resumen: Los nematodos formadores de agallas, pertenecientes al género *Meloidogyne* Goeldi, representan un grupo polífago, económicamente importante y con especial adaptación como parásitos obligados de más de 2000 especies vegetales. Diferentes autores han estudiado la efectividad de *Trichoderma spp.* en el control de poblaciones de *Meloidogyne spp.* Sin embargo, se desconoce el nivel poblacional necesario para lograr un equilibrio ecológico en el ecosistema agrícola. El propósito del presente trabajo fue desarrollar un modelo para simular la interacción tritrófica planta-nematodo-hongo y predecir el nivel poblacional con que se logra un equilibrio. A partir de un modelo teórico se elaboró uno nuevo, que se simuló con el empleo de una aplicación implementada para este fin en R 3.0.5, con el ambiente integrado de desarrollo RStudio 1.1.447. Para la validación del modelo se emplearon datos experimentales del sistema garbanzo-*Meloidogyne incognita*-*Trichoderma asperellum*. Se extrapoló un modelo Susceptibles-Infestados-Recuperados al caso estudio plantas susceptibles, infestadas por el nematodo o recuperadas al ser tratadas con *Trichoderma*. Se estudió la estabilidad de los sistemas según el teorema de Hartman-Grobman. Se demostró que *T. asperellum* logra un control de las poblaciones del nematodo con una concentración de 10^7 UFC/ml y que el equilibrio es inestable en el tiempo, por lo que resulta necesario más de una aplicación. El modelo elaborado puede ser validado en otros sistemas planta-plaga-agente de control biológico. Se cuenta con una herramienta informática que permite simular la dinámica poblacional de una plaga en interacción con su control biológico incluyendo los cambios en el cultivo. El estudio de la inestabilidad del equilibrio biológico permitirá la elaboración de estrategias de manejo más certeras.

Palabras clave: dinámica poblacional, ecología cuantitativa, modelación, simulación

Agradecimientos

A todos los que de una forma u otra me apoyaron con este trabajo.

A la Dra. Nivian, que tantos cocotazos me dio para que empezara la maestría.

A mi tutora, la Dra. Ileana, sin la cual este trabajo nunca se hubiera hecho.

Al CENSA que me brindó todas las herramientas para lograrlo.

Dedicatoria

A mi familia, sin la cual nunca lo hubiera logrado.

A mi madre, que ha sido mi apoyo y soporte desde que nací.

A mi esposa, que sin sus empujones no hubiera terminado nunca.

Y a mi hija Liana, que ha sido lo mejor que me ha pasado hasta hoy.

Índice

INTRODUCCIÓN.....	1
CAPÍTULO I. FUNDAMENTACIÓN TEÓRICA.....	5
1.0 Introducción.....	5
1.1 Modelación matemática. Principales conceptos.....	5
1.2 Estabilidad de equilibrio biológico. Características generales.....	10
1.3 Simulación de la dinámica de poblaciones. Características generales.....	12
1.4 Software empleados para la modelación y simulación.....	15
1.5 Experiencia de Cuba en la modelación y simulación.....	17
CAPÍTULO II. MATERIALES Y MÉTODOS.....	19
2.1 Métodos de la Investigación.....	19
2.2 Modelación de la interacción planta- <i>Meloidogyne incognita</i> - <i>Trichoderma asperellum</i>	20
2.3 Análisis de las condiciones de estabilidad de los puntos de equilibrio.....	24
2.4 Tecnologías informáticas utilizadas en la investigación.....	25
2.5 Simulación del modelo <i>Meloidogyne incognita</i> – <i>Trichoderma asperellum</i> ..	28
CAPÍTULO 3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	33
3.1 Métodos de la Investigación.....	33
3.2 Modelación de la interacción planta - <i>Meloidogyne incognita</i> - <i>Trichoderma asperellum</i>	33
3.3 Análisis de las condiciones de estabilidad de los puntos de equilibrio.....	37
3.3.1 Estabilidad del modelo SIR.....	40
3.4 Sistema informático elaborado con las tecnologías informáticas utilizadas en la investigación.	41
3.5 Simulación del modelo <i>Meloidogyne incognita</i> – <i>Trichoderma asperellum</i> ...	43
3.5.1 Simulación del modelo SIR.....	45
CONCLUSIONES.....	48
RECOMENDACIONES.....	49
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	50

INTRODUCCIÓN:

El estudio de la dinámica de las poblaciones constituye un elemento esencial para entender las interacciones que se establecen entre los organismos en un ecosistema, con el fin de establecer criterios para la regulación de plagas.

Entre los principales organismos plagas que afectan los cultivos en Cuba se encuentran los nematodos formadores de agallas pertenecientes al género *Meloidogyne Goeldi* ((KAUR y ATTRI, 2013); estos representan un grupo polífago, económicamente importante y con especial adaptación como parásitos obligados de más de 2000 especies vegetales, entre las que se encuentran hortalizas, frutales, ornamentales y otras (Hernández-Ochandía *et al.*, 2012; Guzmán *et al.*, 2012). Por estas razones, el control de dicho fitoparásito supone una tarea de primer orden para minimizar los daños que pueda ocasionar.

Existe un grupo importante de hongos y bacterias que presentan efectos antagónicos con otros microorganismos (Martínez *et al.*, 2013). Entre los microorganismos más importantes se encuentran las bacterias de los géneros *Pseudomonas* y *Bacillus* y hongos de los géneros *Gliocladium* y *Trichoderma*. Este último es el más utilizado para el control de un grupo importante de patógenos del suelo por su efecto de hiperparasitismo (Fernández-Larrea, 2001).

Diferentes autores han estudiado la efectividad de *Trichoderma* spp. en la disminución de los daños y el control de poblaciones de *Meloidogyne* spp. (Martínez *et al.*, 2013; Spiegel *et al.*, 2005); sin embargo, se desconoce la relación poblacional que permite alcanzar un equilibrio ecológico nematodo-agente de control biológico.

INTRODUCCIÓN

La interacción planta –plaga – agente de control biológico (ACB) ha sido poco estudiada desde el punto de vista matemático. La mayoría de los modelos no incluyen la planta (Sharov, 1999) y aquellos que la incluyen no han sido validados con datos experimentales que demuestren su aplicación práctica (Miranda, 2016).

Por otra parte, la realidad existente en Cuba, y en especial en los centros de investigación que realizan el manejo y control de plagas en los cultivos, es que no se cuenta con herramientas informáticas amigables y de fácil acceso, que contribuyan a que los especialistas de esta rama realicen, de manera rápida y precisa, la predicción de la dinámica de las poblaciones en los cultivos de interés económico. Este proceso se lleva a cabo, por lo general, a través del uso de paquetes estadísticos, con la dificultad práctica de usar varios sistemas para lograr la simulación unida a estudios de equilibrio. Además, en algunos casos, sobre todo los sistemas más potentes y completos, son software propietario, lo que limita el resultado obtenido, en especial a la hora de publicar los resultados.

Por lo antes planteado se identifica como **problema científico**: ¿Cómo predecir el nivel poblacional que permita lograr un equilibrio en la interacción nematodo-agente de control biológico?

Según lo expuesto, derivado de la construcción del marco teórico referencial de esta investigación, se plantea la siguiente **Hipótesis de investigación**: La implementación de un modelo matemático que simule la dinámica de la interacción planta- *Meloidogyne incognita* -*Trichoderma asperellum* permitirá calcular, con un alto nivel de precisión, un punto de equilibrio ecológico.

Para dar respuesta a la Hipótesis, teniendo como **Objeto de estudio**: La Ecología Cuantitativa de Poblaciones y **Campo de acción**: Sistema cultivo- *Meloidogyne incognita* -*Trichoderma asperellum*, se definió como **Objetivo general**: Simular un modelo, que permita predecir el nivel poblacional que logra un equilibrio en la interacción *Meloidogyne incognita* -*Trichoderma asperellum*.

INTRODUCCIÓN

Todo lo cual permite definir los siguientes **Objetivos específicos**:

- 1) Construir del marco teórico de la investigación relacionado con los modelos de predicción del comportamiento de la interacción plaga-control biológico.
- 2) Elaborar un modelo simple que describa la dinámica de interacción planta-plaga-agente de control biológico.
- 3) Determinar los puntos de equilibrio en la interacción planta-plaga-agente de control biológico y evaluar su estabilidad.
- 4) Desarrollar una herramienta informática que soporte la aplicación del modelo.
- 5) Validar la propuesta a través de datos experimentales obtenidos en la investigación

La **novedad científica** del trabajo se expresa en los siguientes aportes teóricos y prácticos:

Aportes teóricos:

- Concepción y fundamentación de un modelo para el pronóstico del comportamiento de la interacción planta- *Meloidogyne incognita* -*Trichoderma asperellum*.
- Conceptualización del modelo Susceptibles-Infestados-Recuperados (SIR) empleado en epidemiología animal para ser empleado en investigaciones de la sanidad vegetal

Aportes prácticos:

- Software para la simulación del comportamiento de la interacción cultivo-plaga- agente de control biológico.
- Condiciones de equilibrio para los parámetros poblacionales que permiten la toma de decisiones en el manejo de la plaga.

INTRODUCCIÓN

La tesis está estructurada en tres capítulos. En el **Capítulo 1**, se analiza y se exponen los enfoques teóricos y las principales investigaciones que anteceden a la presente investigación, con el objetivo de construir el marco teórico de la investigación relacionada con los modelos para la predicción de la dinámica de poblacionales, las condiciones de equilibrio ecológico y las herramientas informáticas para la simulación. En el **Capítulo 2** se presentan las relaciones evaluadas para la construcción del modelo, el teorema empleado para el estudio de estabilidad del sistema, el método numérico utilizado en la simulación y las diferentes herramientas y lenguajes de programación que se emplearon para garantizar la mayor operatividad y adaptabilidad del modelo desarrollado y la calidad del mismo. En el **Capítulo 3** se muestra el modelo desarrollado para la predicción del cambio de los niveles poblacionales en el tiempo. Se describe la solución desarrollada y las condiciones de estabilidad del sistema, así como los resultados de la herramienta informática implementada como método de confirmación para comprobar la validez de la hipótesis planteada. Por último, se presentan las conclusiones y recomendaciones derivadas de la investigación, las fuentes bibliográficas consultadas y los anexos que contienen la documentación probatoria de los aspectos más significativos del proceso de investigación.

CAPÍTULO I. FUNDAMENTACIÓN TEÓRICA

1.0 Introducción

En este capítulo se señalan los principales conceptos relacionados con modelación matemática de interacción de poblaciones, estudios de estabilidad de los modelos y las herramientas para la simulación. Además, se identifican mediante motores de búsqueda, las principales investigaciones y autores que estudian soluciones en la sanidad vegetal. En el Epígrafe 1.1 se exponen, de forma resumida, los conceptos de modelación matemática aplicada a la ecología; en el 1.2 lo referido a Estabilidad y equilibrio biológico; en el 1.3 se aborda la metodología a seguir para la simulación y en el 1.4 los software para implementar la modelación y simulación. Igualmente, se aborda el estado actual a nivel mundial y en Cuba de los estudios en modelación y simulación para la toma de decisiones en el manejo de plagas.

1.1 Modelación matemática. Principales conceptos

Con frecuencia se desea describir el comportamiento de algún sistema o fenómeno de la vida real en términos matemáticos; dicho sistema puede ser físico, sociológico o ecológico, por mencionar algunos. La descripción matemática de un sistema o fenómeno se llama modelo matemático (May-Cen, 2016).

Los modelos matemáticos, y en particular los modelos aplicados a la biología, pueden ser una herramienta importante para entender la dinámica de un fenómeno. De hecho, la biomatemática cada vez juega un papel más importante en el estudio de la biología (Delgadillo *et al.*, 2006).

Según Peláez y Mejía (2000), un modelo matemático es un conjunto de expresiones matemáticas que describen el comportamiento de las variables que caracterizan un sistema. Por su parte, Rodríguez y Steegmann (2012) lo describen como una descripción, en lenguaje matemático, de un objeto que existe en un universo no-matemático.

Cervantes (2015) asumía que la modelación matemática es el proceso racional de elaborar modelos matemáticos para expresar fenómenos reales.

Muchos han sido los modelos que a lo largo de la historia se han desarrollado y mejorado para simular la dinámica de las plagas en los cultivos. La simulación de estos modelos ha tenido diversos objetivos, como pueden ser interpretar el ciclo de desarrollo de una población, calcular los niveles de un control biológico que logran una estabilidad de su hospedante, entre otras aplicaciones (Miranda, 2014).

Entre los más usados a nivel mundial se encuentran el modelo presa-depredador, desarrollado inicialmente por Lotka-Volterra (1925) y modificado entre otros por Gómez y Vélez (2009); el modelo hospedante-parásito, empleado para interacción de los nematodos con sus ACB (Ciancio, 2008) y los modelos de interacción tri-trófica (Sáez *et al.*, 2015) no explotados aún en los estudios de nematología.

El modelo presa-depredador representa la interacción entre dos especies que conviven dentro de un mismo hábitat, en el cual el número de individuos de cada población depende no solo de la razón de crecimiento o decrecimiento natural, sino también de los encuentros exitosos entre ellos, es decir, que un depredador pueda cazar la presa (Luc *et al.*, 2006).

En la versión más simple de este modelo no existe un término de autoamortiguación poblacional (denso-dependencia) y las trayectorias de las abundancias de depredadores y presas se presentan como oscilaciones perpetuas no amortiguadas en el tiempo, lo que hace que el modelo no simule el proceso real de la interacción.

Solo para algunos valores de los parámetros el sistema logra una estabilidad, pero por regla general estos modelos describen sistemas inestables, donde pequeños cambios en los parámetros producen grandes alteraciones en el espacio vectorial definido (Ferrera *et al.*, 2014).

En consecuencia, Malthus (1872) propuso una modificación incluyendo la regulación natural de las poblaciones. Este autor sostenía que mientras el crecimiento de la población en el mundo se daba en forma geométrica, la producción de alimentos aumentaba en progresión aritmética. Ante esto, proponía como solución aplicar un control de la natalidad y confiaba en que los factores de regulación natural retardarían la llegada de una crisis total de alimentación.

El modelo de Malthus (1872) aún es empleado en la actualidad para calcular la tasa máxima de crecimiento de las poblaciones, pero no logra simular una dinámica real de interacciones (Miranda, 2014). Esto se debe a que solo es válido para pequeños espacios de tiempo, aun cuando este modelo resulta sumamente útil para pronosticar el tamaño de la población sin asumir restricciones.

El modelo logístico parte del de Malthus (1872); añade un término adicional que representa la competencia entre los individuos de la misma especie por los recursos, esto induce un límite al crecimiento de una población (May-Cen, 2016).

Por su parte, Van den Bosch (1971) se refirió al control biológico como la manipulación de los enemigos naturales por el hombre para controlar las plagas y lo diferenció del control natural que ocurre, según este autor, sin intervención humana.

Este autor propone que el modelo varíe según el tipo de control biológico que se realice: (1) la importación e introducción de un enemigo natural para controlar una plaga exótica (control biológico clásico) o nativa (control biológico neoclásico), (2) la cría artificial de un enemigo natural para su liberación en el cultivo en forma inoculativa o inundativa y (3) la conservación de enemigos naturales por medio de manipulaciones ambientales para proteger y aumentar la abundancia, diversidad y efectividad de los mismos (Van Den Bosch, 1971). También, los enemigos naturales pueden actuar como depredadores, parásitos o parasitoides (Viñuela y Jacas, 1993), deberán entonces existir diferentes modelos de interacción poblacional o cambios en los parámetros que intervienen en este proceso, en correspondencia con la relación plaga-enemigo natural que se establezca.

En este sentido, otro modelo realizado a partir del propuesto por Lotka-Volterra (1925) fue el que desarrollaron Anderson y May (1981), modelo mucho más complejo que muestra las interacciones del hospedante con su antagonista asociado; describe las relaciones entre el hospedante y el parásito, basadas en la transición del hospedante sano al hospedante parasitado.

Este modelo presenta una característica particular y es que permite estimar la densidad de propagación del parásito facilitando determinar la cantidad de inóculo para controlar al hospedante (Ferrera *et al.*, 2014).

Muchos otros modelos han surgido adaptando la idea inicial del modelo presa-depredador (Gómez y Vélez, 2009), intentando reproducir la conducta de la población que describe, lo que indica que cada población debe ser analizada sugiriendo el modelo que mejor simula su dinámica.

Actualmente, los modelos de mayor uso para la simulación de la dinámica de plagas son los que incluyen interacciones tri-tróficas cultivo-plaga-control biológico. Un ejemplo de ello es el modelo que representa los diferentes estadios del nematodo agallero en la raíz en interacción con el hongo *Trichoderma asperellum* actuando como control biológico (Miranda *et al.*, 2016).

La idea de estos modelos es simular el comportamiento de las plagas en uno o varios tipos de cultivos, en presencia de uno o varios controles biológicos (Polack, 2008).

En el caso de las enfermedades, también han sido muchos los modelos propuestos. La mayoría de la literatura de epidemiología refiere modelos que describen el proceso de comportamiento de animales o humanos, pasando por diferentes procesos. Ejemplo de ello son los modelos SIR, Susceptible-Expuestos-Infectados-Recuperados (SEIR) y otros de naturaleza determinista o estocástica, según sea el efecto a modelar (Gilligan, 2008).

Algunos autores han incorporado ecuaciones de dispersión a estos modelos (Sapoukhina *et al.*, 2013) y otros llegan a analizar la hostilidad del hospedante para modificar la epidemia incorporando parámetros del ciclo del cultivo al modelo (Burie *et al.*, 2012) o analizando un hospedante sano y otro susceptible en el que ambos pueden pasar a un periodo de latencia y solo los susceptibles pueden pasar automáticamente al proceso de infestación (Papaïx *et al.*, 2014); lo cual ratifica que el modelo depende del comportamiento de la enfermedad, de las características del vector que la trasmite, las cualidades del cultivo hospedante y un sinnúmero de factores ambientales.

1.2 Estabilidad de equilibrio biológico. Características generales

El concepto de equilibrio, entendido como el estado de un sistema en el cual fuerzas encontradas, operantes sobre él, se compensan (Art, 1982) ha jugado un rol fundamental en el desarrollo conceptual y práctico de la ecología de comunidad (Mcintosh, 1986). Muchos de los estudios orientados a entender y predecir la dinámica temporal de los ensambles de especies suponen, implícita o explícitamente, la existencia de situaciones de equilibrio en la naturaleza (DeAngelis y Waterhouse, 1987; Michalski y Ardity, 1995).

En sistemas dinámicos existen distintos tipos de problemas de estabilidad. Un punto de equilibrio se dice estable si todas las soluciones que se inicien en las cercanías del punto de equilibrio permanecen en las cercanías de este; de otro modo, el punto de equilibrio es inestable. Un punto de equilibrio se dice asintóticamente estable si todas las soluciones que se inicien en las cercanías del punto no solo permanecen en las cercanías, sino que además tienden hacia el equilibrio a medida que el tiempo se aproxima a infinito.

Una de las herramientas más potentes en la teoría de estabilidad de sistemas no lineales es el método de Lyapunov (1992). Debe su nombre al matemático ruso A. M. Lyapunov, quien realizó contribuciones importantes en esta dirección a fines del siglo pasado (ARRAUT, 1972). Está relacionada con el comportamiento de las trayectorias de un sistema, cuando su estado inicial se encuentra cerca de un equilibrio. Desde el punto de vista práctico, este punto es importante, ya que las perturbaciones que afectan a un sistema tienden a separarlo del equilibrio. Dentro del organigrama general de las diversas teorías de estabilidad, la de Lyapunov se engloba en aquella área que trata con las variables de estado del sistema y, por tanto, tiene que ver con la representación interna de los sistemas.

Diferentes autores (Hadley y Forbes, 2009; Miranda et al., 2010) emplearon el análisis de estabilidad a partir del teorema de Lyapunov.

La estabilidad de los sistemas dinámicos se refiere a que pequeñas perturbaciones en las condiciones iniciales, o en alguna de las variables que intervienen en la ecuación del movimiento, produzca un comportamiento suficientemente similar al comportamiento sin dichas perturbaciones. Para los sistemas deterministas descritos por ecuaciones diferenciales, la estabilidad del sistema de ecuaciones obviamente implica la estabilidad del sistema (Lyapunov, 1992).

Sin embargo, cuando un sistema diferencial no sea exponencialmente estable (no lo sean sus momentos o trayectorias), o no se pueda demostrar matemáticamente si lo es o no, resulta interesante plantear un análisis de su estabilidad con funciones de decaimiento más generales (García y Barreiro, 2016).

En el caso particular de los sistemas dinámicos no lineales, la matemática aportó distintos caminos y herramientas para poder estudiarlos; uno de ellos es el estudio cualitativo de las ecuaciones que representan el sistema. El estudio cualitativo de un sistema dinámico permite observar el comportamiento del mapa de fases asociado al sistema, así puede analizarse el comportamiento y la dirección de sus trayectorias a través del tiempo. Una de las herramientas que se usa para el estudio cualitativo de un sistema es el teorema de Hartman - Grobman, el cual nos permite comparar el mapa de fases de un sistema no lineal, con el mapa de fases de un sistema lineal asociado a esta, bajo ciertas condiciones (Olivares y Portada, 2011).

1.3 Simulación de la dinámica de poblaciones. Características generales

El término simulación ha sido interpretado por varios autores desde su formación y conocimiento. De acuerdo con Peláez y Mejía (2000), el uso moderno del término se remonta a 1940, cuando Von Neumann y Ulam introdujeron el término "Análisis de Monte Carlo" para aplicarlo a una técnica matemática que se usaba para resolver las ecuaciones de ciertos problemas de protección nuclear, que eran demasiado complejos para ser tratados analíticamente y demasiado costosos para ser resueltos en forma experimental.

Estos autores, sin embargo, lo definieron como la ejecución de un modelo matemático en el computador para obtener las respuestas de las ecuaciones y compararlas con los datos reales de sistemas biológicos y así corroborar la hipótesis o determinar los errores en la formulación del modelo.

Algunas de las principales ventajas de la simulación por computador son que estas técnicas permiten (Peláez y Mejía, 2000):

1. Pruebas claras y objetivas en los sistemas biológicos propuestos como objeto de estudio, aumentando la rapidez en el procesamiento de los datos y obteniendo respuestas útiles para la toma de decisiones en problemas del mundo real.
2. Repetir los experimentos varias veces, inclusive cambiando las condiciones intrínsecas y extrínsecas que afectan el sistema biológico en estudio; esto hace que la simulación sea una herramienta útil para el diseño y la evaluación de técnicas innovadoras.
3. Predecir el comportamiento de un sistema biológico real con una gran aproximación, lo cual los convierte en herramientas útiles en la docencia y la investigación.

Por otra parte, Herrera y Becerra (2014) definían simulación como una técnica numérica para la realización de experimentos en un computador digital, con ciertos tipos de modelos lógicos que describen el comportamiento de un sistema económico; esto con el fin de entender el comportamiento del sistema real o evaluar varias estrategias para la operación del sistema.

La meta es modelar el mundo real, reduciéndolo a una estructura más simple (modelo) mediante el uso de la computadora, que corresponde a una representación limitada de la realidad, atendiendo los propósitos claramente definidos para el estudio o la aplicación (Herrera y Becerra, 2014).

De los planteamientos anteriores se adoptó la siguiente definición de simulación: es una herramienta que permite representar, analizar y comprender un sistema o proceso en el mundo real valiéndose de la imitación del mismo en una computadora a través de un software, en el que se realizan pruebas o experimentos a distintos escenarios del sistema, con el fin de analizar los resultados obtenidos y obtener así conclusiones que sirvan como apoyo para la toma de decisiones en el sistema real (Herrera y Becerra, 2014).

Mucho se ha escrito sobre las etapas a seguir para realizar una simulación. Coss, (1993) propuso los siguientes pasos:

- **Definición del sistema:** para tener una definición exacta del sistema que se desea simular, es necesario hacer primeramente un análisis preliminar del mismo, con el fin de determinar la interacción de otros sistemas, las restricciones, las variables, etc.
- **Formulación del modelo:** una vez que estén definidos con exactitud los resultados que se esperan obtener del estudio, el siguiente paso es definir y construir el modelo con el cual se obtendrán los resultados deseados.
- **Colección de datos:** es posible que la facilidad de obtención de algunos datos o la dificultad de conseguir otros, pueda influenciar el desarrollo y la

formulación del modelo; por consiguiente, es muy importante que se definan con claridad y exactitud los datos que el modelo va a requerir para producir los resultados deseados.

- **Implementación del modelo en la computadora:** con el modelo definido, el siguiente paso es decidir si se utiliza algún lenguaje como Fortran, Basic, algol, etc., o algún paquete estadístico como SPSS o SAS para procesarlo en la computadora y obtener los resultados deseados.

- **Validación:** es una de las principales etapas de un estudio de simulación. A través de esta etapa es posible detallar deficiencias en la formulación del modelo o en los datos alimentados al modelo. Las formas más comunes de validar un modelo son:

1. La opinión de expertos.
2. La exactitud con que se predicen datos históricos.
3. La exactitud en la predicción del futuro.
4. La comprobación de falla del modelo al utilizar datos que hacen fallar al sistema real.
5. La aceptación y la confianza en el modelo de la persona que hará uso de los resultados que arroje el experimento de simulación.

- **Experimentación:** la experimentación con el modelo se realiza después que este ha sido validado. Consiste en generar los datos deseados y en realizar análisis de sensibilidad en los índices requeridos.

- **Interpretación:** en esta etapa se interpretan los resultados que arroja la simulación y sobre la base de esto se toma una decisión.

- **Documentación:** dos tipos de documentación son requeridos para hacer un mejor uso del modelo de simulación. La primera referida a la de tipo técnico, es decir, a la que el departamento de procesamiento de datos debe tener del modelo.

La segunda referida al manual de usuario, con el cual se facilita la interacción y el uso del modelo desarrollado, a través de una terminal de computadora.

1.4 Software empleados para la modelación y simulación

Para estos y muchos otros modelos existen hoy en día diversas y potentes herramientas informáticas, que permiten la simulación y ayudan en la toma de decisiones.

Entre los más usados en la última década se puede mencionar SPSS, SAS, MatLab, Statistica, R, entre otros. La mayoría de estos paquetes estadísticos tienen varias desventajas: por los software propietarios debe pagarse cuantiosas sumas para las licencias, los de libre acceso y las versiones gratis de los anteriores no son tan potentes o no tienen todas las herramientas necesarias para las operaciones y, por último, algunos de los software de acceso libre requieren un alto grado de conocimiento de programación por parte del usuario, lo que también dificulta su uso.

SPSS: Statistical Package for The Social Sciences o Paquete Estadístico para las Ciencias Sociales se desarrolló en la Universidad de Chicago, es considerado de los más potentes, pero sus licencias cuestan en el orden de los miles de euros. Es un paquete estadístico, de uso general, que integra procedimientos estadísticos y gráficos interactivos de alta resolución, de tal manera que sirve de apoyo al análisis de datos.

Es útil entre otros aspectos para realizar análisis exploratorio desde el punto de vista gráfico; de igual manera se utiliza para realizar análisis estadístico simple y/o avanzado. El programa sirve para profundizar en temas como: Métodos Cuantitativos, Métodos de Investigación, Segmentación de Mercados, Finanzas, Inferencia Estadística, Análisis Multivariado, Pronósticos con series de Tiempo,

Métodos Multivariados y otros más (Gómez, 2014), de manera que la simulación de procesos no incluye la modelación con ecuaciones diferenciales.

SAS: Statistical Analysis System o Sistema para Análisis Estadístico, al igual que SPSS, es considerado uno de los más potentes por todas las características y herramientas que posee, también rondan los miles de euros las licencias de este paquete. Comprende amplias posibilidades de procedimientos estadísticos (métodos multivariados, regresión múltiple con posibilidades diagnósticas, análisis de supervivencia con riesgos proporcionales y regresión logística), permite cálculos exactos para tablas $r \times c$ y contiene potentes posibilidades gráficas. Todos los procedimientos pueden emplearse de una sola ejecución.

SAS ofrece la mayor flexibilidad para personalizar el manejo y análisis de datos; sin embargo, su principal inconveniente es que no resulta fácil aprender a usarlo (Gómez, 2014). Para simular modelos dinámicos es necesario programar los algoritmos en lenguaje SAS, solo conocido entre los especialistas matemáticos con entrenamiento en el uso de este sistema.

STATISTICA: es un paquete estadístico usado en investigación, minería de datos y en el ámbito empresarial. Lo creó StatSoft, empresa que lo desarrolla y mantiene. El programa consta de varios módulos. El principal de ellos es el Base, que implementa las técnicas estadísticas más comunes. El paquete puede ser extendido a través de una interfaz con el lenguaje R. Además, se pueden modificar y añadir nuevas librerías usando el lenguaje .NET (Gómez, 2014).

MATLAB: es un entorno de computación y desarrollo de aplicaciones totalmente integrado, orientado para llevar a cabo proyectos en los que se encuentren implicados elevados cálculos matemáticos y la visualización gráfica de los mismos. MATLAB integra análisis numérico, cálculo matricial, proceso de señal y visualización gráfica en un entorno completo donde los problemas y sus soluciones son expresados del mismo modo en que se escribirían tradicionalmente, sin necesidad de hacer uso de la programación tradicional. Está

dirigido a ingenieros y científicos; requiere que el operador adquiriera conocimientos en su lenguaje de programación (Gómez, 2014).

R: Es un lenguaje y entorno de programación para análisis estadístico y gráfico. Se trata de un proyecto de software libre, es actualmente, uno de los lenguajes más utilizados en investigación por la comunidad estadística, siendo además muy popular en el campo de la investigación biomédica, la bioinformática y las matemáticas financieras. Fue desarrollado inicialmente por Robert Gentleman y Ross Ihaka del Departamento de Estadística de la Universidad de Auckland en 1993. Su desarrollo actual es responsabilidad del R Development Core Team (Gómez, 2014). El mayor inconveniente está en el hecho de funcionar mediante comandos, lo que para algunos usuarios puede resultar engorroso. Esta dificultad se ha resuelto para los estadísticos con el uso de Rstudio y R commander, para otros usuarios continua siendo imprescindible contar con aplicaciones desarrolladas en Shiny.

1.5 Experiencia de Cuba en la modelación y simulación

Dada la experiencia alcanzada por los investigadores cubanos en la simulación (Hernández *et al.*, 2016) y modelación (Ruiz *et al.*, 2012) de la dinámica de poblaciones, son varios los resultados en esta materia; vale destacar entre ellos el empleo de modelos, como el de competencia interespecífica de Lotka-Volterra (1925), que permite estimar si dos poblaciones presa pueden o no coexistir en un mismo ecosistema, lo cual ha sido muy válido para identificar estrategias de manejo combinadas (Suris *et al.*, 2013) o realizar el estudio de diferencias en la abundancia de plagas en cultivos de interés económico (Díaz *et al.*, 2012). También, siguen siendo de gran utilidad práctica los modelos no lineales para estimar parámetros epidemiológicos (Sebrango *et al.*, 2017).

Además, se evidencian los avances en la modelación de interacciones hospedante-parasitoide (Baños *et al.*, 2013); estos modelos logran simular con mayor exactitud el crecimiento de ambas poblaciones, al incluir las tasas intrínsecas de incremento en condiciones de campo, mediante el empleo de métodos de regresión paramétrica y no paramétrica (Menéndez *et al.*, 2017).

Cabe destacar los resultados en la modelación de interacciones tri-tróficas cultivo-plaga-agente de control biológico (Miranda *et al.*, 2016), que constituyen los modelos más usados para la simulación de dinámica de poblaciones.

A pesar de los logros alcanzados en materia de simulación y modelación matemática, y que los diferentes modelos existentes permiten, entre otras funcionalidades, simular la dinámica de poblaciones y elaborar otros modelos, estudiando variación en los parámetros en correspondencia con los cambios en el ecosistema o agregando nuevas variables, todavía es insuficiente el estudio de las bondades que brindan estos modelos, así como trabajos que incluyan la implementación del software que simule el modelo propuesto y que sean soporte bibliográfico para futuras investigaciones.

En este sentido, el apoyo que pudieran suponer los paquetes estadísticos convencionales se reduce, ya que la mayoría son privativos o su complejidad en lenguaje de programación dificulta la utilización de los mismos, lo que los convierte en una solución poco recomendable. Además, los manuales esbozan los algoritmos matemáticos sin una visión clara de cómo emplearlos, y al usuario no matemático se le hace compleja la simulación de un modelo.

Por lo tanto, una medida sería desarrollar software libre que permitan el completo desenvolvimiento de las bondades de los modelos y que no supongan un problema a la hora de su divulgación y puesta en práctica.

CAPÍTULO II. MATERIALES Y MÉTODOS

2.1 Métodos de la Investigación

Entre los **métodos** de trabajo científico utilizados se destacan los siguientes:

- **Análisis-síntesis**, para el estudio de las fuentes bibliográficas existentes referente al tema, identificando los elementos más importantes y necesarios para dar solución al problema planteado.
- **Inductivo-deductivo**, para el estudio de las principales iniciativas del modelo a desarrollar en la presente investigación, y los modelos existentes utilizados en la simulación de la dinámica de poblaciones, con el fin de lograr una comparación entre ellos.
- **Histórico-lógico**, con el fin de realizar un estudio de cómo han evolucionado los modelos de ecuaciones diferenciales y las tendencias actuales.
- **Modelación**, para la representación explícita de la solución propuesta a través de la modelación de los procesos de revisión y de interoperabilidad, así como las ideas y referentes teóricos extraídos de las fuentes bibliográficas consultadas.
- **Sistémico estructural**, para modelar la arquitectura del modelo y establecer la relación entre los componentes identificados.
- **Análisis documental**, en la consulta de la literatura especializada en las temáticas afines a la investigación.

- **Cuasi experimento**, con el objetivo de validar la propuesta en base a un caso práctico, en el Centro Nacional de Sanidad Agropecuaria, en la provincia Mayabeque.
- **Grupo focal**, con el fin de que especialistas en la temática que se aborda en la investigación aporten ideas innovadoras, siempre con el objetivo de lograr una propuesta lo más acertada posible; además, para la validación de la propuesta como un método cualitativo a tener en cuenta en la triangulación metodológica.
- **Técnica de ladov**, para el estudio de la satisfacción de los usuarios con el modelo desarrollado.

Los métodos científicos que se presentan en la investigación posibilitan la triangulación metodológica, con el objetivo de confirmar de forma simultánea los resultados obtenidos en el **grupo focal**, **cuasi experimento** y la **técnica de ladov**.

2.2 Modelación de la interacción planta- *Meloidogyne incognita* -*Trichoderma asperellum*

Se parte del modelo teórico (Figura 1) elaborado por (Miranda *et al.*, 2016), donde se describe el ciclo del nematodo en presencia del hongo mediante ecuaciones diferenciales. Los huevos del nematodo (H) luego de eclosionar, pasan a un estado denominado juveniles infectivos (J) y luego a la fase adulta (A) cuando las hembras adultas depositan los huevos en las ootecas (O); este ciclo se repite con varias generaciones en dependencia del cultivo. Tanto los juveniles como los adultos infectan la raíz formando agallas que dificultan el desarrollo de la planta. *Trichoderma* (T) parasita tanto huevos como juveniles del nematodo (Hernández-Ochandía *et al.*, 2014).

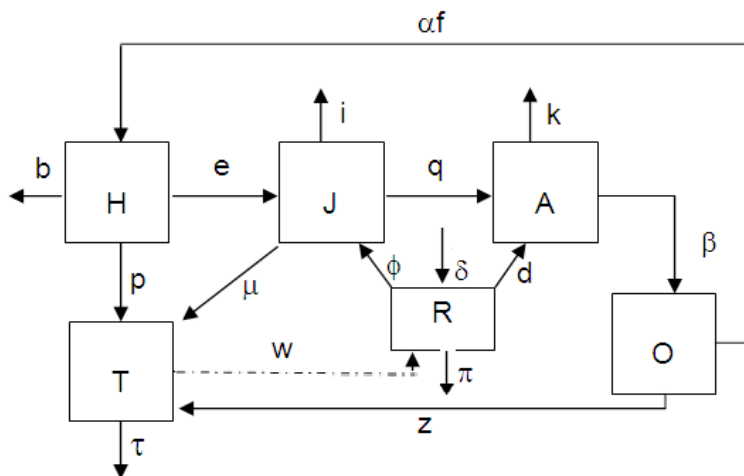


FIGURA 1. Relación teórica estructural de *M. incognita* con *T. asperellum*.

Este ciclo fue descrito por un modelo de ecuaciones diferenciales

$$\frac{dH}{dt} = \alpha f A O - (e + b)H - pHT$$

$$\frac{dJ}{dt} = eH - (i + q)J - \mu J T + \phi R T$$

$$\frac{dA}{dt} = qJ + dRT - kA$$

$$\frac{dO}{dt} = \beta AR - zOT$$

$$\frac{dR}{dt} = \delta R(1 - \pi R) - \phi J R - dAR + wRT$$

$$\frac{dT}{dt} = pHT + \mu J T + zOT - \tau T$$

El significado biológico de las variables y los parámetros del modelo se describe en la Tabla 1.

Tabla 1. Parametrización del modelo que describe la relación teórica estructural de *M. incognita* con *T. asperellum* en la raíz.

Variables	Definición biológica	Dimensión
H	Huevos del nematodo	cc suelo-1
J	Juveniles (J2)	cc suelo-1
A	Nematodos en estado sedentario (pre-adultos y hembras fértiles)	cc suelo-1
O	Ootecas	
R	Raíz	mg.cc suelo-1
T	Propágulo infectivo del hongo	cc suelo-1

Parámetros	Definición biológica	Dimensión
β	Mortalidad natural de huevos	%
e	Tasa de eclosión	%
i	Tasa de mortalidad de J2	%
q	J2 que se convertirán en adultos	cc suelo-1
k	Tasa de mortalidad de hembras	%
α	Tasa de reproducción	%
f	Porcentaje de fertilidad	%
p	Parasitismo de huevo	%
τ	Mortalidad natural del hongo	%
μ	Parasitismo de J2	%
w	Contribución de Trichoderma a la raíz	%
z	Parasitismo de ootecas del nematodo	%
ϕ	Pérdida de raíz por acción de J2	%
d	Pérdida de raíz por acción de hembras	mg.cc suelo-1

β	Incremento promedio de ootecas del nematodo	
δ	Tasa de crecimiento natural de la planta	%
π	Constante de denso-dependencia planta-ambiente	

Atendiendo a la imposibilidad de calcular algunos parámetros de manera experimental y a que solo se necesita evaluar el efecto del hongo sobre el decrecimiento de la población total, se simplificó el modelo aunando en una sola variable la población total del nematodo. Se describió y parametrizó el nuevo modelo obtenido, ofreciendo una caracterización biológica de cada parámetro.

Posteriormente, se adecuó el modelo SIR, que comúnmente se emplea en los estudios de epidemiología para evaluar la dinámica de una enfermedad, siguiendo el movimiento de los individuos de un estado a otro, cuando se le aplica una vacuna o medicamento (Bravo-Duarte *et al.*, 2018). En el caso del presente estudio, el modelo refleja que en un campo con alto índice de agallamiento por infestación con nematodo al aplicar un agente de control biológico la infestación disminuye.

En la adecuación del modelo para ser empleado en la sanidad vegetal se tomaron como susceptibles plantas o unidades muestreadas completamente sanas (sin índice de infección o síntomas), infestadas aquellas unidades muestrales con infección por encima del umbral económico; en caso de desconocer este valor se toma con grado por encima del grado medio y recuperadas serán aquellas plantas o unidades muestrales que luego de un tratamiento disminuyen significativamente el grado de infestación.

2.3 Análisis de las condiciones de estabilidad de los puntos de equilibrio

Para el estudio de estabilidad de los puntos de equilibrio se empleó el Teorema de Hartman-Grobman (Estrella *et al.*, 2010) que define que si la matriz Jacobiana del sistema, evaluada en el punto de equilibrio P, no tiene valores propios con parte real nula entonces P es asintóticamente estable y si todos los valores propios tienen parte real negativa P es estable y el método de Lyapunov (ARRAUT, 1972) ,que puntualiza que si todos los valores característicos de la matriz tienen parte real negativa, entonces el origen 0, es una posición de reposo asintóticamente estable y en particular estable. Se evaluaron los puntos de equilibrio con sentido biológico. Para la solución algebraica se empleó el SageMath 8.0.

Atendiendo a este procedimiento, el sistema cultivo (X) – nematodo (Y) – *Trichoderma* (Z) quedó representado por un sistema de tres ecuaciones diferenciales:

$$\dot{X} = F(X, Y, Z)$$

$$\dot{Y} = G(X, Y, Z)$$

$$\dot{Z} = H(X, Y, Z)$$

Se construyó la matriz jacobiana:

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial F}{\partial X} & \frac{\partial F}{\partial Y} & \frac{\partial F}{\partial Z} \\ \frac{\partial G}{\partial X} & \frac{\partial G}{\partial Y} & \frac{\partial G}{\partial Z} \\ \frac{\partial H}{\partial X} & \frac{\partial H}{\partial Y} & \frac{\partial H}{\partial Z} \end{bmatrix}$$

Se evaluó J en los puntos de equilibrio de interés biológico y se calcularon sus valores propios según $\det (J-\lambda I)=0$ siendo I la matriz identidad; se describió algebraicamente la existencia o no de parte real negativa de estos valores propios.

Para el modelo SIR también se evaluaron las condiciones de equilibrio siguiendo la metodología descrita.

2.4 Tecnologías informáticas utilizadas en la investigación

Las herramientas y tecnologías informáticas que se utilizaron en el desarrollo de la investigación, fueron las siguientes:

R v3.0.5 como lenguaje de programación utilizado. R es un lenguaje y entorno de programación para análisis estadístico y gráfico. Se trata de un proyecto de software libre, resultado de la implementación GNU del premiado lenguaje S.

R y S-Plus -versión comercial de S-. Ambos son, probablemente, los dos lenguajes más utilizados en investigación por la comunidad estadística y, además, muy populares en el campo de la investigación biomédica, la bioinformática y las matemáticas financieras. Este programa se distribuye bajo la licencia GNU GPL y está disponible para los sistemas operativos Windows, Macintosh, Unix y GNU/Linux.

RStudio v1.1.447 como IDE de desarrollo para R. RStudio es más que simplemente una interface. Es de hecho un ambiente integrado de desarrollo IDE (por sus siglas en inglés), pensado conscientemente para anticiparse a las necesidades de los usuarios de R que quieran expandirse más allá del simple hecho de usar R para sus investigaciones (Racine, 2012).

Un entorno de desarrollo integrado (IDE) es una aplicación de software que proporciona instalaciones integrales a los programadores de computadoras para el desarrollo de software. IDE normalmente consiste en un editor de código fuente, herramientas de automatización de compilación y un depurador. La mayoría de los IDE modernos tienen código inteligente para completar.

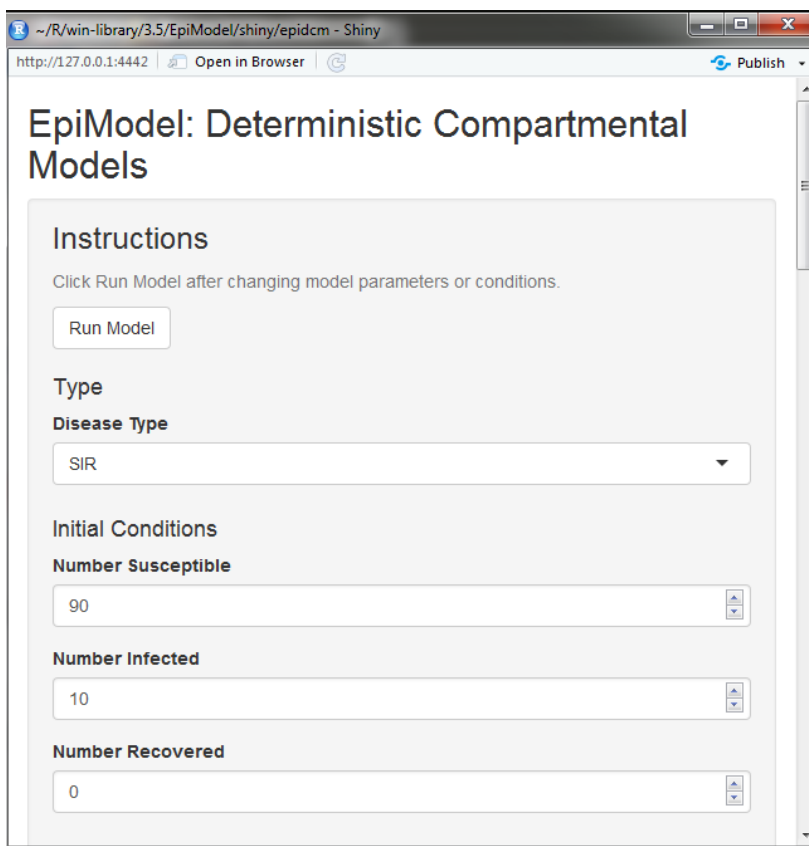
El objetivo principal de un IDE es mejorar la productividad del desarrollador mediante la integración perfecta de herramientas para tareas como edición, administración de archivos y ejecución (Kerrigan *et al.*, 2007).

Shiny se empleó para el desarrollo de la interfaz de usuario. Es un paquete de R que facilita la creación de aplicaciones web interactivas directamente desde R. Puede alojar aplicaciones independientes en una página web o incrustarlas en documentos R o crear paneles de control. También puede ampliar sus aplicaciones Shiny con temas CSS, widgets HTML y acciones de JavaScript. (Wojciechowski *et al.*, 2015).

SageMath 8 se empleó para obtener la solución algebraica del modelo. Es un software gratuito de código abierto para matemáticas con licencia GPL. Combina la potencia de muchos paquetes de código abierto existentes en una interfaz común basada en Python (Botana *et al.*, 2011).

EpiModel 1.7.2 se empleó para simular el modelo SIR. Es una herramienta para simular modelos matemáticos de dinámica de enfermedades infecciosas (Figura 2). Las clases de modelos epidémicos incluyen modelos compartimentados deterministas, modelos estocásticos de contacto individual y modelos de red estocásticos. Los modelos de red utilizan los métodos estadísticos robustos de los modelos de gráficos aleatorios de familias exponenciales (ERGM) del conjunto de paquetes de software Statnet en R. Las plantillas estándar para el modelado de epidemias incluyen los tipos de enfermedad SI, SIR y SIS.

EpiModel cuenta con una API para extender estas plantillas para abordar nuevos objetivos de investigación científica (Jenness *et al.*, 2018). Este paquete proporciona herramientas para construir, simular y analizar modelos matemáticos para la dinámica poblacional de la transmisión de enfermedades infecciosas en R. Varias clases de modelos son incluidos, pero la contribución única de este paquete de software es un marco estocástico general para modelar la propagación de epidemias en redes. EpiModel integra avances recientes en métodos estadísticos para el análisis en redes (modelos de gráficos aleatorios exponenciales temporales) que permiten que el modelo epidémico se base en datos empíricos sobre contactos que pueden diseminar infecciones (Jenness *et al.*, 2018).



The screenshot shows a web browser window displaying the EpiModel Shiny application. The title bar indicates the file path: `~/R/win-library/3.5/EpiModel/shiny/epidcm - Shiny`. The browser address bar shows `http://127.0.0.1:4442` with buttons for "Open in Browser" and "Publish". The main heading is "EpiModel: Deterministic Compartmental Models". Below this, there is an "Instructions" section with the text "Click Run Model after changing model parameters or conditions." and a "Run Model" button. The "Type" section includes a "Disease Type" dropdown menu currently set to "SIR". The "Initial Conditions" section contains three input fields: "Number Susceptible" (90), "Number Infected" (10), and "Number Recovered" (0). Each input field has a small up/down arrow button on its right side.

Figura 2. Entra de datos en el EpiModel.

2.5 Simulación del modelo *Meloidogyne incognita* –*Trichoderma asperellum*

Los valores de los parámetros que intervienen en el modelo se obtuvieron experimentalmente; por la importancia de estos estudios biológicos se hace una breve descripción de los mismos:

El estudio se desarrolló en las instalaciones de la Dirección de Sanidad Vegetal, perteneciente al Centro Nacional de Sanidad Agropecuaria (CENSA), ubicado en el municipio San José de las Lajas, provincia Mayabeque, Cuba (230 longitud norte y 820 de longitud oeste), en el periodo comprendido entre el 22 de febrero y el 30 de marzo de 2015. Las temperaturas en el periodo se midieron con hidrotérmetro digital Loger TESTO® y oscilaron entre 21-25°C.

El experimento se desarrolló en condiciones semicontroladas (aisladores biológicos) y se utilizaron macetas de 500 g de capacidad, donde se colocó una mezcla de suelo y abono orgánico de origen animal (3:1), previamente esterilizada (dos horas a 121°C) en autoclave.

Se utilizó garbanzo como cultivo (*C. arietinum*, cultivar Nacional 29) hospedante de *M. incognita* según Rodríguez *et al.*, (2007) y las semillas procedían del Departamento de Genética del Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas (INCA). Antes de proceder a su siembra, se realizó la evaluación y se comprobó su alto porcentaje de germinación (98%).

Como inóculo de nematodos se utilizó una suspensión de huevos y juveniles de segundo estadio (J2) de *M. incognita* raza 2, obtenida a partir de una población mantenida en los aisladores biológicos del CENSA, utilizando como hospedante tomate (*Solanum lycopersicum* L. cv. Campbell-28). Para obtener la suspensión de nematodos se utilizó la técnica de Hussey y Barker (1973) y la suspensión se aplicó a razón de 0,9 J2 por gramo de suelo-1 en cada maceta, una vez que se colocó el sustrato estéril en las macetas.

El agente de control biológico que se utilizó fue la cepa T.90 de *Trichoderma asperellum* Samuels, identificada por métodos tradicionales y moleculares (Infante *et al.*, 2009) y seleccionada para este estudio por los resultados positivos obtenidos por Hernández-Ochandía (2014) con relación al efecto de la misma sobre las plantas y poblaciones de *M. incognita*.

Para obtener el inóculo fungoso, se sembraron discos de 5 mm de diámetro (Ø) de la cepa en el centro de placas de 90 mm (Ø) que contenían medio de cultivo Agar Malta (AM, Biocen) y se incubaron a 30°C y oscuridad por 72 h. Se le adicionaron 20 ml de agua estéril y se colectaron las esporas. Se determinó la concentración y se ajustó a 10^7 UFC/ml de *T. asperellum*.

A las 24 horas de haberse inoculado el sustrato con nematodos e incorporado los materiales vegetales, se aplicó 10^7 UFC/ml de *T. asperellum* en cada maceta que lo requería. A los siete días de inocular *T. asperellum*, se sembró una semilla de garbanzo (*C. arietinum*) por maceta y quedó establecido el experimento.

Se utilizó un diseño completamente aleatorizado con cinco macetas (réplicas) por cada tratamiento:

Tratamiento 1: Plantas Testigo de garbanzo sin inocular (sanas)

Tratamiento 2: Plantas de garbanzo inoculadas con nematodos

Tratamiento 3: Plantas de garbanzo con nematodos + *T. asperellum* (10^7 UFC/ml)

Tratamiento 4: Plantas de garbanzo con *T. asperellum* (10^7 UFC/ml)

Las plantas se mantuvieron 35 días en los aisladores (Figura 3), recibieron riego en días alternos y se revisó semanalmente su estado sanitario, de modo que si aparecían plagas se tomaban las medidas pertinentes.



Figura 3. Vista general del experimento, señalando con identificadores plásticos los distintos tratamientos.

Al término del periodo se extrajeron las plantas y se tomaron muestras de suelo, trasladando todo el material al laboratorio de Nematología del CENSA para la evaluación (Tabla 2).

Tabla 2. Variables y parámetros obtenidos en el experimento

Símbolo	Definición biológica	Dimensión
N	Huevos+J2 Nivel de inóculo inicial del nematodo en el Tratamiento 3	cc suelo ⁻¹
R	Raíz Promedio de Masa seca de raíz inicial en el Tratamiento 1	mg.cc suelo ⁻¹
T	Propágulo infectivo del hongo Nivel de inóculo inicial de <i>T. asperellum</i> en el tratamiento 3	cc suelo ⁻¹
μ_1	Porcentaje de parasitismo Población final del nematodo/inóculo inicial en el Tratamiento 3	%
α	Tasa de reproducción En el Tratamiento 2 se calculó la población nematodo promedio/inocuo inicial	%

f	Por ciento de eclosión de huevos fértiles. Se dejan los huevos del Tratamiento 2 hasta que eclosionen	%
τ	Mortalidad natural del hongo en el Tratamiento 2 $UFCs\ final/UFCs\ inicial$.	%
μ_2	Incremento de <i>Trichoderma</i> por contacto con el nematodo Número de descendientes del hospedante producido por contacto con el hospedante En el Tratamiento 3 se calcula UFCs promedio para un nivel poblacional J2, por regla de 3 se calcula las UFCs que refieren para un J2.	%
w	Contribución de <i>Trichoderma</i> a la raíz. Masa seca de la raíz final en el tratamiento 4/Masa seca inicial	%
z	Incremento natural de <i>Trichoderma</i> en el Tratamiento 4 $UFCs\ final/UFCs\ inicial$	%
d	Pérdida de raíz por acción del nematodo en el Tratamiento 2 masa seca de la raíz final-inicial	mg.cc suelo ⁻¹
δ	Tasa de crecimiento natural de la planta. En el Tratamiento 1 Masa fresca de raíz final/ Masa fresca de raíz inicial	%
π	Constante de denso-dependencia planta-ambiente En el Tratamiento 1 se midió diariamente la altura promedio de las plantas y se elaboró un modelo de crecimiento logístico para determinar la tasa intrínseca de crecimiento $Y = \frac{K}{1 - be^{-\pi t}}$	-

La simulación del sistema de ecuaciones diferenciales fue implementada en R 3.0.5 (Gómez, 2014) , con el IDE de desarrollo RStudio 1.1.447 (Racine, 2012) y la librería para desarrollar interfaz de usuario Shiny (Wojciechowski *et al.*, 2015). En la solución numérica del sistema se empleó el método de Euler (Buzzo, 2007).

Se evaluó la simulación numérica del modelo SIR simulando un monitoreo de suelo de 100 puntos en una hectárea tratada con *Trichoderma*. Se tomó como Susceptibles el total de puntos con grado 0, Infestadas aquellos puntos con grado superior a 2 y Recuperadas aquellos donde el índice de agallamiento es bajo (grado de infestación inferior o igual a 2) (Bravo-Duarte *et al.*, 2018)

CAPÍTULO III. RESULTADOS y DISCUSIÓN.

3.1 Métodos de la Investigación

En los diferentes epígrafes de este capítulo se expondrán los aspectos que resultaron del análisis conceptual de los referentes teóricos y la utilidad práctica de las tecnologías empleadas para la implementación del software.

Se hace especial énfasis en la caracterización del modelo planta – plaga – agente de control biológico, el estudio de estabilidad de los puntos de equilibrio, la simulación del proceso y la interpretación práctica de los resultados conducentes a la toma de decisiones.

3.2 Modelación de la interacción planta -*Meloidogyne incognita* -*Trichoderma asperellum*

Como resultado del sistema descrito por Miranda *et al.*, (2016), se obtuvo el modelo simplificado (Figura 4) al unificar en una variable toda la población del nematodo (Huevos + Juveniles + Adultos), atendiendo a que *Trichoderma* parasita los huevos y juveniles del nematodo; el resultado se ve en la población final. El modelo describe que los nematodos agalleros (N) se alimentan de la raíz (R) al infectarla y provocan una pérdida (d) en la masa fresca Cuadra *et al.*, (2013). Este proceso hace que el nematodo se reproduzca y produzca alrededor de 200 huevos por hembra (α) (Hernández-Ochandía *et al.*, 2012) con un porcentaje (f) de eclosión. Al ser parasitado el nematodo por el hongo (T), la densidad del nematodo disminuye (μ_1) y se produce un incremento en la densidad del hongo (μ_2). El hongo presenta también un incremento natural (z), debido a las condiciones favorables del medio que pueden verse afectada y provocar una mortalidad natural (τ) por cambios en los nutrientes del suelo o por causas ambientales.

Por su parte, la planta tiene un crecimiento logístico, puesto que no crece indeterminadamente sino que presenta un crecimiento natural (δ), frenado por una tasa de denso-dependencia (π) y favorecido por la acción endófito del hongo (w) (Leon *et al.*, 2018)

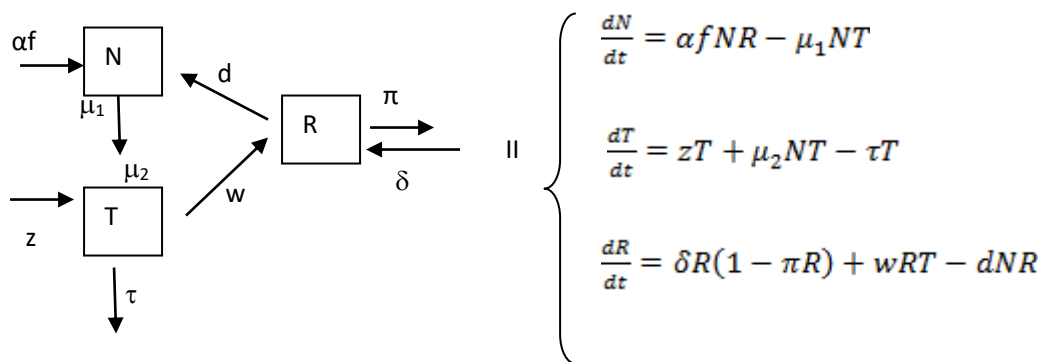


Figura 4. Modelo simplificado que representa la interacción *Meloidogyne incognita* -*Trichoderma asperellum* en la raíz.

En la Tabla 3 se muestran los parámetros y variables que se incluyen en el modelo:

Tabla 3. Parametrización del modelo simplificado que describe la relación teórica estructural de *M. incognita* con *T. asperellum* en la raíz.

Símbolo	Definición biológica	Dimensión	Valor
N	Huevos+J2 del nematodo	cc suelo ⁻¹	64
R	Raíz	mg.cc suelo ⁻¹	100
T	Propágulo infectivo del hongo	cc suelo ⁻¹	5x10 ⁷
μ ₁	Porcentaje de Parasitismo	%	0.008
α	Tasa de reproducción	%	200
f	Por ciento de eclosión de huevos fértiles	%	4.95x10 ⁻⁴
τ	Mortalidad natural del hongo	%	0.5
μ ₂	Incremento de <i>Trichoderma</i> por contacto con el nematodo	%	0.002
w	Contribución de <i>Trichoderma</i> a la raíz	%	1x10 ⁻⁵
z	Incremento natural de <i>Trichoderma</i>	%	1x10 ⁻⁴
d	Pérdida de raíz por acción del nematodo	mg.cc suelo ⁻¹	1x10 ⁻⁴
δ	Tasa de crecimiento natural de la planta	%	0.05
π	Constante de denso-dependencia planta-ambiente	-	0.01

El modelo obtenido puede ser generalizado a otras poblaciones si se tiene un sistema planta – plaga –agente de control, se podrán simular los cambios en las densidades de cada población con solo cambiar el valor de las condiciones iniciales y de los parámetros en estudio.

Por otra parte, si se está en presencia de un agente de control que no incluya en el crecimiento de las plantas el parámetro contribución del ACB a la planta, w toma el valor 0 y el modelo puede ser igualmente empleado.

Para la simulación de los estados de focos infestados en la raíz, como se mencionó en Materiales y Métodos, se adecuó el modelo SIR clásico, esta adaptación sirvió para representar el caso estudio interacción Plaga – ACB.

En su forma más sencilla, el modelo SIR se expresa como un sistema de ecuaciones diferenciales (Wang y Wang, 2016; Bravo-Duarte *et al.*, 2018):

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} &= +\beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I\end{aligned}$$

Donde

- Población susceptible (S), individuos sin inmunidad al agente infeccioso y que, por tanto, puede ser infectada si se expone al agente infeccioso. En este caso, los puntos del campo que no tienen presencia de la plaga y que pueden ser infectados si son expuestos a esta.

- Población infectada (I), individuos que están infectados en un momento dado y pueden transmitir la infección a individuos de la población susceptible con la que entran en contacto. Para este caso, puntos del campo con alto grado de infestación que continúan afectando el crecimiento del cultivo.
- Población recuperada (R), individuos que son inmunes a la infección, y consecuentemente no afectan a la transmisión cuando entran en contacto con otros individuos. Se traduce en puntos del campo donde el grado de infestación es bajo por el efecto del ACB.

β Tasa de transmisión, está relacionada con la reproducción de la plaga αf , en el modelo II

γ Tasa de recuperación, vinculada a los parámetros de incremento de la población del ACB.

3.3 Análisis de las condiciones de estabilidad de los puntos de equilibrio

Evaluar los puntos de equilibrio de un sistema implica analizar los estados fijos, desde el punto de vista biológico hacemos una valoración de cuál deberá ser el comportamiento de los parámetros para que los pequeños cambios no impliquen una variación o inestabilidad. En el caso que nos ocupa, se analizaron los puntos donde hay una nulidad de uno o dos de las poblaciones, ya sea el nematodo, el hongo o la masa de raíz.

Según el vector (N, T, R) la matriz Jacobiana del sistema II es:

$$A = \begin{bmatrix} \alpha f R - \mu_1 T & -\mu_1 N & \alpha f N \\ \mu_2 T & z + \mu_2 N - \tau & 0 \\ -dR & wR & \delta - 2\pi\delta R + wT - dN \end{bmatrix}$$

Evaluando en el punto P1: (0, 0, R) ausencia de nematodo y *Trichoderma* se obtiene:

$$A = \begin{bmatrix} \alpha f R & 0 & 0 \\ 0 & z - \tau & 0 \\ -dR & wR & \delta - 2\pi\delta R \end{bmatrix}$$

Al calcular $\det(A - \lambda I)$ se obtuvo la factorización:

$$(z - \lambda - \tau)(2\delta\pi R - \delta + \lambda)(\lambda - f\alpha R)$$

Cuyas soluciones son:

$\lambda_1 = z - \tau$ es menor que 0 cuando $z < \tau$ El incremento natural del hongo debe ser mayor que su mortalidad natural

$\lambda_2 = \delta \cdot (1 - 2 \cdot R \cdot \pi)$ es menor que 0 cuando $R > 1/2 \pi$ La masa seca de la raíz debe ser mayor al inverso del duplo de la constante de denso-dependencia. El crecimiento de la planta una vez que es afectado por el nematodo no debe verse influenciado por cambios ambientales que impidan su desarrollo.

$\lambda_3 = f \cdot \alpha \cdot R$ nunca es menor que 0

Por consiguiente, el punto (0, 0, R) es inestable puesto que si el nematodo está presente se reproduce con una tasa de crecimiento $f \cdot \alpha > 0$ y en su ausencia $f \cdot \alpha = 0$. Lo que indica que al *M. incognita* infectar las raíces del cultivo el punto (0, 0, R) cambia su estado.

Evaluando en el punto P2: (0, T, R) ausencia de nematodo se obtiene:

$$A = \begin{bmatrix} \alpha f R - \mu_1 T & 0 & 0 \\ \mu_2 T & z - \tau & 0 \\ -dR & wR & \delta - 2\pi\delta R + wT \end{bmatrix}$$

El polinomio característico sería:

$$(z - \lambda - \tau)(2\delta\pi R - wT - \delta + \lambda)(\lambda - f\alpha R + \mu_1 T)$$

$\lambda_1 = z - \tau$ es similar al valor propio del punto de equilibrio P1, que es menor que 0 cuando $z < \tau$. El incremento natural del hongo debe ser mayor que su mortalidad natural

$\lambda_2 = wT + \delta - 2\delta\pi R$ El crecimiento natural de la planta debe exceder la contribución de *Trichoderma* al cultivo, lo cual generalmente ocurre hasta que la planta completa su ciclo. No obstante, la acción de algunos hongos como estimulante del crecimiento de los cultivos, es un aspecto novedoso que ha sido incorporado por primera vez en un modelo de simulación de la dinámica de poblaciones.

$\lambda_3 = f\alpha R - \mu_1 T$ Para que este valor sea negativo T debe ser mayor a $(f\alpha/\mu_1)R$, traducido en que el hongo debe ser capaz de multiplicarse de forma tal que contrarreste la acción del nematodo en la raíz, una vez que este aparezca.

Según el análisis, el punto P2: (0, T, R) es estable siempre que el nematodo no esté presente, el hongo es capaz de vivir en el suelo durante varios días y alimentarse de otros microorganismos (Nalimova, 2007; Reséndiz, 2009, Martínez *et al.*, 2013; Calero *et al.*, 2017).

Evaluando en el punto P3: (N, 0, 0) solamente nematodo, se obtiene:

$$A = \begin{bmatrix} 0 & -\mu_1 N & \alpha f N \\ 0 & z + \mu_2 N - \tau & 0 \\ 0 & 0 & \delta - dN \end{bmatrix}$$

El polinomio característico sería:

$$\lambda(z + kN - \lambda - \tau)(dN - \delta + \lambda)$$

Existe un valor propio nulo, lo que indica que el punto de equilibrio es inestable. *M. incognita* no puede vivir en ausencia de la planta.

Evaluando en el punto P4: (N, 0, R) ausencia de *trichoderma*, se obtiene:

$$A = \begin{bmatrix} \alpha f R & -\mu_1 N & \alpha f N \\ 0 & z + \mu_2 N - \tau & 0 \\ -d R & w R & \delta - 2\pi \delta R - d N \end{bmatrix}$$

El polinomio característico sería:

$$(z + \mu_2 N - \tau - \lambda)(d \lambda N - (2\delta \pi R - \delta + \lambda)(\alpha f R - \lambda))$$

Con raíces complejas, indicando que cuando el nematodo infecta las raíces, la planta muere si no hay una medida de control (Velásquez y Reveles, 2015).

3.3.1 Estabilidad del modelo SIR

La matriz jacobiana del sistema sería:

$$\begin{bmatrix} -\beta I & -\beta S & 0 \\ \beta I & \beta S - \gamma & 0 \\ 0 & \gamma & 0 \end{bmatrix}$$

El punto de equilibrio de principal interés sería el (S, 0, R) ausencia de puntos en el campo con grado de infestación elevado.

Evaluando en la matriz queda

$$\begin{bmatrix} 0 & -\beta S & 0 \\ 0 & \beta S - \gamma & 0 \\ 0 & \gamma & 0 \end{bmatrix}$$

Cuyo polinomio característico es: $\lambda^2(\beta S - \gamma - \lambda)$ tiene dos raíces nulas que indican inestabilidad del punto toda vez que aparezca algún nivel de infestación superior a 2 el punto pierde su equilibrio.

La otra raíz sería $\lambda = \beta S - \gamma$ que es negativa cuando $S < \gamma/\beta$ indicando que γ/β debe ser superior a 1 o lo que es lo mismo para mantener el equilibrio, la tasa de recuperación debe superar a la tasa de transmisión, en caso contrario el cultivo se infesta y por consiguiente los puntos (S, 0, R) no aparecen en el sistema.

La estabilidad para el modelo SIR y sus adecuaciones ha sido ampliamente estudiada en epidemiología (González, 2012), lo más importante a analizar es la velocidad de transmisión de la infección definida por $R = \beta/\gamma$, cuando $R > 1$ la epidemia puede ser endémica, ya que el número de infectados supera al de susceptibles, mientras que si $R < 1$ acaba desapareciendo ya que el número de infectados es menor que el de susceptibles.

3.4 Sistema informático elaborado con las Tecnologías informáticas utilizadas en la investigación.

El sistema presenta una entrada de datos amigable, donde el usuario las condiciones iniciales de las variables que intervienen en el modelo y el valor de cada uno de los parámetros obtenidos experimentalmente o de la literatura consultada (Figura 5). Para el caso de estudio, el trabajo presentará en el epígrafe 3.5 los resultados de la simulación obtenida con los datos experimentales; el usuario puede analizar de manera rápida, con el uso del sistema informático los cambios que provocan en la dinámica de las poblaciones pequeñas variaciones del valor de los parámetros.

El usuario podrá contar con un manual y con este documento de tesis, además de la ayuda del sistema para mayor conocimiento sobre la interpretación biológica del modelo simulado de manera que podrá extrapolar el estudio a otras poblaciones.

Insertar datos

Variable Agronómica (R)

Plaga (N)

ACB (Trichoderma)

% Parasitismo (u1)

Tasa Reproducción (alfa)

% Eclosión huevos fértiles (F)

Mortalidad natural hongo (tau)

Incremento hongo por contacto con N (u1)

Mortalidad natural hongo (tau)

Contribución del hongo a R (W)

Incremento natural hongo (Z)

Pérdida de R por acción de N (D)

Tasa crecimiento natural de R (sigma)

Constante de denso-dependencia planta-ambiente (Pi)

Figura 5. Entrada de datos de las condiciones iniciales de las variables y valores de los parámetros en R.

3.5 Simulación del modelo *Meloidogyne incognita* –*Trichoderma asperellum*

Después de la obtención del modelo simplificado, se realizó la simulación de la dinámica poblacional de la interacción *Meloidogyne incognita* –*Trichoderma asperellum*. A los 20 días la población del nematodo decreció vertiginosamente hasta hacerse casi nula a los 28 días, momento en el cual el hongo presentó un pico poblacional (Figura 6).

Conocer que la población de la plaga no disminuye hasta tanto el hongo no se establece y logra parasitarla, es importante para indicar a los productores preparar el suelo con el hongo antes de realizar la siembra. Aun cuando la simulación se realizó con datos de condiciones semicontroladas, los aspectos referentes a la interacción plaga – agente de control biológico pueden ser utilizados en estudios encaminados a realizar estrategias de manejo del cultivo.

Se debe recordar que el experimento se terminó a los 35 días, lo cual no permitió observar un nuevo incremento de *M. incognita*. No obstante, el descenso de las poblaciones del hongo hace evidente que este fenómeno ocurrirá, por lo que se recomienda, a partir de los resultados de la simulación, que entre los 40 y 50 días después de la primera aplicación se realice una segunda. Se deben llevar a cabo otros estudios sobre dosis y momentos de aplicación, sobre todo para cultivos de ciclo corto, en los que un incremento de las poblaciones del nematodo en las etapas fenológicas finales puede afectar los rendimientos sin retroceso.

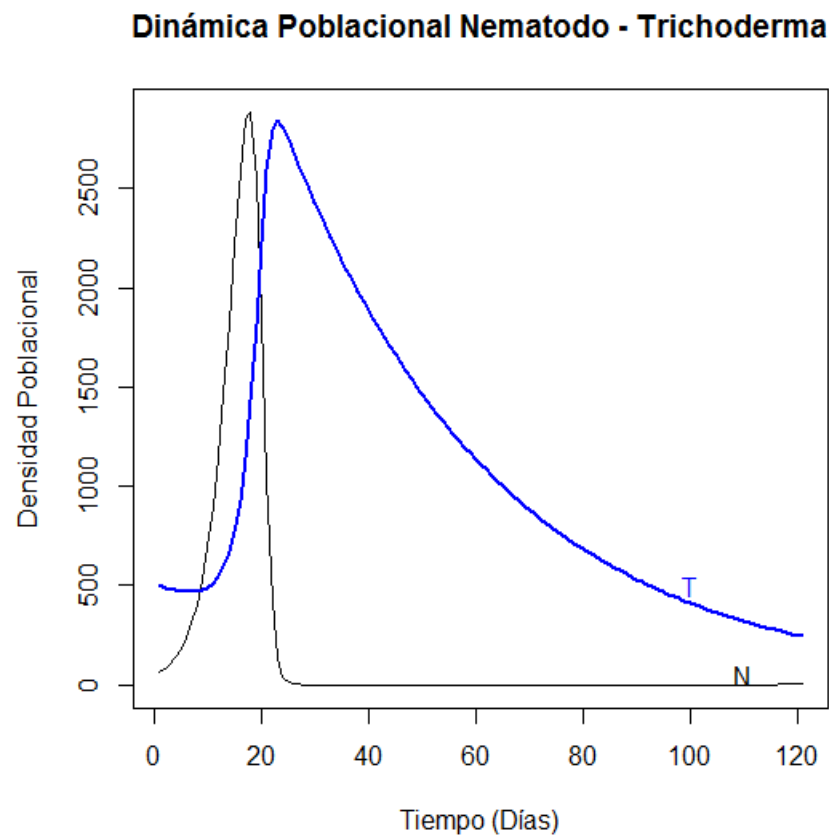


Figura 6. Simulación de la dinámica poblacional *Meloidogyne incognita* – *Trichoderma asperellum*.

La Figura 7 también muestra este control, aparece un solo ciclo de la estructura de fases por el corto periodo evaluado, aspecto que puede variar en dependencia de la inicialización de los parámetros.

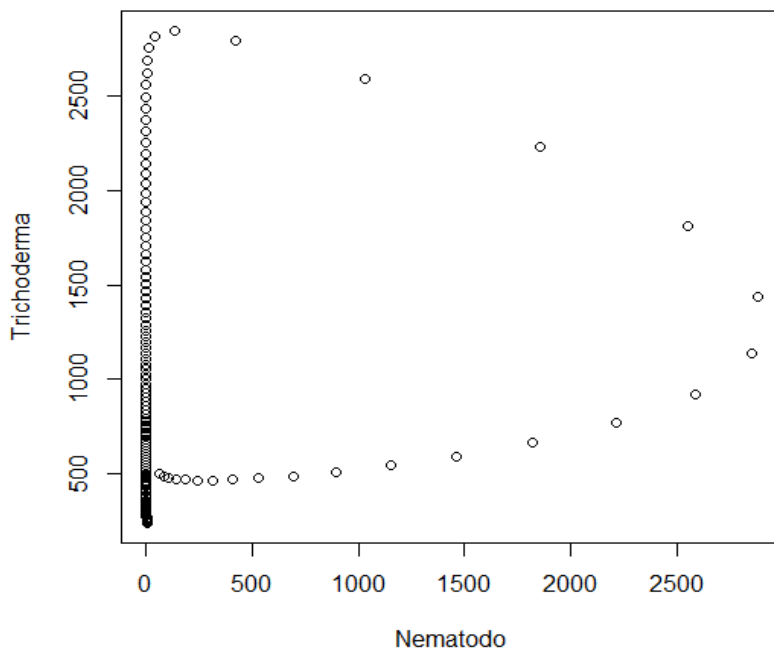


Figura 7. Diagrama de fase de la interacción *M. incognita* – *T. asperrellum*

3.5.1 Simulación del modelo SIR

Para la simulación se tomó como estado inicial $S=90$, $I=10$ y $R=0$, con valor de los parámetros $\beta=0.09$ y $\gamma=0.02$

Se obtuvo un diagrama del modelo en el EpiModel (Figura 8). Nótese que se empleó el modelo SIR en su forma más simple sin declarar pérdidas o mortalidad en cada uno de los estados.

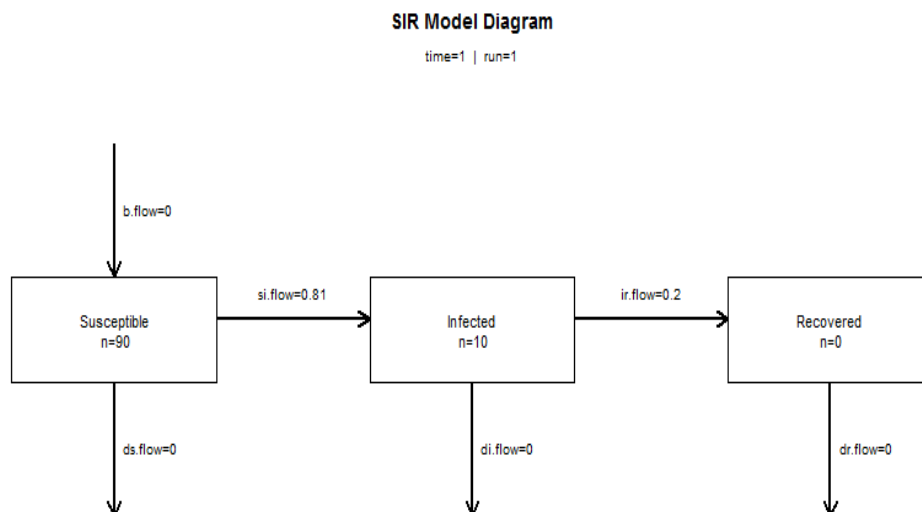


Figura 8. Diagrama del modelo SIR.

La simulación indicó que se alcanza la recuperación en el campo por la acción del ACB, disminuyó significativamente el número de puntos con grado de infestación superior a 2, según evaluación de índice de agallamiento (Figura 9). Si se toman para estas pérdidas valores similares a los parámetros obtenidos experimentalmente, se puede simular otra dinámica (Figura 10), que igualmente describe una disminución de las muestras infectadas, con un incremento de la recuperación, que puede permanecer en el tiempo.

El sistema EpiModel también permite una simulación estocástica donde los parámetros del modelo no son fijos, aspectos que se deben abordar en futuras investigaciones, por ejemplo, evaluar cambios en la tasa de transmisión de una plaga en dependencia de los factores climáticos.

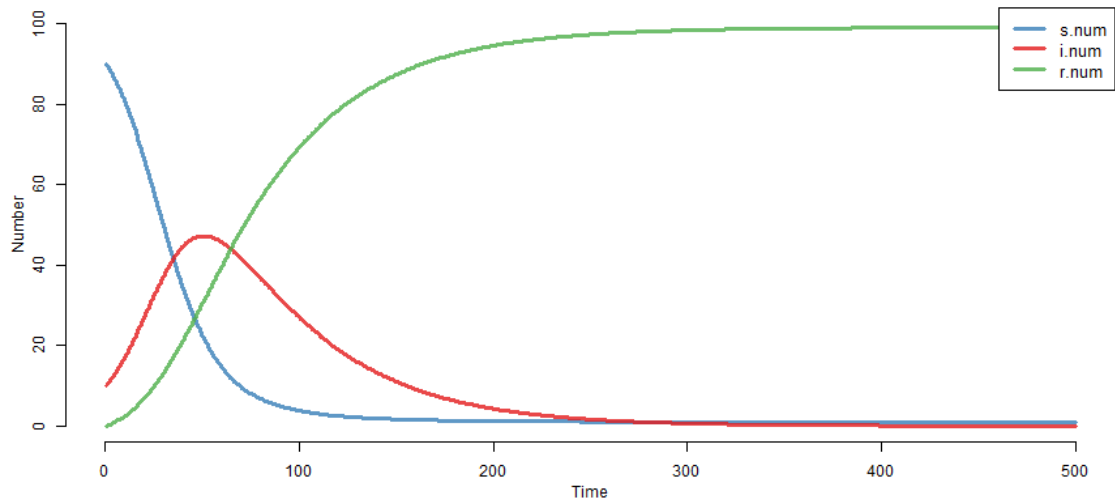


Figura 9. Simulación del modelo SIR.

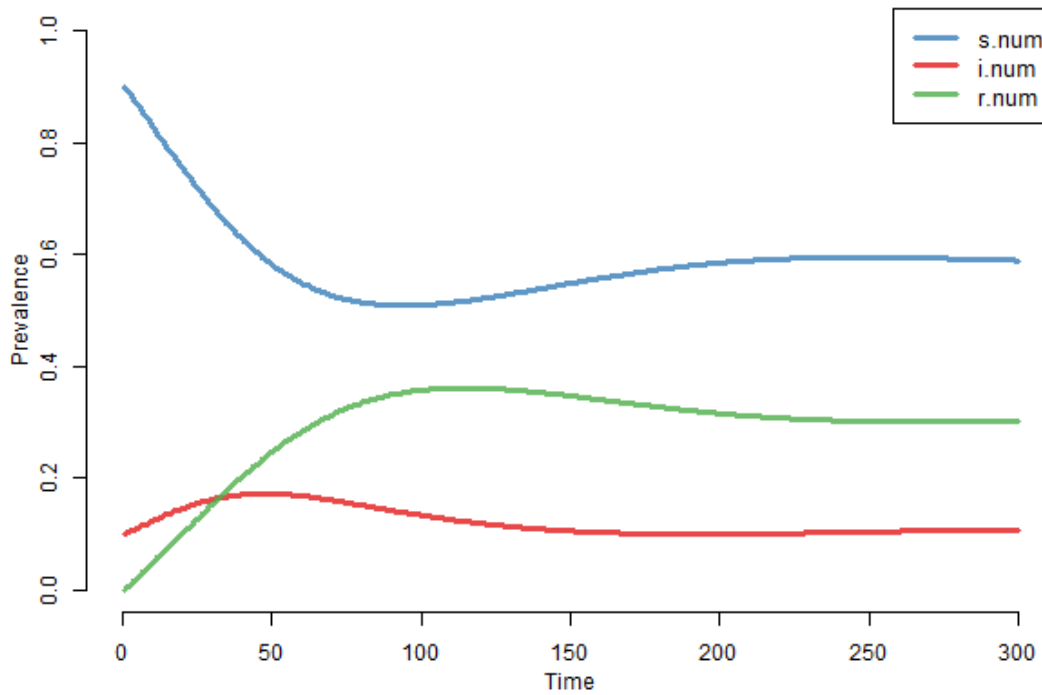


Figura 10. Simulación del modelo SIR asumiendo tasas de pérdida para los estados: susceptibles, infeccioso y recuperado.

CONCLUSIONES

- Se obtuvo un modelo de ecuaciones diferenciales que simula la dinámica de interacción de una plaga con su agente de control biológico en el cultivo.
- Se ofrece un sistema informático que simula el modelo obtenido y describe de forma rápida y eficaz los cambios que pueden aparecer en el sistema planta-plaga-ACB, debido a perturbaciones que impliquen cambios en el valor de los parámetros biológicos.
- El estudio del equilibrio del modelo y la validación con datos experimentales evidenciaron que *Trichiderma asperellum* es capaz de controlar la población de *Meloidogyne incognita* con una dosis de 10^7 UFC/ml.
- Se demostró que el modelo SIR, comúnmente empleado para los estudios epidemiológicos en salud animal y humana, puede ser utilizado para explicar la dinámica de una infección en un cultivo.

RECOMENDACIONES

- Continuar con la investigación relacionada con modelos de interacción y simulación planta-plaga-agente de control biológico, evaluando la simulación estocástica.
- Probar la eficiencia del modelo desarrollado para interacciones tritrófica de otros organismos.

REFERENCIAS

- ARRAUT, L. 1972. Estabilidad de Lyapunov. *Boletín de Matemáticas*, 6, 1-10.
- ART, H. W. 1982. *The dictionary of ecology and environmental science.*, Henry Holt and Company, New York.
- BAÑOS, H., MIRANDA, I. & MARTÍNEZ, M. 2013. Modeling host-parasitoid interaction in the system diaphorina citri-tamarixia radiata on muralla paniculata. *International J. of Math. Sci. & Engg. Appls.*, 7(1), 1-14.
- BOTANA, F., ESCRIBANO, J. & ABÁNADES, M. 2011. Sage: una aplicación libre para matemáticas. *SUMA*, 67, 41-46.
- BRAVO-DUARTE, F., PACHECO, S. & PEÑA-HOLGUÍN, R. 2018. Análisis de seguridad de redes inalámbricas a través del modelado matemático Susceptible-Infectado-Recuperado (SIR). *Revista Científica Mundo de la Investigación y el Conocimiento.*, 2, 658-82.
- BURIE, J., LANGLAIS, M., CALONNEC, A. & MAMMERI, Y. 2012. Modeling the Spread of a Pathogen over a Spatially Heterogeneous Growing Crop. *IEEE 4th International Symposium on Plant Growth Modeling, Simulation, Visualization and Applications*, 8.
- BUZZO, R. 2007. Estrategia EE (Excel-Euler) en la enseñanza de la Física. *Latin American Journal of Physics Education*, 1, 19-23.
- CALERO, A., QUINTERO, E. & PÉREZ, Y. 2017. Utilización de diferentes bioproductos en la producción de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L). *Agrotécnica de Cuba*, 41, 17-24.
- CERVANTES, L. 2015. *Modelización matemática. Principios y aplicaciones*, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla.
- CIANCIO, A. 2008. *Modeling nematodes regulation by bacterial endoparasites*, Integrated Management and Biocontrol of Vegetable and Grain Crops Nematodes.
- COSS, R. 1993. Etapas de Simulación. In: EDITORES, N. (ed.) *Simulación Un enfoque práctico*. 10 ed. México
- CUADRA, R., ZAYAS, M., MELÉNDEZ, O., RAMOS, N., ALVAREZ, S., LIÑEIRO, L. & MUIÑO, B. 2013. Medidas agrotécnicas para el control de Meloidogyne incognita en cultivo protegido del pepino. *Fitosanidad*, 17(3), 161-165.
- DEANGELIS, D. & WATERHOUSE, J. 1987. Equilibrium and non-equilibrium concepts in ecological models. *Ecological Monographs*, 57, 1-21.
- DELGADILLO, S., KÚ, R. & VELA, L. 2006. Modelación matemática del control de plagas en un cultivo de brócoli. *Revista del Depto. de Matemáticas y Física de la UAA*, 3-20.
- DÍAZ, M., CASTELLANOS, L., CASANOVAS, E. & CASAS, G. 2012. Estimación espacial de la intensidad de *alternaria solani* sor. En el cultivo del tomate en la estación de protección de plantas de lajas. *Revista Investigación Operacional*, 32, 85-94.
- ESTRELLA, A., GARCÍA, G. & AVILA, E. 2010. Estabilidad local de ecuaciones diferenciales ordinarias con retardo y aplicaciones. *Miscelánea Matemática*, 51, 73-92.
- FERNÁNDEZ-LARREA, O. 2001. Microorganismos antagonistas para el control fitosanitario. *Manejo Integrado de Plagas*, 62, 96-100.
- FERRERA, Z., ZAMORA, Y., CASTILLO, Y. & MIRANDA, I. 2014. *SimulPoP: Sistema para la simulación de la dinámica de poblaciones plagas empleando el modelo Anderson y May*. Tesis de Diploma, UNAH.
- GARCÍA, M. & BARREIRO, A. 2016. Análisis de la Estabilidad según Lyapunov de un Control Borroso en Tiempo Discreto. 1-6.
- GILLIGAN, C. 2008. Sustainable agriculture and plant diseases: an epidemiological perspective. *Phil. Trans. R. Soc. B*, 741-759.

REFERENCIAS

- GÓMEZ, J. & VÉLEZ, C. 2009. *Modelo presa-depredador y su contextualización en el ámbito nacional e internacional*, Escuela de Ciencias, Universidad EAFIT.
- GÓMEZ, S. 2014. *Paquetes Estadísticos, Tipos de Paquetes Estadísticos, Ventajas y Desventajas* [Online]. Available: <http://softwareanalisisedatoscuantitativos.blogspot.com/2014/04/tipos-de-paquetes-estadisticos.html> [Accessed 02/26/2018 2018].
- GONZÁLEZ, A. 2012. *Estudio de los modelos epidémicos SIS y SIR por medio de la teoría de Cadenas de Markov*. Licenciado en Matemática, Universidad central de Venezuela.
- GUZMÁN, Ó., CASTAÑO, J. & VILLEGAS, B. 2012. Principales nematodos fitoparásitos y síntomas ocasionados en cultivos de importancia económica. *agron*, 20, 38-50.
- HADLEY, S. A. & FORBES, L. K. 2009. Dynamical Systems Analysis of a Five-Dimensional Trophic Food Web Model in the Southern Oceans. *Journal of Applied Mathematics*, 2009.
- HERNÁNDEZ-POCHANDÍA, D. 2014. Potencialidades de cepas nativas de *Trichoderma asperellum* Samuels para el manejo de *Meloidogyne incognita* (Kofoid & White) Chitwood. *RPV*, 29, 153.
- HERNÁNDEZ-POCHANDÍA, D., ARIAS, Y., GÓMEZ, L., PETEIRA, B., MIRANDA, I. & RODRÍGUEZ, M. G. 2012. Elementos del ciclo de vida de población cubana de *Meloidogyne incognita* (Kofoid & White) Chitwood en *Solanum lycopersicum* L. *RPV*, 27, 188-193.
- HERNÁNDEZ, N., SOTO, F., FLORIDO, R., PLANA, R., CABALLERO, A., MAQUEIRA, L., CID, G. & LÓPEZ, T. 2016. Utilización de un modelo de simulación para la predicción del comportamiento de algunos cereales en las condiciones de Cuba. *Cultivos Tropicales*, 37(1), 78-84.
- HERRERA, O. & BECERRA, L. 2014. Diseño General de las Etapas de Simulación de Procesos con Énfasis en el Análisis de Entrada. *12th Latin American and Caribbean Conference for Engineering and Technology*, 10.
- HUSSEY, R. & BARKER, K. 1973. A comparison of methods for collecting inocula of *Meloidogyne* spp. including a new technique. *Plant Disease Report*, 57, 1025-28.
- INFANTE, D., MARTÍNEZ, B., GONZÁLEZ, N. & REYES, Y. 2009. Mecanismos de acción de trichoderma frente a hongos fitopatógenos. *RPV*, 24, 14-21.
- JENNESS, S. M., GOODREAU, S. M. & MORRIS, M. 2018. EpiModel: an R package for mathematical modeling of infectious disease over networks. *Journal of statistical software*, 84.
- KAUR, H. & ATTRI, R. 2013. Morphological and Morphometrical Characterization of *Meloidogyne incognita* from Different Host Plants in Four Districts of Punjab, India. *Journal of Nematology*, 45, 122-27.
- KERRIGAN, M., MOCAN, A., TANLER, M. & FENSEL, D. The Web Service Modeling Toolkit - An Integrated Development Environment for Semantic Web Services. European Semantic Web Conference, 2007 Innsbruck, Austria.
- LEON, B., ORTIZ, N., CONDORI, N. & CHURA, E. 2018. Cepas de *Trichoderma* con capacidad endofítica sobre el control del mildiu (*Peronospora variabilis* Gäum.) y mejora del rendimiento de quinua. *Revista de Investigaciones Altoandinas*, 20, 19-30.
- LUC, M., SIKORA, R. & BRIDGE, J. 2006. *Plant Parasitic Nematodes in Subtropical and Tropical Agriculture*, CABI Publishing.
- LYAPUNOV, A. M. 1992. The general problem of the stability of motion. *International Journal of Control*, 55, 531-534.
- MALTHUS, T. 1872. *An essay on the principle of population*, London, REEVES and TUBNER.
- MARTÍNEZ, B., INFANTE, D. & REYES, Y. 2013. *Trichoderma* spp. y su función en el control de plagas en los cultivos. *RPV*, 28, 1-11.

REFERENCIAS

- MAY-CEN, I. 2016. Modelos de Dinámica Poblacional en Ecología. *Revista del Centro de Graduados e Investigación. Instituto Tecnológico de Mérida*, 32(60), 50-55.
- MCINTOSH, R. P. 1986. The Background of Ecology: Concept and Theory. *Journal of the History of Biology*, 19, 314-316.
- MENÉNDEZ, E., MONTANO, J., MORALES, Z. & HERNÁNDEZ, S. 2017. Linear regression: An alternative to logistic regression through the non-parametric regression. *Revista Investigación Operacional*, 38, 247-251.
- MICHALSKI, J. & ARDITY, F. 1995. Food web structure at equilibrium and far from it: is it the same? *Proceedings of the Royal Society of London*, 259, 217-22.
- MIRANDA, I. 2014. Modelación matemática de la dinámica de poblaciones: desarrollo histórico y uso práctico en Cuba. *RPV*, 29(3), 157-167.
- MIRANDA, I., BAÑOS, H. & MARTÍNEZ, M. 2010. Dynamical System and Nonlinear Regression for Estimate Host-Parasitoid Relationship. *Journal of Applied Mathematics*, 2010, 10.
- MIRANDA, I., HERNÁNDEZ-POCHANDÍA, D., MARTÍNEZ, B., HERNÁNDEZ, Y. & RODRÍGUEZ, M. 2016. Modelación de la interacción *Meloidogyne incognita* (Kofoid y White) Chitwood-*Trichoderma asperellum* Samuels, Lieckfeldt & Nirenberg en garbanzo (*Cicer arietinum* L.). *RPV*, 31, 194-200.
- NALIMOVA, M. S. 2007. Introducción y eficacia técnica del biocontrol de fitopatógenos con *Trichoderma* spp. en CUBA. *Fitosanidad*, 11, 75-9.
- PAPAÏX, J., ADAMCZYK-CHAUVAT, K., BOUVIER, A., KIËU, K., TOUZEAU, S., LANNOU, C. & MONOD, H. 2014. Pathogen population dynamics in agricultural landscapes: The Ddal modelling framework. *Infection, Genetics and Evolution*, 27, 509-520.
- PELÁEZ, A. & MEJÍA, S. 2000. Conceptos básicos de modelación matemática y simulación computacional de sistemas biológicos una herramienta útil para la docencia y la investigación. *CES Odontología*, 13, 51-5.
- POLACK, L. 2008. *Interacciones tritróficas involucradas en el control de plagas de cultivos hortícolas*. Tesis Doctoral, Universidad Nacional de La Plata.
- RACINE, J. S. 2012. RStudio: A Platform-Independent IDE for R and Sweave. *Journal of Applied Econometrics*, 27, 167-172.
- RESÉNDIZ, V. 2009. *Uso de Trichoderma spp. como agente biocontrolador de algunos agentes causales de la pudrición de raíz en frijol común (Phaseolus vulgaris L.) en el estado de Durango*. Master Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional México.
- RODRÍGUEZ, J. & STEEGMANN, C. 2012. Modelos matemáticos. *Universidad Oberta de Catalunya*, 1-19.
- RODRÍGUEZ, M. G., GÓMEZ, L. & PETEIRA, B. 2007. *Meloidogyne mayaguensis* RAMMAH Y HIRSCHMANN, plaga emergente para la agricultura tropical y subtropical. *RPV*, 22, 183-98.
- RUIZ, T., TORRES, V., FEBLES, G., DÍAZ, H., SARDUY, L. & GONZÁLEZ, J. 2012. Utilización de la modelación para estudiar el crecimiento de *Tithonia diversifolia* colecta 10. *Revista Cubana de Ciencia Agrícola*, 46(3), 237-242.
- SÁEZ, E., STANGE, E., SZÁNTÓ, I., GONZÁLEZ-OLIVARES, E. & FALCONI, M. 2015. Chaotic dynamics and coexistence in a three species interaction model. *International Journal of Biomathematics*, 8, 25.
- SAPOUKHINA, N., PAILLARD, S., DEDRYVER, F. & VALLAVIEILLE-POPE, C. 2013. Quantitative plant resistance in cultivar mixtures: wheat yellow rust as a modeling case study. *New Phytologist*, 888-897.

REFERENCIAS

- SEBRANGO, C., SÁNCHEZ, L. & SHKEDY, Z. 2017. Modeling dengue outbreak data using nonlinear mixed effects model. *Revista Investigacion Operacional*, 38, 252-258.
- SPIEGEL, Y., SHARON, E. & CHET, I. Mechanisms and improved biocontrol of the root-knot nematodes by *Trichoderma spp.*, 2005. International Society for Horticultural Science (ISHS), Leuven, Belgium, 225-8.
- SURIS, M., PÉREZ, J. & MIRANDA, I. 2013. Competencia interespecífica entre *Heliothis virescens* (F.) y *Spodoptera frugiperda* Smith (Lepidoptera: Noctuidae) en el cultivo del garbanzo (*Cicer arietinum* L.). *RPV*, 28(3), 171-177.
- VAN DEN BOSCH, R. 1971. Biological control of insects. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 2, 45-66.
- VELÁSQUEZ, R. & REVELES, L. R. 2015. Presencia y evaluación de daño causado por *Meloidogyne spp.* en plantas de chile para secado y maleza en Zacatecas, México. *Agrofaz*, 15, 95-9.
- VIÑUELA, E. & JACAS, J. 1993. *Los enemigos naturales de las plagas y los plaguicidas*, Ministerio de Agricultura. H.D. 2-93. Madrid 24 pp.
- WANG, H. & WANG, X.-S. 2016. Traveling Wave Phenomena in a Kermack–McKendrick SIR Model. *Journal of Dynamics and Differential Equations*, 28, 143-166.
- WOJCIECHOWSKI, J., HOPKINS, A. & UPTON, R. 2015. Interactive pharmacometric applications using R and the shiny package. *CPT: pharmacometrics & systems pharmacology*, 4, 146-159.