

## Introducción

Numerosos procesos infecciosos de las enfermedades de las plantas están influenciados por el clima, en particular con variables como la temperatura, la precipitación y el viento. Además del efecto del clima sobre los cultivos, cuando estos son susceptibles a las mismas virosis (Figura 1), algunas variables pueden actuar como fuente de inóculo desde donde se dispersan estos patógenos.

## Objetivo

Analizar la relación del clima con la presencia de wheat streak mosaic virus (WSMV) y High Plains wheat mosaic virus (HPWMoV) en los cultivos de trigo y maíz en Argentina.



Figura 1. Campo de trigo afectado por una grave epidemia de WSMV.

# Materiales y métodos

Se sistematizó información desde la primera detección en el país de los virus en el año 2006 hasta 2022.

Para cada virus se generó un registro de presencia/ausencia georreferenciado según año y localidad de muestreo (Figura 2 y 3).

Complementariamente, se obtuvieron 117 variables biometeorológicas usando la plataforma ERA5, producto de *Copernicus*.

Se analizó la importancia de las distintas variables climáticas en cada patosistema utilizando algoritmos de aprendizaje automático. Posteriormente se modeló la variabilidad espacial conjunta de las colectas realizadas sobre trigo y maíz para cada virus usando un modelo bayesiano estimando con R-INLA.

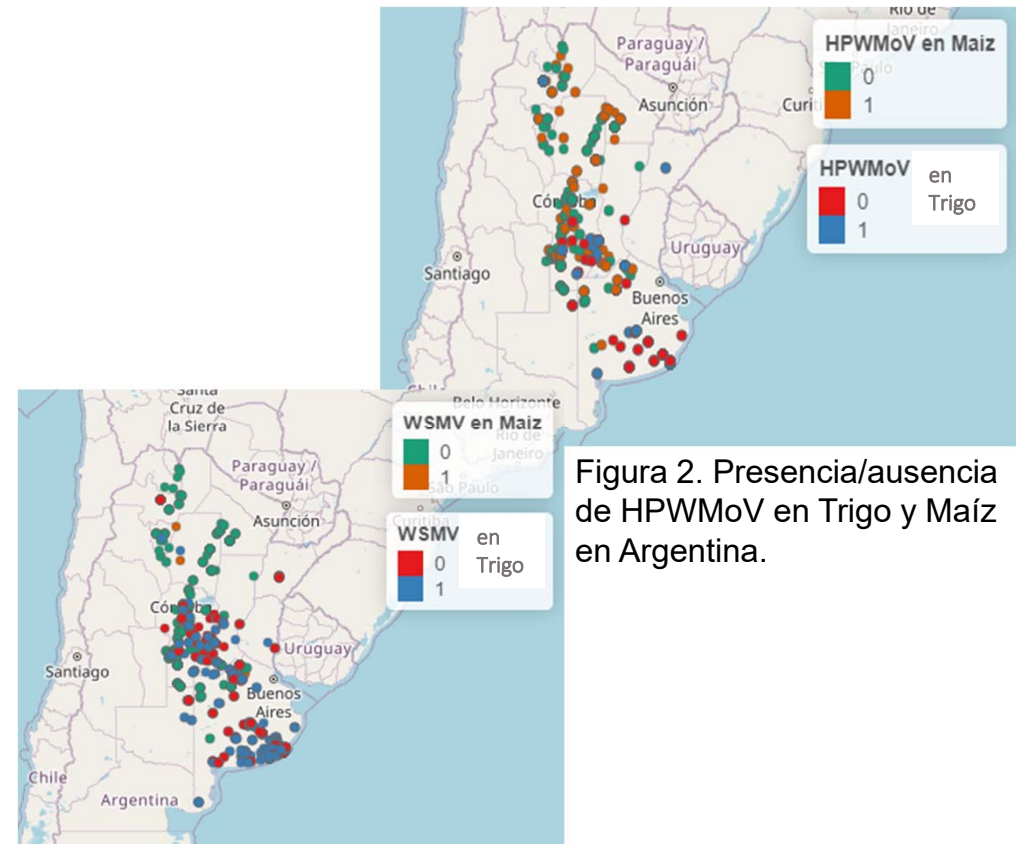


Figura 2. Presencia/ausencia de HPWMoV en Trigo y Maíz en Argentina.

Figura 3. Presencia/ausencia de WSMV en Trigo y Maíz en Argentina.

# Resultados y conclusión

Los resultados indicaron que:

1- Las variables biometeorológicas de mayor impacto, que favorecieron la presencia de virus a través de los años fueron, precipitaciones bajas en enero y marzo para WSMV en trigo, y precipitaciones altas en agosto y velocidades del viento bajas en septiembre para WSMV en maíz.

2- Para HPWMoV, las variables de mayor impacto en trigo fueron, precipitaciones elevadas en enero y temperaturas bajas en junio, y en maíz, precipitaciones altas en enero y temperatura de punto de rocío altas en mayo.

Las medidas de precisión de los modelos de regresión simple ajustados para cada patosistema con las variables mencionadas fueron en promedio del 60% (Tabla 1 y 2). La modelación conjunta con R-INLA permitió aumentar la capacidad predictiva de la presencia de virus en relación al clima.

|       | WSMV     |              |               |       |          |              |               |       |
|-------|----------|--------------|---------------|-------|----------|--------------|---------------|-------|
|       | Marginal |              |               |       | Conjunta |              |               |       |
|       | Accuracy | Sensibilidad | Especificidad | AUC   | Accuracy | Sensibilidad | Especificidad | AUC   |
| Maíz  | 79.55    | 76.39        | 84.40         | 0.803 | 89.04    | 83.67        | 99.10         | 0.918 |
| Trigo | 60.36    | 60.20        | 61.70         | 0.609 | 67.26    | 66.28        | 70.59         | 0.684 |

Tabla 1. Resultados para WSMV: Medidas de validación de modelos.

|       | HPV      |              |               |       |          |              |               |       |
|-------|----------|--------------|---------------|-------|----------|--------------|---------------|-------|
|       | Marginal |              |               |       | Conjunta |              |               |       |
|       | Accuracy | Sensibilidad | Especificidad | AUC   | Accuracy | Sensibilidad | Especificidad | AUC   |
| Maíz  | 64.50    | 61.11        | 67.01         | 0.640 | 56.53    | 54.05        | 57.80         | 0.559 |
| Trigo | 59.65    | 61.38        | 58.40         | 0.598 | 62.97    | 65.93        | 60.97         | 0.634 |

Tabla 2. Resultados para HPV: Medidas de validación de modelos.