

# ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS PARA UN MODELO DE CRECIMIENTO DE CULTIVOS USANDO ALGORITMOS EVOLUTIVOS Y BIO-INSPIRADOS

## PARAMETER ESTIMATION FOR CROP GROWTH MODEL USING EVOLUTIONARY AND BIO-INSPIRED ALGORITHMS

E. César Trejo-Zúñiga\*, I. Lorenzo López-Cruz, Agustín Ruíz-García

Ingeniería Agrícola y Uso Integral del Agua. Universidad Autónoma Chapingo. 56230. Chapingo, Estado de México. (teze71@hotmail.com).

### RESUMEN

La calibración de modelos dinámicos para crecimiento y desarrollo de cultivos con rangos de parámetros, genera estimaciones imprecisas de estos y predicciones erróneas del modelo cuando se usa estimación por mínimos cuadrados o máxima verosimilitud. El presente estudio muestra el uso de métodos globales de optimización para resolver este problema. Se presenta una comparación del desempeño de un algoritmo evolutivo (Evolución Diferencial, DE) y dos bio-inspirados: Búsqueda Cuco (CS) y Búsqueda Cuco Modificado (MCS). El problema prueba fue estimar los 25 parámetros del modelo para crecimiento potencial de cultivos SUCROS (a Simple and Universal CROP growth Simulator). Los datos se obtuvieron de un experimento de crecimiento de un cultivo de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot. ex Horm.) realizado en Chapingo, México. El objetivo fue determinar qué algoritmo genera valores para los parámetros del modelo que permitan lograr las predicciones más precisas. Se realizó un ANDEVA para evaluar estadísticamente la eficiencia y efectividad de los algoritmos propuestos. Los resultados mostraron un desempeño mejor del algoritmo DE estándar (DE/rand/1/bin) en términos de eficiencia y eficacia para converger a una solución óptima. Los algoritmos bio-inspirados mostraron buen desempeño, por lo cual son confiables y se pueden aplicar en la estimación de parámetros de modelos de cultivos.

**Palabras clave:** estimación de parámetros, Evolución Diferencial, Búsqueda Cuco, SUCROS.

### INTRODUCCIÓN

La estructura de los modelos dinámicos para crecimiento de cultivos consiste en un conjunto de ecuaciones diferenciales ordinarias de pri-

\* Autor responsable ♦ Author for correspondence.

Recibido: junio, 2013. Aprobado: octubre, 2013.

Publicado como ARTÍCULO en *Agrociencia* 47: 671-682. 2013.

### ABSTRACT

The calibration of dynamic models for crop growth and development with parameter ranges generates imprecise estimations and erroneous predictions of the model when estimation is used by least squares or maximum likelihood. The present study shows the use of global methods of optimization for resolving this problem. A comparison is presented of the performance of an evolutionary algorithm (Differential Evolution, DE) and two that are bio-inspired: Cuckoo Search (CS) and Modified Cuckoo Search (MCS). The test problem was to estimate the 25 parameters of the model for potential crop growth SUCROS (a Simple and Universal Crop growth Simulator). The data used was obtained from an experiment of growth of a husk tomato crop (*Physalis ixocarpa* Brot. Ex Horm.) carried out at Chapingo, Mexico. The objective was to determine which algorithm generates values for the parameters of the model that make it possible to obtain the most precise predictions. An ANOVA was performed to statistically evaluate the efficiency and effectiveness of the proposed algorithms. Results showed a better performance of the standard DE algorithm (DE/rand/1/bin) in terms of efficiency and effectiveness to converge to an optimum solution. The bio-inspired algorithms showed good performance; therefore, they are reliable and can be applied in the estimation of parameters of crop models.

**Key words:** parameter estimation, Differential Evolution, Cuckoo Search, SUCROS.

### INTRODUCTION

The structure of the dynamic models for crop growth consists of a set of ordinary differential equations of the first order, in general, non-linear. These equations have coefficients that represent physiological parameters, which should be determined with precision in order to

mer orden, en general no-lineales. Estas ecuaciones poseen coeficientes que representan parámetros fisiológicos, los que se deben determinar con precisión para lograr un mejor ajuste entre las predicciones del modelo y los datos observados. Es necesario estimar algunos o todos los parámetros del modelo con datos de campo para mejorar el ajuste de las predicciones (Wallach *et al.*, 2001). La determinación de los valores de los parámetros puede plantearse como un problema de optimización, lo que permite usar diversos algoritmos. Generalmente se usan métodos de búsqueda local que utilizan el gradiente de la función objetivo. Sin embargo, debido a la no-linealidad alta de los modelos de crecimiento y desarrollo de cultivos y la dependencia posible entre los parámetros (epístasis), el problema de optimización puede resultar no convexo, multimodal o sobre-parametrizado. Además, cuando se estiman más de 10 parámetros con algoritmos de mínimos cuadrados o de máxima verosimilitud, se pueden generar varianzas muy altas en los parámetros estimados e imprecisiones en las predicciones del modelo (Makowski *et al.*, 2006).

Para resolver problemas de optimización multimodal, los métodos globales de optimización como los algoritmos evolutivos (Evolución Diferencial) y bio-inspirados (Búsqueda Cuco) pueden ofrecer buenas aproximaciones al óptimo global (Yang y Deb, 2009, 2010; Walton *et al.*, 2011; Civicioglu y Besdok, 2013). Wallach *et al.* (2001) propusieron un procedimiento automático para estimar los parámetros de modelos de cultivo calibrados con datos de campo, pero no usaron métodos globales de optimización. Pabico *et al.* (1999) estimaron coeficientes de cultivares en modelos de cultivo mediante algoritmos genéticos, los cuales son un método evolutivo global pero ineficiente. Dai *et al.* (2009) realizaron un proceso de estimación de parámetros para modelos de crecimiento de cultivos en invernadero usando algoritmos genéticos. Guzmán-Cruz *et al.* (2009) efectuaron un proceso de calibración de un modelo del clima de un invernadero con algoritmos evolutivos, pero no usaron evolución diferencial. De acuerdo con la literatura, no se han aplicado algoritmos de optimización bio-inspirados para la estimación de parámetros de crecimiento de cultivos en campo abierto.

El objetivo de la presente investigación fue evaluar el desempeño, a través de la eficiencia y efectividad, de los algoritmos de Evolución Diferencial (DE) reconocido como uno de los algoritmos evolutivos

obtain a better fitting between the predictions of the model and the observed data. It is necessary to estimate some or all of the parameters of the model with field data to improve the fit of the predictions (Wallach *et al.*, 2001). The determination of the values of the parameters can be described as a problem of optimization, which allows the use of several algorithms. Generally, methods of local search are employed, which use the gradient of the objective function. However, due to the high non-linearity of the growth models and crop development and the possible dependence among the parameters (epistasis), the problem of optimization may be non-convex, multimodal or over-parameterized. Furthermore, when more than 10 parameters are estimated by means of algorithms of least squares or maximum likelihood, very high variances can be generated in the parameter estimations as well as imprecision in the predictions of the model (Makowski *et al.*, 2006).

To solve problems of multi-modal optimization, the global optimization methods such as the evolutionary algorithms (Differential Evolution) and bio-inspired algorithms (Cuckoo Search) can offer good approximations to the global optimum (Yang and Deb, 2009, 2010; Walton *et al.*, 2011; Civicioglu and Besdok, 2013). Wallach *et al.* (2001) proposed an automatic procedure for estimating the parameters of the crop model calibrated with field data, but they did not use global optimization methods. Pabico *et al.* (1999) estimated coefficients of cultivars in crop models by means of genetic algorithms, which are a global evolutionary method, but inefficient. Dai *et al.* (2009) carried out an estimation process of parameters for crop growth models in the greenhouse, using genetic algorithms. Guzmán-Cruz *et al.* (2009) performed a process of calibration of a model of the climate of a greenhouse with evolutionary algorithms, but they did not use differential evolution. According to the literature, bio-inspired optimization algorithms have not been applied for the estimation of open field crop growth parameters.

The objective of the present study was to evaluate the performance, through the efficiency and effectiveness, of the Differential Evolutionary (DE) algorithms recognized as one of the most efficient evolutionary algorithms, Cuckoo Search (CS) and Modified Cuckoo Search (MCS) for estimating

más eficientes, Búsqueda Cuco (CS) y Búsqueda Cuco Modificado (MCS) para estimar 25 parámetros del modelo de crecimiento SUCROS (Goudriaan y Van Laar, 1994) aplicado a un cultivo de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot. ex Horm.) con datos de un experimento realizado en Chapingo, México, en el verano de 2007 (López-López *et al.*, 2009). La eficiencia o costo computacional de un algoritmo es el número de veces que la función objetivo es evaluada para encontrar un óptimo. La efectividad o capacidad de un algoritmo para alcanzar un óptimo en un problema de optimización multimodal, se calcula contando el número de veces que el algoritmo converge a un óptimo con diferentes valores iniciales para el proceso iterativo (Baritomba y Hendrix, 2005; Khompatraporn *et al.*, 2005).

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Algoritmo de evolución diferencial

Los algoritmos de evolución diferencial son una clase de algoritmos evolutivos planteados como métodos de optimización global (Storn y Price, 1997; López-Cruz *et al.*, 2003; Price *et al.*, 2005). El método consiste en generar en forma aleatoria una población inicial de vectores de números reales  $P(0)=(u_{ij}); i=1, \dots, NP; j=1, \dots, D$  dentro del dominio de cada una de las variables a ser optimizadas.  $D$  es la dimensión del vector y  $NP$  es el tamaño de la población. Normalmente el dominio de las variables del problema está restringido entre valores mínimos  $b_{j,L}$  y máximos  $b_{j,U}$ . Por tanto, cada individuo de la población inicial se genera mediante la ecuación (1):

$$u_{ij} = rand_j(0,1)(b_{j,U} - b_{j,L}) + b_{j,L} \quad (1)$$

donde  $rand_j(0,1)$  genera un número aleatorio uniformemente distribuido dentro del rango  $[0,1]$ . Después de evaluar cada vector, calculando la función objetivo  $f(u_j)$ , se inicia un ciclo interno y otro externo en los cuales se aplican los operadores de evolución diferencial. El ciclo externo se detiene cuando se satisface un criterio de convergencia como el número especificado de iteraciones. El ciclo interno permite que cada individuo de la población sea considerado una vez como padre de las nuevas soluciones y sea usado en los operadores evolutivos de mutación, cruzamiento y selección diferencial. En la presente investigación se usó el algoritmo de evolución diferencial llamado estándar DE/rand/1/bin, lo cual indica que el vector mutado fue elegido en forma aleatoria, y solamente dos vectores tomados también en forma aleatoria de la población se combinaron para calcular un vector

25 parameters of the SUCROS growth model (Goudriaan and Van Laar, 1994) applied to a husk tomato crop (*Physalis ixocarpa* Brot. Ex Horm.) with data from an experiment conducted in Chapingo, México, in the summer of 2007 (López-López *et al.*, 2009). The efficiency or computational cost of an algorithm is the number of times that the objective function is evaluated to find an optimum. The effectiveness or capacity of an algorithm for finding an optimum in a multimodal optimization problem is calculated by counting the number of times that the algorithm converges to an optimum with different initial values for the iterative process (Baritomba and Hendrix, 2005; Khompatraporn *et al.*, 2005).

## MATERIALS AND METHODS

### Differential evolution algorithm

Differential evolution algorithms are a class of evolutionary algorithms used as methods of global optimization (Storn and Price, 1997; López-Cruz *et al.*, 2003; Price *et al.*, 2005). The method consists of randomly generating an initial population of vectors of real numbers  $P(0)=(u_{ij}); i=1, \dots, NP; j=1, \dots, D$  within the domain of each one of the variables as they are optimized.  $D$  is the dimension of the vector and  $NP$  is the size of the population. Normally the domain of the variables of the problem is restricted between minimum values  $b_{j,L}$  and maximum values  $b_{j,U}$ . Therefore, each individual of the initial population is generated through the equation (1):

$$u_{ij} = rand_j(0,1)(b_{j,U} - b_{j,L}) + b_{j,L} \quad (1)$$

where  $rand_j(0,1)$  generates a random number uniformly distributed within the range  $[0,1]$ . After each vector is evaluated, calculating the objective function  $f(u_j)$ , an internal cycle and then an external cycle is initiated in which the operators of differential evolution are applied. The external cycle is stopped when a criterion of convergence is satisfied such as the specified number of iterations. The internal cycle makes it possible for each individual of the population to be considered once as father of the new solutions and used in the evolutionary operators of mutation, crossing-over and differential selection. In the present investigation the algorithm of differential evolution called standard DE/rand/1/bin was used, which indicates that the mutated vector was randomly selected, and only two vectors also randomly taken from the population were combined to calculate a difference vector. The crossover was implemented by means of the binomial scheme (Price, 1999; Price *et al.*, 2005).

diferencia. El cruzamiento fue implementado mediante el esquema binomial (Price, 1999; Price *et al.*, 2005).

### Operador de mutación

La mutación consiste en la construcción de NP vectores aleatorios  $\vec{v}_i$ , los cuales son creados con la ecuación (2):

$$\vec{v}_i = \vec{u}_{r_1} + F(\vec{u}_{r_2} - \vec{u}_{r_3}) \quad (2)$$

donde  $r_1, r_2, r_3 \in [1, \dots, NP]$  son distintos entre sí, verificando que se satisfaga las condiciones  $r_1 \neq i, r_1 \neq r_2, r_2 \neq i, r_3 \neq i, r_3 \neq r_2, r_3 \neq r_1$ .  $F$  es un parámetro que controla la tasa de mutación y se encuentra en el rango  $[0,2]$ .

### Operador de cruzamiento

El cruzamiento consiste en combinar el vector

$\vec{v}_i = [v_{i1}, v_{i2}, \dots, v_{id}]$ , mutado previamente con otro vector llamado vector blanco  $\vec{u}_i = [u_{i1}, u_{i2}, \dots, u_{id}]$ , el cual se puede considerar como un individuo padre de la generación anterior. Así

se genera un nuevo vector descendiente  $\vec{u}'_i = [u'_{i1}, u'_{i2}, \dots, u'_{id}]$ ,

llamado vector ensayo. El cruzamiento binomial se implementa mediante la ecuación (3):

$$u'_{ij} = \begin{cases} v_{ij} \text{ si } (randb(j) \leq CR) \text{ o } j = rnbr(i) \\ u_{ij} \text{ si } (randb(j) > CR) \text{ y } j \neq rnbr(i) \end{cases}, j=1,2,\dots,d; i=1,2,\dots, NP \quad (3)$$

donde  $randb(j) \in [0,1]$  es la  $j$ -ésima evaluación de un generador de números aleatorios uniforme;  $rnbr(i) \in [1,\dots,d]$  es un índice generado en forma aleatoria.  $CR \in [0,1]$  es un parámetro de probabilidad de cruzamiento que controla la diversidad de la población.

### Operador de selección

Ésta se realiza simplemente comparando el valor de la función de costo  $f(\vec{u}_i)$  del vector blanco  $\vec{u}_i$  contra el correspondiente valor de la función objetivo  $f(\vec{u}'_i)$  del vector de prueba  $\vec{u}'_i$ , luego entonces, el vector que tenga el menor valor de la función de costo pasa a ser miembro de la población en la siguiente generación (Price, 1999; Price *et al.*, 2005; Chakraborty, 2008).

### Mutation operator

The mutation consists of the construction of random NP vectors  $\vec{v}_i$ , which are created with the following equation (2):

$$\vec{v}_i = \vec{u}_{r_1} + F(\vec{u}_{r_2} - \vec{u}_{r_3}) \quad (2)$$

where  $r_1, r_2, r_3 \in [1, \dots, NP]$  are different from each other, verifying that the conditions  $r_1 \neq i, r_1 \neq r_2, r_2 \neq i, r_3 \neq i, r_3 \neq r_2, r_3 \neq r_1$  are satisfied.  $F$  is a parameter that controls the mutation rate and is found in the range  $[0, 2]$ .

### Crossover operator

The crossing-over consists of combining the vector

$\vec{v}_i = [v_{i1}, v_{i2}, \dots, v_{id}]$ , previously mutated with another vector called white vector  $\vec{u}_i = [u_{i1}, u_{i2}, \dots, u_{id}]$ , which can be

considered as a father individual of the previous generation. Thus a new descendent vector is generated  $\vec{u}'_i = [u'_{i1}, u'_{i2}, \dots, u'_{id}]$ ,

called test vector. The binomial crossover is implemented using equation (3):

$$u'_{ij} = \begin{cases} v_{ij} \text{ si } (randb(j) \leq CR) \text{ o } j = rnbr(i) \\ u_{ij} \text{ si } (randb(j) > CR) \text{ y } j \neq rnbr(i) \end{cases}, j=1,2,\dots,d; i=1,2,\dots, NP \quad (3)$$

where  $randb(j) \in [0,1]$  is the  $j$ -th evaluation of a generator of uniform random numbers;  $rnbr(i) \in [1,\dots,d]$  is a randomly generated index.  $CR \in [0,1]$  is a parameter of crossing likelihood that controls the diversity of the population.

### Selection operator

This is carried out by simply comparing the value of the cost function  $f(\vec{u}_i)$  of the white vector  $\vec{u}_i$  against the corresponding value of the objective function  $f(\vec{u}'_i)$  of the trial vector  $\vec{u}'_i$ , then the vector that has the lowest value of the cost function becomes a member of the population in the following generation (Price, 1999; Price *et al.*, 2005; Chakraborty, 2008).

### Classical (CS) and modified Cuckoo (MCS) algorithm

This algorithm is inspired by the parasitic behavior of the offspring of some cuckoo species in combination with the Lévy

### Algoritmo cuco clásico (CS) y modificado (MCS)

Este algoritmo está inspirado en el comportamiento parasitario de las crías de algunas especies de aves cuco en combinación con el comportamiento de vuelo Lévy de algunos pájaros y moscas de la fruta (Yang y Deb, 2010). Esto se puede resumir en tres reglas idealizadas: 1) cada cuco pone un huevo a la vez y lo deposita en un nido elegido al azar; 2) los mejores nidos con huevos de alta calidad serán transferidos a las próximas generaciones; 3) el número de nidos hospederos es fijo y el huevo puesto por un cuco es descubierto por el ave hospedera con una probabilidad  $pa \in [0,1]$ . En este caso el hospedero puede desechar el huevo o abandonar el nido y construir uno nuevo. Para simplificar, esta última suposición puede ser aproximada por la fracción  $pa$  de los  $n$  nidos que son reemplazados (nuevas soluciones aleatorias). En su forma más simple cada huevo en el nido representa una solución y cada huevo puesto por un cuco es una nueva solución al problema en cuestión (Civicioglu y Besdok, 2013; Gandomi *et al.*, 2013).

### Vuelos Lévy

Al generar nuevas soluciones  $x^{i+1}$  para un cuco  $i$ -ésimo se genera un vuelo Lévy dado por la ecuación (4):

$$x_i^{i+1} = x_i^i + \alpha \oplus \text{Lévy}(\lambda) \quad (4)$$

donde  $\alpha > 0$  es el tamaño de paso y debe estar relacionado con las escalas del problema en cuestión. En la mayoría de los casos se puede utilizar  $\alpha=1$ . La ecuación (4) es esencialmente la ecuación estocástica de recorrido aleatorio. En general, un recorrido aleatorio es una cadena de Markov cuya próxima posición depende de la ubicación actual (primer término en la ecuación) y la probabilidad de transición (segundo término). El símbolo  $\oplus$  significa producto con respecto a las entradas. Este recorrido aleatorio a través del vuelo Lévy es más eficiente en la exploración del espacio de búsqueda.

El vuelo Lévy representa un recorrido aleatorio y es la longitud de paso obtenida mediante una distribución de Lévy (ecuación 5):

$$\text{Lévy-}u = t^{-\lambda}, \quad - (1 < \lambda \leq 3) \quad (5)$$

que tiene media y varianza infinitas. En este caso, los pasos consecutivos de un cuco forman un proceso de caminata aleatoria que obedece a una distribución de ley de potencias con longitud de paso de doble cola (Yang y Deb, 2009; Yildiz, 2013).

En el caso del algoritmo de búsqueda cuco modificado (MCS) (Walton *et al.*, 2011) el tamaño de paso del vuelo Lévy ( $\alpha$ )

flight behavior of some birds and fruit flies (Yang and Deb, 2010). This can be summed into three idealized rules: 1) each cuckoo lays one egg at a time and deposits it in a randomly selected nest; 2) the best nests with high quality eggs will be transferred to the following generations; 3) the number of host nests is fixed and the egg laid by a cuckoo is discovered by the host bird with a likelihood of  $pa \in [0,1]$ . In this case the host may discard the egg or abandon the nest and build a new one. To simplify, this last assumption can be approximated by the fraction  $pa$  of the  $n$  nests that are replaced (random new solutions). In its simplest form each egg in the nest represents a solution and each egg laid by a cuckoo is a new solution to the problem in question (Civicioglu and Besdok, 2013; Gandomi *et al.*, 2013).

### Lévy flights

By generating new solutions  $x^{i+1}$  for an  $i$ -th cuckoo a Lévy flight is generated by the equation (4):

$$x_i^{i+1} = x_i^i + \alpha \oplus \text{Lévy}(\lambda) \quad (4)$$

where  $\alpha > 0$  is the step size and should be related with the scales of the problem in question. In most of the cases  $\alpha=1$  can be used. The equation (4) is essentially the stochastic equation of random trajectory. In general, a random trajectory is a Markov chain whose next position depends on the present location (first term in the equation) and the likelihood of transition (second term). The symbol  $\oplus$  means product with respect to the inputs. This random trajectory through the Lévy flight is more efficient in the exploration of the search space.

The Lévy flight represents a random trajectory and it is the length of the step obtained by means of a Lévy distribution (equation 5):

$$\text{Lévy-}u = t^{-\lambda}, \quad - (1 < \lambda \leq 3) \quad (5)$$

which has infinite mean and variance. In this case, the consecutive steps of a cuckoo form a process of random walk that follows a distribution of powers law with double tail step length (Yang and Deb, 2009; Yildiz, 2013).

In the case of the modified cuckoo search algorithm (MCS) (Walton *et al.*, 2011), the step size of the Lévy flight ( $\alpha$ ) decreases when the number of generations is increased, for the purpose of greater stimulation of localized search of the individuals or eggs, when they are close to the solution. An initial value is selected of the step size of the Lévy flight  $A=1$  and in each generation a new step size is calculated with  $\alpha = A / \sqrt{G}$ , where  $G$  is the generation number. This exploratory search is carried out only in the fraction of nests to be abandoned. Another modification is

disminuye cuando aumenta el número de generaciones, esto con la finalidad de estimular más la búsqueda localizada de los individuos o huevos, cuando estén cercanos a la solución. Se selecciona un valor inicial del tamaño de paso del vuelo de Lévy  $A=1$  y en cada generación se calcula un nuevo tamaño de paso con  $\alpha = A/\sqrt{G}$ , donde  $G$  es el número de generación. Esta búsqueda exploratoria se realiza solamente en la fracción de nidos a ser abandonados. Otra modificación es la adición de intercambio de información entre los huevos con la finalidad de acelerar la convergencia hacia el mínimo, en contraste con CS donde no hay intercambio de información entre individuos y la búsqueda se realiza en forma independiente. En el MCS, una fracción de huevos con mejor aptitud (valor menor de la función objetivo) es ubicada en un grupo superior. Para cada uno de estos huevos se crea un segundo grupo y se elige un nuevo huevo al azar generándose una línea que une a estos huevos seleccionados. La distancia a lo largo de esta línea se calcula con la inversa de la proporción aurea  $\varphi = (1 + \sqrt{5})/2$ , de tal manera que el nuevo huevo está más cerca del huevo de mayor aptitud. En el caso de que ambos huevos tengan la misma aptitud, el nuevo huevo se genera en el punto medio. Hay una posibilidad de que, en este paso, sea generado dos veces el mismo huevo. De ser así, un vuelo de Lévy de búsqueda local es realizado entre los nidos elegidos al azar con tamaño de paso  $\alpha=A/G^2$ .

### Modelo para crecimiento potencial de cultivos SUCROS

El modelo de crecimiento potencial de cultivos SUCROS fue descrito por Goudriaan y van Laar, (1994) y van Laar *et al.* (1997). Este modelo dinámico predice el comportamiento de la biomasa, el índice de área foliar y el estado de desarrollo a partir de procesos fundamentales, como la fotosíntesis y la respiración del cultivo. El modelo es para crecimiento potencial porque supone que las variables ambientales que afectan los procesos fundamentales son sólo la cantidad de radiación solar, la temperatura y las características genéticas del cultivo; las otras variables (agua, nutrientes) se consideran óptimas (van Ittersum *et al.*, 2003). Las variables de entrada del modelo SUCROS para este estudio fueron radiación global ( $J\ m^{-2}\ d^{-1}$ ), temperatura mínima diaria ( $^{\circ}C$ ) y temperatura máxima diaria ( $^{\circ}C$ ). Las variables de salida fueron biomasa seca total ( $g\ m^{-2}$ ), biomasa seca de tallos ( $g\ m^{-2}$ ), biomasa seca de frutos ( $g\ m^{-2}$ ), biomasa seca de hojas ( $g\ m^{-2}$ ) e índice de área foliar ( $m^2\ m^{-2}$ ) (Cuadro 1). El problema de estimación es que dadas las mediciones de algunas de las variables que el modelo predice, se determinan los valores de los parámetros que permitan lograr el mejor ajuste entre las predicciones y mediciones.

the addition of exchange of information among the eggs with the purpose of accelerating the convergence toward the minimum, in contrast with CS where there is no exchange of information among individuals and the search is made independently. In MCS, a fraction of eggs with better aptitude (lowest value of the objective function) is located in a higher group. For each one of these eggs, a second group is created and a new egg is randomly selected generating a line that unites these selected eggs. The distance along this line is calculated with the inverse of the aureal proportion  $\varphi = (1 + \sqrt{5})/2$ , so that the new egg is closer to the egg with the highest aptitude. In the case that both eggs have the same aptitude, the new egg is generated at the mid-point. There is a possibility that in this step, the same egg is generated twice. In this case, a local search Lévy flight is carried out among the randomly selected nests with step size  $\alpha=A/G^2$ .

### SUCROS model for potential crop growth

The model for potential crop growth SUCROS was described by Goudriaan and van Laar (1994), and van Laar *et al.* (1997). This dynamic model predicts the behavior of the biomass, leaf area index and development stage from fundamental processes, such as photosynthesis and respiration of the crop. The model is for potential growth, given that it assumes the environmental variables that affect the fundamental processes are only the amount of solar radiation, temperature and the genetic characteristics of the crop; the other variables (water, nutrients) are considered optimal (van Ittersum *et al.*, 2003). The input variables of the SUCROS model considered in this study were: global radiation ( $J\ m^{-2}\ d^{-1}$ ), minimum daily temperature ( $^{\circ}C$ ). The output variables were total dry biomass ( $g\ m^{-2}$ ) and leaf area index ( $m^2\ m^{-2}$ ) (Table 1). The problem of estimation is that given the measurements of some of the variables predicted by the model, the values of the parameters are predicted that make it possible to obtain the best fit among the predictions and measurements.

### Function to be optimized and characteristics of the algorithms involved

The function to minimize was:

$$f(p) = \sum_{k=1}^M \sum_{i=1}^N w_k (y_{i,k} - \hat{y}_{i,k})^2 \quad (13)$$

where  $y_{i,k}$  represents the measured variable, total biomass, stem biomass, fruit biomass, leaf biomass (green and dry leaves) as well as the leaf area index. The variable  $\hat{y}_{i,k}$  represents the values estimated by the SUCROS model,  $w_k$  is a weight associated with each variable to make them comparable. The coefficients were

**Cuadro 1. Parámetros del modelo SUCROS para crecimiento potencial de cultivos.**  
**Table 1. Parameters of SUCROS model for potential crop growth.**

Parámetro	Símbolo	Unidades	Valor nominal
Tasa de crecimiento relativa durante la fase de crecimiento exponencial del área foliar	RGRL	(°C d) <sup>-1</sup>	0.0294
Temperatura base para el incremento de área foliar	TBASE	°C	10.00
Área foliar específica	SLA	m <sup>2</sup> g <sup>-1</sup>	0.022
Tasa de asimilación potencial de CO <sub>2</sub> a saturación de luz para hojas individuales	AMX	g m <sup>-2</sup> h <sup>-1</sup>	0.0011
Eficiencia inicial del uso de luz para hojas individuales	EFF	g J <sup>-1</sup>	(12.5×10 <sup>-6</sup> )
Coefficiente de extinción de la radiación del follaje	KDF	g g <sup>-1</sup>	0.650
Coefficiente de dispersión de las hojas para PAR	SCP	adimensional	0.200
Constante de la función de respiración de mantenimiento	Q10	adimensional	2.000
Temperatura de referencia para la respiración de mantenimiento	TREF	°C	25.00
Coefficiente de respiración de mantenimiento para las hojas	MAINLV	g g <sup>-1</sup> d <sup>-1</sup>	0.030
Coefficiente de respiración de mantenimiento para los tallos	MAINST	g g <sup>-1</sup> d <sup>-1</sup>	0.015
Coefficiente de respiración de mantenimiento para las raíces	MAINRT	g g <sup>-1</sup> d <sup>-1</sup>	0.015
Coefficiente de respiración de mantenimiento para órganos	MAINSO	g g <sup>-1</sup> d <sup>-1</sup>	0.010
Requerimiento de asimilados para la producción de biomasa foliar	ASRQLV	g g <sup>-1</sup>	1.463
Requerimiento de asimilados para la producción de biomasa de tallos	ASRQST	g g <sup>-1</sup>	1.513
Requerimiento de asimilados para la producción de biomasa de raíces	ASRQRT	g g <sup>-1</sup>	1.444
Requerimiento de asimilados para la producción de biomasa de órganos	ASRQSO	g g <sup>-1</sup>	1.490
Índice de área foliar crítico antes de que ocurra la muerte por auto-sombreado	LAICR	m <sup>2</sup> m <sup>-2</sup>	4.000
Fracción de peso de tallos traslocado a los órganos de almacenamiento	FRTRL	—	0.200
Fracción de masa de carbono en las hojas	CFLV	g g <sup>-1</sup>	0.459
Fracción de masa de carbono en los tallos	CFST	g g <sup>-1</sup>	0.494
Fracción de masa de carbono en las raíces	CFRT	g g <sup>-1</sup>	0.467
Fracción de masa de carbono en los órganos de almacenamiento	CFSO	g g <sup>-1</sup>	0.471
Parámetro para determinar el incremento en la tasa de mortalidad relativa en hojas	FRDR	—	1.000
Factor de conversión de carbohidratos del tallo en glucosa	CONVL	—	0.947

### Función a optimizar y características de los algoritmos involucrados

La función a minimizar fue:

$$f(p) = \sum_{k=1}^M \sum_{i=1}^N w_k (y_{i,k} - \hat{y}_{i,k})^2 \quad (13)$$

donde  $y_{i,k}$  representa la variable medida, biomasa total, biomasa de tallos, biomasa de frutos, biomasa foliar (hojas verdes y secas) así como el índice de área foliar. La variable  $\hat{y}_{i,k}$  representa los valores estimados por el modelo SUCROS,  $w_k$  es un peso asociado con cada variable para hacerlas equiparables. Los coeficientes fueron 1, 1, 1, 1 y 100. N es el número de muestreos durante el periodo de cultivo y M es el número de variables consideradas en la función objetivo. El vector de parámetros estimados consideró los 25 parámetros del modelo (Cuadro 1). Los algoritmos se ejecutaron durante 1000 iteraciones y se efectuaron 20 optimizaciones con inicializaciones aleatorias de las poblaciones dentro de un intervalo del 20 % del valor nominal de los parámetros

1, 1, 1, 1 and 100. N is the number of samplings during the crop period and M is the number of variables considered in the objective function. The vector of estimated parameters considered the 25 parameters of the model (Table 1). The algorithms were carried out during 1000 iterations and 20 optimizations were made with random initializations of the populations within an interval of 20 % of the nominal value of the parameters as upper and lower limits. The parameters of the differential evolution algorithm were: NP=50, F=0.5 and CR=0.5. For the case of the classic cuckoo search algorithm, the parameters were NP=25 and  $pa=0.25$  as recommended by Yang and Deb (2009, 2010) and for the modified cuckoo search algorithm the parameters were NP=80 (experimentally obtained value),  $pa=0.75$  and SA=0.01 as recommended by Walton *et al.* (2011).

## RESULTS AND DISCUSSION

Table 2 shows the average global yield of the 20 optimizations made by the three algorithms studied.

como límites superior e inferior. Los parámetros del algoritmo de evolución diferencial fueron: NP=50, F=0.5 y CR=0.5. Para el caso del algoritmo de búsqueda cuco clásico los parámetros fueron NP=25 y  $pa=0.25$  como lo recomiendan Yang y Deb (2009, 2010) y para el algoritmo búsqueda cuco modificado los parámetros fueron NP=80 (valor obtenido experimentalmente),  $pa=0.75$  y SA=0.01 como lo recomiendan Walton *et al.* (2011).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El Cuadro 2 muestra el rendimiento global promedio de las 20 optimizaciones realizadas para los tres algoritmos estudiados. De acuerdo con los valores de la función objetivo  $f(p)$ , el algoritmo de evolución diferencial (DE) fue el método más efectivo ya que alcanzó el valor más cercano a cero y también mostró la desviación estándar menor. El algoritmo cuco clásico (CS) superó en efectividad y eficacia al algoritmo cuco modificado (MCS) y mostró desviación estándar menor y valor de la función objetivo cercano al mínimo alcanzado por el algoritmo DE. Este resultado es similar al obtenido por Civicioglu y Besdok (2013).

La desviación estándar de menor valor para cada variable estimada, con excepción de LAICR, CFLV, CFRT y CFSO, fue obtenida por el algoritmo DE (Cuadro 3). Esto significa que el algoritmo DE tuvo el mejor desempeño en el proceso de estimación.

De acuerdo con el ANDEVA de un solo factor el desempeño de los tres algoritmos es significativamente diferente ( $\alpha=0.05$ ) (Cuadro 3). Considerando el proceso de comparación múltiple de Tukey-Kramer el algoritmo CS tuvo un rendimiento similar al DE pero diferente al del algoritmo MCS. Los resultados del análisis muestran diferencias estadísticas significativas en la mayoría de los parámetros estimados, con excepción de EFF, KDE, ASRQLV, LAICR, CFLV, CFRT y CFSO. Esto sugiere que este subconjunto de parámetros puede ser estimado con precisión. Sin

According to the values of the objective function  $f(p)$ , the differential evolution algorithm (DE) was the most effective method, given that it obtained the value closest to zero and also presented the lowest standard deviation. The classic cuckoo (CS) algorithm surpassed the modified cuckoo algorithm (MCS) in effectiveness and efficacy and presented lower standard deviation and value of the objective function close to the minimum obtained by the DE algorithm. This result is similar to that obtained by Civicioglu and Besdok (2013).

The standard deviation of lowest value for each estimated variable, with the exception of LAICR, CFLV, CRFT and CFSO was obtained by the algorithm DE (Table 3). This means that the algorithm DE had the best performance in the estimation process.

According to the ANOVA of a single factor, the performance of the three algorithms is significantly different ( $\alpha=0.05$ ) (Table 3). Considering the multiple comparison process of Tukey-Kramer, the algorithm CS had a yield similar to the DE but different from that of the MCS algorithm, The results of the analysis show statistically significant differences in most of the parameters estimated with the exception of EFF, KDE, ASROLV, LAICR, CFLV, CFRT and CFSO. This suggests that this subset of parameters can be estimated with precision. However, the estimation should be complemented with an analysis of sensitivity and identifiability of the model. That is, the estimations obtained through the algorithm DE are more reliable and precise.

In the estimation of total dry biomass and dry biomass of stems there was a small under-estimation and for dry biomass of fruits and leaves and leaf area index there was an over-estimation of the model (Figure 1). In general, with the parameters estimated by the algorithm DE a better prediction is obtained from the model for the output variables

**Cuadro 2. Valor mínimo de la función objetivo ( $f(p)$ ) y número de veces que fue evaluada la función objetivo (NEF) (el número entre paréntesis es la desviación estándar).**

**Table 2. Minimum value of objective function ( $f(p)$ ) and number of times that the objective function (NEF) was evaluated (number between parenthesis is the standard deviation).**

	Evolución Diferencial	Búsqueda Cuco	Búsqueda Cuco Modificado
$f(p)$	4886.1391 ( $1.74 \times 10^{-4}$ )	4894.9147 (11.3344)	4941.9907 (19.3086)
NEF	50050 (0.0000)	50000 (0.0000)	80000 (0.0000)



**Cuadro 3. Valores promedio estimados de los parámetros del modelo SUCROS mediante los tres algoritmos de optimización global y resultados del ANDEVA (\*Diferencia significativa,  $\alpha=0.05$ ).****Table 3. Average values estimated of the parameters of the SUCROS model by mean of the three global optimization algorithms and ANOVA results (\*Significant difference,  $\alpha=0.05$ ).**

Parámetros	Evolución diferencial	Cuco Clásico	Cuco Modificado	F	p > F
RGRL	0.0353 (1.58×10 <sup>-15</sup> )	0.0315 (3.94×10 <sup>-3</sup> )	0.0287 (1.02×10 <sup>-3</sup> )	41.04*	9.1×10 <sup>-12</sup>
TBASE	11.8493 (1.20×10 <sup>-6</sup> )	11.0653 (0.8943)	10.620 (2.44×10 <sup>-1</sup> )	30.21*	1.13×10 <sup>-19</sup>
SLA	0.0176 (9.53×10 <sup>-11</sup> )	0.0176 (6.06×10 <sup>-6</sup> )	0.0176 (1.02×10 <sup>-6</sup> )	5.7*	0.0056
AMX	0.00088 (1.28×10 <sup>-10</sup> )	0.00088 (6.45×10 <sup>-6</sup> )	9.1×10 <sup>-4</sup> (1.8×10 <sup>-6</sup> )	8.59*	0.0006
EFF	1×10 <sup>-5</sup> (2.39×10 <sup>-13</sup> )	1×10 <sup>-5</sup> (5.33×10 <sup>-9</sup> )	1×10 <sup>-5</sup> (6.12×10 <sup>-10</sup> )	2.48	0.0928
KDF	0.52 (1.65×10 <sup>-8</sup> )	0.5204 (9.1×10 <sup>-4</sup> )	0.5213 (3.27×10 <sup>-3</sup> )	2.9	0.0631
SCP	0.24 (2.62×10 <sup>-16</sup> )	0.2395 (4.86×10 <sup>-4</sup> )	0.2392 (4.86×10 <sup>-4</sup> )	9.78*	0.0002
Q10	1.60 (2.24×10 <sup>-15</sup> )	1.6009 (1.35×10 <sup>-3</sup> )	1.6008 (5.72×10 <sup>-4</sup> )	6.06*	0.0041
TREF	20 (0.0000)	20.0026 (5.79×10 <sup>-3</sup> )	20.002 (1.43×10 <sup>-3</sup> )	7.21*	0.0016
MAINLV	0.036 (7.18×10 <sup>-17</sup> )	0.0359 (8.8×10 <sup>-5</sup> )	0.0353 (5.77×10 <sup>-4</sup> )	12.67*	2.8×10 <sup>-5</sup>
MAINST	0.018 (3.55×10 <sup>-18</sup> )	0.0179 (2.08×10 <sup>-5</sup> )	0.0179 (2.74×10 <sup>-6</sup> )	3.95*	0.0248
MAINRT	0.018 (6.61×10 <sup>-17</sup> )	0.0178 (3.83×10 <sup>-4</sup> )	0.0164 (8.53×10 <sup>-4</sup> )	54.13*	6.67×10 <sup>-14</sup>
MAINSO	0.012 (6.51×10 <sup>-11</sup> )	0.0119 (1.26×10 <sup>-5</sup> )	0.0119 (4.41×10 <sup>-6</sup> )	5.5*	0.0065
ASRQLV	1.1704 (2.27×10 <sup>-16</sup> )	1.1711 (2.7×10 <sup>-3</sup> )	1.1707 (2.34×10 <sup>-4</sup> )	1.74	0.1849
ASRQST	1.2104 (5.83×10 <sup>-9</sup> )	1.2105 (2.42×10 <sup>-4</sup> )	1.2105 (1.13×10 <sup>-4</sup> )	10.97*	9.31×10 <sup>-5</sup>
ASRQRT	1.1552 (6.35×10 <sup>-8</sup> )	1.1578 (7.99×10 <sup>-3</sup> )	1.1566 (1.36×10 <sup>-3</sup> )	12.92*	2.36×10 <sup>-5</sup>
ASRQSO	1.788 (5.15×10 <sup>-9</sup> )	1.7875 (8.37×10 <sup>-4</sup> )	1.7879 (5.05×10 <sup>-5</sup> )	4.62*	0.0138
LAICR	3.9952 (0.5950)	4.0018 (0.6385)	3.8583 (0.2310)	0.09	0.9123
FRTRL	0.16 (2.33×10 <sup>-8</sup> )	0.1601 (2.58×10 <sup>-4</sup> )	0.1602 (1.57×10 <sup>-4</sup> )	16.86*	1.76×10 <sup>-6</sup>
CFLV	0.4688 (6.63×10 <sup>-2</sup> )	0.4706 (6.22×10 <sup>-2</sup> )	0.4523 (2.56×10 <sup>-2</sup> )	0.04	0.9587
CFST	0.3952 (2.19×10 <sup>-9</sup> )	0.3958 (1.85×10 <sup>-3</sup> )	0.3975 (1.40×10 <sup>-3</sup> )	22.23*	7.28×10 <sup>-8</sup>
CFRT	0.4601 (6.43×10 <sup>-2</sup> )	0.4604 (8×10 <sup>-2</sup> )	0.4726 (2.97×10 <sup>-2</sup> )	2.1	0.1316
CFSO	0.4694 (6.92×10 <sup>-2</sup> )	0.4839 (7.6×10 <sup>-2</sup> )	0.4767 (2.44×10 <sup>-2</sup> )	0.27	0.7679
FRDR	1.1999 (3.24×10 <sup>-8</sup> )	1.1992 (1.6×10 <sup>-3</sup> )	1.1986 (8.40×10 <sup>-4</sup> )	9.12*	0.0004
CONVL	0.7576 (6.26×10 <sup>-8</sup> )	0.7577 (3.44×10 <sup>-4</sup> )	0.7609 (1.74×10 <sup>-3</sup> )	8.74*	0.0005
<i>f(p)</i>				107.97*	4.11×10 <sup>-20</sup>

Los parámetros están definidos en el Cuadro 1 ♦ Parameters are defined in Table 1.

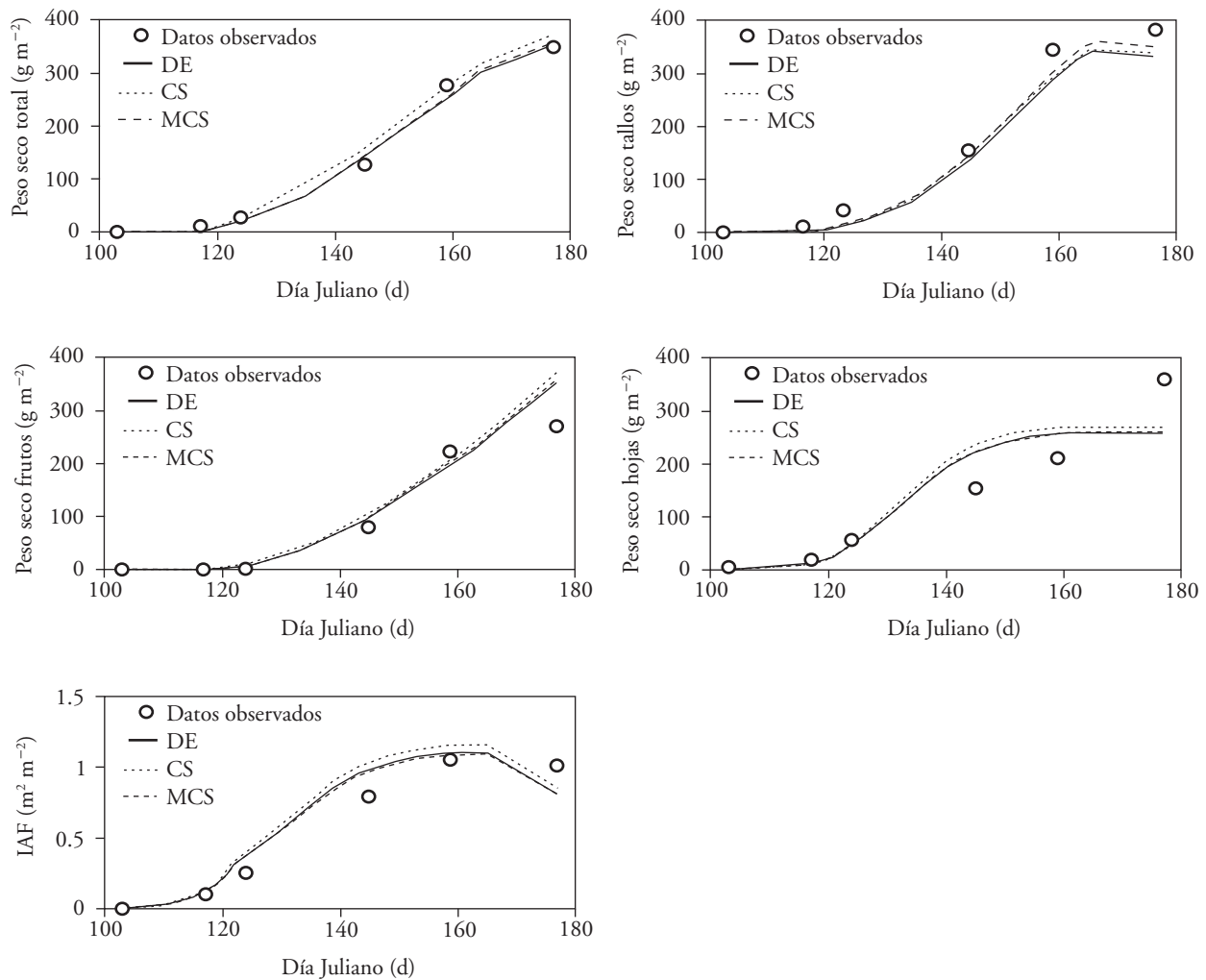
embargo, la estimación debe complementarse con un análisis de sensibilidad e identificabilidad del modelo. Es decir, son más confiables y precisas las estimaciones obtenidas mediante el algoritmo DE.

En la estimación de la biomasa seca total y biomasa seca de los tallos hubo una pequeña sub-estimación y para la biomasa seca de frutos de hojas e índice de área foliar hubo sobre-estimación del modelo (Figura 1). En general, con los parámetros estimados por el algoritmo DE se obtiene mejor predicción del modelo para las variables de salida estudiadas, ya que permitió obtener el ajuste mejor, fue más eficaz y preciso.

Si se toma como referencia el sesgo generado por los métodos de optimización se corrobora la sub y sobre-estimación del modelo para las diferentes variables de salida (Cuadro 4). MCS generó una

studied, given that it was possible to obtain the best fit, and it was more effective and accurate.

If the bias generated by the optimization methods is taken as reference, the under and overestimation of the model is corroborated for the different output variables (Table 4). MCS generated a small underestimation of the total biomass [a] but the other algorithms overestimated it. For the dry biomass of stems [b] the three algorithms showed small underestimation. In contrast, the dry biomass of the fruits [c] was slightly overestimated and the dry biomass of leaves [d] and leaf area index [e] were overestimated. According to the statistics MSE, RMSE and MAE, the algorithm of differential evolution was slightly better than CS algorithm and this latter one was better than the MCS algorithm. In general, the three algorithms presented acceptable



**Figura 1. Comparación de estimaciones del modelo SUCROS calibrado con tres métodos de optimización global para cinco variables de salida.**

**Figure 1. Comparison of estimations of the SUCROS model calibrated with three methods of global optimization for five output variables.**

sub-estimación pequeña de la biomasa total [a]) pero los algoritmos restantes la sobre-estimaron. Para la biomasa seca de tallos [b]) los tres algoritmos mostraron sub-estimación pequeña. Al contrario, la biomasa seca de los frutos [c]) fue sobre-estimada ligeramente y la biomasa seca de hojas [d]) e índice de área foliar [e]) fueron sobre-estimadas. De acuerdo con los estadísticos MSE, RMSE y MAE, el algoritmo de evolución diferencial fue ligeramente mejor que el algoritmo CS y este último fue mejor que el algoritmo MCS. En general, los tres algoritmos presentaron eficiencia aceptable en el proceso de calibración del modelo; las excepciones fueron la biomasa seca de frutos

efficiency in the process of calibration of the model; the exceptions were the dry biomass of fruits and leaves, estimations that had low yield. The coefficient of correlation (*r*) indicates a linear relation between measured and estimated data; an *r* close to 1 is a good estimation (Wallach, 2006). Here, a similar behavior of the algorithms was observed in most of the cases.

## CONCLUSIONS

The evolutionary algorithm and two bio-inspired algorithms made it possible to estimate all of the parameters of the SUCROS model for

**Cuadro 4. Resultados estadísticos de las cinco variables de salida del modelo SUCROS calibrado con tres métodos de optimización global.****Table 4. Statistical results of the five output variables of the SUCROS model calibrated with three global optimization methods.**

Algoritmo	MSE	RMSE	MAE	Sesgo	Eficiencia	r
a) Biomasa seca total						
DE	166.5840	12.9067	9.9436	2.6312	0.9911	0.9957
CS	162.6751	12.7544	10.4245	1.3861	0.9914	0.9958
MCS	217.9539	14.7633	11.7852	-3.7135	0.9884	0.9957
b) Biomasa seca de tallos						
DE	167.2770	12.9320	10.3838	10.3838	0.9503	0.9978
CS	148.1333	12.1710	9.8593	9.8593	0.9559	0.9978
MCS	97.4174	9.8700	8.0516	8.0516	0.9710	0.9978
c) Biomasa seca de frutos						
DE	360.0775	18.9757	11.5079	-7.6266	0.8823	0.9728
CS	399.1242	19.9781	11.8142	-8.3299	0.8695	0.9724
MCS	492.2433	22.1866	12.5807	-10.3124	0.8391	0.9728
d) Biomasa seca de hojas						
DE	118.9583	10.9068	7.7999	-0.1276	0.8087	0.8994
CS	118.6315	10.8918	7.8293	-0.1450	0.8092	0.8997
MCS	123.3043	11.1042	8.0993	-1.4544	0.8017	0.8992
e) Índice de área foliar						
DE	0.0150	0.1225	0.0959	-0.0307	0.9194	0.9617
CS	0.0142	0.1190	0.0915	-0.0256	0.9238	0.9631
MCS	0.0188	0.1370	0.1116	-0.0611	0.8991	0.9615

<sup>†</sup>MSE: error cuadrático medio; RMSE: raíz cuadrada del error cuadrático medio; MAE: error medio absoluto ♦ MSE: mean squared error; RMSE: root mean squared error; MAE: mean absolute error.

y hojas, estimaciones que tuvieron rendimiento bajo. El coeficiente de correlación ( $r$ ) indica una relación lineal entre datos medidos y estimados; una  $r$  cercana a 1 es una estimación buena (Wallach, 2006). Aquí hubo un desempeño similar de los algoritmos en la mayoría de los casos.

## CONCLUSIONES

El algoritmo evolutivo y dos algoritmos bio-inspirados permitieron estimar todos los parámetros del modelo SUCROS para crecimiento potencial de cultivos. Aunque los resultados fueron bastante similares, el algoritmo de evolución diferencial mostró el desempeño mejor, ya que obtuvo el valor menor de la función objetivo. Los tres algoritmos presentaron desempeño similar. Según los resultados, los algoritmos bio-inspirados son confiables y pueden ser aplicados en el proceso de estimación de parámetros de modelos de cultivos. Sin embargo, es necesario investigar con mayor detalle si los resultados obtenidos

potential growth of crops. Although the results were quite similar, the differential evolution algorithm presented the best performance, given that it obtained the lowest value of the objective function. The three algorithms presented similar performance. According to the results, the bio-inspired algorithms are reliable and can be applied in the process of estimation of parameters of crop models. However, it is necessary to investigate in more detail if the results obtained are confirmed in the case of an estimation of parameters in more complex models with several dozen or hundreds of parameters.

—End of the English version—

---\*---

son corroborables en el caso de una estimación de parámetros en modelos más complejos con varias decenas o cientos de parámetros.

## LITERATURA CITADA

- Baritomba, B., and E. M. T. Hendrix. 2005. On the investigation of stochastic global optimization algorithms. *J. Global Optim.* 31: 567-578.
- Chakraborty, U. K. 2008. *Advances in Differential Evolution, Studies in Computational Intelligence 143*, Springer-Verlag Berlin Heidelberg, 338 p.
- Civicioglu, P., and E. Besdok. 2013. A conceptual comparison of the Cuckoo-search, particle swarm optimization, differential evolution and artificial bee colony algorithms. *Artif. Intell. Rev.* 39: 315-346.
- Dai, C., M. Yao, Z. Xie, C. Chen, and J. Liu. 2009. Parameter estimation for growth model of greenhouse crop using genetic algorithms. *Appl. Soft Comput.* 9: 13-19.
- Goudriaan, J., and H. H. Van Laar. 1994. *Modelling Potential Crop Growth Processes. Textbook with Exercises*, Kluwer Academic Publisher. Dordrecht, The Netherlands, 238 p.
- Guzmán-Cruz, R., R. Castañeda-Miranda, J. J. García-Escalante, I. L. López-Cruz, A. Lara-Herrera, and J. I. De la Rosa. 2009. Calibration of a greenhouse climate model using evolutionary algorithms. *Biosyst. Eng.* 104:135-142.
- Gandomi, H. A., X. S. Yang, and A. H. Alavi. 2013. Cuckoo search algorithm: a metaheuristic approach to solve structural optimization problems. *Eng. Computers* 29: 17-35.
- Khompatraporn, Ch., J. D. Pinter, and Z. B. Zabinsky. 2005. Comparative assessment of algorithms and software for global optimization. *J. Global Optim.* 31:613-633.
- López-Cruz, I. L., L. G. Van Willigenburg, and G. Van Straten. 2003. Efficient Differential Evolution algorithms for multimodal optimal control problems. *Appl. Soft Computing* 3: 97-122.
- López-López, R., R. Arteaga-Ramírez, M. A. Vázquez-Peña, I. L. López-Cruz, I. Sánchez-Coen, y A. Ruíz-García. 2009. Índice de estrés hídrico del cultivo de tomate de cáscara. *Rev. Chapingo Ser. Hort.* 25: 259-267.
- Makowski, D., J. Hillier, D. Wallach, B. Andrieu, and M. H. Jeuffroy. 2006. Parameter estimation for crop models. *In: Wallach, D., D. Makowski, and J.W. Jones (eds). Working with Dynamic Crop Models. Evaluation, Analysis, Parameterization, and Applications.* Elsevier. Amsterdam, The Netherlands. pp: 55-100.
- Pabico, J. P., G. Googenhoom, and R. W. McClendon. 1999. Determination of cultivar coefficients of crop models using a genetic algorithm: a conceptual framework. *Trans. ASAE* 42: 223-232.
- Price, K. V. 1999. An introduction to differential evolution. *In: Corne, D., M Dorigo, and F. Glover (eds). New Ideas in Optimization.* McGraw-Hill. England, pp:79-108.
- Price, K. V., R. M. Storn, and J. A. Lampinen. 2005. *Differential Evolution. A Practical Approach to Global Optimization.* Springer, Berlin Germany. 558 p.
- Storn, R., and K. Price. 1997. Differential evolution-a simple and efficient heuristic for global optimization over continuous spaces. *J. Global Optim.* 11: 341-359.
- van Ittersum, M, K., S. M. Houden, and S. Asseng. 2003. Sensitivity of productivity and deep drainage of wheat cropping systems in a Mediterranean environment to changes in CO<sub>2</sub>, temperature and precipitation. *Agr. Ecosyst. Environ.* 97: 255-273.
- van Laar, H, H., J. Goudriaan, and H. van Keulen. 1997. *SU-CROS97: Simulation of Crop Growth for Potential and Water-limited Production Situations*, AB-DLO Wageningen, The Netherlands. 78 p.
- Wallach, D. 2006. Evaluating crop models. *In: Wallach, D., D. Makowski, and J. W. Jones (eds). Working with Dynamic Crop Models. Evaluation, Analysis, Parameterization, and Applications.* Elsevier. Amsterdam, The Netherlands. pp: 11-54.
- Wallach, D., B. Goffinet, J. E. Berguez, D. Leenhart, and J. N. Aubertot. 2001. Parameter estimation for crop models: a new approach and application to a corn model. *Agron. J.* 93:757-766.
- Walton, S., O. Hassan, K. Morgan, and M. R. Brown. 2011. Modified cuckoo search: A new gradient free optimisation algorithm. *Chaos Solitons Fract.* 44: 710-718.
- Yang, X. S., and S. Deb. 2009. Cuckoo Search via Lévy flights. *Proceedings of World Congress on Nature & Biologically Inspired Computing (NaBIC, 2009, India)*, IEEE Publications, USA. pp: 210-214.
- Yang, X. S., and S. Deb. 2010. Engineering optimisation by Cuckoo search. *Int. J. Math. Mod. Numer. Optim.* 1: 330-343.
- Yildiz, A. R. 2013. Cuckoo search algorithm for the selection of optimal machining parameters in milling operations. *Int. J. Adv. Manuf. Tech.* 64: 55-61.