

# R\_para\_forestales

Aitor Vázquez Veloso e Irene Ruano Benito

2022-06-20

## Consideraciones iniciales

Este script ha sido elaborado en:

- SO: Linux
- Encoding: UTF-8
- R: versión 4.2.0

## Índice de contenidos

- Carga de librerías
- Carga de datos
- Cálculos de árbol
- Cálculos de masa

## Carga de librerías

Instalamos las librerías necesarias y las cargamos para poder utilizarlas con R.

```
ifelse('plyr' %in% installed.packages(), print('paquete plyr instalado'),  
      install.packages('plyr'))
```

```
## [1] "paquete plyr instalado"
```

```
## [1] "paquete plyr instalado"
```

```
library('plyr')
```

## Carga de datos

Se cargan los datos de ejemplo, consistentes en 5 parcelas del 3er Inventario Forestal Nacional, con las cuales se trabajará en los apartados posteriores. Para conocer mejor los campos existentes en ambos archivos se recomienda consultar este **documentador**

```
parcelas <- read.csv('parcelas_IFN3_ejemplo.csv')  
arboles <- read.csv('arboles_IFN3_ejemplo.csv')
```

## Cálculos de árbol

En este apartado se realiza el cálculo de variables de árbol. Aunque cada proceso está explicado, se resume a continuación:

- renombrado de variables: se cambia el nombre de variables originales por otros más evidentes
- cálculo de dbh (cm)
- cálculo del perímetro normal (cm)
- cálculo del factor de expansión
- cálculo del área basimétrica (árbol individual (cm<sup>2</sup>) y por hectárea (m<sup>2</sup>/ha))

- cálculo del bal (cm<sup>2</sup>)
- cálculo de las coordenadas relativas y absolutas del árbol

```
# Renombrado de variables
arboles <- rename(arboles, c(
  'Rumbo' = 'rumbo',
  'Distanci' = 'distancia',
  'Dn1' = 'dbh_1',
  'Dn2' = 'dbh_2',
  'Ht' = 'h'
))

# Cálculo del diámetro a la altura del pecho (dbh) promedio (cm).
# OJO, diámetros del IFN en mm.
arboles$dbh <- (arboles$dbh_1 + arboles$dbh_2)/20

# Cálculo del perímetro del árbol a la altura normal (cm)
arboles$perimetro <- arboles$dbh*pi

# Cálculo del factor de expansión
# Dado que a la hora de tomar datos de un bosque se suelen elegir parcelas de
# muestreo, la superficie de la que se cuenta con datos de los árboles suele ser
# muy inferior a la hectárea. No obstante, los datos de la masa suelen expresarse
# a nivel de hectárea, lo que facilita la comparación entre inventarios y zonas de
# estudio. Para ello se crea el factor de expansión, que no es más que una variable
# que hace referencia a la cantidad de árboles que representa, a nivel de hectárea,
# cada uno de los árboles de los que tenemos datos (parcela de muestreo).
# Su cálculo se hace por comparación de superficies entre la hectárea y la
# superficie de la parcela de muestreo., de la siguiente manera:
#   expan = (superficie ha (m²) / superficie parcela (m²))

# *ejemplo con parcela de 1.000 m²*:
#   expan = 10.000 / 1.000 = 10 (cada árbol de la parcela equivale a 10 a nivel de ha)

# El caso del IFN es peculiar, dado que se muestrean parcelas concéntricas y, por lo
# tanto, el factor de expansión de cada árbol depende de su posición dentro de la
# parcela de muestreo.
# Echa un vistazo a las parcelas del IFN en:
# https://www.miteco.gob.es/es/biodiversidad/temas/inventarios-nacionales/
# c3_parcelasdecampo_tcm30-153778.pdf
# Conociendo esto, se puede calcular el factor de expansión de dos formas:

arboles$expan <- with(arboles, # teniendo en cuenta el diámetro del árbol
  ifelse (dbh < 7.5, 0,
    ifelse(dbh < 12.5, 10000/(pi*(5^2)),
      ifelse(dbh < 22.5, 10000/(pi*(10^2)),
        ifelse(dbh < 42.5, 10000/(pi*(15^2)),
          10000/(pi*(25^2))))))

arboles$expan <- with(arboles, # teniendo en cuenta la posición del árbol
  ifelse(distancia < 5, 10000/(pi*(5^2)),
    ifelse(distancia < 10, 10000/(pi*(10^2)),
      ifelse(distancia < 15, 10000/(pi*(15^2)),
        ifelse(distancia < 25, 10000/(pi*(25^2)),
```

```

0))))

# Cálculo del área basimétrica
arboles$g <- pi*((arboles$dbh/2)**2) # área basimétrica (cm²)
arboles$g_ha <- arboles$g*arboles$expan/10000 # área basimétrica por hectárea (m²/ha)

# Cálculo del bal (m²/ha)
# Esta variable representa el área basimétrica de los árboles cuyo diámetro es
# mayor al del árbol sujeto. Su cálculo consiste en la misma fórmula que el área
# basimétrica de la parcela, eliminando del cálculo (para cada árbol) al árbol
# estudiado y aquellos árboles que tienen un diámetro menor. Además. se tiene en
# cuenta el factor de expansión de cada árbol

arboles <- arboles[order(arboles$IFN3_ID, # ordeno árboles por parcela
                        arboles$dbh, # y por diámetro
                        decreasing = TRUE), ] # de mayor a menor

resultados_bal <- data.frame() # creo una variable para almacenar los resultados

for (parcela in unique(arboles$IFN3_ID)){ # para cada parcela...

  arboles_seleccionados <- arboles[arboles$IFN3_ID %in% parcela, ] # selecciono los árboles
  bal <- 0 # el primer árbol tendrá bal = 0
  lista_arboles_sujeto <- data.frame() # creo una lista para los resultados

  for (arbol in arboles_seleccionados$TREE_ID){ # para cada árbol...
    # lo selecciono
    arbol_sujeto <- arboles_seleccionados[arboles_seleccionados$TREE_ID == arbol, ]

    arbol_sujeto$bal <- bal # le asigno el bal
    # lo añado a la lista
    lista_arboles_sujeto <- rbind(lista_arboles_sujeto, arbol_sujeto)
    # actualizo el bal para el siguiente árbol de la parcela
    bal <- bal + arbol_sujeto$g_ha
  }
  # añado los árboles de la parcela a resultados
  resultados_bal <- rbind(resultados_bal, lista_arboles_sujeto)
}

arboles <- resultados_bal # sobreescribo los datos anteriores incorporando el bal

# Cálculo de la esbeltez
arboles$esbeltez <- arboles$h*100/arboles$dbh

# Cálculo de las coordenadas del árbol

# Dado que para conocer la coordenada absoluta de los árboles es necesario conocer las
# coordenadas de la parcela a la que pertenecen...

```

```

# extraemos las coordenadas de la parcela
coordenadas_parcelas <- parcelas[c('IFN3_ID', 'CoorX', 'Coory')]
coordenadas_parcelas <- coordenadas_parcelas[!duplicated(coordenadas_parcelas), ]
# las unimos a los datos de árboles
arboles <- merge(arboles, coordenadas_parcelas, by = 'IFN3_ID')

arboles <- rename(arboles, c( # y renombramos para no confundirnos
  'CoorX' = 'X_parcela',
  'Coory' = 'Y_parcela'
))

# Con esta información, y conociendo el rumbo y distancia del árbol al centro de la parcela, podemos
# calcular las coordenadas absolutas de cada árbol
arboles$rumbo_rad <- arboles$rumbo*(2*pi)/400 # transformamos el rumbo de grados a radianes
# calculamos X e Y relativa al centro de la parcela
arboles$x_arbol_rel <- arboles$distancia*cos(arboles$rumbo_rad)
arboles$y_arbol_rel <- arboles$distancia*sin(arboles$rumbo_rad)
# calculamos X e Y absoluta
arboles$x_arbol_abs <- arboles$distancia*cos(arboles$rumbo_rad) + arboles$X_parcela
arboles$y_arbol_abs <- arboles$distancia*sin(arboles$rumbo_rad) + arboles$Y_parcela

rm(arbol_sujeto, arboles_seleccionados, coordenadas_parcelas, lista_arboles_sujeto,
  parcelas, resultados_bal, arbol, bal, parcela) # eliminamos la información temporal innecesaria

```

## Cálculos de masa

En este apartado se realiza el cálculo de variables de masa. Pese a que la parcela de estudio puede tener una superficie distinta, los cálculos a nivel de masa se hacen tomando como superficie de referencia la hectárea. Aunque cada proceso está explicado, se resume a continuación:

- cálculo de densidad total y por clase diamétrica (N pies/ha)
- cálculo de dbh medio, mínimo y máximo (cm) de los árboles de la masa
- cálculo del diámetro medio cuadrático (cm)
- cálculo del área basimétrica (m<sup>2</sup>/ha)
- cálculo del área basimétrica media, mínima y máxima (cm<sup>2</sup>) de los árboles de la masa
- cálculo de la altura media, mínima y máxima (m) de los árboles de la masa
- cálculo de la altura dominante (m)
- cálculo del diámetro dominante (cm)
- cálculo de la esbeltez normal y dominante
- cálculo del Índice de Reineke
- cálculo del Índice de Hart-Becking para masas regulares y al tresbolillo

```

# Dado que la mayoría de cálculos que se hacen sobre la masa utilizan los datos de
# árboles, vamos a necesitar agrupar los árboles de cada una de las parcelas y
# realizar cálculos con ellos, tal y cómo se muestra a continuación

datos_parcela <- ddply(arboles, c('IFN3_ID'), summarise, # agrupamos los datos por parcela

  # calculamos la densidad (N pies/ha)
  N = sum(expan, na.rm = TRUE),

  # calculamos las densidades por clases diamétricas (N pies/ha)
  N_0_75 = sum(ifelse(dbh <= 7.5, expan, 0), na.rm = TRUE),
  N_75_125 = sum(ifelse(dbh > 7.5 & dbh <= 12.5, expan, 0), na.rm = TRUE),
  N_125_175 = sum(ifelse(dbh > 12.5 & dbh <= 17.5, expan, 0), na.rm = TRUE),

```

```

N_175_225 = sum(ifelse(dbh > 17.5 & dbh <= 22.5, expans, 0), na.rm = TRUE),
N_225_275 = sum(ifelse(dbh > 22.5 & dbh <= 27.5, expans, 0), na.rm = TRUE),
N_275_325 = sum(ifelse(dbh > 27.5 & dbh <= 32.5, expans, 0), na.rm = TRUE),
N_325_375 = sum(ifelse(dbh > 32.5 & dbh <= 37.5, expans, 0), na.rm = TRUE),
N_375_425 = sum(ifelse(dbh > 37.5 & dbh <= 42.5, expans, 0), na.rm = TRUE),
N_425_ = sum(ifelse(dbh > 42.5, expans, 0), na.rm = TRUE),

# cálculos de diámetro
dbh_min = min(dbh, na.rm = TRUE), # árbol de menor diámetro normal (cm)
dbh_max = max(dbh, na.rm = TRUE), # árbol de mayor diámetro normal (cm)

# cálculos de área basimétrica
G = sum(g*expans/10000, na.rm = TRUE), # área basimétrica total de la parcela (m²/ha)
g_min = min(g, na.rm = TRUE), # árbol de menor área basimétrica (cm²)
g_max = max(g, na.rm = TRUE), # árbol de mayor área basimétrica (cm²)

# cálculos de altura
h_min = min(h, na.rm = TRUE), # árbol de menor altura (m)
h_max = max(h, na.rm = TRUE), # árbol de mayor altura (m)

# variables auxiliares para cálculos posteriores
SUM_DBH = sum(dbh*expans, na.rm = TRUE), # suma de los diámetros normales (cm)
SUM_G = sum(g*expans, na.rm = TRUE), # suma de las áreas basimétricas (cm²)
SUM_H = sum(h*expans, na.rm = TRUE) # suma de las alturas (m)
)

# Cálculo del diámetro promedio de la parcela (cm)
datos_parcela$dbh_medio <- datos_parcela$SUM_DBH/datos_parcela$N

# Cálculo del diámetro medio cuadrático de la parcela (cm)
datos_parcela$dg <- with(datos_parcela, 200*(G/N/pi)^0.5, na.rm=TRUE)

# Cálculo del área basimétrica media de la parcela (cm²)
datos_parcela$g_media <- datos_parcela$SUM_G/datos_parcela$N

# Cálculo de la altura promedio de la parcela (m)
datos_parcela$h_media <- datos_parcela$SUM_H/datos_parcela$N

# Cálculo de la altura dominante de la parcela (m)

# La altura dominante se calcula como la altura media de los 100 árboles más grandes de la parcela
# Para ello, ordenaremos los árboles de mayor a menor diámetro, seleccionaremos los 100 más grandes
# (teniendo en cuenta su factor de expansión), y calcularemos su altura media.

# Para este cálculo hemos creado dos funciones que han de ser ejecutadas previamente a hacer el cálculo

# Función 1
AlturaDominante <- function(x, plotID = "PLOT_ID"){
  if(plotID %in% names(x)) {
    IDs = unique(x[[plotID]])
    Ho = rep(NA, length(IDs))
    names(Ho) = IDs
    for(i in 1:length(IDs)) {

```

```

        Ho[i] = .AlturaDominante_2(x$h[x[[plotID]] == IDs[i]],
        x$dbh[x[[plotID]] == IDs[i]],
        x$expan[x[[plotID]] == IDs[i]])
    }
    Hd <- data.frame(IDs, Ho)
    return(Hd)
  }
  return(.AlturaDominante_2(x$h, x$d, x$n))
}

# Función 2
.AlturaDominante_2 <- function(h, d, n){
  o <- order(d, decreasing=TRUE)
  h = h[o]
  n = n[o]
  ncum = 0
  for(i in 1:length(h)){
    ncum = ncum + n[i]
    if(ncum>100) return(sum(h[1:i]*n[1:i],
                           na.rm=TRUE)/sum(h[1:i]*n[1:i]/h[1:i],
                           na.rm=TRUE))
  }
  return(sum(h*n)/sum(n))
}

# Una vez conocidas las funciones, proporcionamos los datos para hacer el cálculo:
Ho <- AlturaDominante(arboles, 'IFN3_ID')

# Ahora, dado que hemos calculado la altura dominante en otra base de datos,
# la unimos con la base de datos anterior
datos_parcela <- merge(datos_parcela, # variable x a unir
                      Ho, # variable y a unir
                      by.x = 'IFN3_ID', # nombre de la variable x de unión
                      by.y = 'IDs') # nombre de la variable y de unión

# Cálculo del diámetro dominante de la parcela (cm):
# El sistema de cálculo es igual al de la altura dominante, pero en este caso
# utilizando el diámetro normal

# Función 1
DiametroDominante <- function(x, plotID = "PLOT_ID"){
  if(plotID %in% names(x)) {
    IDs = unique(x[[plotID]])
    Do = rep(NA, length(IDs))
    names(Do) = IDs
    for(i in 1:length(IDs)) {
      Do[i] = .DiametroDominante_2(x$d[x[[plotID]] == IDs[i]],
      x$dbh[x[[plotID]] == IDs[i]],
      x$expan[x[[plotID]] == IDs[i]])
    }
    Dd <- data.frame(IDs, Do)
  }
}

```

```

        return(Dd)
      }
      return(.DiametroDominante_2(x$h, x$d, x$n))
    }

# Función 2
.DiametroDominante_2 <- function(h, d, n){
  o <- order(d, decreasing=TRUE)
  d = d[o]
  n = n[o]
  ncum = 0
  for(i in 1:length(d)){
    ncum = ncum + n[i]
    if(ncum>100) return(sum(d[1:i]*n[1:i],
                           na.rm=TRUE)/sum(d[1:i]*n[1:i]/d[1:i],
                           na.rm=TRUE))
  }
  return(sum(d*n)/sum(n))
}

# Una vez conocidas las funciones, proporcionamos los datos para hacer el cálculo:
Do <- DiametroDominante(arboles, 'IFN3_ID')

# Ahora, dado que hemos calculado la altura dominante en otra base de datos,
# la unimos con la base de datos anterior
datos_parcela <- merge(datos_parcela, # variable x a unir
                      Do, # variable y a unir
                      by.x = 'IFN3_ID', # nombre de la variable x de unión
                      by.y = 'IDs') # nombre de la variable y de unión

# Cálculo de la esbeltez de la parcela
datos_parcela$esbeltez <- datos_parcela$h_medio*100/datos_parcela$dbh_medio # esbeltez normal
datos_parcela$esbeltez_dominante <- datos_parcela$Ho*100/datos_parcela$Do # esbeltez dominante

# Cálculo del Índice de Reineke (SDI)
# Esta variable nos aporta información acerca de la espesura de nuestra masa forestal
# Explicación: https://silvicultor.blogspot.com/2008/11/espesura-y-el-ndice-de-reineke.html

valor_r <- -1.605 # valor editable dependiendo de la especie (consultar bibliografía)
datos_parcela$SDI <- datos_parcela$N*((25/datos_parcela$dg)**valor_r)

# Cálculo del Índice de Hart (S)
# Esta variable nos aporta información acerca del espaciamiento de los árboles en nuestra masa forestal
# Explicación: https://es.wikipedia.org/wiki/%C3%8Dndice\_de\_Hart-Becking

# Índice de Hart-Becking
datos_parcela$S <- 10000/(datos_parcela$Ho*sqrt(datos_parcela$N))
# Índice de Hart-Becking para masas al tresbolillo
datos_parcela$S_tresbolillo <- (10000/datos_parcela$Ho)*sqrt(2/datos_parcela$N*sqrt(3))

rm(Do, Ho, valor_r) # eliminamos la información temporal innecesaria

```