

## Introducción a R con datos forestales. Parte 1

### Cálculos de árbol individual

Para realizar los cálculos propuestos a continuación es necesario:

- tener un identificador único para cada árbol
- conocer las dos medidas de diámetro normal ( $dbh\_1$  y  $dbh\_2$ ), o bien el diámetro normal promedio ( $dbh$ ) (cm)
- conocer la altura del árbol (m)
- conocer la superficie de la parcela de estudio ( $m^2$ )
- para calcular coordenadas del árbol, conocer la distancia (m) y rumbo (radianes) a un punto
- para calcular las coordenadas absolutas del árbol, además de lo anterior es necesario conocer las coordenadas absolutas de dicho punto

<code>arboles\$dbh &lt;- (arboles\$dbh_1 + arboles\$dbh_2)/2</code>	Cálculo de diámetro normal promedio (cm)
<code>arboles\$perimetro &lt;- arboles\$dbh*pi</code>	Cálculo del perímetro del árbol (cm)
<code>arboles\$expan &lt;- 10000/arboles\$superficie_parcela</code>	Cálculo del factor de expansión
<code>arboles\$g &lt;- pi*((arboles\$dbh/2)**2)</code>	Cálculo del área basimétrica ( $cm^2$ )
<code>arboles\$g_ha &lt;- arboles\$g*arboles\$expan/10000</code>	Cálculo del área basimétrica por hectárea ( $m^2/ha$ ), teniendo en cuenta el factor de expansión

La siguiente variable a calcular es el  $bal$  ( $m^2/ha$ ). Esta variable representa el área basimétrica de los árboles cuyo diámetro es mayor al del árbol sujeto. Su cálculo no es directo, y supone ordenar los árboles de mayor a menor diámetro para recorrer uno a uno todos los árboles de cada parcela, asignando como valor para el  $bal$  el área basimétrica por hectárea ( $g\_ha$ ) acumulada de los árboles mayores que él. Veamos cómo se calcula:

```
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$TREE_ID) # para cada árbol...
    arbol_sujeto <- arboles_seleccionados[arboles_seleccionados$TREE_ID == arbol, ] # lo selecciono
    arbol_sujeto$bal <- bal # le asigno el bal
  lista_arboles_sujeto <- rbind(lista_arboles_sujeto, arbol_sujeto) # lo añado a la lista
  bal <- bal + arbol_sujeto$g_ha # actualizo el bal para el siguiente árbol de la parcela
  resultados_bal <- rbind(resultados_bal, lista_arboles_sujeto) # añado los árboles de la parcela a resultados
}
```

<code>arboles\$esbeltez &lt;- arboles\$h*100/arboles\$dbh</code>	Cálculo de la esbeltez
<code>arboles\$x_arbol_rel &lt;-</code> <code>arboles\$distancia*cos(arboles\$rumbo_rad)</code> <code>arboles\$y_arbol_rel &lt;-</code> <code>arboles\$distancia*sin(arboles\$rumbo_rad)</code>	Cálculo de las coordenadas relativas
<code>arboles\$x_arbol_abs &lt;-</code> <code>arboles\$distancia*cos(arboles\$rumbo_rad) +</code> <code>arboles\$X_parcela</code> <code>arboles\$y_arbol_abs &lt;-</code> <code>arboles\$distancia*sin(arboles\$rumbo_rad) +</code> <code>arboles\$Y_parcela</code>	Cálculo de las coordenadas absolutas

¿Dudas sobre algún concepto forestal? Resuélvelas [aquí](#) [Descarga](#) el código de R y pruébalo tú mismo.

### Autores

Irene Ruano Benito  
Aitor Vázquez Veloso



### Proyecto de innovación docente

