

# R\_para\_forestales

Aitor Vázquez Veloso e Irene Ruano Benito

2023-03-20

A lo largo de este documento refrescaremos conocimientos de dasometría y R. Para ello utilizaremos datos del Inventario Forestal Nacional de España sobre los que calcularemos variables de interés forestal. El objetivo será conseguir ampliar la información de nuestras parcelas para que tenga una mayor utilidad a la hora de analizar los datos.

## 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-pinaster.csv')
arboles <- read.csv('arboles_IFN3_ejemplo-pinaster.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 en cada
# una de ellas los diámetros mínimos inventariables varían.
# 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 la siguiente forma:
```

```

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))))))

# 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 # sobrescribo 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 <- ddpby(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, expan, 0), na.rm = TRUE),
N_225_275 = sum(ifelse(dbh > 22.5 & dbh <= 27.5, expan, 0), na.rm = TRUE),
N_275_325 = sum(ifelse(dbh > 27.5 & dbh <= 32.5, expan, 0), na.rm = TRUE),
N_325_375 = sum(ifelse(dbh > 32.5 & dbh <= 37.5, expan, 0), na.rm = TRUE),
N_375_425 = sum(ifelse(dbh > 37.5 & dbh <= 42.5, expan, 0), na.rm = TRUE),
N_425_ = sum(ifelse(dbh > 42.5, expan, 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*expan/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*expan, na.rm = TRUE), # suma de los diámetros normales (cm)
SUM_G = sum(g*expan, na.rm = TRUE), # suma de las áreas basimétricas (cm²)
SUM_H = sum(h*expan, 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$$ <- 10000/(datos_parcela$Ho*sqrt(datos_parcela$N))  
# Índice de Hart-Becking para masas al tresbolillo  
datos_parcela$$tresbolillo <- (10000/datos_parcela$Ho)*sqrt(2/datos_parcela$N*sqrt(3))  
  
rm(Do, Ho, valor_r) # eliminamos la información temporal innecesaria
```