

Modelos de distribuição espacial

Simulação de pontos no espaço

Exercício prático da disciplina Ecologia de Populações de Comunidades Vegetais, IB-USP

Contents


Introdução	1
Preparação para o exercício	1
Alguns modelos de distribuição de pontos em um plano	2
Poisson homogêneo	2
Modelo Poisson não-homogêneo	3
Modelo Thomas Homogêneo	4
Modelo de Thomas não-homogêneo	5

Introdução

Um modelo é uma descrição de uma fenômeno, que preserva alguns dos aspectos relevantes deste fenômeno. Uma das classes de modelos que usamos para descrever como a estrutura espacial de populações de plantas são os que distribuem pontos num plano, segundo um conjunto de regras. Estes são os modelos de **padrões de pontos no espaço**.

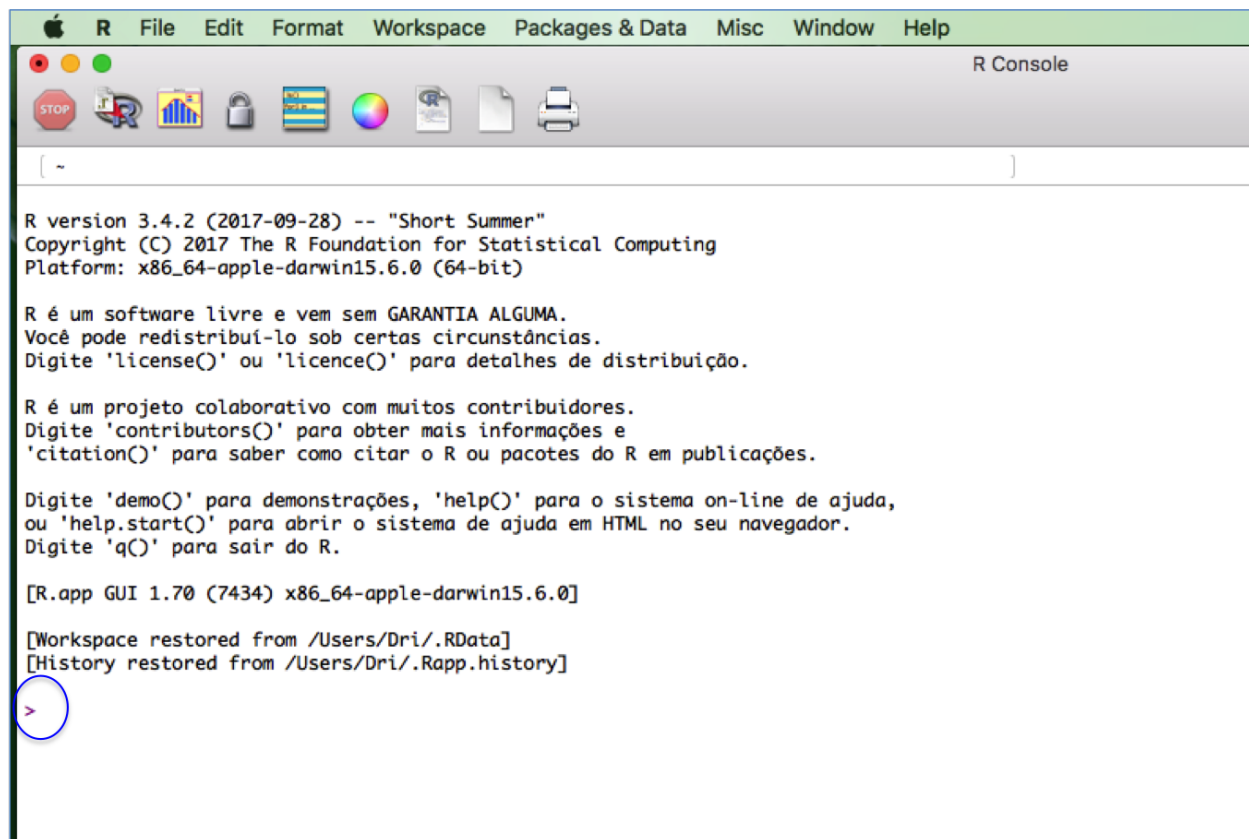
Aqui vamos entender as regras dos quatro modelos de padrões de pontos no espaço usados no artigo de Linn *et al.* (2011) ¹, usando a linguagem de programação R.

Preparação para o exercício

Abra o programa R, clicando no ícone que está na área de trabalho do seu computador: 

Se tudo deu certo até aqui, abrirá uma janela do R como essa:

¹Lin, Y. C., Chang, L. W., Yang, K. C., Wang, H. H., & Sun, I. F. (2011). Point patterns of tree distribution determined by habitat heterogeneity and dispersal limitation. *Oecologia*, 165(1), 175-184.



O símbolo ">", circundado em azul na imagem, indica o início da linha de comando ou **prompt**, onde você deve escrever comandos para o R.

Copie e cole o comando abaixo na linha de comando do R, para carregar o pacote (biblioteca de funções) que vamos usar:

```
library(spatstat)
```

Para realizar este roteiro, basta seguir as instruções de cada seção. Na maioria dos casos, você terá apenas que copiar o colar comandos, e interpretar os resultados. Em alguns casos, você terá que modificar um pouco alguns parâmetros dos comandos. Isto estará explicado em cada uma das seções seguintes.

Alguns modelos de distribuição de pontos em um plano

Poisson homogêneo

O primeiro modelo que vamos usar é chamado **Poisson homogêneo**, e descreve pontos distribuídos ao acaso em uma área. Execute os comandos abaixo no R, para simular um padrão de pontos gerados por este processo Poisson Homogêneo, em uma área quadrada unitária (ou seja, de dimensões 1x1) ²

```
## Gera o padrão de um processo PH, com intensidade = 100
PH <- rpoispp(lambda = 100, win = unit.square())
## Plota o padrão de pontos
plot(PH)
```

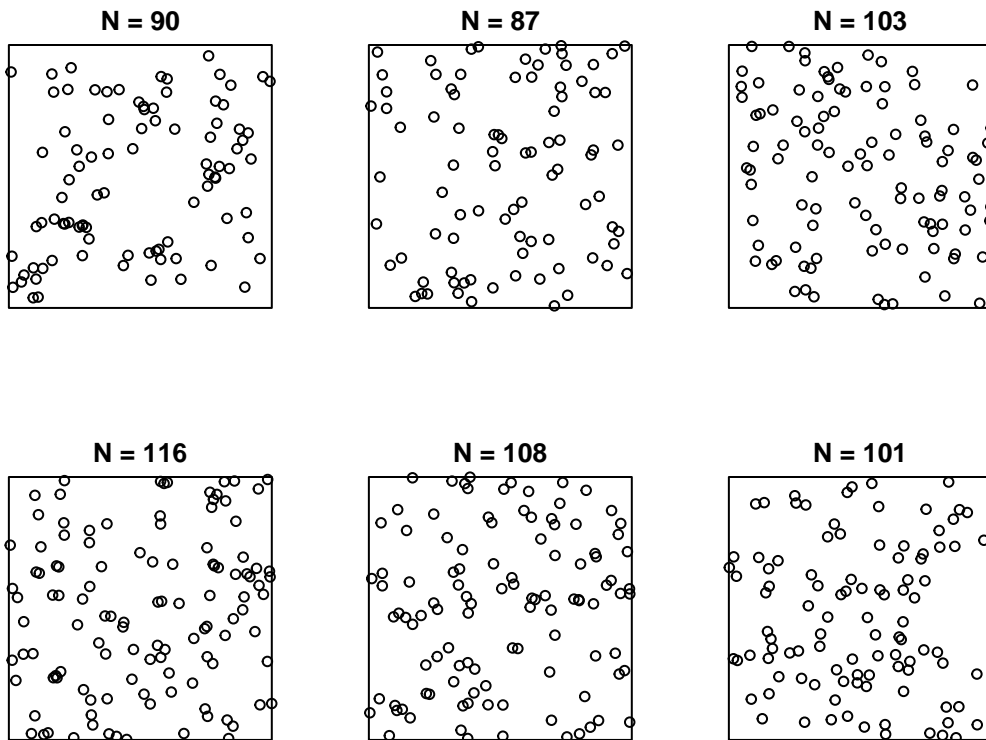
A função que simula o processo chama-se **rpoispp**. Ela tem o argumento **lambda**, que é a **intensidade** do processo. A intensidade aqui corresponde à densidade média de pontos por unidade de área. Depois de

²As linhas precedidas de **##** são comentários para explicar o que cada comando faz.

gerar os pontos, o código acima usa a função `plot` para fazer um gráfico do padrão de pontos. Experimente executar os comandos acima com outros valores de intensidade, para verificar o que muda no padrão de pontos gerados pelo modelo.

Como a intensidade do padrão que geramos inicialmente é 100 e a área é um quadrado de 1x1, o valor **esperado** de pontos nesta área é de 100. Isso não quer dizer que em toda simulação teremos exatamente esta quantidade de pontos, e sim que o **número médio** de pontos é 100. Ou seja, se repetirmos várias vezes a simulação deste processo, a média das densidades de todas as simulações corresponde à intensidade do processo.

A figura abaixo mostra seis repetições do padrão Poisson Homogêneo com intensidade de cem. O número de pontos em cada simulação está escrito acima de cada gráfico.



Modelo Poisson não-homogêneo

Este é um modelo de distribuição de pontos ao acaso, mas com uma intensidade que varia no espaço. Para exemplificar, vamos imaginar que em metade da nossa área quadrada de 1x1 a intensidade do processo é $\lambda = 20$, e na outra metade a intensidade é de $\lambda = 180$. Execute os comandos abaixo para simular um padrão Poisson não homogêneo com estas intensidades:

```
## Aqui definimos uma função que descreve como a intensidade muda na área
## No caso, a intensidade muda de 180 para 20 a partir do valor da coordenada X = 0.5
padrao1 <- function(x,y) ifelse(test = x > 0.5, yes = 20, no = 180)
## Gera o padrão de pontos
IP <- rpoispp(lambda = padrao1, win = unit.square())
## Plota o gráfico
plot(IP)
## Uma linha para marcar as duas regiões
```

```
abline(v = 0.5, lty = 2, col = "blue")
```

Um dos usos do modelo Poisson não-homogêneo é descrever a variação na densidade de plantas sob diferentes condições ambientais. Um exemplo pode ser a maior densidade de uma espécie de planta em áreas de menor altitude. Para ilustrar, vamos usar o mapa de altitude do terreno na parcela Permanente de Barro Colorado, no Panamá. Esta é uma área de 500 x 1000m, na qual todas as árvores acima de 1 cm de diâmetro são monitoradas desde 1983.

O comando abaixo mostra o mapa de altitude da parcela. A escala de cor mostra a altitude acima do nível do mar, em metros.

```
image(bei.extra$elev, main = "Elevação do terreno em BCI")
```

Agora vamos criar uma função que descreve um aumento da intensidade do processo Poisson com a redução da altitude, de forma exponencial. Os números foram escolhidos para obtermos uma quantidade razoável de pontos neste exemplo.

Em seguida, vamos criar um padrão de pontos com o modelo Poisson não-homogêneo, com esta função de intensidade. Com isso, simulamos uma espécie fictícia que tem maiores densidades nas áreas mais baixas:

```
## Valores de intensidade em função da elevação
padrao2 <- exp(20 - bei.extra$elev/10)*5e-6
## Gera padrão de pontos com a intensidade definida acima
bci.pp <- rpoispp(lambda = padrao2)
## Plota o mapa do terreno e os pontos
image(bei.extra$elev, main = "Elevação do terreno em BCI")
points(bci.pp)
```

Modelo Thomas Homogêneo

No modelo de Thomas Homogêneo, os pontos são distribuídos em agregados, ou *clusters*. A posição de cada agregado é definida por uma coordenada central, em torno da qual se distribuem pontos, até uma certa distância e com uma certa intensidade. As coordenadas centrais dos agregados são distribuídas por um processo Poisson Homogêneo. Os pontos em torno de cada coordenada central são distribuídos com uma intensidade que decresce com a distância ao centro do agregado³.

Execute o comando a seguir para simular um processo de Thomas homogêneo:

```
TH <- rThomas(kappa = 10, scale = 0.01, mu = 10, win = unit.square())
plot(TH)
```

O parâmetro **kappa** da função define a intensidade de agrupamentos, ou seja, a densidade esperada de agregados (ou a densidade esperada de pontos imaginários que definem o centro de cada agrupamento). Veja o que acontece se dobramos esta intensidade:

```
## Nova simulacao com kappa = 20
TH2 <- rThomas(kappa = 20, scale = 0.01, mu = 10, win = unit.square())
## Plota o grafico anterior junto com o grafico do novo padrao
par(mfrow=c(1,2)) ## abre janela para dois graficos juntos
plot(TH, main = "Kappa = 10")
plot(TH2, main = "Kappa = 20")
par(mfrow = c(1,1))
```

Modifique e execute os comandos acima para descobrir o que os parâmetros **scale** e **mu** da função no R fazem. Por exemplo, você pode aumentar o valor de **scale** em relação à primeira simulação assim:

³Mais precisamente, a distribuição dos pontos em cada agregado segue uma normal bivariada, centrada na coordenada central. Imagine um sino sobre cada coordenada central, que descreve a intensidade em torno desta coordenada. É justamente a menor probabilidade de pontos distantes do centro que criam o agregado.

```
## Nova simulacao com scale = 0.03
TH3 <- rThomas(kappa = 10, scale = 0.03, mu = 10, win = unit.square())
## Plota o grafico anterior junto com o grafico do novo padrao
par(mfrow=c(1,2)) ## abre janela para dois graficos juntos
plot(TH, main = "scale = 0.01")
plot(TH3, main = "scale = 0.03")
par(mfrow = c(1,1))
```

Agora tente fazer a comparação reduzindo o valor do parâmetro μ .

Modelo de Thomas não-homogêneo

No modelo de Thomas não-homogêneo, a intensidade de agrupamentos varia no espaço. Podemos simular este processo no R com a mesma função que usamos acima, mas indicando um padrão de variação para o argumento `kappa`. Os comandos a seguir criam um padrão com duas zonas de diferentes intensidades, em uma área quadrada unitária. Em seguida, simula um processo de Thomas não homogêneo, em que a intensidade de aglomerados segue este padrão de intensidade:

```
## Cria o padrão de intensidade de agregados: duas zonas com intensidades 6 e 20
padrao3 <- function(x,y) ifelse(x > 0.5, 6, 20)
## Simula o processo de Thomas com intensidade igual ao padrão acima
IT <- rThomas(kappa = padrao3, scale = 0.01, mu = 10, win = unit.square())
## Plota os pontos e a linha que divide as duas zonas de intensidade
plot(IT)
abline(v = 0.5, lty = 2, col = "blue")
```