# Estudio de reflectividad en campos de agave: corrección de la banda 2

QUETZALCOATL SINUE & V. Shalisko

3 de mayo de 2017

Cargar bibliotecas necesarias

```
library(foreign)

## Warning: package 'foreign' was built under R version 3.3.2

library(mgcv)

## Warning: package 'mgcv' was built under R version 3.3.1

## Loading required package: nlme

## Warning: package 'nlme' was built under R version 3.3.1

## This is mgcv 1.8-15. For overview type 'help("mgcv-package")'.
```

Nota: los fragmentos del código 1, 2 y 3 fueron copiados desde MODELO\_correccion\_estudio\_de\_datos.Rmd

Cargar las tablas con datos de muestreo de imagenes 2013, 2014, 2015

```
# fragmento del codigo 1
mydata2013<-read.dbf("Clip_PunRas_Buffer_45m_inters_2013.dbf")
mydata2013[mydata2013["FECH_SIEM"] == 0,"FECH_SIEM"] <- NA # sustituir fecha de siembra 0 por
NA

mydata2014<-read.dbf("Clip_punRas_Buffer_45m_intersec_2014.dbf")
mydata2014[mydata2014["FECH_SIEM"] == 0,"FECH_SIEM"] <- NA # sustituir fecha de siembra 0 por
NA

mydata2015<-read.dbf("Clip_punRas_Buffer_45m_intersec_2015.dbf")
mydata2015[mydata2015["FECH_SIEM"] == 0,"FECH_SIEM"] <- NA # sustituir fecha de siembra 0 por
NA

# Prueba opcional: para seleccionar solo datos con agaves sin vegetación
# mydata2013 <- subset(mydata2013, PORC_VEG == 0)
# mydata2014 <- subset(mydata2014, PORC_VEG == 0)
# mydata2015 <- subset(mydata2015, PORC_VEG == 0)
# mydata2015 <- subset(mydata2015, PORC_VEG == 0)</pre>
```

# Normalización de mediana de reflectividad en bandas para hacer compatibles datos de muestreo de las tres imagenes

```
# fragmento del código 2
# normalización de mediana consiste en que cada una de las muestras se ajusta sobre la median
mydata2013_b2n <- mydata2013[,"BANDA_2"] - median(mydata2013[,"BANDA_2"])</pre>
mydata2014_b2n <- mydata2014[,"banda_2"] - median(mydata2014[,"banda_2"])</pre>
mydata2015_b2n <- mydata2015[,"banda2"] - median(mydata2015[,"banda2"])</pre>
mydata2013_b3n <- mydata2013[,"BANDA_3"] - median(mydata2013[,"BANDA_3"])</pre>
mydata2014_b3n <- mydata2014[,"banda_3"] - median(mydata2014[,"banda_3"])</pre>
mydata2015_b3n <- mydata2015[,"banda3"] - median(mydata2015[,"banda3"])</pre>
mydata2013_b4n <- mydata2013[,"BANDA_4"] - median(mydata2013[,"BANDA_4"])</pre>
mydata2014_b4n <- mydata2014[,"banda_4"] - median(mydata2014[,"banda_4"])</pre>
mydata2015_b4n <- mydata2015[,"banda4"] - median(mydata2015[,"banda4"])</pre>
mydata2013_b5n <- mydata2013[,"BANDA_5"] - median(mydata2013[,"BANDA_5"])</pre>
mydata2014_b5n <- mydata2014[,"banda_5"] - median(mydata2014[,"banda_5"])</pre>
mydata2015_b5n <- mydata2015[,"banda5"] - median(mydata2015[,"banda5"])</pre>
mydata2013_b6n <- mydata2013[,"BANDA_6"] - median(mydata2013[,"BANDA_6"])</pre>
\label{lem:mydata2014_b6n <- mydata2014[,"banda_6"] - median(mydata2014[,"banda_6"])} \\
mydata2015_b6n <- mydata2015[,"banda6"] - median(mydata2015[,"banda6"])</pre>
mydata2013_b7n <- mydata2013[,"BANDA_7"] - median(mydata2013[,"BANDA_7"])</pre>
mydata2014_b7n <- mydata2014[,"banda_7"] - median(mydata2014[,"banda_7"])</pre>
mydata2015_b7n <- mydata2015[,"banda7"] - median(mydata2015[,"banda7"])</pre>
```

Integración de las tablas que corresponden a imagenes en tres fechas en una sola tabla para el analisis posterior

```
# fragmento del código 3
# porentaje de vegetación es columna numerica y no requiere conversión
mydataFULL_PORC_VEG <- c(mydata2013[,"PORC_VEG"],mydata2014[,"PORC_VEG"],mydata2015[,"PORC_VE</pre>
# rango es un factor y requiere transformación a cadenas de simbolos
mydataFULL_RANGO <- c(as.character(mydata2013[,"Rango"]),</pre>
                                               as.character(mydata2014[,"Rango"]),
                                               as.character(mydata2015[,"Rango"]))
# fecha de siembra es un factor y requiere transformación a cadenas de simbolos
mydataFULL_FECH_SIEM <- c(as.character(mydata2013[,"FECH_SIEM"]),</pre>
                                                        as.character(mydata2014[,"FECH_SIEM"]),
                                                        as.character(mydata2015[,"FECH_SIEM"]))
# bandas normalizadas con mediana son numéricas y non requieren conversión de formato
mydataFULL_b2n <- c(mydata2013_b2n,mydata2014_b2n,mydata2015_b2n)
mydataFULL_b3n <- c(mydata2013_b3n,mydata2014_b3n,mydata2015_b3n)</pre>
mydataFULL_b4n <- c(mydata2013_b4n,mydata2014_b4n,mydata2015_b4n)</pre>
mydataFULL_b5n <- c(mydata2013_b5n,mydata2014_b5n,mydata2015_b5n)</pre>
mydataFULL_b6n <- c(mydata2013_b6n,mydata2014_b6n,mydata2015_b6n)
mydataFULL_b7n <- c(mydata2013_b7n,mydata2014_b7n,mydata2015_b7n)</pre>
mydataFULL <- data.frame(</pre>
                                                    porc_veg=mydataFULL_PORC_VEG,
                                                    rango=mydataFULL_RANGO,
                                                    fech siem=mydataFULL FECH SIEM,
                                                    porc_veg_f=as.factor(mydataFULL_PORC_VEG),
                                                    b2n=mydataFULL_b2n,
                                                    b3n=mydataFULL_b3n,
                                                    b4n=mydataFULL b4n,
                                                    b5n=mydataFULL_b5n,
                                                    b6n=mydataFULL b6n,
                                                    b7n=mydataFULL_b7n)
# convertir columnas de rango y fecha de siembra a factores
mydataFULL[,"rango_f"] <- as.factor(mydataFULL[,"rango"])</pre>
\label{eq:mydatafull} \verb| mydatafull[,"rango"], levels = c("0-3","3-12","12-30","30-4] \\ | evels = c("0-3","3-12","30-4] \\ | evels = c("0-3","30-4] \\ | evels = c("0-3","3
mydataFULL[,"fech siem f"] <- as.factor(mydataFULL[,"fech siem"])</pre>
mydataFULL[,"fech_siem_f"] <- factor(mydataFULL[,"fech_siem"],</pre>
        levels =
c("2005","2006","2007","2008","2009","2010","2011","2012","2013","2014","2015","2016"))
```

### TRATAMIENTO DE BANDA 2

A partir de este punto solo se trabaja con los datos de la banda 2 en la tabla integrada

### Primera corección

Inferirencia de la respuesta a rangos de pendiente para BANDA 2 (modelo *myfit\_b2n*)

```
# convertir columna rango en una columna numérica (enteros) ordenada en secuencia de rangos d
eseada
mydataFULL[,"rango_n"] <- as.numeric(factor(mydataFULL[,"rango"], levels= c("0-3","3-12","12-
30","30-45")))

# construir un modelo de respuesta de reflectividad a rango de pendiente por medio de GAM
myfit_b2n <- gam(b2n ~ s(rango_n, k=3, fx = TRUE, bs="cr"), data=mydataFULL)

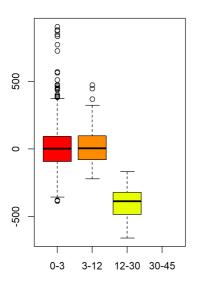
# resumen del modelo inferido
summary(myfit_b2n)</pre>
```

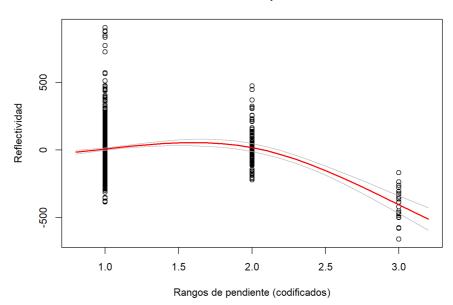
```
## Family: gaussian
## Link function: identity
##
## Formula:
## b2n \sim s(rango_n, k = 3, fx = TRUE, bs = "cr")
## Parametric coefficients:
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
##
                0.8101
                           4.2977
                                   0.188
## (Intercept)
                                             0.851
##
## Approximate significance of smooth terms:
##
             edf Ref.df
                            F p-value
                      2 75.06 <2e-16 ***
## s(rango_n) 2
## ---
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
## R-sq.(adj) = 0.104
                        Deviance explained = 10.6%
## GCV = 23549 Scale est. = 23494
                                       n = 1272
```

```
# realizar una visualización del modelo inferido en intervalo de interés
sequence <- data.frame(rango_n=seq(from=0.8, to=3.2, by=0.1))</pre>
my_response_b2n <- predict(myfit_b2n, newdata=sequence, type="response", se.fit=TRUE)</pre>
# establecer zona de graficas combinadas
layout(matrix(c(1,1,2,2,2,2),1,6,byrow = TRUE))
par(cex = 1.1)
# visualizar relación entre rango de peniente y banda
boxplot(mydataFULL[,"b2n"] ~ factor(mydataFULL[,"rango"], levels= c("0-3","3-12","12-30","30-
45")),main="Rango vs. BANDA 2 FULL",col=rainbow(11))
# visualizar la función de respuesta a rango
plot(mydataFULL[,"b2n"] ~ mydataFULL[,"rango_n"], xlim = c(0.8,3.2),
     main = "Curva de respuesta", xlab = "Rangos de pendiente (codificados)", ylab = "Reflect
ividad")
lines(sequence$rango n , my response b2n$fit, lwd = 2 , col = "red")
lines(sequence$rango_n , my_response_b2n$fit + 1.96*my_response_b2n$se.fit, lwd = 1 , col =
"gray")
lines(sequence$rango_n , my_response_b2n$fit - 1.96*my_response_b2n$se.fit, lwd = 1 , col =
"gray")
```



#### Curva de respuesta





## Realizar una corección de valores de reflectividad sustrayendo el efecto esperado de pendiente

```
# estimar valor de reflectividad esperado con el pendiente
b2n_prediccion <- predict(myfit_b2n, newdata=mydataFULL, type="response", se.fit=TRUE)

# guardar los valores corregidos con el modelo de respuesta a pendiente en la columna "b2n_c
1"
mydataFULL[,"b2n_c1"] <- mydataFULL[,"b2n"] - b2n_prediccion$fit</pre>
```

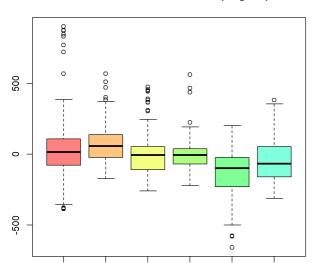
# Comparar los datos de reflectividad antes y despues de corección con el modelo *myfit\_b2n*

# comparar la columna de reflectividad sin corrección y con corrección summary(mydataFULL[,c("b2n","b2n\_c1")])

```
##
         b2n
                             b2n_c1
                                :-392.698
##
   Min.
           :-659.7250
                        Min.
                         1st Qu.: -98.705
##
   1st Qu.: -98.0012
   Median :
                         Median : -6.473
               0.0000
##
   Mean
               0.8101
                         Mean
                                    0.000
##
    3rd Qu.:
              89.4550
                         3rd Qu.: 85.632
##
           : 904.3100
                                : 897.582
   Max.
                         Max.
```

```
# visualizar respuesta a presencia de maleza sin corección y con corección par(mfcol = c(1, 2), cex =1) boxplot(mydataFULL[,"b2n"] ~ factor(mydataFULL[,"porc_veg"], levels= c("0","20","40","60","8 0","100")),main="Malezas vs. BANDA 2 FULL (original)",col=rainbow(11,s = 0.5)) boxplot(mydataFULL[,"b2n_c1"] ~ factor(mydataFULL[,"porc_veg"], levels= c("0","20","40","60","80","100")),main="Malezas vs. BANDA 2 FULL (corregida 1)",col=rainbow(1 1,s = 0.5))
```

#### Malezas vs. BANDA 2 FULL (original)



40

60

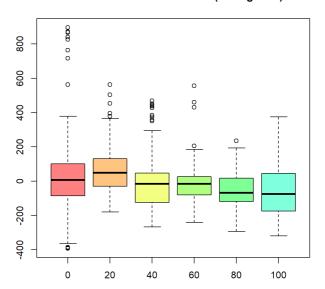
80

100

0

20

#### Malezas vs. BANDA 2 FULL (corregida 1)

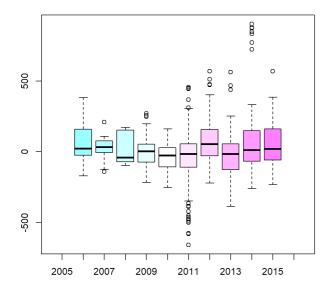


# visualizar respuesta a fecha de siembra de agave sin corección y con corección
par(mfcol = c(1, 2), cex =1)
boxplot(mydataFULL[,"b2n"] ~ factor(mydataFULL[,"fech\_siem"], levels=

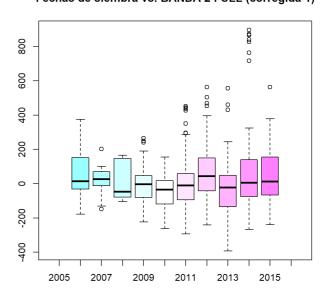
boxplot(mydataFULL[,"b2n"] ~ factor(mydataFULL[,"fech\_siem"], levels=
c(seq(from=2005,to=2016,by=1))),main="Fechas de siembra vs. BANDA 2 FULL (original)",col=cm.c
olors(11))

boxplot(mydataFULL[,"b2n\_c1"] ~ factor(mydataFULL[,"fech\_siem"], levels= c(seq(from=2005,to=2
016,by=1))),main="Fechas de siembra vs. BANDA 2 FULL (corregida 1)",col=cm.colors(11))

#### Fechas de siembra vs. BANDA 2 FULL (original)



#### Fechas de siembra vs. BANDA 2 FULL (corregida 1)



### segunda corección

Inferirencia de la respuesta a presencia de maleza para BANDA 2 (modelo *myfit2 b2n*)

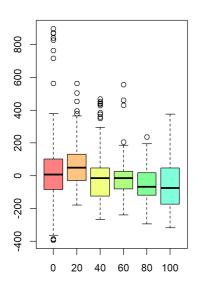
```
# construir un modelo de respuesta de reflectividad a presencia de maleza por medio de GAM
myfit2_b2n <- gam(b2n_c1 ~ s(porc_veg, k=3, fx = TRUE, bs="cr"), data=mydataFULL)
# resumen del modelo inferido
summary(myfit2_b2n)</pre>
```

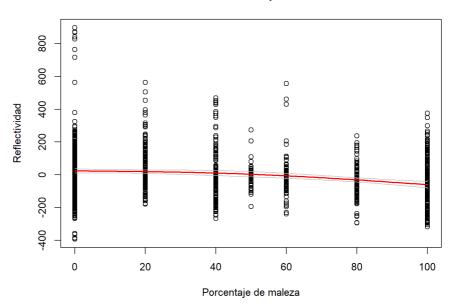
```
## Family: gaussian
## Link function: identity
##
## Formula:
## b2n_c1 \sim s(porc_veg, k = 3, fx = TRUE, bs = "cr")
## Parametric coefficients:
##
               Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept) 1.464e-14 4.208e+00
##
## Approximate significance of smooth terms:
              edf Ref.df
                             F p-value
##
                      2 27.18 2.77e-12 ***
## s(porc_veg) 2
## Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
## R-sq.(adj) = 0.0396
                         Deviance explained = 4.11%
## GCV = 22582 Scale est. = 22529
                                       n = 1272
```

```
# realizar una visualización del modelo inferido en intervalo de interés
sequence2 <- data.frame(porc_veg=seq(from=0, to=100, by=1))</pre>
my_response2_b2n <- predict(myfit2_b2n, newdata=sequence2, type="response", se.fit=TRUE)</pre>
# establecer zona de graficas combinadas
layout(matrix(c(1,1,2,2,2,2),1,6,byrow = TRUE))
par(cex = 1.1)
# visualizar relación entre maleza y banda
boxplot(mydataFULL[,"b2n_c1"] ~ factor(mydataFULL[,"porc_veg"], levels=
c("0","20","40","60","80","100")), main="Maleza vs. BANDA 2 FULL", col=rainbow(11, s = 0.5))
# visualizar la función de respuesta a presencia de maleza
plot(mydataFULL[,"b2n_c1"] ~ mydataFULL[,"porc_veg"], xlim = c(0,100),
     main = "Curva de respuesta", xlab = "Porcentaje de maleza", ylab = "Reflectividad")
lines(sequence2$porc_veg , my_response2_b2n$fit, lwd = 2 , col = "red")
lines(sequence2$porc veg , my response2 b2n$fit + 1.96*my response2 b2n$se.fit, lwd = 1 , col
 = "gray")
lines(sequence2$porc_veg , my_response2_b2n$fit - 1.96*my_response2_b2n$se.fit, lwd = 1 , col
 = "gray")
```



#### Curva de respuesta





## Realizar segunda corección de valores de reflectividad sustrayendo el efecto esperado de porcentaje de malezas

```
# estimar valor de reflectividad esperado con el pendiente
b2n_prediccion2 <- predict(myfit2_b2n, newdata=mydataFULL, type="response", se.fit=TRUE)
# guardar los valores corregidos con el modelo de respuesta a pendiente en la columna "b2n_c
2"
mydataFULL[,"b2n_c2"] <- mydataFULL[,"b2n_c1"] - b2n_prediccion2$fit</pre>
```

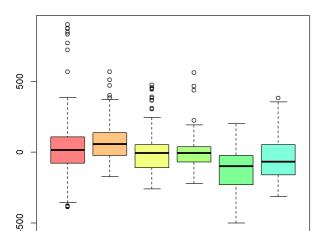
## Comparar los datos de reflectividad antes y despues de corección con el modelo *myfit2\_b2n*

# comparar la columna de reflectividad sin corrección y con corrección summary(mydataFULL[,c("b2n","b2n\_c2")])

```
##
         b2n
                             b2n_c2
   Min.
           :-659.7250
                        Min.
                                :-415.72
##
                         1st Qu.: -90.99
##
   1st Qu.: -98.0012
   Median :
                         Median : -14.02
               0.0000
##
   Mean
               0.8101
                         Mean
                                    0.00
    3rd Qu.:
              89.4550
                         3rd Qu.: 75.62
##
           : 904.3100
                                : 874.56
   Max.
                         Max.
```

```
# visualizar respuesta a presencia de maleza sin corección y con corección
par(mfcol = c(1, 2), cex =1)
boxplot(mydataFULL[,"b2n"] ~ factor(mydataFULL[,"porc_veg"], levels= c("0","20","40","60","8
0","100")),main="Malezas vs. BANDA 2 FULL (original)",col=rainbow(11,s = 0.5))
boxplot(mydataFULL[,"b2n_c2"] ~ factor(mydataFULL[,"porc_veg"], levels=
c("0","20","40","60","80","100")),main="Malezas vs. BANDA 2 FULL (corregida 2)",col=rainbow(1
1,s = 0.5))
```

#### Malezas vs. BANDA 2 FULL (original)



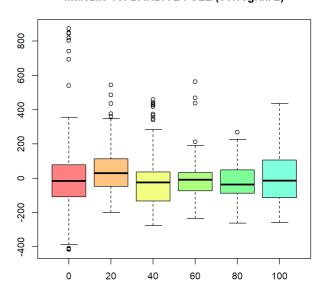
0

20

40

60

#### Malezas vs. BANDA 2 FULL (corregida 2)



# visualizar respuesta a fecha de siembra de agave sin corección y con corección par(mfcol = c(1, 2), cex = 1)

100

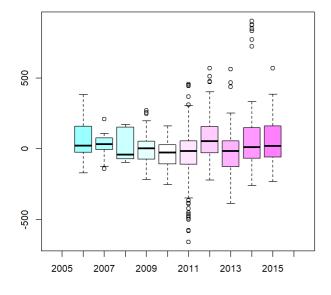
boxplot(mydataFULL[,"b2n"] ~ factor(mydataFULL[,"fech\_siem"], levels=

80

c(seq(from=2005,to=2016,by=1))),main="Fechas de siembra vs. BANDA 2 FULL (original)",col=cm.c
olors(11))

boxplot(mydataFULL[,"b2n\_c2"] ~ factor(mydataFULL[,"fech\_siem"], levels= c(seq(from=2005,to=2
016,by=1))),main="Fechas de siembra vs. BANDA 2 FULL (corregida 2)",col=cm.colors(11))

#### Fechas de siembra vs. BANDA 2 FULL (original)



#### Fechas de siembra vs. BANDA 2 FULL (corregida 2)

