

# Modelo autológico

Elias T. Krainski & Paulo J. Ribeiro Jr.

Última Atualização: 4 de agosto de 2006

Considerando-se o *status* da planta como resposta binária, o modelo será denominado autológico, onde os coeficientes de regressão dão a estimativa do acréscimo na probabilidade da presença ou não da doença. A estrutura de vizinhança pode ser observações adjacentes em uma mesma fileira ou em fileiras adjacentes. Considerando vizinhos da mesma fileira e fileiras vizinhas separadamente, obtêm-se o grau da dispersão da doença em diferentes direções. A autocorrelação é evidentemente induzida, pois a mesma informação é utilizada como resposta e covariável, (Gumpertz & Ristaino 1997).

## Exemplo

Na função `autologistic.citrus()` foi implementado a regressão logística com estimação dos parâmetros pelo método da pseudo-verossimilhança. Também foi implementado o procedimento de reamostragem de bootstrap via amostrador de Gibbs para a obtenção de estimativas mais precisas dos erros dos parâmetros do modelo.

```
> args(autologistic.citrus)

function (obj, bor = 1, formula = Y ~ R + C + dA + dB, obj2 = NULL,
  covariate = NULL, death = 1, healt = 0, inf.method = c("pseudo",
  "mc", "bootstrap"), N, verbose = TRUE)
NULL
```

Nesta função deve-se entrar obrigatoriamente com os dados. Alternativamente, pode-se definir o numero de bordas a ser desconsiderado no argumento `bor`, se a informação da vizinhança será tomada na forma binária ou de contagem, os códigos de que indicam o *status* da planta e o numero de simulações na reamostragem.

Como exemplo do ajuste do modelo por pseudo-verossimilhança, vamos ajustá-lo aos dados de PPC de Itajobi, fazendo  $K=0$ , ou seja, sem reamostragens bootstrap via amostrador de Gibbs.

Carregando um conjunto de dados de pinta preta.

```
> data(Itajobi)

Fazendo a análise:

> aut.ita <- autologistic.citrus(Itajobi)

(Intercept)          R          C          dA          dB
      -5.756      4.369      0.644     -0.123      1.294

> summary(aut.ita)
```

```

Call:
glm(formula = formula, family = binomial, data = obj.df)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.4184 -0.0795 -0.0795 -0.0795  3.3939

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -5.756      0.336  -17.12 < 2e-16 ***
R              4.369      0.551   7.93  2.2e-15 ***
C              0.644      0.965   0.67   0.50
dA            -0.123      1.002  -0.12   0.90
dB             1.294      1.015   1.27   0.20
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 227.16  on 2767  degrees of freedom
Residual deviance: 160.04  on 2763  degrees of freedom
AIC: 170.0

```

Number of Fisher Scoring iterations: 8

Como exemplo de reamostragem, vamos aplicar nos dados de *Bell Pepper* publicados em (Gumpertz & Ristaino 1997).

Carregando um conjunto de dados de bell Pepper:

```
> (data(bellPepper))
```

```
[1] "bellPepper"
```

Fazendo a análise para 10 simulações:

```
> set.seed(153)
> aut <- autologistic.citrus(bellPepper, inf.meth = "boo",
+   N = 10)
```

```
(Intercept)      R          C          dA          dB
      -2.942      1.249     -0.189      0.563      1.021
Simulation:1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, OK!
```

```
> aut
```

Results of pseudo-likelihood

Coefficients:

```
(Intercept)      R          C          dA          dB
      -2.942      1.249     -0.189      0.563      1.021
```

Variances:

```
(Intercept)      R          C          dA          dB
```

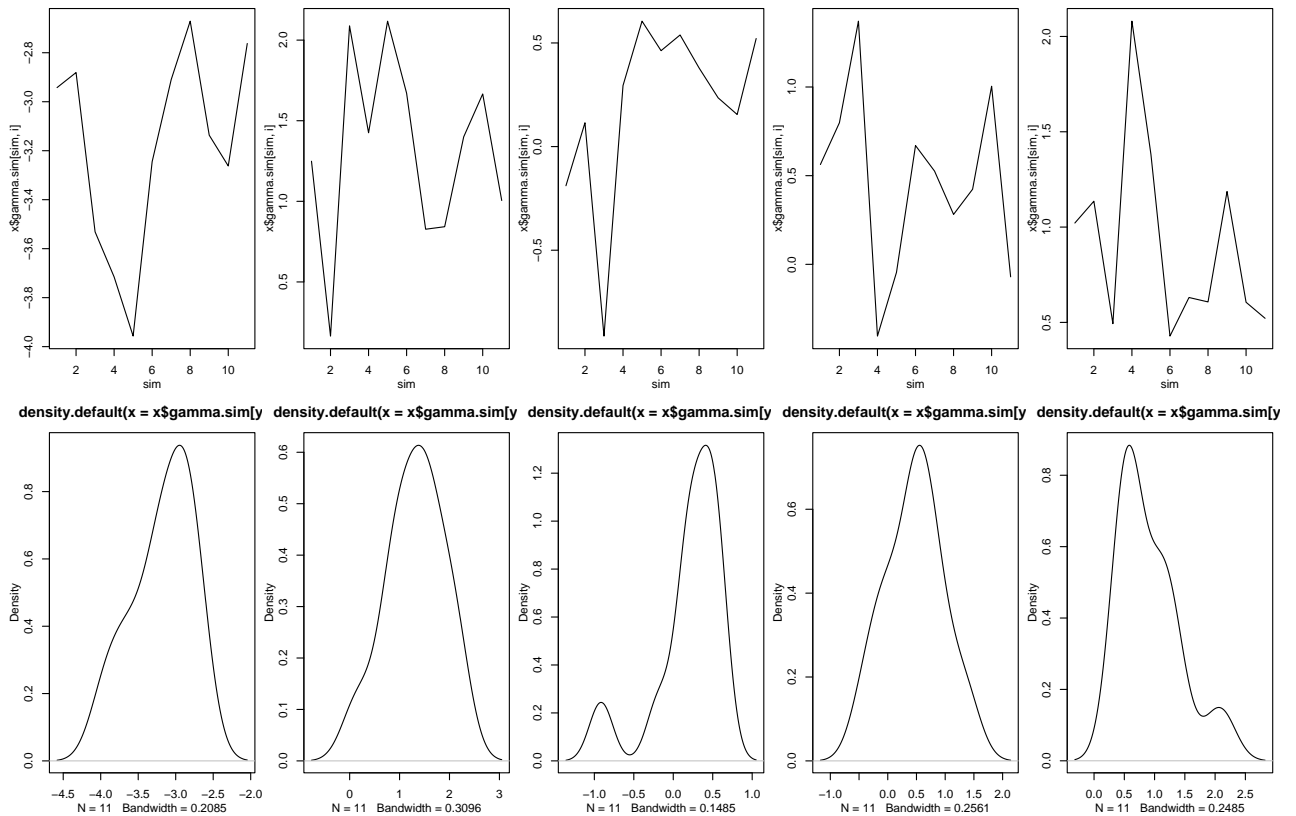


Figura 1: Visualização dos valores simulados na reamostragem bootstrap via amostrador de Gibbs, plot simples e densidade.

```

0.0839      0.0744      0.1359      0.1118      0.0756
Results of bootstrap re-samples with Gibbs Sampler:
Coefficients:
(Intercept)          R          C          dA          dB
      -3.183       1.314       0.200       0.465       0.917
Variances:
(Intercept)          R          C          dA          dB
      0.168       0.340       0.190       0.262       0.255

```

Plotando os resultados de duas maneiras: plot simples e densidade.

```

> par(mfrow = c(2, 5), mar = c(3, 3, 3, 0.5), mgp = c(2, 1,
+ 0))
> plot(aut)
> density.autologistic(aut)

```

Na Figura 1 podemos visualizar as estimativas obtidas em nas simulações.

## Agradecimentos

Este trabalho foi desenvolvido como parte das atividades do convênio firmado entre o Fundo de Defesa da Citricultura (FUNDECITRUS) e o Departamento de Estatística da Universidade Federal do Paraná e financiado pelo FUNDECITRUS.

## Referências

Gumpertz, M. L. ; Graham, J. M. & Ristaino, J. B. (1997). Autologistic model of spatial pattern of phytophthora epidemic in bell pepper: Effects of soil variables on disease presence, *Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics* **2**(2): 131–156.