

Simulação de dados de doenças em plantas

Elias T. Krainski & Paulo J. Ribeiro Jr.

Última Atualização: 4 de agosto de 2006

Vários modelos podem ser utilizados para modelar o padrão espacial. Os mais simples são aqueles para hipótese de completa aleatoriedade espacial. Na presença de agregação, diferentes modelos consideram a agregação de diferentes formas.

1 Modelos

O modelo beta-binomial inclui um parâmetro de agregação, porém este parâmetro não apresenta dependência espacial e não pode ser utilizado para simulação. O modelo geoestatístico modela a dependência espacial por um processo estocástico subjacente e pode ser utilizado para simular dados com dependência espacial. Também há modelos para dados de incidência de doenças de plantas baseados na pressão infectiva exercida por uma planta doente nas plantas saudáveis (Gibson & Austin 1996) e (De Lima 2005).

Para simular dados de incidência de plantas, foi adaptado a função `grf` do pacote **geoR** (Ribeiro Jr. & Diggle 2001) e foram implementados dois modelos de pressão infectiva baseada em distância. O resultado da função `grf` é um valor contínuo e para obter a incidência é feita uma transformação logito. Os modelos de pressão infectiva implementados tem dois parâmetros: α_1 , que controla a incidência, e α_2 que controla a agregação. Em um modelo a pressão infectiva é proporcional a uma potência da distância $\alpha_1 + d^{-2\alpha_2}$ e no outro, é proporcional a um exponencial da distância $\alpha_1 + \exp(-d * \alpha_2)$.

Na Figura 1, pode-se visualizar a pressão infectiva em função da distância para alguns parâmetros de ambos os modelos, e a correlação segundo uma função de correlação exponencial, a mais utilizada no modelo geoestatístico.

```
> par(mfrow = c(1, 1), mar = c(3, 3, 3, 0.3), mgp = c(2, 1,
+ 0))
> plot(function(d) 0 + exp(-0.5 * d), 0, 20, lty = 3, ylab = "",
+ xlab = "Distância")
> plot(function(d) 0 + exp(-1 * d), 0, 20, ad = T, col = 2,
+ lty = 3)
> plot(function(d) 0 + exp(-2 * d), 0, 20, ad = T, col = 4,
+ lty = 3)
> plot(function(d) 0 + d^(-2 * 0.5), 0, 20, ad = T, col = 1,
+ lty = 2)
> plot(function(d) 0 + d^(-2 * 1), 0, 20, ad = T, col = 2,
+ lty = 2)
> plot(function(d) 0 + d^(-2 * 2), 0, 20, ad = T, col = 4,
+ lty = 2)
> plot(function(d) exp(-d/10), 0, 20, ad = T, col = 1)
```

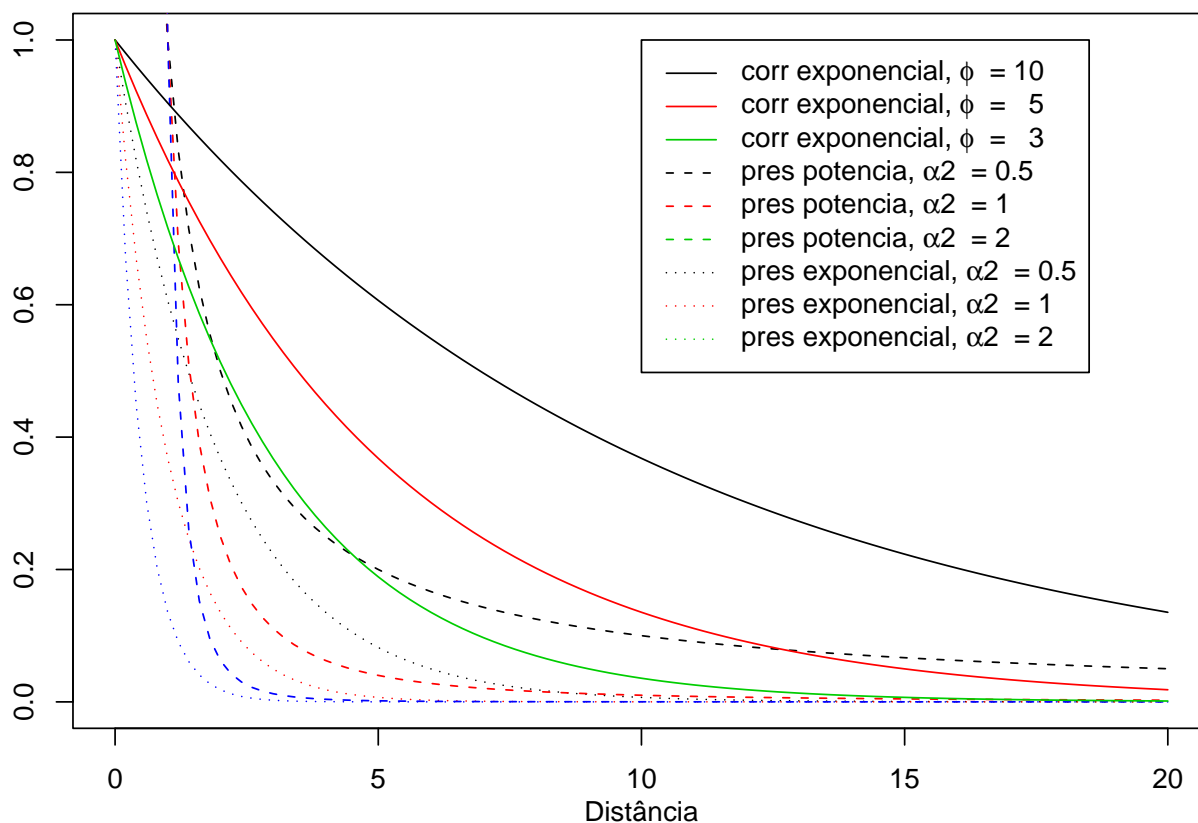


Figura 1: Valores de correlação e pressão infectiva para diferentes modelos e parâmetros de agregação.

```

> plot(function(d) exp(-d/5), 0, 20, ad = T, col = 2)
> plot(function(d) exp(-d/3), 0, 20, ad = T, col = 3)
> legend(10, 1, c(expression(paste("corr exponencial, ", phi,
+ " = 10")), expression(paste("corr exponencial, ", phi,
+ " = 5")), expression(paste("corr exponencial, ", phi,
+ " = 3")), expression(paste("pres potencia, ", alpha,
+ "2 = 0.5")), expression(paste("pres potencia, ", alpha,
+ "2 = 1")), expression(paste("pres potencia, ", alpha,
+ "2 = 2")), expression(paste("pres exponencial, ", alpha,
+ "2 = 0.5")), expression(paste("pres exponencial, ",
+ alpha, "2 = 1")), expression(paste("pres exponencial, ",
+ alpha, "2 = 2")), ), lty = rep(1:3, each = 3), col = 1:3)

```

Nota-se que o modelo de pressão infectiva potência, a pressão infectiva decai mais rapidamente em função da distância, que no modelo com pressão infectiva exponencial. Nota-se também que a função de correlação do modelo geoestatístico é equivalente à pressão infectiva exponencial.

2 Exemplo de dados simulados

A função `sim.citrus()` implementa os modelos descritos.

```
> args(sim.citrus)
```

```
function (coords, p.death = 0.1, model = c("pdist", "edist",  
      "hGRF", "clipGRF", "transGRF"), nsim = 1, ...)  
NULL
```

É necessário entrar com as coordenadas, a incidência, o modelo e os parâmetros adicionais do modelo escolhido. Na Figura 2 visualiza-se alguns exemplos de dados simulados, conforme os comandos a seguir:

```
> coo <- expand.grid(7 * (1:20), 3 * (1:40))  
> par(mfrow = c(5, 3), mar = c(2, 2, 2, 0.1), mgp = c(1, 0.3,  
+ 0))  
> set.seed(123)  
> plot(sim.citrus(coo, p = 0.1, model = "edist", a1 = 0, a2 = 0.1),  
+ main = expression(paste("P. Exponencial, ", alpha, "2 = 0.1")),  
+ pch = 19)  
> set.seed(123)  
> plot(sim.citrus(coo, p = 0.1, model = "edist", a1 = 0, a2 = 0.5),  
+ main = expression(paste("P. Exponencial, ", alpha, "2 = 0.5")),  
+ pch = 19)  
> set.seed(123)  
> plot(sim.citrus(coo, p = 0.1, model = "edist", a1 = 0, a2 = 1.5),  
+ main = expression(paste("P. Exponencial, ", alpha, "2 = 1.5")),  
+ pch = 19)  
> set.seed(123)  
> plot(sim.citrus(coo, p = 0.1, model = "pdist", a1 = 0, a2 = 0.1),  
+ main = expression(paste("P. Potencia, ", alpha, "2 = 0.1")),  
+ pch = 19)  
> set.seed(123)  
> plot(sim.citrus(coo, p = 0.1, model = "pdist", a1 = 0, a2 = 0.5),  
+ main = expression(paste("P. Potencia, ", alpha, "2 = 0.5")),  
+ pch = 19)  
> set.seed(123)  
> plot(sim.citrus(coo, p = 0.1, model = "pdist", a1 = 0, a2 = 1.5),  
+ main = expression(paste("P. Potencia, ", alpha, "2 = 1.5")),  
+ pch = 19)  
> set.seed(123)  
> plot(sim.citrus(coo, p = 0.1, model = "hGRF", cov.pars = c(1,  
+ 5)), main = expression(paste("GRF Hierarquico, ", phi,  
+ " = 5")), pch = 19)  
> set.seed(123)  
> plot(sim.citrus(coo, p = 0.1, model = "hGRF", cov.pars = c(1,  
+ 10)), main = expression(paste("GRF Hierarquico, ", phi,  
+ " = 10")), pch = 19)  
> set.seed(123)
```

```

> plot(sim.citrus(coo, p = 0.1, model = "hGRF", cov.pars = c(1,
+ 15)), main = expression(paste("GRF Hierarquico, ", phi,
+ " = 15")), pch = 19)
> set.seed(123)
> plot(sim.citrus(coo, p = 0.1, model = "clipGRF", cov.pars = c(1,
+ 5)), main = expression(paste("GRF Cliped,", phi, " = 5")),
+ pch = 19)
> set.seed(123)
> plot(sim.citrus(coo, p = 0.1, model = "clipGRF", cov.pars = c(1,
+ 10)), main = expression(paste("GRF Cliped, ", phi, " = 10")),
+ pch = 19)
> set.seed(123)
> plot(sim.citrus(coo, p = 0.1, model = "clipGRF", cov.pars = c(1,
+ 15)), main = expression(paste("GRF Cliped, ", phi, " = 15")),
+ pch = 19)
> set.seed(123)
> plot(sim.citrus(coo, p = 0.1, model = "transGRF", cov.pars = c(1,
+ 5)), main = expression(paste("GRF Tranformado, ", phi,
+ " = 5")), pch = 19)
> set.seed(123)
> plot(sim.citrus(coo, p = 0.1, model = "transGRF", cov.pars = c(1,
+ 10)), main = expression(paste("GRF Tranformado, ", phi,
+ " = 10")), pch = 19)
> set.seed(123)
> plot(sim.citrus(coo, p = 0.1, model = "transGRF", cov.pars = c(1,
+ 15)), main = expression(paste("GRF Tranformado, ", phi,
+ " = 15")), pch = 19)

```

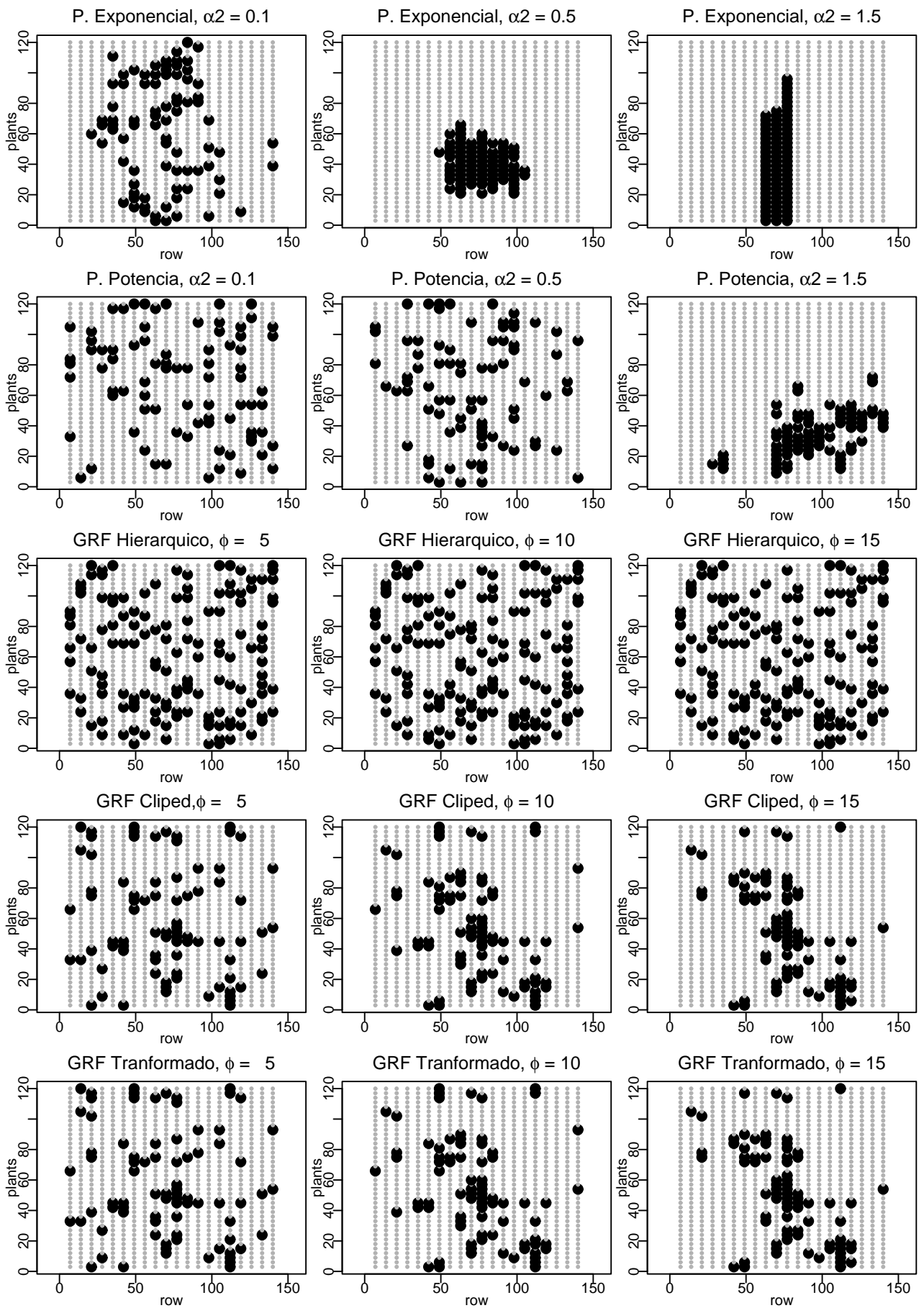


Figura 2: Visualização de dados simulados segundo três diferentes modelos (colunas) com variação dos parâmetros em dada modelo (linhas)

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

- De Lima, R. R. (2005). *Modelagem espaemporal para dados de incidia de doen em plantas*, PhD thesis, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - USP.
- Gibson, G. J. & Austin, E. J. (1996). Fitting and testing spatio-temporal stochastic models with application in plant epidemiology, *Plant Patholog* **45**: 172–184.
- Ribeiro Jr., P. & Diggle, P. (2001). geoR: A package from geostatistical analysis, *R-NEWS* . URL: <http://cran.R-project.org/doc/Rnews>.