

## Modelo Poisson com transformação

A figura abaixo apresenta os pontos amostrados.

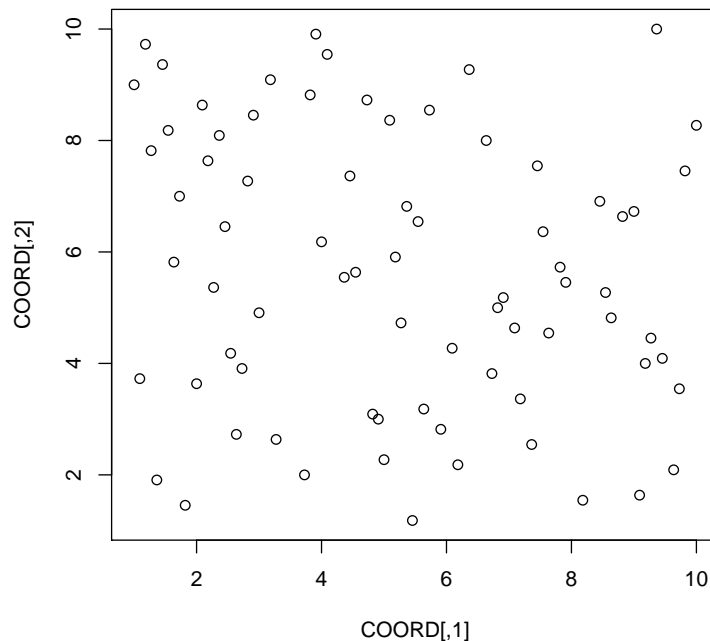


Figura 1: Coordenadas amostrais

Os dados foram simulados utilizando os comandos a seguir:

```
> MU=5 ; sigma2=2; phi=2
> #simulando os dados utilizando distribuição Poisson
> D<-as.matrix(dist(COORD,diag=T,upper=T))
> Sigma<-sigma2*exp(-D/phi)
> S=t(chol(as.matrix(Sigma)))%*%rnorm(nrow(COORD))
> lambdaS=exp(MU+S)
> Y=rpois(nrow(COORD),lambdaS)
```

Após a simulação a necessidade de transformação foi verificada por meio do gráfico boxcox, e como esperado a transformação logarítmica foi sugerida.

Para verificar a existência de padrão espacial utilizou-se o variograma com envelope de simulação, apresentado na figura .

Foram empregados três modelos, cujos comandos estão a seguir.

```
> M1<-likfit(dad,ini=c(0.7*var(Y),0.3*var(Y)))
> M2<-likfit(dad,trend = "1st",ini=c(0.7*var(Y),0.3*var(Y)))
```

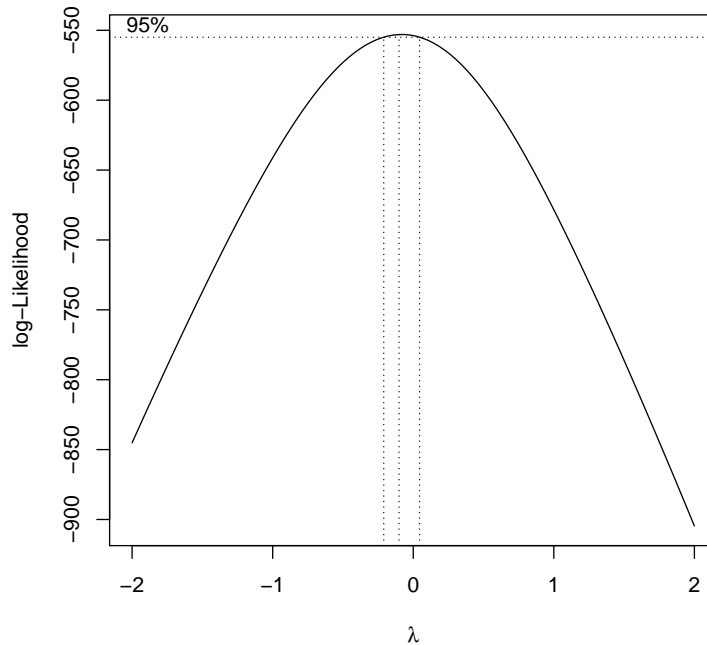


Figura 2: Gráfico para verificação de transformação

```

> M3<-likfit(dad,trend = "2nd",ini=c(0.7*var(Y),0.3*var(Y)))
> L1=-2*M1$loglik;L2=-2*M2$loglik;L3=-2*M3$loglik
> pchisq(L1-L2,M2$npars-M1$npars,lower.tail=F)
> pchisq(L1-L3,M3$npars-M1$npars,lower.tail=F) #Ficamos com o modelo 3
> M1$AIC; M2$AIC;M3$AIC
> M1R<-likfit(dad,ini=c(0.7*var(Y),0.3*var(Y)), lik.method = "REML")
> M2R<-likfit(dad,trend = "1st",ini=c(0.7*var(Y),0.3*var(Y)), lik.method = "REML")
> M3R<-likfit(dad,trend = "2nd",ini=c(0.7*var(Y),0.3*var(Y)), lik.method = "REML")
> M1R$AIC; M2R$AIC;M3R$AIC

```

Dos modelos utilizados, tanto pelo método da máxima verossilhança (ML) como pelo método da máxima verossilhança restrita o modelo selecionado foi o modelo 3, quando utilizando a semente 75. Os valores dos AIC para cada um dos modelos foram 218.85, 222.03,225, utilizando ML. A figura apresenta os mapas de krigagem do modelo selecionado para ambos os métodos.

Além do estudo anterior foram simuladas 100 amostras de tamanho 75, e calculados os componentes de variância pelos métodos ML e REML, como apresentado a seguir:

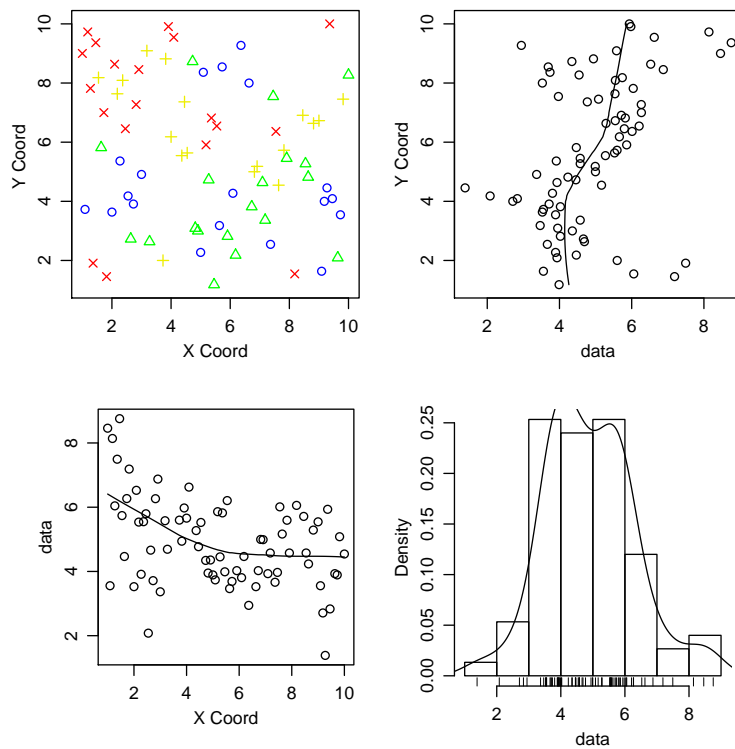


Figura 3: Análise exploratória para os dados transformados

```

> require(geoR)
> NSIM <- 100
> sigmasqM=sigmasqMR=phiM=phiMR=tauM=tauMR=numeric(NSIM)
> MU=5 ; sigma2=2; phi=2
> for (i in 1:NSIM){
+ COORD<-cbind(sample(seq(1,10,length=100),75),sample(seq(1,10,length=100),75))
+ D<-as.matrix(dist(COORD,diag=T,upper=T))
+ Sigma<-sigma2*exp(-D/phi)
+ S=t(chol(as.matrix(Sigma)))*%*%rnorm(nrow(COORD))
+ lambdaS=exp(MU+S)
+ Y=rpois(nrow(COORD),lambdaS)
+ #usando a transformação log
+ dad<-as.geodata(cbind(COORD,log(Y+1)),coords.col=c(1,2), data.col=3)
+ VAR.Y <- var(log(Y+1))
+ M3<-likfit(dad,ini=c(0.9*VAR.Y,max(D)/15), nugget=0.1*VAR.Y)
+ M3R<-likfit(dad,ini=c(0.9*VAR.Y,max(D)/15), nugget=0.1*VAR.Y, lik.method = "REML")
+ sigmasqM[i]=M3$sigmasq
+ sigmasqMR[i]=M3R$sigmasq
+ phiM[i]=M3$phi

```

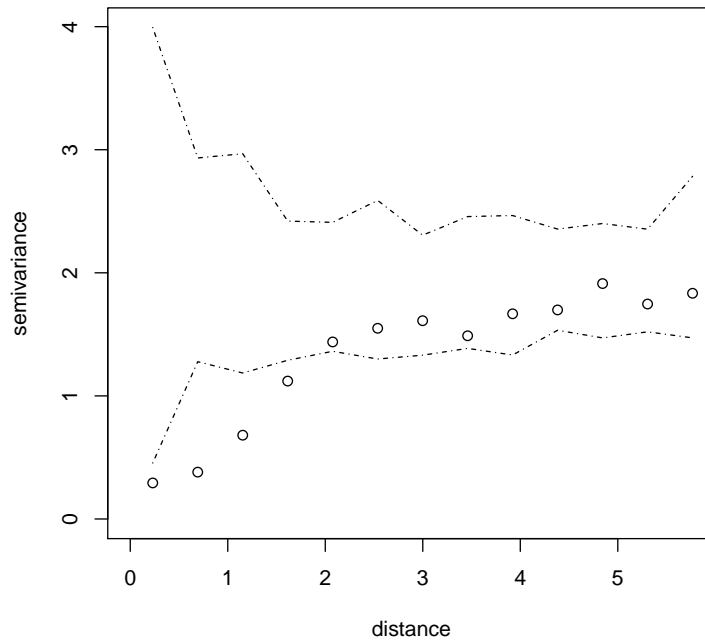


Figura 4: Variograma com envelope simulado

```
+ phiMR[i]=M3R$phi
+ }
```

Após a simulação foram gerados os gráficos boxplot para os valores estimados de  $\phi$  e  $\sigma^2$ , figura .

## Modelo Normal

Os dados foram simulados utilizando as mesmas coordenadas do modelo de Poisson, utilizando os comandos a seguir:

```
> MU=5 ; sigma2=4; phi=2 ;tau=1.5
> D<-as.matrix(dist(COORD,diag=T,upper=T))
> Sigma<-sigma2*exp(-D/phi)
> SigmaE<-tau*diag(nrow(COORD))
> E=t(chol(as.matrix(SigmaE)))*%rnorm(nrow(COORD))
> S=t(chol(as.matrix(Sigma)))*%rnorm(nrow(COORD))
> Y= MU+ S + E
```

Para verificar a existência de padrão espacial utilizou-se o variograma com envelope de simulação, apresentado na figura .

Foram empregados três modelos, cujos comandos estão a seguir.

```
> M1<-likfit(dad,ini=c(0.7*var(Y),0.3*var(Y)))
> M2<-likfit(dad,trend = "1st",ini=c(0.7*var(Y),0.3*var(Y)))
> M3<-likfit(dad,trend = "2nd",ini=c(0.7*var(Y),0.3*var(Y)))
> L1=-2*M1$loglik;L2=-2*M2$loglik;L3=-2*M3$loglik
> pchisq(L1-L2,M2$npars-M1$npars,lower.tail=F)
> pchisq(L1-L3,M3$npars-M1$npars,lower.tail=F) #Ficamos com o modelo 3
> M1$AIC; M2$AIC;M3$AIC
> M1R<-likfit(dad,ini=c(0.7*var(Y),0.3*var(Y)), lik.method = "REML")
> M2R<-likfit(dad,trend = "1st",ini=c(0.7*var(Y),0.3*var(Y)), lik.method = "REML")
> M3R<-likfit(dad,trend = "2nd",ini=c(0.7*var(Y),0.3*var(Y)), lik.method = "REML")
> M1R$AIC; M2R$AIC;M3R$AIC
```

Dos modelos utilizados, tendo pelo método da máxima verossilhança (ML) como pelo método da máxima verossimilhança restrita o modelo selecionado foi o modelo 3, quando utilizando a semente 75. Os valores dos AIC para cada um dos modelos foram 320.06, 319.84,320.07, utilizando ML.

A figura apresenta os mapas de krigagem do modelo selecionado para ambos os métodos.

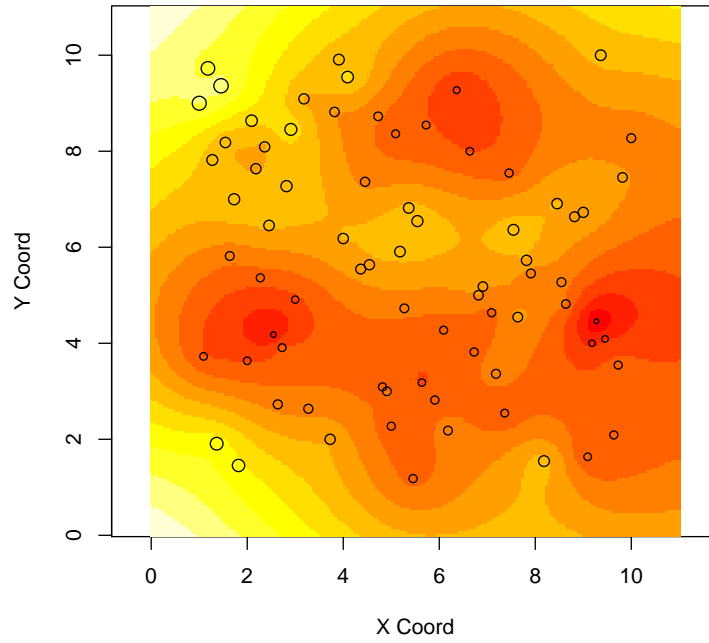
Além do estudo anterior foram simuladas 100 amostras de tamanho 75, e calculados os componentes de variância pelos métodos ML e REML, como apresentado a seguir:

```
> require(geoR)
> NSIM <- 100
> sigmasqM=sigmasqMR=phiM=phiMR=tauM=tauMR=numeric(NSIM)
> MU=5 ; sigma2=4; phi=2 ;tau=1.5
> for (i in 1:NSIM){
+ COORD<-cbind(sample(seq(0,10,length=100),75),sample(seq(0,10,length=100),75))
+ D<-as.matrix(dist(COORD,diag=T,upper=T))
+ Sigma<-sigma2*exp(-D/phi)
+ SigmaE<-tau*diag(nrow(COORD))
+ E=t(chol(as.matrix(SigmaE)))%*%rnorm(nrow(COORD))
+ S=t(chol(as.matrix(Sigma)))%*%rnorm(nrow(COORD))
+ #MU = as.vector(cbind(1, COORD) %*% BETA)
+ Y= MU+ S + E
+ VAR.Y <- var(Y)
+ dad<-as.geodata(cbind(COORD,Y),coords.col=c(1,2), data.col=3)
+ M3<-likfit(dad,ini=c(0.9*VAR.Y,max(D)/15), nugget=0.1*VAR.Y)
+ M3R<-likfit(dad,ini=c(0.9*VAR.Y,max(D)/15), nugget=0.1*VAR.Y, lik.method = "REML")
+ sigmasqM[i]=M3$sigmasq
+ sigmasqMR[i]=M3R$sigmasq
```

```
+ phiM[i]=M3$phi
+ phiMR[i]=M3R$phi
+ tauM[i]=M3$tau
+ tauMR[i]=M3R$tau
+ }
```

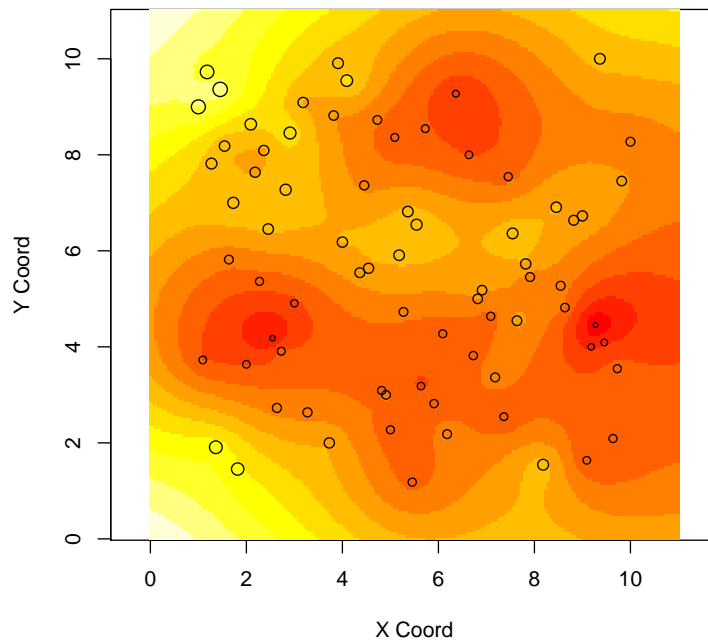
Após a simulação foram gerados os gráficos boxplot para os valores estimados de  $\phi$ ,  $\sigma^2$  e  $\tau$ , figura .

### Método ML



(a)

### Método REML



(b)

7

Figura 5: Mapa de krigagem utilizando os métodos ML e REML

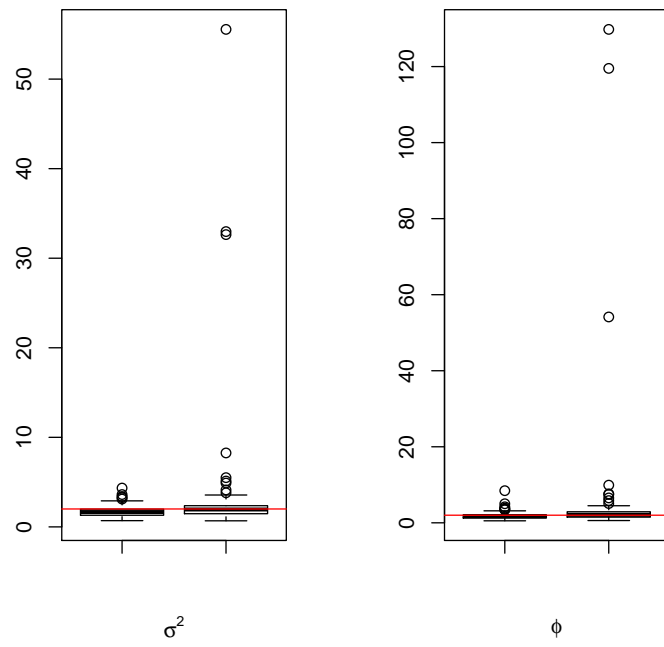


Figura 6: Gráfico boxplot



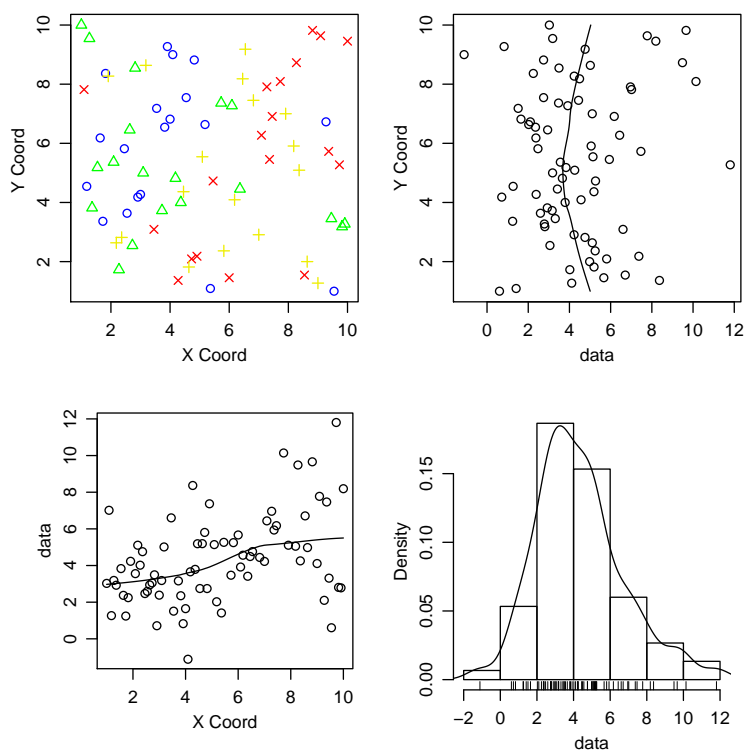


Figura 7: Análise exploratória

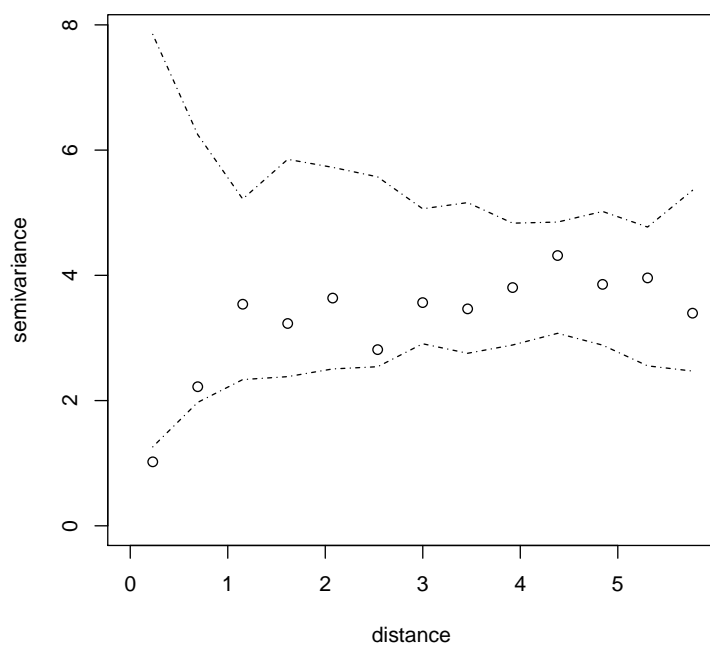
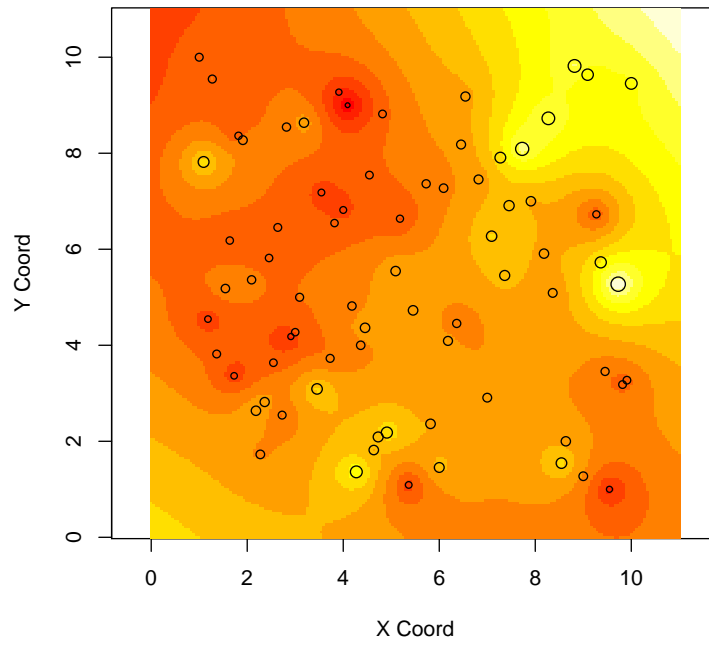


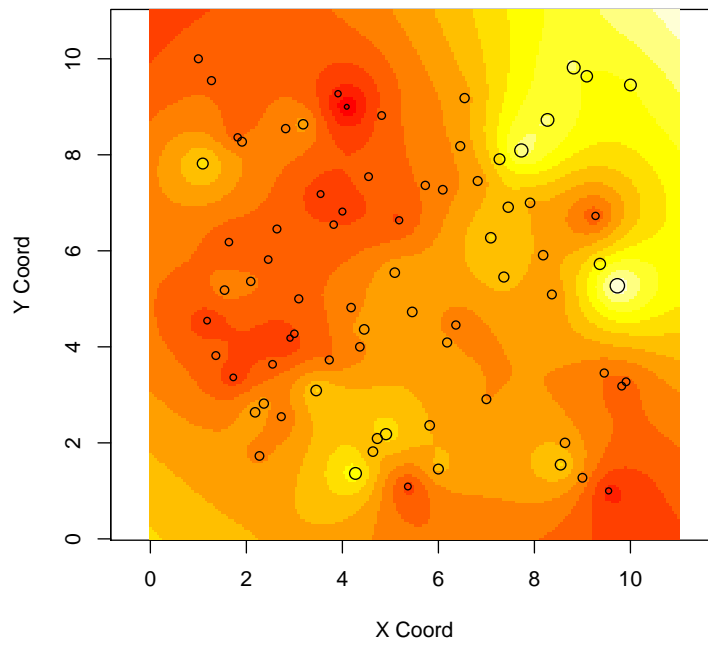
Figura 8: Variograma com envelope simulado

**Método ML**



(a)

**Método REML**



(b)

Figura 9: Mapa de krigagem utilizando os métodos ML e REML

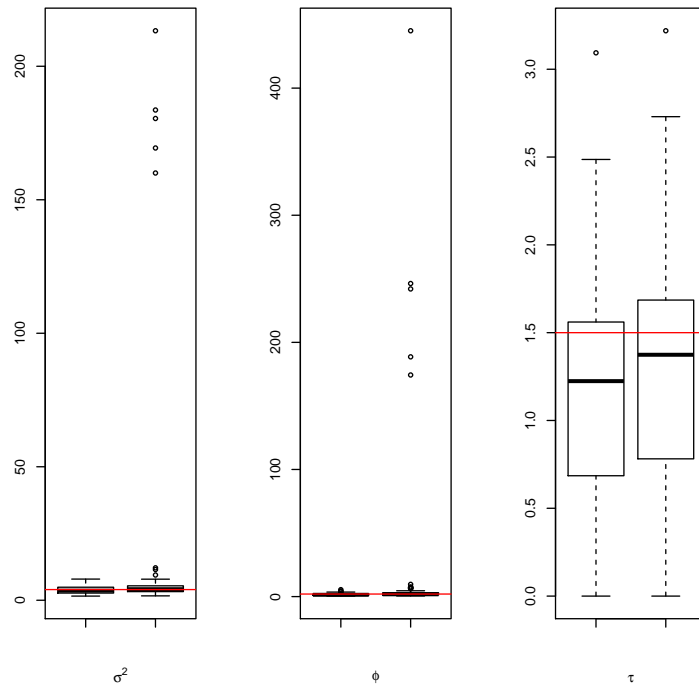


Figura 10: Gráfico boxplot