



Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Centro Nacional de Pesquisa de Florestas
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento

ISSN 1517-526X

Agosto, 2003

Documentos 82

Memórias do Workshop Internacional sobre Digitalização para Arquitetura Tridimensional - 3D em Sistemas Agroflorestais

Curitiba, PR, 4 a 8 de novembro de 2002

Organizado por
Miroslava Rakocevic
Moacir José Sales Medrado
Jorge Ribaski

Colombo, PR
2003

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Florestas

Estrada da Ribeira, km 111 - CP 319

83411-000 - Colombo, PR - Brasil

Fone: (41) 666-1313

Fax: (41) 666-1276

Home page: www.cnpf.embrapa.br

E-mail: sac@cnpf.embrapa.br

Para reclamações e sugestões *Fale com o ouvidor*:

www.embrapa.br/ouvidoria

Comitê de Publicações da Unidade

Presidente: Moacir José Sales Medrado

Secretário-Executivo: Guiomar Moreira Braguinha

Membros: Antônio Carlos de S. Medeiros, Edilson B. de Oliveira,
Erich G. Schaitza, Honorino R. Rodigheri, Jarbas Y. Shimizu, José
Alfredo Sturion, Patrícia P. de Mattos, Sérgio Ahrens, Susete do
Rocio C. Penteado

Supervisor editorial: Moacir José Sales Medrado

Revisor de texto:

Normalização bibliográfica: Elizabeth Câmara Trevisan
Lidia Woronkoff

Editoração eletrônica: Cleide da Silva Neto Fernandes de Oliveira

1ª edição

1ª impressão (2003): 500 exemplares

Todos os direitos reservados.

A reprodução não-autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei no 9.610).

CIP-Brasil. Catalogação-na-publicação

Embrapa Florestas

Workshop Internacional sobre Digitalização para Arquitetura Tridimensional – 3D em Sistemas Agroflorestais (2002 : Curitiba, PR).

Memórias... / Organizado por Miroslava Rakocevic, Moacir José Sales Medrado e Jorge Ribaski. Colombo : Embrapa Florestas, 2003. 114 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 82).

ISSN 1517-536X

1. Sistema agroflorestal – Congresso. 2. Software. 3. Arquitetura de plantas. I. Rakocevic, Miroslava (Org.). II. Medrado, Moacir José Sales (Org.). III. Ribaski, Jorge (Org.). IV. Título. V Série.

CDD 634.99

© Embrapa 2003

Comissão Organizadora

COORDENAÇÃO E ORGANIZAÇÃO

Miroslava Rakocevic
Engenheira-agrônoma, Doutora, Consultora da
Embrapa Florestas / IICA.

Moacir José Sales Medrado
Engenheiro-agrônomo, Doutor, Pesquisador da
Embrapa Florestas
medrado@cnpf.embrapa.br

Jorge Ribaski
Engenheiro Florestal, Doutor, Pesquisador da *Embrapa
Florestas*
ribaski@cnpf.embrapa.br

INSTRUTORES

Patrick Heuret
Biólogo, Doutor, UMR ECOFOG CIRAD ENGREF INRA
heuret_p@kourou.cirad.fr

Boris Adam
Engenheiro de Informática, UMR - PIAF - INRA UBP
adam@@valmont.clermont.inra.fr

Apresentação

A realização deste Workshop foi uma iniciativa da *Embrapa Florestas* devido a importância da introdução de novas técnicas e métodos de observação, modelagem e avaliação de modelos no apoio de pesquisa florestal e agroflorestal no Brasil.

Os métodos de descrição de arquitetura tridimensional - 3D, são técnicas modernas que consideram as plantas a partir de diferentes perspectivas e se baseiam na organização das suas estruturas vegetativas. O conhecimento da arquitetura de plantas é de sua importância para diversas áreas da pesquisa científica, pois permite simulações virtuais e modelagem das interações planta-ambiente.

O grande potencial da aplicação destes métodos reside na possibilidade de se estudar a utilização e a distribuição dos recursos, dos fluxos internos de energia, do crescimento e do desenvolvimento das plantas isoladas ou em comunidades vegetais e são muito importantes, principalmente na área florestal, notadamente em pesquisas com sistemas agroflorestais.

Realizado pela primeira vez no País, este evento contou com a participação de instrutores da França (CIRAD -Montpellier e I.N.R.A. - Clermont-Ferrand), reforçando o intercâmbio já estabelecido entre a Embrapa e instituições internacionais. Também cabe destacar que a viabilização deste workshop somente foi possível graças ao apoio financeiro da Fundação Araucária.

Vitor Afonso Hoeflich
Chefe Geral *Embrapa Florestas*

Sumário

Introdução	9
Noções básicas sobre o estágio atual de conhecimento sobre a arquitetura de plantas, sua reconstrução tridimensional e a arquitetura funcional	11
Sugestões de aplicação das técnicas e metodologias apresentadas no workshop	17
1. Estudos do crescimento e características da madeira de espécies nativas	17
2. Estudos sobre recuperação de áreas degradadas	18
3. Estudos sobre o Microclima em sistemas agroflorestais	18
4. Estudo de árvores e arbustos isolados ou em povoamentos florestais	18
Conclusões	19
Referências bibliográficas	20
Anexo 1 - AMAPmod: visão geral	25
1. Introdução	25
2. Visão geral do sistema AMAPmod	26
2.1 Bases de dados de Arquitetura de plantas	28
2.2 Codificando indivíduos	30
2.3 A exploração: um exemplo simples	35
2.4 AMAPmod linguagem de questionamento: AML	42
2.5 Tipos de dados extraídos	46
2.6 Exploração estatística e construção de modelos	47

3. Ilustração: explorando um pomar de maçã	50
3.1 O contexto biológico e a coleta de dados	50
3.2 Visualização em 3D das plantas reais	51
3.3 Extração de amostras de dados	54
3.4 Extração e análise de seqüências biológicas	58
Anexo 2 - 3A (versão 2.0): aquisição da arquitetura das árvores	69
I. Configuração da codificação	70
II. Configuração do digitalizador	73
III. Aquisição de dados	77
IV. Limitações da versão atual de 3A	86
Anexo 3 - POL 95	91
Apresentação geral	91
Polhemus 3space fastrak tm	91
I. Configuração	92
II. Aquisição	95
Conselhos e precauções na utilização do software	101
Anexo 4 - VegeSTAR: cálculo de interceptação luminosa	105
Apresentação	105
I. Princípios do método	106
II. Criação de uma cena	107
III. Configuração da cena	110
IV. Análise da imagem	112

Workshop Internacional sobre Digitalização para Arquitetura Tridimensional - 3D em Sistemas Agroflorestais

Introdução

Os sistemas agroflorestais caracterizam-se como de múltiplo uso. Neles, as árvores podem ser usadas para produção de madeira (e seus subprodutos), produtos não madeiráveis e prestação de serviços ambientais, enquanto que o sub-bosque pode ser utilizado para a produção agrícola ou pastoril. O crescimento, o desenvolvimento e a produtividade dos componentes dependem de interações entre eles e o ambiente, como por exemplo, como as plantas modificam o microclima e as propriedades do solo, como elas utilizam os recursos do ambiente e como respondem às variações ambientais ao longo do tempo, conforme diferentes estruturas espaciais (Monteith *et al.*, 1994; Sinoquet & Cruz, 1995). No estudo e simulação dessa estrutura é que consiste a técnica de arquitetura 3D das plantas.

Nestes sistemas o recurso luz incide primeiramente sobre as árvores, por estarem localizadas no estrato superior. A partição de luz entre os componentes de sistemas agroflorestais pode ser computada pelos modelos de luz desenvolvidos para dosséis 3D de espécies arbóreas (Sinoquet *et al.*, 1997) e de gramíneas (Sonohat *et al.* 20021, bem como para as demais espécies componentes de diferentes sistemas.

A modelização dinâmica de sistemas agroflorestais exige o estudo das interações luz - vegetação entre as copas das árvores e as culturas associadas, em uma escala mais detalhada; mesmo no nível de ramificações

10 Workshop internacional sobre digitalização para arquitetura tridimensional_3D em sistemas agroflorestais

dentro de cada componente. A razão principal disso é que a arquitetura das árvores é influenciada pelo gradiente de luz dentro da copa (Takenaka, 1994), que em termos de padrão de ramificação, determina a forma do tronco e, conseqüentemente, a qualidade da madeira produzida. A arquitetura das árvores, em termos de disposição espacial das folhas, também afeta o gradiente de luz dentro de copa e a luz disponível para as plantas das camadas inferiores.

A meta principal do Workshop foi, num primeiro momento, aprofundar o conhecimento atual sobre a competição interespecífica dentro de sistemas agroflorestais, mediante a apresentação do método para manipulação dos dados arquiteturais (AMAPmod; anexo 1) e de novas técnicas de digitalização de arquitetura tridimensional (3D), ainda desconhecidas no Brasil. Assim, apresentou-se no workshop um conjunto de técnicas desenvolvidas pela parceria entre os laboratórios de Modelagem das plantas (CIRAD - Montpellier, França) e de Bioclimatologia (I.N.R.A - Clermont-Ferrand, França) para uso na arquitetura das plantas, sua análise e reconstrução geométrica, e a aplicação no funcionamento das plantas (interceptação da luz e fotossíntese) .

Noções Básicas sobre o Estágio Atual de Conhecimento sobre a Arquitetura de Plantas, sua Reconstrução Tridimensional e a Arquitetura Funcional

As plantas são estruturas complexas que, do ponto de vista mecânico, podem ser definidas como um conjunto de componentes com características morfológicas específicas, organizadas em diferentes escalas. As medidas da estrutura são possíveis em 4 níveis organizacionais: órgão individual, planta inteira, populações e comunidades de plantas (Ross, 1981). Como não é possível trabalhar com toda a comunidade ou população, plantas individuais e algumas de suas partes (folhas, caules, raízes) são as unidades biológicas usadas na mensuração, constituindo material básico para medição das funções biológicas de fotossíntese, respiração, absorção da água e nutrientes minerais (Givinish, 1988).

Considerando "arquitetura de plantas" como o termo aplicado para a organização dos seus componentes no espaço (ou tipologia de morfogênese) faz-se necessário o desenvolvimento de estudos sobre estrutura e arquitetura de plantas para se entender a distribuição dos recursos no espaço (GODIN *et al.*, 1999). Ao mesmo tempo, a arquitetura de plantas é constituída por informações topológicas e geométricas.

Topologia é o ordenamento das diferentes unidades morfológicas entre si (entrenós, folhas ...). A estrutura topológica de uma planta pode ser considerada uma "árvore matemática" que representa estas diferentes unidades combinadas. A topologia pode, ainda, ser usada na construção das seqüências biológicas e respostas localizadas nos ápices, que são considerados a sede de fluxos internos de energia, de massa e de outras

informações fisiológicas (Reffye & Houllier, 1998). A estrutura geométrica é a representação espacial da estrutura topológica da planta, onde estão representadas as dimensões e os ângulos de suas diferentes entidades (comprimento e diâmetro de entrenós, ângulo de ramificação ...). Assim, ela representa o retrato tridimensional de uma planta.

Dentro da disciplina de ecofisiologia, modelos de interceptação de luz bem como cálculos de transpiração e de alocação de assimilados têm sido desenvolvidos ultimamente para prever a produção vegetal. Estes modelos necessitam de uma representação simplificada da planta, que pode variar em função de sua aplicação (Figura 1).

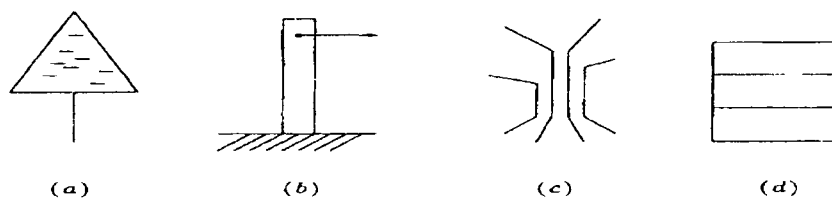


Figura 1: Tipos de simplificação de árvores dependendo do modelo: *ai* modelo de interceptação da luz: folhagem distribuída aleatoriamente no espaço; *bl* modelo mecânico: tronco submetido a esforços; *cl* arquitetura hidráulica: a rede de tubos unindo as raízes às folhas; *di* modelo de alocação de assimilados: compartimentos representando a folhagem, o tronco e as raízes (modificado Reffye & Houllier, 1998).

De acordo com Sinoquet *et al.* (1998), amplos estudos em ecofisiologia de plantas têm sido realizados no tocante às interações entre a luz e a vegetação. A distribuição da luz nas copas das árvores é determinada pelo que se denomina estrutura geométrica das copas, ou seja: localização, forma e orientação das folhas e dos ramos não conectados necessariamente entre si topologicamente (Vallarades & Pearcy, 1999).

Os cálculos necessários para se traduzir a cobertura vegetal para modelos de arquitetura de plantas exigem computadores de alto desempenho, ficando ainda com simplificações razoáveis nos algoritmos. A estrutura vegetal afeta as trocas de radiação solar que ocorrem nas comunidades vegetais. Uma descrição correta do dossel é necessária para a modelagem deste processo. A estrutura da parte aérea das plantas em desenvolvimento é determinada pelo tamanho e qualidade de cada elemento que capta a energia e que tem

propriedades biomecânicas (Foroutan-Pour *et al.*, 1999). Por exemplo, o parâmetro tamanho da estrutura requer as seguintes medidas: área foliar, altura das plantas e número de folhas por planta. Os parâmetros de qualidade são definidos pelo arranjo espacial da vegetação nos perfis verticais e horizontais da área foliar, inclinação das lâminas foliares, azimute das lâminas foliares e a dispersão das folhas.

Alguns modelos dinâmicos já desenvolvidos consistem em algoritmos que simulam o crescimento das árvores (por exemplo L-sistema, Prusinkiewicz *et al.*, 2000; Godin, C. & Guédon, 2001). O estabelecimento da arquitetura é o resultado do funcionamento dos ápices, onde os ramos são as trajetórias que permitem a reconstrução histórica das entidades botânicas.

A arquitetura tridimensional (3D) foi medida e simulada em algumas espécies de cultivo de ciclo curto, arbóreas e herbáceas, como girassol (Shell & Lang, 1975), algodão (Lang, 1973), milho (Drouet & Bonhomme, 1999 e Pommel *et al.*, 2001), *Fagus sylvatica* (Planchais & Sinoquet, 1998), videira (Mabrouk & Sinoquet, 1998), manga (Sinoquet *et al.*, 1998), *Juglans regia* (Godin *et al.*, 1999) e trevo branco (Rakocevic *et al.*, 2000 e Sonohat *et al.*, 2002), no nível de órgãos, planta inteira ou partes de comunidade. O programa AMAP (do Laboratório de Modelagem das Plantas, CIRAD, França) foi utilizado mesmo no paisagismo e urbanismo e na avaliação da qualidade de madeira (<http://www.cirad.fr>).

A digitalização é um método direto para descrições de morfologia e geometria de plantas. Dentre as técnicas de medições de digitalização já desenvolvidas, uma das mais avançadas consiste na medição da arquitetura tridimensional através de digitalização eletromagnética. Para tal, é efetuada a medição direta *in situ*, mediante um aparelho eletromagnético denominado Polhemus-Fastrak (1993). O aparelho permite a obtenção dos três vetores espaciais (x, y, z) para cada ponto digitalizado. Programas baseados nesta técnica foram apresentados pelos pesquisadores do I.N.R.A. e do CIRAD, convidados a participar do Workshop como instrutores.

Os métodos de medição variam conforme a finalidade e o laboratório. A parte comum a todos é a necessidade de se desenvolver uma representação padronizada das plantas, no tocante à sua descrição morfogenética e seu funcionamento meristemático durante o processo de crescimento,

14 Workshop internacional sobre digitalização para arquitetura tridimensional _3D em sistemas agroflorestais

privilegiando o ponto de vista estatístico. Estes dois pontos de modelagem de plantas exigem o desenvolvimento de uma linguagem específica para descrição de plantas. Esta linguagem deve comunicar suas estruturas, de modo não ambíguo, com computadores. Esta linguagem chamamos "código das plantas". Este código traduz fielmente a observação "*in situ*" em uma imagem numérica no computador.

Para fazer a reconstrução gráfica 3D das plantas, com a finalidade de se calcular a interceptação da luz, é suficiente digitalizá-las e reconstruí-las por um modelo geométrico da folhagem. Com esse intuito, no Workshop foi apresentado o modelo de digitalização de arquitetura e a sua reconstrução geométrica denominado **POL95**. Para atingir a finalidade destas medições, o pesquisador do I.N.R.A. - Clermont-Ferrand, Boris Adam, também apresentou o modelo de interceptação da luz explorando as reconstruções 3D das plantas - **VegeSTAR** (Adam *et al.*, 2000). O modelo calcula a interceptação da radiação a partir da reconstrução 3D da folhagem. Este modelo utiliza os dados de digitalização, determina a imagem de síntese e, baseado nessa imagem, calcula a interceptação usando a análise dos pixels (Sinoquet *et al.*, 1998). Esta análise tem a finalidade de estimar a distribuição de radiação entre os elementos do dossel e a competição entre os elementos da mesma planta.

Para entender o funcionamento das plantas no tocante à alocação de assimilados, aspectos biomecânicos etc, é aconselhável seguir a topologia das plantas (o ordenamento das diferentes unidades morfológicas entre si _ entrenós, folhas ...). Para isso, o pesquisador do CIRAD, Patrick Heuret, apresentou os programas **AMAPmod** e **AMAPsim**, complexos e sempre em processo de desenvolvimento. Estes programas são capazes de analisar, simular e monitorar o crescimento de uma planta, com todo o polimorfismo observável (por exemplo anual), seja da planta inteira ou parte dela, durante todo o crescimento. Para descrever uma planta, ou digitalizá-la para o uso posterior do AMAPmod, o I.N.R.A. desenvolveu o programa **3A**, que considera a estrutura topológica das plantas e que foi apresentado pelo instrutor Boris Adam.

O programa AMAP de arquitetura das plantas pode também ser aplicado em povoamentos florestais e sistemas agroflorestais para avaliar o fenômeno da concorrência, podendo com isso melhorar o manejo florestal. Entretanto, essa tarefa precisa de uma simplificação da arquitetura, a qual depende do

povoamento ou sistema que se quer estudar. A simplificação pode considerar a massa de folhagem e a alocação de assimilados.

Os dois laboratórios citados disponibilizam os programas para usuários interessados. O CIRAD, por exemplo, disponibilizou a escola eletrônica "arnap-e-learning" (<http://amap-e-learning.cirad.fr/index.html>), que através da Internet ajuda no acompanhamento de novas versões do programa, na autonomia depois do workshop com avanço autodidático e possibilita discussões tanto com os pesquisadores do Laboratório de Modelagem das Plantas (CIRADI quanto com os outros usuários e suas experiências.

METODOLOGIA

O evento foi realizado em Curitiba/PR com a organização da *Embrapa F/arestas* e participação de 12 pesquisadores além de profissionais da área de informática. Os candidatos foram selecionados para o Workshop através da análise da proposta de interesse no uso da modelagem 3D e da proposta de utilização da metodologia em sua instituição, com ênfase nos sistemas agroflorestais.

Durante o Workshop foram apresentados alguns métodos e programas: método de aquisição de dados para análise geométrica 3D (*POL95 - anexo 2*, I.N.R.A. - Clermont-Ferrand), método de análise geométrica e topológica 3D (*AMAPmod*, CIRAD - Montpellier), método de aquisição de dados para *AMAPmod* (3A, I.N.R.A. - Clermont - Ferrand - anexo 3), e método de distribuição de radiação, baseado na reconstrução 3D (*VegeSTAR*, I.N.R.A. - Clermont - Ferrand - anexo 4).

Cada pesquisador participante contribuiu através de discussões durante o workshop e com a apresentação de uma proposta preliminar no último dia do evento, conforme interesses definidos dentro da área de pesquisa de cada um deles. As necessidades e os problemas de cada caso, bem como a experiência pessoal dos participantes, contribuíram para a aplicação dos métodos apresentados no workshop.

Inicialmente, levantou-se o interesse do grupo que sinteticamente era o seguinte:

16 Workshop internacional sobre digitalização para arquitetura tridimensional - 3D em sistemas agroflorestais

- estudo de características da madeira de espécies nativas;
- recuperação de áreas degradadas;
- morfofisiologia e fenologia de forragens, outras culturas agrícolas e de árvores, como componentes de sistemas agroflorestais, onde a descrição do hábito de crescimento é fundamental;
- arquitetura de árvores e arbustos isolados;
- arquitetura de povoamentos arbóreos (*Pinus*, *Euca/yptus*);
- microclima de sistemas agroflorestais.

Ao final do treinamento foram levantadas sugestões a respeito das reais potencialidades, bem como das limitações da aplicação destas técnicas nos sistemas agroflorestais apresentados.

SUGESTÕES DE APLICAÇÃO DAS TÉCNICAS E METODOLOGIAS APRESENTADAS NO WORKSHOP

O grupo componente do workshop concluiu que a digitalização para arquitetura 3D tem várias aplicações nas áreas florestal e agroflorestal:

1. Estudos do Crescimento e Características da Madeira de Espécies Nativas

O estudo de anéis de crescimento em espécies tropicais é relativamente recente, e depende de muitos fatores para que seja realizado com confiabilidade. Uma das limitações é o desconhecimento da autoecologia da maioria das espécies nativas, não sendo muitas vezes possível estimar a sazonalidade de formação dos anéis de crescimento (anuais ou não). seu comportamento em relação às condições de crescimento, a idade da árvore, o ritmo de crescimento, características da formação da madeira, entre outros fatores.

Uma ferramenta importante é a determinação da sazonalidade de crescimento de árvores pela comparação do ritmo de crescimento e formação de anéis de crescimento com aspectos morfológicos, mediante a análise estrutural de cada árvore. Neste contexto, seguem algumas linhas de trabalho que poderiam ser enfocadas:

- Simulação e modelagem da dinâmica de crescimento (por 3DI de espécies de interesse, a partir de dados de crescimento (em altura ou diâmetro, pela largura dos anéis anuais);
- Determinação do ritmo de crescimento pelo estudo e determinação da largura dos anéis de crescimento, e a utilização destes recursos para a avaliação de atividade cambial;
- Conhecimento sobre a ecofisiologia das árvores (resposta de crescimento em relação ao ambiente);
- Possibilidade de desenvolvimento de pesquisas multidisciplinares sobre o funcionamento ecofisiológico das árvores em relação ao seu desenvolvimento arquitetural e características de formação da madeira,

- 18 Workshop internacional sobre digitalização para arquitetura tridimensional - 3D em sistemas agroflorestais

permitindo avaliar o comportamento das espécies, exigências ecológicas e potencialidade de crescimento.

2. Estudos sobre Recuperação de Áreas Degradadas

As metodologias apresentadas serão úteis para especialistas nas áreas de botânica, agrofloresta e ecologia, sobretudo para a projeção de espécies utilizáveis na recuperação de áreas degradadas e para acompanhamento do crescimento de comunidades de plantas.

3. Estudos sobre o Microclima em Sistemas Agroflorestais

Existe grande aplicabilidade destas técnicas de análise em Sistemas Agroflorestais (SAFs). Associadas a outros tipos de medidas ecofisiológicas (radiação, fotossíntese, índice de área foliar - IAF etc), seria possível a realização de boas inferências sobre o crescimento e funcionamento do sistema. Estudos ligados a micrometeorologia são, sem dúvida, uma área de grande interesse (modo de interceptação da radiação, formação de microclima, etc.). Finalmente, a possibilidade de estruturar desenhos de SAFs mais apropriados para diferentes ambientes climáticos e microclimáticos.

Segundo alguns pesquisadores, já é possível aplicar os conhecimentos obtidos utilizando dados de levantamentos realizados em gramíneas - por exemplo observações fenológicas realizadas durante cinco anos em espécies do Cerrado, ou outras obtidas durante o período de um ano em um sistema silvipastoril (eucalipto x braquiária). Algumas destas espécies apresentam modelos já definidos em AMAPmod, outras apresentam modelos definidos com brotações irregulares. Acredita-se que a análise matemática e estatística do AMAPmod auxiliará na definição dos padrões ainda não compreendidos nessas plantas.

4. Estudo de Árvores e Arbustos Isolados ou em Povoa-mentos Florestais

A possibilidade de avaliar o crescimento e a cobertura de copa de árvores nas parcelas experimentais, nas quais a estrutura e a dinâmica estão sendo estudadas, parece ser a aplicação mais imediata do programa. Há um grande interesse na aplicação do módulo do programa AMAPsim, que enfoca toda

uma comunidade arbórea. É também grande a possibilidade de aplicar as análises de crescimento do AMAPmod a outras espécies estudadas de interesse extrativista (bromélias, palmeiras ...).

CONCLUSÕES

Ao final do Workshop, tendo reconhecido a complexidade dos métodos apresentados e os limites das bases de conhecimento adquiridos sobre as espécies envolvidas na pesquisa, algumas *conclusões em comum* foram tiradas:

- O workshop apresentou boas noções básicas sobre a digitalização, a arquitetura 3D e a simulação de fotossíntese. De forma unânime observou-se que foram oferecidas muitas informações para o tempo disponível;
 - O tempo para as aulas práticas foi insuficiente;
- A preparação precedente da maioria dos participantes na área de tipologia de morfogênese foi fraca;
- O workshop forneceu idéias claras sobre ritmicidade, repouso no crescimento, formação e posição de brotos, surgimento de brotações e sobre as condições ambientais que influenciam diferentes tipos de morfogênese;
- Para se fazer bom uso dos métodos há necessidade de uma profunda preparação em informática, matemática e estatística;
 - Para realizar uma reconstrução gráfica 3D das plantas, são necessários os dados de observações de morfogênese (comprimento de entrenós, pontos de inserção de ramificações, inclinação de ramificações, forma de folhas);
- Para realizar uma reconstrução gráfica 3D exata, faz-se necessário o aparelho próprio de digitalização (Polhernus), não existente em nenhuma universidade ou centro de pesquisa no Brasil;
- Para que a aplicação autônoma dos métodos apresentados tenha início, faz-se necessária uma maior preparação principalmente da parte de

20 Workshop internacional sobre digitalização para arquitetura tridimensional - 3D em sistemas agroflorestais

programas, particularmente do AMAPmod. Só esta parte exige pelo menos uma semana de workshop, para dar mais autonomia na manipulação do programa e seus comandos (para idéia básica ver introdução do AMAPmod). Dentro desta necessidade, a continuidade de formação através da comunicação com a escola eletrônica de AMAPmod pode organizar, ou ajudar a organizar, se for necessário, um próximo workshop, para aprofundar o conhecimento de sua utilização.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADAM, B.; SINOQUET, H.; DONES, N. VegeSTAR Version 1.0: a software to compute light interception from images of 3D digitised plants. Clermont-Ferrand: UMR PIAF INRA-UBP, 2000.

DROUET, J. L.; BONHOMME, R. Do variations in local leaf irradiance explain changes to leaf nitrogen within row maize canopies? *Annals of Botany*, n. 84, p. 61-69, 1999.

FOROUTAN-POUR, K., DITILLEUIL, P., SMITH, D. L. Soybean canopy development as affected by population density and intercropping with corn: Fractal analysis in comparison with other quantitative approaches. *Crop Science*, n. 39, p. 1784-1791, 1999.

GIVINISH, T. J. Adaptation to sun and shade: a whole-plant perspective. *Australian Journal of Plant Physiology*, n. 15, p. 63-92, 1988.

GODIN, C.; COSTES, E.; SINOQUET, H. A method for describing plant architecture which integrates topology and geometry. *Annals of Botany*, n. 84, p. 343-357, 1999.

GODIN, C.; GUÉDON, Y. AMAPmod: introduction and reference manual: version 1.8. [Nogent-sur-Marnel: CIRAD; [S.L]: INRA, 2001. Paginação irregular.

LANG, A. R. G. Leaf orientation of a cotton plant. *Agricultural Meteorology*, n. 11, p. 37-51, 1973.

MABROUK, H.; SINOQUET, H. Indices of light microclimate and canopy structure of grapevine determined by 3D digitising and image analysis, and their relationship to grape quality. *Australian Journal of Grape and Wine Research*, n. 4, p. 2-13, 1998.

MONTEITH, J. L.; SCOTT, R. K.; UNSWORTH, M. H. Resource capture by crops. Nottingham University Press, 1994, 483 p.

PLANCHAIS, I.; SINOQUET, H. Foliage determinants of light interception in sunny and shaded branches of *Fagus sylvatica* (L.). *Agricultural and Forest Meteorology*, v. 89, p. 241-253, 1998.

POLHEMUS. 3 SPACE FASTRAK: user 's manual revision F. Polhemus. Colcester, 1993. 165 p.

POMMEL, B.; SOHBI, Y.; ANDRIEU, B. Use of virtual 3D maize canopies to assess the effect of plot heterogeneity on radiation interception. *Agricultural and Forest Meteorology*, n. 110, p. 55-67, 2001.

PRUSINKIEWICZ, P.; HANNAN, J.; MECH, R. An L-system-based plant modeling language. In: NAGL M.; SCHUERR A. Ed. Applications of graph grammars with industrial relevance lecture notes in computer science. Berlin: Springer-Verlag, 2000.

RAKOCEVIC, M.; SINOQUET, H.; CHRYSTOPHE, A.; VARLET-GRANCHER, C. Assessing the 3-D architecture of a white clover canopy using plant digitizing. *Annals of Botany*, n. 86, p. 516-526, 2000.

REFFYE, P. de; HOULLIER, F. L'architecture des plantes et son utilisation en agronomie: bilan et perspective. COLOQUE SUR LES RECHERCHES FRUITIERES, 11., 1998, Montpellier. Architecture et modélisation en arboriculture fruitière. Montpellier: Is.n.), 1998. p. 9-21.

ROSS, J. The radiation regime and architecture of plant stands. Junk: The Hague, 1981. 391 p.

SHELL, G. S. G.; LANG, A. R. G. Description of leaf orientation and heliotropic response of sunflower using directional statistics. *Agricultural Meteorology*, n. 15, p. 33-48, 1975.

SINOQUET, H.; ADAM, B.; RIVET, P.; GODIN, C. Interactions between light and plant architecture in an agroforestry walnut tree. *Agroforestry Forum*, v. 8, n. 2, p. 37-40, 1997.

SINOQUET, H.; CRUZ, P. *Ecophysiology of tropical intercropping*. Paris: INRA, 1995. 483 p.

SINOQUET, H.; THANISAWANYANGKURA, S.; MABROUK, H.; KASEMSAP, P. Characterization of the light environment in canopies using 3D digitizing and image processing. *Annals of Botany*, n. 82, p. 203-212, 1998.

SONOHAT, G.; SINOQUET, H.; VARLET-GRANCHER, C.; RAKOCEVIC, M.; JACQUET, A.; SIMON, J. C.; ADAM, B. Canopy structure and light partitioning in three dimensionally digitized tall fescue-white clover mixtures. *Plant Cell & Environment*, v. 25, p. 520-538, 2002.

TAKENEKA, A. A simulation model of tree architecture development based on growth response to local light environment. *Journal of Plant Research*, n. 107, p. 321-330, 1994.

VALLARADES, F.; PEARCY, R. W. The geometry of light interception by shoots of *Heteromles abutilifolia*: morphological and physiological consequences for individual leaves. *Oecologia*, n. 121, p. 171-182, 1999.

Autores

Christophe Godin
Matemático, Doutor, CIRAD, Montpellier, França
chrystophe.godin@cirad.fr

Yann Guédon
Matemático, Doutor, Pesquisador CIRAD, Montpellier,
França
yann guedon@cirad.fr

Contribuição na criação do programa

Samir Bellouti
Engenheiro de Informática, Doutor, CIRAD,
Montpellier, França

Pascal Ferraro
Engenheiro-Agrônomo, Doutor, CIRAD, Montpellier,
França

Christophe Nougier
Matemático, Doutor, CIRAD, Montpellier, França

Nocolas Dones
Engenheiro de Informática, CIRAD, Montpellier, França
I.N.R.A.- Clezmont-Ferrand
dones@valmont.clermont.inra.fr

Cooperação

Boris Adam

Engenheiro de Informática, UMR - PIAF - INRA UBP
adam@@valmont.clermont.inra.fr

Yves Caraglio

Biólogo, Doutor, CIRAD, Montpellier, França
Yves.caraglio@cirad.fr

Evelyne Costes

I.N.R.A. - **ENSAM**

Bióloga, Doutora, CIRAD, Montpellier, França
costes@esam.inra.fr

Hervé Sinoquet

Engenheiro-Agrônomo, Doutor, CIRAD - I.N.R.A.
Clermont Ferrand - Montpellier, França
sinoquet@nalmoat.clermont.inra.fr

Tradução para o português

Miroslava Rakocevic

Engenheira-Agrônoma, Doutora, Consultora na
Embrapa F/oresta.
mima@cnpf.embrapa.br

Moacir José Sales Medrado

Engenheiro-Agrônomo, Doutor, Pesquisador da
Embrapa F/oresta.
medrado@cnpf.embrapa.br

Jorge Ribaski

Engenheiro Florestal, Doutor, Pesquisador da *Embrapa F/oresta*.
ribaski@cnpf.embrapa.br

ANEXO 1

AMAPmod: VISÃO GERAL

1 Introdução

Durante a década de 70, a arquitetura de plantas começa a ganhar importância enquanto nova área de interesse em diferentes áreas de pesquisa, tais como simulação virtual, biologia teórica, botânica, agronomia, ciência florestal, horticultura e modelagem da interação planta-ambiente. Todas essas áreas, apesar de considerarem as plantas a partir de diferentes perspectivas, têm em comum o interesse na organização das estruturas vegetativas das plantas, ou seja: a arquitetura da planta.

De modo a modelar a arquitetura de plantas, primeiramente foi dada atenção à medição de parâmetros dos órgãos das plantas e outros caracteres morfológicos. Isso foi feito de modo a estabelecer valores para os parâmetros de crescimento a partir de dados empíricos, bem como para compreender melhor a organização dos componentes das plantas. Recentemente, estudos utilizando arquitetura de plantas entraram numa segunda fase, onde o objetivo é estudar as variações de fenômenos biológicos dentro das copas das plantas. Para atingir tal fim, diversos trabalhos se propuseram a registrar informações topológicas dos componentes das plantas, e organizar outras informações de acordo com a topologia.

Godin e Caraglio recentemente introduziram um modelo de representação de plantas capaz de integrar várias escalas de representação dentro de um mesmo modelo. Em tal representação formal é baseada a estrutura central de

dados do sistema AMAPmod, o qual é uma plataforma computacional que fornece ferramentas para criar, explorar e analisar bancos de dados de arquiteturas de plantas. O mesmo modelo comporta arquiteturas de plantas medidas em diferentes escalas (nós, brotações anuais e eixo, por exemplo), diferentes datas, e pode mesmo integrar diferentes tipos de atributos, geométricos ou biológicos. Um conjunto de diferentes ferramentas estatísticas é usado para identificar, na arquitetura da planta, estruturas relevantes ou padrões não diretamente visíveis no registro dos dados. Tais ferramentas também permitem comparar estruturas biológicas, tais como eixos ou sistema de ramificação, baseando-se na comparação de seus componentes. Em estudos agrônômicos, tais ferramentas têm sido usadas para caracterizar e comparar o comportamento genotípico e condições culturais.

Este capítulo descreve a constituição de uma base de dados voltada para a arquitetura de plantas e sua exploração com o sistema AMAPmod. Ele enfatiza como as diferentes técnicas e ferramentas podem ser combinadas e aplicadas usando-se AMAPmod. A seção 2 fornece uma visão geral do AMAPmod, e apresenta as diferentes estruturas de dados e os diferentes modelos passíveis de serem construídos e utilizados no sistema. Também fornece uma descrição geral do sistema. O uso do AMAPmod é, então, ilustrado na Seção 3 numa base de dados arquitetural em escala real. Os diferentes passos tipicamente tomados estão ilustrados a partir desta base de dados.

2 Visão geral do sistema AMAPmod

AMAPmod disponibiliza uma metodologia, e as ferramentas apropriadas, para a medição de plantas, criação de bases de dados e análise das informações extraídas dessas bases de dados. Esta metodologia pode ser descrita como a seguir (Figura 2-1):

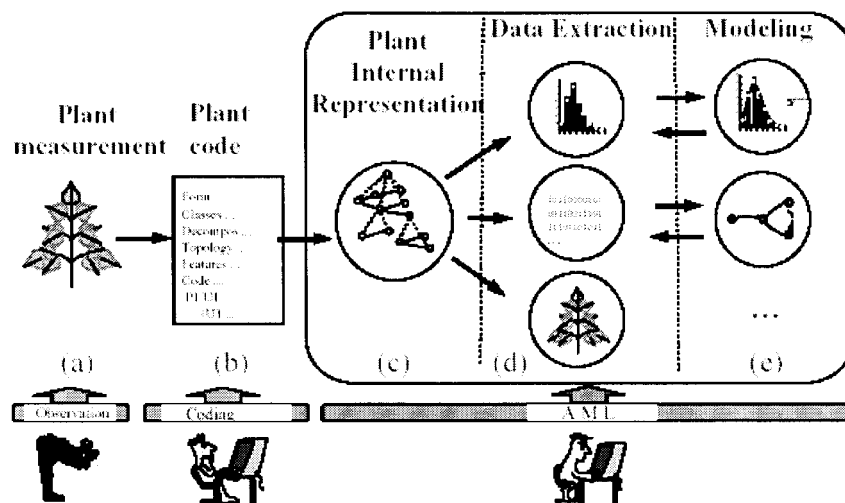


Figura 2-1 : Esquemado sistema AMAPmod

A arquitetura de plantas é descrita a partir de observações de campo, mediante o uso de linguagem codificada apropriada (Figura 2-1 a e 2-1 b). Tal descrição pode, então, ser decodificada pelo sistema AMAPmod, o qual constrói uma representação interna correspondente da arquitetura vegetal (Figura 2-1 c). O banco de dados daí resultante pode, então, ser analisado por várias ferramentas de análise estatística. As plantas podem ser graficamente reconstruídas e visualizadas em 3 dimensões. Diversos tipos de dados podem ser extraídos e analisados a partir de diferentes pontos de vista (Figura 2-1d). Diferentes famílias de modelos probabilísticos ou estocásticos são fornecidos pelo sistema (Figura 2-1 e). Estes modelos servem como ferramentas para análises estatísticas avançadas para explorar em maior profundidade a informação contida no banco de dados. Todas estas ferramentas estão disponíveis mediante uma linguagem indagativa ("querving language") chamada AML (AMAP Modelling Language), a qual permite ao usuário trabalhar com vários objetos, por exemplo representações formais de plantas, amostras de dados ou modelos. AML fornece ao usuário uma interface homogênea em linguagem básica ("language-based interface") que permite carregar, visualizar, gravar, analisar ou transformar cada tipo de objeto.

Revisemos rapidamente os componentes do AMAPmod:

2. 1 Bases de Dados de Arquitetura de Plantas

Plantas são representadas no AMAPmod por gráficos-árvore multiescalonados (MTGs). Um MTG consiste, basicamente, num conjunto de gráficos-árvore sobrepostos, representando a topologia da planta em diferentes escalas (entrenós, unidades de crescimento, eixos, etc.). De modo a construir MTGs a partir de plantas, estas devem ser primeiro divididas em componentes menores, organizados em diferentes escalas (Figura 2-2a e 2b). A estes componentes são dados nomes que indicam seu tipo específico (Figura 2-2b, U= unidade de crescimento, F= primórdios (*"flowering site"*), S= ramos curtos, 1= entrenó). Estes rótulos são então usados para codificar a arquitetura da planta de forma textual. O arquivo codificado daí resultante (Fig. 2-2c) pode, então, ser analisado pelo AMAPmod, e então construído seu MTG correspondente. Em um MTG, basicamente, a organização dos componentes da planta em uma dada escala de detalhe é representada por um gráfico-árvore, onde cada componente é representado por um vértice no gráfico e linhas que representam a conexão física entre eles. Em qualquer escala dada, os componentes da planta são ligados por dois tipos de relação, que correspondem a dois mecanismos básicos de crescimento vegetal, a saber: crescimento apical e crescimento lateral (ramificação). O crescimento apical é responsável pela criação dos eixos e pela produção de novos componentes (correspondentes a novas porções de caules e folhas) acima dos componentes preexistentes. A conexão entre dois componentes resultantes do crescimento apical é uma relação que chamamos precedente ou "seguida por", e é representada por um '<'. Por outro lado, o processo de ramificação é responsável pela criação de gemas axilares (estas gemas podem, então, criar eixos axilares com seu próprio crescimento apical). A conexão entre dois componentes resultantes do processo de ramificação se chama uma relação "suportada por" e é representada por um '+'. Um MTG integra, dentro de um modelo único, as diferentes representações de gráficos-árvore que correspondem às diferentes escalas nas quais a planta é descrita.

Vários tipos de atributos podem ser anexados aos componentes vegetais representados num MTG, em qualquer escala. Os atributos podem ser geométricos (diâmetro do caule, superfície de área foliar, ou posicionamento 3D de um determinado componente da planta), ou morfológicos (número de flores, natureza da folha associada, tipo de produção axilar, gemas latentes, ramos curtos ou ramos compridos).

2.2 Codificando indivíduos

Diferentes estratégias têm sido propostas para o registro das estruturas topológicas de plantas reais, para plantas representadas numa única escala e para representações em multiescalas. No AMAPmod, as estruturas topológicas das plantas são abstraídas como gráficos-árvore multiescala. A descrição da topologia de uma planta, portanto, consiste na descrição do gráfico-árvore correspondente a esta planta. A descrição de determinada planta pode ser especificada utilizando-se uma "linguagem-código". Esta linguagem consiste em dar nomes aos vértices e linhas de gráficos multiescalas. Uma descrição gráfica consiste em enumerar consecutivamente os vértices usando seus respectivos nomes. Este nome é estabelecido de forma a definir, com clareza, a localização topológica de um dado vértice no gráfico global multiescala. Os vértices e suas características são descritos usando esta linguagem formal, em um "arquivo-código". Vamos ilustrar o princípio geral desta linguagem-código pela estrutura topológica da planta representada na **Figura 2-3**

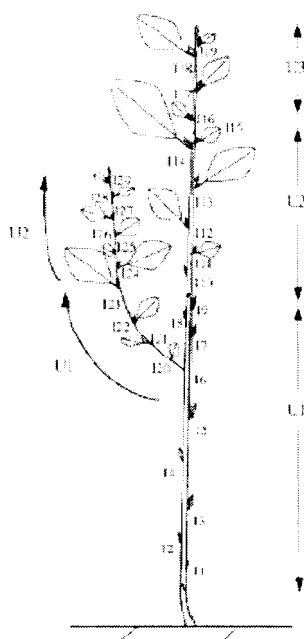


Figura 2-3 Codificando a estrutura topológica de uma árvore de *Populus* com dois anos de idade.

Cada vértice está associado a um rótulo constituído por uma letra, chamada *classe*, e um número inteiro, chamado *índice*. A classe de um vértice indica sua entidade botânica correspondente, por exemplo I para entrenó, U para unidade de crescimento, B para sistema de ramificação (*branching system*), etc. O índice de um vértice é um número inteiro que permite ao usuário identificar localmente um determinado vértice entre seus vizinhos imediatos. Além de seu papel puramente estrutural, índices também podem ser usados para expressar adicionais significados: eles podem ser usados, por exemplo, para codificar o ano de crescimento de uma determinada entidade, sua localização no eixo, etc.

Numa escala dada, as plantas são medidas de baixo para cima, a partir da base do tronco, e os símbolos representando cada vértice e sua relação com o "vértice-pai" podem ser escritos ou codificados diretamente num computador *laptop*.

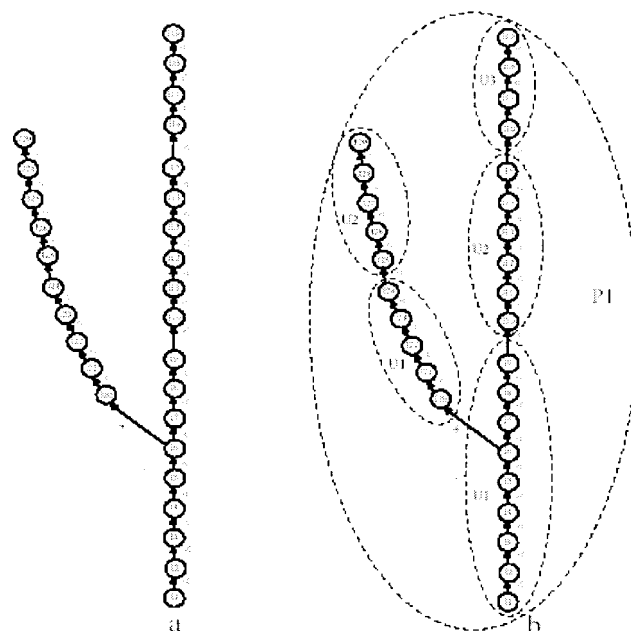


Figura 2-4 (a) gráfico-árvore em escala de entrenós (b) gráfico-árvore multiescala

32 Workshop internacional sobre digitalização para arquitetura tridimensional - 3D em sistemas agroflorestais

A seqüência codificada se inicia com o símbolo ' 1'. A codificação de um único eixo, (por exemplo a seqüência de entrenós representado na **Fig. 2-4**) poderia então produzir a seguinte seqüência:

/ 11<12<13<14<15<16<17 < 18<19<110<111< 112<113<114<115<116<117<118<119

Para uma estrutura ramificada (**Fig. 2-4a**) codificar uma estrutura tipo árvore em uma seqüência linear de símbolos leva-nos a introduzir uma notação especial, freqüentemente usada na ciência da computação para codificar estruturas tipo árvore, como cordas. Um colchete é aberto cada vez que surge uma bifurcação (por exemplo um vértice tendo mais que um filho). Um colchete é fechado cada vez que um vértice terminal termina de ser visitado (por exemplo um vértice sem vértices-filhos) e antes de voltar para o último ponto de bifurcação. No exemplo anterior, a entidade 16 é uma bifurcação, na qual o processo descritivo pode tanto seguir para a entidade 17 quanto para a 120. Neste caso, a ramificação 16 é primeiramente registrada num ramo (inicialmente vazio). Em seguida, colchetes são abertos e, em terceiro lugar, é feita a descrição de uma das duas continuações possíveis, por exemplo 120, como o código abaixo:

/ 11<12<13<14<15<16 [+120

Todo o ramo de 120 a 128 é então codificado do mesmo modo como as entidades 11 a 16. A entidade 129 não tem filhos, sendo portanto uma entidade terminal, o que resulta na inserção de um colchete fechando a cadeia:

/ 11< 12< 13< 14< 15< 16[+ 120< 121< 122< 123< 124< 125< 126< 127< 128< 129]

O último ponto da bifurcação pode então ser posto fora. A última bifurcação pode ser então fechada e o processo continua onde havia parado (no caso, 17), como abaixo:

/11< 12< 13< 14< 15< 16[+ 120< 121< 122< 123< 124< 125< 126< 127< 128< 1291
< 17< 18< 19< 110< 111< 112< 113< 114< 115< 116< 117< 118< 1191

Estendamos agora esta estratégia para estruturas multiescalas. Consideremos uma planta descrita em três diferentes escalas, por exemplo escala de entrenós, escala de unidades de crescimento e escala de planta (**Fig. 2-4b**). O

primeiro procedimento descrito acima é generalizado para estruturas multiescalas da seguinte forma: a estratégia de codificação multiescala consiste, basicamente, na descrição da estrutura da planta em mais alta escala em primeira ordem. Entretanto, durante este processo, cada vez que um vizinho de uma entidade macroscópica é cruzado passando de uma entidade "a" para uma entidade "b", o rótulo da macroentidade correspondente, sufixado por ".l", deve ser inserido no código da cadeia antes do rótulo e após a linha do tipo (a, b). Caso mais de uma entidade seja cruzada ao mesmo tempo, rótulos correspondentes sufixados por ".t'" devem ser inseridos na cadeia de código no mesmo local, letras da entidade mais macroscópica primeiro. No gráfico multiescala da Fig. 2-4b, por exemplo, a primeira profundidade visitada deve ser no nível de entrenó (escala mais alta). A visita tem início entrando no vértice 11 na escala dos entrenós. Entretanto, para atingir esta entidade a partir de fora, cruzamos as fronteiras P1 e U1, nesta ordem. Então a visita na primeira profundidade inicia-se criando a seguinte seqüência de código:

P1/U1/11

Então, a codificação continua pelos vértices 11 a 16, sem que outras fronteiras macroscópicas sejam encontradas. 16 é um ponto de bifurcação e, conforme explicado acima, este vértice é registrado no ramo do ponto de bifurcação onde o sinal' [, é inserido na seqüência, onde o primeiro processo continua no vértice-filho de 16, cujo rótulo é 120. Uma vez que para se atingir 120 de 16 a vizinhança macroscópica da primeira unidade de crescimento do ramo é cruzada, sobre 120 o código seqüência gerado é:

P1 / U1 /11 <11 <12<13<14<15<16 [+U1 /120

De modo similar, no novo ramo a codificação continua e cruza uma unidade de crescimento vizinha entre os entrenós 124 e 125:

P1/U1/ 11<11 <12<13<14<15<16 [+U1 / 120<121 <122<123<124<U2 / 125< 126< 127< 128< 129 |

Uma vez atingido o fim do ramo na entidade 129, um colchete T é inserido na seqüência de código, e o processo retoma para o ponto de bifurcação 16 de modo a continuar ao vértice-filho de 16, a saber, 17. Assim, a codificação

- 34 Workshop internacional sobre digitalização para arquitetura tridimensional - 3D em sistemas agroflorestais

continua até o fim do tronco do *Populus* uma vez que não são mais encontrados pontos de bifurcação. Entre as entidades 17 e 119, os limites de duas unidades de crescimento são transpostas, gerando a seguinte seqüência:

PI/UII 11<11 <12<13<14<15<16 [+UI / 120<121 <122<123<124<U2 /
125 < 126 < 127 < 128 < 129]
<17<8<9<110<11<112<113<114<115<U3<116<117<118<119

São freqüentes casos, em aplicações práticas, onde um determinado número de atributos é medido sobre certas entidades de plantas. Valores medidos podem ser anexados às entidades correspondentes usando-se chaves {...}. Por exemplo, suponhamos que se deseja registrar o comprimento e o diâmetro das unidades de crescimento observadas. Para cada unidade de crescimento medida, um par de valores ordenados define, respectivamente, seu comprimento e seu diâmetro. Assim, a seqüência codificada seria:

IP1/UI{10,5.9}/11<12<13<14<15<16[+UI{7,3.5}1
120< 121 < 122 < 123 < 124 < U2{4,2. 1}/125
< 126 < 127 < 128 < 129] < 17 < 18 < 19 < U2{8,4.3}1
110<111 <112<113<114<115
< U3{7 .5,3.9} 111 6 < 117 < 118 < 119

Nesta seqüência, podemos ver que a primeira unidade de crescimento do tronco, U1, tem 10 cm de comprimento e 5,9 mm de diâmetro (as unidades são supostamente conhecidas e fixas).

Em termos práticos, a codificação de plantas na forma de seqüências de símbolos se torna um tanto ilegível. De modo a contornar este problema, podemos fazer algumas mudanças no formato do código acima de modo a conseguir maior legibilidade. Cada colchete é substituído por uma nova linha correspondente à seqüência contida neste colchete. De modo semelhante, após cada conjunto é criada uma nova linha cujos valores são escritos em colunas específicas. A tabela abaixo apresenta o código final correspondendo ao exemplo da Fig. 2-3.

	Comprimento	Diâmetro
/P1/U1	10	5.9
/I1 < I2 < I3 < I4 < I5 < I6		
+ U1	7	3.5
/I20 < I21 < I22 < I23 < I24 < U2	4	2.1
/I25 < I26 < I27 < I28 < I29		
I7 < I8 < I9 < U2	8	4.3
/I10, I11 < I12 < I13 < I14 < I15 < U3	7.5	3.9
/I16 < I17 < I18 < I19		

2.3 A exploração: um exemplo simples

Uma vez criado o banco de dados de uma planta, este pode ser analisado utilizando-se o software AMAPmod. Os diferentes objetos, métodos e modelos contidos no AMAPmod podem ser acessados mediante uma linguagem funcional chamada AML. Esta linguagem foi projetada para otimizar o acesso aos bancos de dados das plantas.

- Criando representações de plantas

A representação formal de uma planta, ou de um grupo de plantas, pode ser construída pelo AMAPmod a partir de seu arquivo-código utilizando-se, para tanto, a função do AML chamada MTG ():

```
AML> g = MTG ("tree_code_file.txt ")
```

O procedimento MTG tenta construir a representação formal da planta, analisando a coesão semântica e sintática do arquivo-código. Se o arquivo não é consistente, o programa aponta uma série de erros que devem ser corrigidos antes que uma nova análise sintática seja aplicada. Uma vez que o arquivo esteja sintaticamente consistente, o MTG é construído (Fig. 2-4b) e está disponível na variável g. Entretanto, por motivos de eficiência, o último MTG construído é chamado de "ativo": isto deve ser considerado norma em quase todas as funções referentes aos MTGs. Para obter a lista de todos os vértices contidos em g, digitamos:

```
AML> vlist + VtxList ( )
```

ao invés de:

```
AML> vlist + VtxList (g)
```

A função `VtxList ()` retira o conjunto de vértices do MTG ativo e devolve o resultado na variável `vlist`.

Uma vez carregado o MTG, pode ser interessante se certificar se o banco de dados corresponde às informações observadas. Parte desse processo de checagem já foi feito pela função `MTG ()`. Mas em alguns casos uma análise mais aprofundada deve ser feita para se certificar que a base de dados está totalmente consistente. Assim, em nosso exemplo, podemos checar o número de plantas no banco de dados. Uma vez que as plantas estão representadas pelos vértices em escala 1, o conjunto de plantas é assim construído:

```
AML> plants = VtxList (Scale -> 1)
```

Assim como `vlist`, o conjunto de plantas é um conjunto de vértices. O número de plantas pode ser obtido computando-se o tamanho do conjunto de plantas.

```
AML> plant_nb = Size (plants)
```

Cada planta constituinte do banco de dados pode ser acessada individualmente e interativamente via AML. Considerando-se, por exemplo, a planta correspondente da Figura 2-4b como representada por um vértice (em escala 1) com rótulo P1. A planta P1 pode ser identificada no banco de dados selecionando-se o vértice em escala 1 tendo índice 1:

```
AML> plant1 = Foreach_ p In plants : Select ( p. Index ( p ) = 1 )
```

Nesta expressão, a construção `Foreach` é usada para pesquisar um conjunto de vértices de plantas. Para cada um dos vértices `_p`, neste conjunto, o operador `Select` é aplicado e retorna um valor não vazio, apenas para os vértices cujo valor índice é 1. `Plant1`, portanto, contém o vértice representando a planta P1. Agora é possível aplicar novas funções a este vértice de modo a explorar a natureza da planta P1. Suponhamos, por exemplo, que desejamos saber o número de unidades de crescimento existentes em P1:

```
AML> gu_nb = Size (Components (plant1))
```

Components () é uma função construída e que se aplica ao vértice v retorna ao vértice v composto na escala imediatamente superior. Uma vez que plant1 é um vértice de escala 1 representando planta P1, componentes de plant1 são vértices em escala 2, por exemplo unidades de crescimento. Também é possível computar o número de entrenós existentes na planta simplesmente especificando o opcional comando Scale na função Components:

```
AML> internode nb = Size (Components (plant1, Scale -> 3))
```

Muitas destas questões diretas podem ser feitas no banco de dados da planta que fornece acesso interativo a ela. Contudo, uma visão sintética complementar pode ser obtida mediante uma reconstrução gráfica da geometria da planta. Parâmetros geométricos, tais como ramificação e filotaxia, diâmetros, comprimento e formas são lidos a partir da base de dados. Se não estiverem disponíveis, valores médios podem ser inferidos (ou de amostras ou de informação adicional) descrevendo a geometria geral de plantas. Uma interpretação 3D do MTG fornece ao usuário o "teedbeck" natural para a base de dados. A função PlantFrame () computa a geometria 3D das plantas. Por exemplo, o comando

```
AML> frame1 = plantframe (plant1)
```

computa uma interpretação geométrica 3D da topologia P1 em escala 2, por exemplo em termos de unidades de crescimento (Figura 2-5a). Como no exemplo anterior, PlantFrame toma Scale como um comando opcional que nos permite construir interpretações geométricas 3D de P1 ao nível de entrenós. (Figura 2-5b).



Figura 2-5 Reconstrução geométrica 3D do MTG. Reconstrução (a) em escala de unidade de crescimento e (b) em escala de entrenó.

Refinamentos desta reconstrução 3D podem ser obtidos com a possibilidade da mudança da forma dos diferentes componentes da planta, possivelmente em diferentes escalas, de modo a sintonizar os atributos geométricos (comprimento, diâmetro, filotaxia, etc.) como funções da posição topológica das entidades na estrutura da planta.

- Extraindo os atributos das entidades da planta

Quando os atributos das entidades estão disponíveis em MTG, é possível resgatar seus valores pelo uso da função `Feature ()` :

```
AML> first_gu = Trunk (plant1) @1
```

```
AML> first_gu_diameter = Feature (first_gu, "Diameter")
```

A primeira linha resgata o vértice correspondente à primeira unidade de crescimento do tronco de P1 (a função `Trunk ()` retoma ao conjunto de componentes ordenados do vértice P1, e o sinal `@` com atributo 1 seleciona o primeiro elemento do conjunto). Então, na segunda linha, o diâmetro desta unidade de crescimento é extraído desta base de dados. A variável `first_gu_diameter` contém então o valor 5.9 (ver arquivo-código). De modo similar o comprimento da primeira unidade de crescimento será assim extraído:

```
AML> first_gu_length = Feature (first_gu, "Length")
```

A variável `first_gu_length` apresenta valor 10.

O usuário pode simplificar esta extração criando um apelido (*alias names*)

```
AML> diameter Cx) = Feature (_x, "Diameter")
```

```
AML> legth Cx) = Feature ( x, "Length")
```

A partir destas funções é possível construir *data arrays* (ordens de dados] correspondentes aos valores dos atributos associados às unidades de crescimento.

```
AML> growth_unit_set = VtxList (Scale -> 2)
```

```
AML> Foreach x In growth_unit_set : length CxI
```

Além disso, novos atributos sintetizados podem ser definidos pela criação de novas funções utilizando-se estes recursos básicos. Por exemplo, considerando cilíndrica a forma geral de uma unidade de crescimento, podemos computar o volume desta unidade de crescimento:

```
AML> volume(_xl = (PI*diameter Cx)A2 /4) * length Cx)
```

Onde PI representa a real constante? π representa a função multiplicação. Assim, o usuário pode usar esta nova função em qualquer unidade de crescimento como se fosse um atributo registrado no MTG. Por exemplo, o volume de uma unidade de crescimento pode ser assim computada:

```
AML> first_gu_length = volume (first_gu)
```

O volume total do tronco:

```
AML> trunk volume = Sum (Foreach _gu In Trunk (plant I) :  
volume (_gu))
```

O volume de madeira da planta inteira pode ser computado por:

```
AML> plant_volume = Sum (Foreach _gu In Components  
(plantI) :  
volume (_gu))
```

Extraindo mais informações das bases de dados da planta

Conforme mostrado na seção anterior, os bancos de dados das plantas podem ser buscados mediante a construção de apropriadas questões AML. Palavras construídas da linguagem AML podem ser combinadas de várias maneiras de modo a criar novas questões. Desse modo, tipos cada vez mais elaborados de questões podem ser construídos criando-se funções definidas pelo usuário, funções estas equivalentes a programas computacionais. De modo a ilustrar este procedimento, vamos supor que gostaríamos de estudar a distribuição do

número de entrenós por unidade de crescimento, sendo tal distribuição um importante pré-requisito para simulação 3D de plantas. Num primeiro estágio, consideremos todas as unidades de crescimento contidas na base de dados da planta. Primeiro precisamos definir a função que extrai o número de entrenós de uma determinada unidade de crescimento. Uma vez que, numa base de dados, cada unidade de crescimento (em escala 2) é composta de entrenós (em escala 3), computamos o conjunto de entrenós constituintes de uma unidade de crescimento `_x` da seguinte maneira:

```
AML> internode_set Cx) = Components Cx)
```

O objeto retornado pela função `internode_set (_x)` é um conjunto de vértices. O número de entrenós de determinada unidade de crescimento é, portanto, o tamanho deste conjunto:

```
AML> internode_nb Cx) = Size (internode_set Cx))
```

Em segundo lugar, as entidades nas quais a função anterior deve ser aplicada devem estar localizadas na base de dados. Um grupo de vértices é criado selecionando-se entidades da planta que contém determinado atributo.

O conjunto de unidades de crescimento é o conjunto de entidades em escala 2:

```
AML> gu_set = VtxList (Scale -> 2)
```

Terceiro, devemos aplicar a função `internode_nb ()` para cada elemento de um conjunto de entidades selecionadas

```
AML> sample1 = Foreach _x In gu_set : internode_nb ( _x)
```

Usamos `Foreach` de modo a buscar todo o conjunto de unidades de crescimento da base de dados, bem como aplicar a função `internode_nb ()` para cada uma delas.

Agora, desejamos obter a distribuição do número de entrenós num conjunto mais restrito de unidades de crescimento. Mais precisamente, gostaríamos de estudar a distribuição do número de entrenós em diferentes populações correspondendo a localizações específicas na estrutura da planta. Temos,

assim, que em primeiro lugar definir estas populações e depois inserir a função `internode_nb` em cada entidade dessa nova população, conforme o exemplo anterior. Consideremos, por exemplo, a população composta de unidades de crescimento compondo os ramos de ordem 1. Consideremos novamente todo o conjunto de unidades de crescimento `gu_set`. Entre eles, aqueles localizados nos ramos (definidos como entidades do ordem 1 em AMU) são definidos por:

```
AML> gu 1 = Foreach _x In VtxList (Scale -> 2) :  
Select ex , Order (J) = = 1)
```

Aqui mais uma vez usamos `Foreach` de modo a buscar todo o conjunto de unidades de crescimento da base de dados, e aplicar `Select` para cada um deles. `Select` retornará apenas vértices de unidades de crescimento cuja ordem seja 1. A variável `AML gu 1`, assim, contém todas as unidades de crescimento contidas no corpo vegetal que estejam localizadas nos ramos. Eventualmente, após a amostra de valores ter sido construída, a função acima é aplicada para as entidades selecionadas:

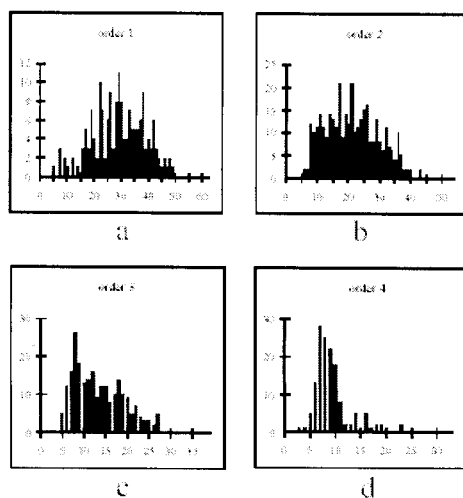
```
AML> sample Foreach x In gu1 : internode number (_xl
```

Neste estágio, um conjunto de valores extraído da base de dados corresponde a um conjunto de entidades selecionado topologicamente. Esta amostra de dados pode ser pesquisada posteriormente com as ferramentas AML apropriadas. Por exemplo, AML provê a função embutida `Histogram ()`, a qual constrói o histograma correspondente a um conjunto de valores.

```
AML> histo 1 = Histogram (sample)  
AML> Plot (histo 1)
```

Isso disponibiliza o gráfico representado na Figura 2-6. De igual modo, selecionando amostras correspondentes a diferentes situações topológicas, poderíamos obter a série de gráficos da **Figura 2-6**.

Figura 2-6 Diferentes distribuições do número de entrenós por unidade de crescimento, em diferentes situações topológicas.



2.4 AMAPmod linguagem de questionamento: AML

AML é a linguagem funcional que oferece ao usuário uma interface interativa com as bases de dados de arquitetura de plantas. Bases de dados, dados extraídos, amostras estatísticas de dados e modelos são todos representados em AML pelos vários tipos de dados que podem ser desenvolvidos e manejados usando as funções específicas. Estas funções estão projetadas de modo a fornecer aos usuários acesso de alto nível para estes objetos complexos. Vamos primeiramente apresentar as bases da linguagem AML.

Do ponto de vista prático, AML é um intérprete interativo de comandos, que processa os comandos do usuário um após o outro. O "prompt" da AML (AML» indica que o sistema está aguardando novo comando do usuário. Após cada comando, o sistema o avalia e responde por mensagem, mostrando o tipo do objeto computado a partir da avaliação e seus conteúdos. Por exemplo, o comando para ler um "errev" (ordem) de inteiros de um ASCII arquivo, fornece a seguinte interação:


```
AML>ARRAY ("my_file_of_integers")
<ARRAY (INTI> [1,9,3,7,12,19]
```

Em AML, todas as operações são expressas como solicitação de funções. AML contém um conjunto embutido de funções chamadas primitivas, que podem ser *divididas* em diferentes grupos.

O primeiro grupo fornece o núcleo de funções que inclui trabalho aritmético, *lendo/escrevendo* dados, armazenando *variáveis*, trabalhando com dados embutidos, construindo *novos* tipos de dados, exibindo gráficos, etc.

O segundo tipo consiste de funções primitivas que permitem ao usuário acessar a base de dados de arquitetura de plantas. Este contém funções primitivas para carregar, explorar, extrair informações, visualizar e comparar MTGs.

O terceiro grupo de funções consiste em ferramentas estatísticas que podem ser usadas para explorar e analisar os dados extraídos de MTGs. São fornecidas, por cada modelo, funções primitivas para estimar parâmetros de modelos e checar a validade desses modelos, bem como para gerar amostras de dados a partir de simulações.

Baseado nas funções primitivas AML, o usuário pode *desenvolver* suas próprias funções, correspondentes aos programas AML. As funções definidas pelo usuário são expressões que contêm uma ou mais *variáveis* livres, que *devem* ser nomeadas. Por exemplo, consideremos a definição de uma base cônica com diâmetro de base b , diâmetro de topo t e altura h . O *volume* de um cone pode ser definido em AML como uma função chamada `cfvol`, utilizando três argumentos:

```
AML>cfvol (_b,_t,_h) = Pi * _h * (_b^2 + _t^2 + _b*_t) / 12
```

O sinal "*underscore*" **U** é usado para fazer a distinção entre as *variáveis* livres - usadas para definir as funções do usuário - e *variáveis* normais de computador, usadas para armazenamento de *valores* e objetos de computação. *Variáveis* livres não são usadas para armazenamento de *valores*, elas só aparecem em expressões para identificar um termo dado em diferentes posições de uma expressão. *Variáveis* de computador apresentam um nome

- 44 Workshop internacional sobre digitalização para arquitetura tridimensional - 3D em sistemas agroflorestais

não precedido pelo sinal de "*underscore*", e obrigatoriamente aparecem no lado esquerdo da expressão:

```
AMI>volume1 = cfvol (1,1,4) # volume1 é a variável de computador  
  
< REAL> 3.14159 # valor computada por chamada pelo cfvol e armazenado  
em volume1
```

Vários tipos de objetos são definidos em AMI. Eles são, primeiramente, tipos básicos como INT, REAL, CHAR, STRING, DATE, BOOL, etc. Estes tipos podem ser combinados para criar novos tipos, usando construtores de tipo ARRAY, SET ou L1ST:

```
AMI>array = [1,9,3] # cria um "errev" contendo 3 inteiros (INTs)  
<ARRAY (INT)» [1,9,3]
```

ARRAYs são conjuntos ordenados de elementos de tipos idênticos; SETs são conjuntos de elementos de tipos idênticos sem nenhuma noção de ordem e duplicação de elementos; L1STs são os conjuntos ordenados de elementos, possivelmente de tipos diferentes. Uma vez que ARRAY e L1ST são objetos de conjuntos ordenados, seu i^o elemento pode ser definido:

```
AMI> array@2 # extrai o segundo elemento de "errev"  
<INT> 9
```

Todos os tipos precedentes correspondem a objetos que podem ser desenvolvidos por funções primitivas que pertencem ao núcleo AMI. De qualquer modo, outras AMI primitivas permitem ao usuário construir objetos mais específicos. Estes objetos específicos são usualmente desenvolvidos a partir de construtores de primitivas que levam o nome do tipo do objeto: por exemplo, a primitiva MTG pode ser aplicada em arquivo contendo o código de arquitetura de planta, para verificar sua precisão sintática e semântica e para desenvolver um objeto MTG contendo a informação de arquitetura de planta:

```
AMI>my_plant = MTG("codefile")  
< MTG > vtxnb = 1546 size 10 kb
```

Da mesma forma, um objeto de tipo HISTOGRAM pode ser desenvolvido a partir de um *array* de inteiros, usando a primitiva Histogram:

```
AML> h1 = Histogram([1,2,2,3,3,2,4,2,3,2])
      < HISTOGRAM > sample size: 10 mean: 2.4
      standard-deviation: 0.843
```

ou a partir de arquivo contendo as frequências para cada valor possível.

Uma vez que objetos específicos como MTG ou HISTOGRAM sejam desenvolvidos, eles podem ser mostrados, impressos, transformados ou comparados usando as primitivas especiais que se aplicam a esses objetos. Uma sub-amostra, por exemplo, pode ser extraída a partir de objeto h1, usando a primitiva ValueSelect pela especificação do intervalo de valores que deve ser tomado:

```
AML> h2 = ValueSelect (h1,2,3)      # seleciona o sub-padrão de h1
      # [2,2,3,3,2,2,3,2]
      < HISTOGRAM > sample size: 8 mean 2.375
      standard-deviation: 0.518
```

As funções primitivas têm argumentos obrigatórios e argumentos opcionais. Argumentos obrigatórios são identificados de acordo com sua posição na lista de argumento, enquanto argumentos opcionais são os nomes dados e não são obrigatórios nas listas de argumentos de funções primitivas. Por exemplo, na primitiva de MTG, para limitar o número de erros de "output" (saída) controlados pelo *parser* (se existir), o usuário pode especificar a variável opcional MaxErrorNb como segue:

```
AML> my_plant = MTG ("codefile", MaxErrornb -> 10)
```

Em AML, "loops" podem ser executados utilizando-se interações. A interação mais comum permite buscar o conjunto de elementos (em ARRAY, SET ou LIST) e aplicar a cada um deles uma função específica. Por exemplo, o conjunto de valores quadrados correspondendo ao "errev" (ordem) de números inteiros pode ser computado como:

- 46 Workshop internacional sobre digitalização para arquitetura tridimensional - 3D em sistemas agroflorestais

```
AML>square_vals = Foreach x In [1,2,3,4] x^2  
<ARRAY(INT» [1,4,9,16]
```

Na seção 3 serão ilustrados vários aspectos de constituição e análise da base de dados de arquitetura de plantas, fornecendo questionamentos AML correspondentes a cada passo da seção de modelagem.

2.5 Tipos de dados extraídos

Como mencionado anteriormente, vários tipos de dados podem ser extraídos a partir de MTGs. Para cada componente da planta na base de dados, atributos podem ser extraídos ou sintetizados usando a linguagem AML. O volume de madeira de um componente, por exemplo, pode ser sintetizado a partir do diâmetro e do comprimento deste componente medido em campo. O tipo de medição executada no contexto de análise arquitetural enfatiza o uso de variáveis discretas que podem ser ou simbólicas, por exemplo o tipo de produção axilar em um dado nó (gema latente, ramo curto ou ramo longo) ou numérico (número de flores na estrutura de ramificação). Em geral, os componentes da planta podem ser qualificados pelo conjunto de atributos, chamados atributos multivariáveis. Um componente da planta, por exemplo, pode ser descrito pelo atributo multivariável constituído de volume, número de folhas, azimute e tipo botânico do constituinte.

Atributos multivariáveis correspondem à primeira categoria de dados que podem ser extraídos a partir de MTGs. A segunda e mais complexa categoria de importância particular no AMAPmod, é definida pela seqüência de atributos, que podem ser possivelmente multivariáveis. O objetivo desta categoria é representar seqüências biológicas que podem ser observadas na arquitetura de plantas. Estas seqüências podem ter duas origens. Elas podem corresponder a modificações, no tempo, de atributos ligados a um dado componente da planta. Neste caso, as seqüências representam as trajetórias dos componentes com respeito aos atributos considerados, e o parâmetro índice é a data de observação. Seqüências podem, também, corresponder aos caminhos na árvore de estruturas topológicas contidas nos MTGs. Neste caso, o parâmetro índice das seqüências é um índice espacial que denota a linha de componentes sucessivos nos passos considerados. Seqüências espacialmente indexadas são um tipo versátil de dados, para o qual os atributos de um componente no caminho pode ser ou diretamente extraído ou sintetizado a

partir de atributos de componentes limitantes. No último caso, todas as informações contidas no sistema de ramificação podem ser eficientemente sumarizadas dentro da seqüência de atributos multivariáveis, correspondendo ao eixo principal do sistema ramificado.

Uma terceira categoria de objeto pode ser extraída dos MTGs, nomeada árvores de atributos multivariáveis. Como seqüências, estes objetos tentam preservar parte da organização da planta nos dados extraídos. As estruturas de árvores representam uma organização bruta de componentes que compõem as estruturas ramificadas da planta em uma certa escala de análise.

Assim, os dados extraídos de MTGs podem ser ordenados de acordo com seu nível de complexidade estrutural: dados não estruturados, seqüências, árvores. Estes níveis correspondem aos diferentes graus para os quais a informação estrutural é armazenada e então associada com diferentes técnicas de análises estatísticas.

2.6 Exploração estatística e construção de modelos

Para explorar a arquitetura de plantas, usuários são freqüentemente levados a criar as amostras de dados de acordo com o critério topológico da arquitetura da planta. Um intervalo amplo de primitivas AML que se aplica ao MTG permite ao usuário expressar este critério topológico e selecionar os correspondentes componentes da planta. Amostras de três principais tipos de dados estruturais podem ser criadas na seguinte maneira:

Amostras multivariáveis: amostras simples de dados podem ser criadas computando o conjunto de atributos - possivelmente - multivariados - associados a um conjunto selecionado de componentes, por exemplo, número de flores desabrochadas, por componentes, que apareceram na estrutura da planta durante um determinado ano. Visto que existem múltiplos métodos nos pacotes estatísticos para análise de amostras multivariadas, apenas um reduzido núcleo de ferramentas tem sido integrado ao AMAPmod para explorar estes objetos. Caso métodos estatísticos mais específicos sejam requeridos, o usuário pode exportar dados para outros softwares tais como SAS ou S-PLUS.

Amostras de seqüências multivariadas: o foco do AMAPmod está nas ferramentas de análise de dados para amostras de seqüências. No contexto da

análise de arquitetura de plantas, estes objetos apresentam duas vantagens. Por um lado, parte da organização da planta é diretamente preservada na amostra através da noção de "seqüência", discutida anteriormente. Por outro lado, a complexidade estrutural das amostras de seqüências ainda permanece tratável, as ferramentas exploratórias eficientes ainda podem ser desenhadas e os modelos estatísticos podem ser projetados. O sistema AMAPmod inclui, principalmente, classes de processos estocásticos tais como cadeias (escondidas) de Markov, semi-cadeias (escondidas) de Markov e renovados processos para a análise de seqüências de valores discretos. Um conjunto de ferramentas exploratórias dedicadas para as seqüências construídas pelas variáveis numéricas também está disponível, incluindo, parcialmente, funções de autocorrelação de amostras (parcial) e diferentes tipos de filtros lineares (por exemplo, filtros simétricos ajustados para extrair tendências ou resíduos).

Amostras de árvores multivariadas: a análise de amostras de árvores de dados estruturados é o problema desafiador. A amostra de árvores pode representar um conjunto de sistemas de ramificação comparáveis, considerados em diferentes locais em uma planta ou em diversas plantas. Similarmente, o desenvolvimento de uma planta pode ser representado por um conjunto de árvores, representando diferentes estádios, no tempo, de um sistema de ramificação. A organização da planta para este tipo de objeto é relativamente bem preservada nos dados puros. Todavia, isto requer um alto grau de complexidade conceitual e algorítmica. Estamos, correntemente, investigando métodos para computar distâncias entre árvores que podem ser usados como uma base para as ferramentas estatísticas dedicadas.

AMAPmod contém um vasto conjunto de ferramentas para análise desses diferentes tipos de amostras, com ênfase especial nas ferramentas dedicadas à análise de padrões de seqüências de valores discretos. Essas ferramentas enquadram-se em uma das três categorias seguintes:

- análise exploratória baseada nos métodos descritivos (mostra gráfica, computação de características como são funções de autocorrelação de amostras, etc.);
- construção de modelos paramétricos;
- comparações técnicas (entre dados individuais).

O objetivo de construir um modelo é a obtenção de adequadas representações de amostras de dados. Assim, o modelo paramétrico pode servir como uma base para a interpretação de um fenômeno biológico. O "loop" elementar no processo interativo de construção de modelos é, usualmente, dividido em três estádios:

1. *Estádio de especificação:* consiste na determinação de uma família de modelos candidatos com base nos resultados obtidos por uma análise exploratória dos dados e algum conhecimento biológico.
2. *Estádio de estimação:* consiste na inferência dos parâmetros do modelo, a partir dos dados da amostra. Este modelo é escolhido dentro da família determinada no estágio de especificação. Métodos automáticos de seleção de modelos estão disponíveis por classes de modelos tais como as cadeias (escondidas) de Markov dedicadas à análise de seqüências de valores discretos. Em AMAPmod, a estimativa é sempre feita por algoritmos baseados no critério de máxima probabilidade. A maioria destes algoritmos são esquemas de otimização interativa, que podem ser considerados como aplicações do algoritmo de Maximização Expectativas (EM) para diferentes famílias de modelos. O algoritmo EM é uma proposta geral de algoritmo para a estimação da máxima probabilidade em uma ampla variedade de situações, melhores descritas com problemas de dados incompletos.
3. *Estádio de validação:* consiste em checar o ajuste entre o modelo estimado e os dados, para revelar as inadequações e assim, modificar a família de modelos *a priori* especificada. No sistema AMAPmod, características teóricas podem ser computadas a partir dos parâmetros do modelo estimado, para ajustar às características empíricas extraídas dos dados e usadas na análise exploratória.

O enfoque paramétrico baseado no processo de construção do modelo é complementado por um enfoque não paramétrico baseado no alinhamento de dados estruturados (ou seqüências de árvores). Matrizes de distâncias construídas pelo alinhamento de peças de uma amostra de dados estruturados podem ser exploradas pelos métodos de análise de "clusters" para revelar os grupos na amostra.

3 Ilustração: explorando um pomar de maçã

Agora vamos ilustrar o enfoque implementado no sistema AMAPmod em uma aplicação real. Para realizar isso, vamos considerar um pomar de macieiras e mostrar como uma base de dados de arquitetura de plantas pode ser criada a partir de observações. Depois, vamos usar esta base de dados para ilustrar a utilização de ferramentas específicas para explorar a base de dados de arquitetura de plantas.

3.1 O contexto biológico e a coleta de dados

A aplicação é parte de um programa geral de seleção, conduzido no I.N.R.A. (Instituto Nacional de Pesquisa Agronômica) e projetado para melhorar espécies de macieiras considerando os caracteres morfológicos e os caracteres mais clássicos, tais como qualidade de frutas e resistência a doenças. Neste exemplo particular, dois clones de macieiras foram escolhidos por seus contrastantes hábitos de crescimento e ramificação. O primeiro clone (.Wijcik') apresenta hábito de crescimento e de ramificação muito específico, caracterizado por entrenós curtos, grandes diâmetros e a ausência de ramos axilares longos. Ao contrário, o segundo clone (.Baujade') mostra muitos ramos, longos e flexíveis. Uma população de 102 híbridos foi obtida pelo cruzamento desses dois clones. O objetivo deste trabalho foi o de estudar como caracteres morfológicos, tais como o comprimento de entrenós ou o número de ramos laterais longos, estão distribuídos dentro da progênie.

Criação da base de dados: o sistema de ramificação estabelecido pela brotação anual de um tronco de três anos de idade é descrito para cada indivíduo. O sistema de ramificação foi primeiramente separado em eixos, por exemplo, porções lineares do caule derivadas da mesma gema. Cada eixo foi então dividido em porções criadas no mesmo ano (chamadas brotações anuais). Quando a paralisação e a retomada do crescimento ocorrem dentro de um ano, a brotação anual pode ser dividida em unidades de crescimento, por exemplo porções criadas durante um mesmo período (ou entre dois períodos de repouso). Finalmente, as unidades de crescimento podem ser divididas em entrenós, por exemplo, porções de ramos entre duas folhas. Considerando esta decomposição sucessiva, um dado sistema de ramificação é simultaneamente considerado em quatro escalas. Os diferentes componentes da planta, e suas conexões, são representados em um arquivo de código explicado anteriormente.

De modo a oferecer uma idéia quantitativa de todos os recursos necessários para a aplicação deste trabalho, devemos ressaltar que as medições foram realizadas por uma equipe de 6 pessoas durante 5 dias. Os dados coletados, inicialmente escritos em papel, foram digitados em computador por uma pessoa durante 20 dias, utilizando um editor de texto, e consiste de um arquivo que contém aproximadamente 16.000 linhas de código. O MTG correspondente foi desenvolvido em 45 segundos na estação de trabalho SGI-INDY. Ele consiste de 65.000 componentes e cerca de 15.000 atributos. O tamanho da base de dados é 7Mb.

3.2 Visualização em 3D das plantas reais

Para desenvolver uma base de dados associada aos dados coletados, o sistema AMAPmod é ativado e um MTG é desenvolvido pelo arquivo codificado da planta:

```
AML> plant_database = MTG("appletree_code.txt")
```

A primitiva MTG tenta desenvolver uma representação formal do pomar, checando a coesão sintática e semântica do arquivo codificado. Se o arquivo não é consistente, o procedimento indica um conjunto de erros que devem ser corrigidos antes da aplicação de uma nova análise sintática. Uma vez que o arquivo esteja consistente sintaticamente, o MTG é desenvolvido e disponibilizado na variável base de dados da planta. De qualquer modo, por uma razão de eficiência, o último MTG desenvolvido é chamado de "ativo": ele é considerado como um argumento implícito para a maioria das primitivas procedentes de MTGs. Para obter o conjunto de vértices representando as plantas contidas na base de dados, por exemplo vértices na escala 1, a primitiva VtxList será usada e aplicada pelo "deteult" para a base de dados MTG ativa da planta:

```
AML> plant_list = VtxList (Scale -> 1)
```

Depois é possível obter um "teedbeck" inicial nos dados coletados pela apresentação de uma interpretação geométrica em 3D de um planta do MTG. Isso permite ao usuário uma rápida busca a toda base de dados. Por exemplo, uma interpretação geométrica da 5' planta no conjunto de plantas descrito no MTG pode ser computada e plotada usando a primitiva PlantFrame como segue (Figura 2-7a):

```
AML> geom_struct = PlantFrame(plant list@5)
AML> Plot(geom_struct)
```

Tais reconstruções podem ser realizadas mesmo que nenhuma informação geométrica esteja disponível nos dados coletados. Neste caso, algoritmos são usados para deduzir os dados ausentes, quando possível (caso contrário, as informações de "deieutt" são usadas). Em outros casos, as plantas são precisamente digitalizadas e os algoritmos podem prover acuradas reconstruções geométricas em 3D.

Apesar de dar uma visão natural das plantas contidas na base de dados, estas reconstruções 3D têm um outro papel importante: elas podem ser usadas como um suporte para visualizar graficamente como várias formas de informações são distribuídas na arquitetura da planta. **Figura 2-7b**, por exemplo, mostra a organização dos componentes da planta de acordo com sua ordem de ramificação (componentes do tronco possuem ordem 0, componentes de ramos têm o ordem 1, etc.). Em **AML** isso pode ser obtido pelos comandos seguintes:

```
AML> color_order(_x) = Switch Order(_x)   Case 0: MediumGrey
                                     Case 1: DarkGrey   Case 2: LightGrey   Case 3: Black
                                     Default: White
AML> Plot(geom_struct, Color -> color_order)
```

Esta representação enfatiza diferentes informações relacionadas à ordem de ramificação: ela pode ser vista na **Figura 2-7b**, onde a ordem máxima de ramificação é 4, que esta ordem é atingida somente uma vez na copa da árvore, e que ela acontece no local de floração (componente em preto).

O uso de representação 3D da estrutura da planta pode também ser ilustrada em termos de análise de crescimento de plantas. O ano no qual cada componente cresceu pode ser recuperado a partir de uma análise atenta de marcadores morfológicos de plantas. Se esta informação estiver gravada em MTG, será possível dar cores aos diferentes componentes discriminadamente. Por exemplo, a **Figura 2-7c** mostra que uma ramificação apareceu no tronco durante o primeiro ano de crescimento. Esta informação pode ser relacionada a outros dados, por exemplo, ao número de ramificações de frutos produzidos por um componente, e assim fornecer uma visão mais profunda do processo de crescimento das plantas.

Graças à natureza multiescalonada da representação de plantas, informações mais ou menos detalhadas podem ser projetadas na estrutura da planta. Consideremos ainda uma vez o contexto da análise do crescimento de plantas. O crescimento de plantas é caracterizado por ritmos que resultam na produção de entrenós longos durante períodos de alta atividade, e entrenós curtos durante o período de repouso (indicados na planta por cicatrizes muito próximas). Estas informações, no nível de entrenós, podem ser projetadas na estrutura 3D (Figura 2-7d). Estas informações, assim como o ano de crescimento, nos permitem o acesso à dinâmica de crescimento da planta, mas agora em escala intra-anual.

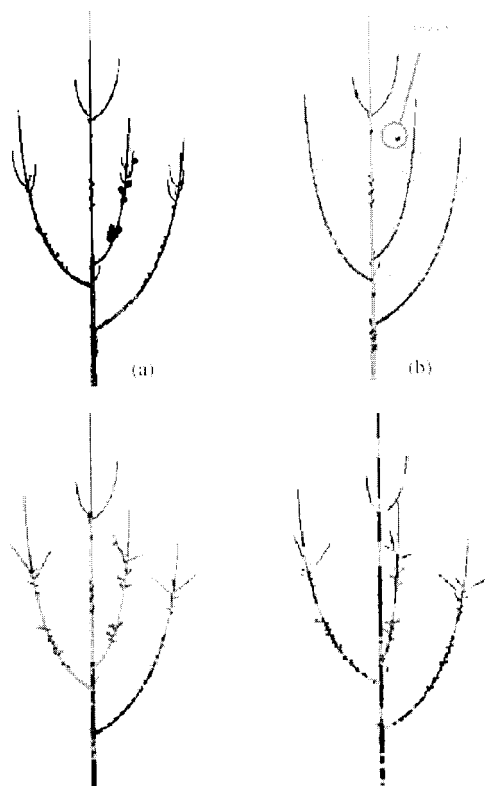


Figura 2-7 (a) 3D reconstrução de uma árvore de maçã gravada na base de dados. (b) Ordem de ramificação (verde = 0, vermelho = 1, azul claro = 2, preto = 3). (c) Anos de crescimento (preto = 10º ano, verde = 2º ano, vermelho = 3º ano). (d) Ritmos de crescimento (preto = entrenós longos, vermelho = cicatrizes, verde = entrenós curtos).

54 | Workshop internacional sobre digitalização para arquitetura tridimensional - 3D em sistemas agroflorestais

Finalmente, outro uso para a reconstrução virtual das plantas medidas é ilustrado, na Figura 2-8a e 2-8b. Essas plantas foram reconstruídas a partir de MTG, em escala de cada entrenó. Isto permite-nos obter uma representação natural da planta que pode ser usada em modelos que são definidos para descrever a interação da planta com seu ambiente (por exemplo luz) em um nível detalhado. De maneira mais geral, o usuário pode plotar um conjunto de plantas a partir de sua base de dados (Figura 2-9):

```
AML> orchard = PlantFrame(plant_list)
AML> Plot(orchard)
```



Figura 2-8 Reconstrução virtual da geometria de uma planta em 3D com posicionamento das folhas (a) e frutos (b).

3.3 Extração de amostras de dados

A visualização de informações projetadas na representação 3D de plantas é uma das maneiras de se explorar a base de dados. Explorações mais quantitativas podem ser extraídas, e a mais simples delas consiste no estudo de como caracteres específicos estão distribuídos na arquitetura da população de plantas. Para fazer isso, amostras de componentes são criadas,

correspondendo a algum critério topológico ou morfológico, e as distribuições de um ou vários caracteres (caracteres alvos) são estudadas nesta amostra. Esta extração de dados segue sempre os três passos seguintes:

- Primeiro, uma amostra de componentes é criada para estudar o caractere alvo;
- Segundo, o caractere se define por si próprio. Ele deve ser mais ou menos diretamente derivado de dados registrados no campo. Por exemplo, ele está continuamente na frente para definir o diâmetro de um componente, se este foi medido no campo. De outro lado, a ordem máxima de ramificação dos componentes que são gerados por um dado componente necessita alguma computação.
- Terceiro, o caractere alvo é computado para cada componente da amostra selecionada de componentes.



Figura 2-9 Representação 3D das informações contidas na base de dados arquitetural (só 15 plantas são representadas de 102).

a resultado destas três operações é um grupo de valores que pode ser analisado e visualizado de diferentes modos. Por exemplo, vamos supor que desejamos determinar a distribuição do número de entrenós produzidos durante um período de crescimento específico para todas as plantas da base de dados. Primeiramente, precisamos determinar a amostra de componentes na qual nós desejamos estudar esta distribuição. Em nosso caso, vamos considerar que estamos interessados nas unidades de crescimento do tronco, que são produzidas durante o primeiro ano de crescimento. Isso poderia ser escrito em AML como:

```
AML>sample = Foreach _component In growth_unit_list :  
  SelectC component, arderC component) == O And  
  [indexcomponent] == 901
```

A variável "sample" contém o conjunto de unidades de crescimento cuja ordem seja 0 (por exemplo que são partes de tronco) e cujo ano de crescimento é 1990 (assumindo que 90 corresponde ao primeiro ano de crescimento). a segundo passo consiste na definição do caractere-alvo. Isto pode ser feito pela definição de uma função correspondente:

```
AML>nb_of_internodes Cx) = Size (Componentst od)
```

a número de entrenós do componente `_x` (supondo ser este uma unidade de crescimento) é definido como o tamanho do conjunto de componentes que compõem esta unidade de crescimento `_x` (considerando que a unidade de crescimento é composta por entrenós). Finalmente, esta função é aplicada a cada componente da amostra previamente selecionada e o histograma correspondente é plotado (Figura 2-10):

```
AML> sample_values = Histogram(Foreach component In sample  
  nb_of_internodescomponentu  
AML> Plot(sample_values)
```

Este exemplo ilustra o tipo de interação que o usuário pode esperar da exploração da arquitetura de árvores. No campo, as unidades de crescimento dos troncos, produzidas durante o primeiro ano de crescimento, apresentam comprimento variável; variando de 10 até 100 entrenós. De qualquer modo, a exploração quantitativa da base de dados mostra que o histograma exibe duas

sub-populações de componentes, relativamente bem separadas (**Figura 2-10**). A sub-população de componentes curtos corresponde às primeiras brotações anuais no tronco, feita pelas duas unidades de crescimento intra- anuais, enquanto a sub-população de componentes longos corresponde às primeiras brotações anuais feitas por uma única unidade de crescimento.

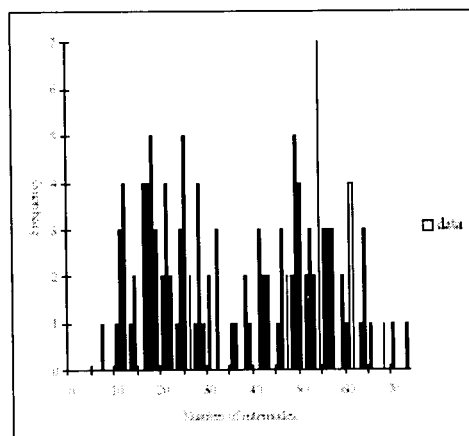


Figura 2-10 Histograma do número de entrenós de unidade de crescimento, no tronco, para o ano 1990.

De modo a separar e caracterizar estas duas sub-populações, podemos assumir que a distribuição global é uma mistura de duas distribuições paramétricas, mais precisamente duas distribuições binomiais negativas. Os parâmetros deste modelo podem ser estimados a partir do histograma apresentado como:

```
AML>mixture = Estimate(sampl_value, "MIXTURE",
    "NEGATIVE_BINOMIAL", NEGATIVE_BINOMIAL"1
AML> Plot{mixture}
```

Para todos os modelos paramétricas no sistema, a função Estimate executa tanto a estimação de parâmetros quanto a computação de várias quantidades (probabilidade de dado observado para o modelo estimado, características teóricas, etc.) envolvidas no estágio de validação. Como é demonstrado pelas

funções de distribuição cumulativa na **Figura 2-11 b**, os dados são bem ajustados pela mistura estimada das duas distribuições binomiais negativas. Os pesos dos dois componentes da mistura são muito próximos (0.49/0.51), o primeiro centralizado no 21º entrenó e o segundo no 53º entrenó (**Figura 2-11 a**). Graças à pequena justaposição desses dois componentes da mistura (**Figura 2-11 a**), a amostra extraída pode ser otimamente dividida em duas subpopulações ótimas, com o piso fixado no 37º.

Como é ilustrado por este exemplo, usando AMAPmod o usuário pode questionar a base de dados, fazer projeções e buscar regularidade de dados. Este processo iterativo de exploração permite o desenvolvimento de uma rica e detalhada representação mental da base de dados arquiteturais, relacionando vários pontos de vista complementares.

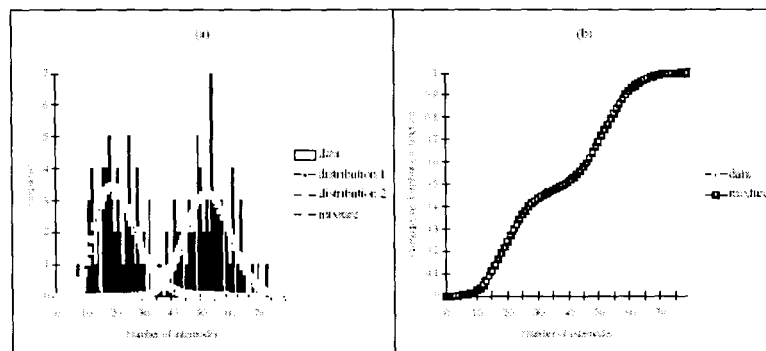


Figura 2-11 Modelando o número de entrenós de unidades de crescimento no tronco pela mistura de duas distribuições paramétricas, para o ano 1990.

3.4 Extração e análise de seqüências biológicas

A seção anterior ilustra a extração de um tipo de amostra simples, composta de valores numéricos. Nesta seção vamos considerar um tipo mais complexo de amostra, composto de seqüências de valores. Por exemplo, na base de dados de macieiras, vamos considerar as seqüências de produção lateral ao longo dos troncos. Nosso objetivo é analisar como os ramos laterais estão distribuídos ao longo dos troncos de híbridos.

As seqüências são codificadas do seguinte modo: para cada planta, as brotações anuais de tronco, do ano 1990, são descritas, nó por nó, da base ao topo. Cada nó é qualificado pelo tipo de produção lateral (gema latente: 0, brotação tardia curta de um ano: 1, brotação tardia longa de um ano: 2, brotação imediata: 3). Esta amostra de seqüências é construída, em AML, do seguinte modo:

```
AML>seq = Foreach _component In growth_unit_sample :  
    Foreach _node In Axis ( _component, Scale -> 4) :  
        Switch lateral_type ( _node)  
        Case BUD: 0      Case SHORT: 1      case LONG: 2  
        Case IMMEDIATE: 3      Default: Undef
```

A variável de AML `growth_unit_sample` contém o conjunto de unidades de crescimento de interesse (previamente selecionado). Para cada componente desse conjunto, foi procurado a ordem de nós que compõem seu eixo principal pelo segundo `Foreach` desenvolvido. Finalmente, para cada nó, a função `lateral type()` (definida em outra parte) é usada para codificar a natureza da produção lateral naquele nó.

A Figura 2-12 ilustra a diversidade de estruturas de brotações laterais anuais encontradas na família estudada de híbridos, as quais resultam dos diferentes hábitos de ramificação de seus dois genitores. Em nosso contexto, queremos caracterizar e classificar os híbridos de acordo com seus hábitos de ramificação. A dificuldade surge pelo fato de que o padrão de ramificação é resultado de uma sucessão de zonas de ramificação, que por sua vez não são caracterizadas por um único tipo de produção lateral, mas por uma combinação de tipos (por exemplo, brotações curtas mescladas com brotos laterais). Usaremos este exemplo para ilustrar como modelos paramétricos podem ser usados em AMAPmod para identificar e caracterizar as zonas sucessivas de ramificação ao longo das brotações anuais.

Assumimos que as seqüências têm uma estrutura em dois níveis, onde as brotações anuais são feitas de uma sucessão de zonas, cada zona caracterizada por uma combinação particular de tipos de produção laterais. Para modelizar esta estrutura em dois níveis, usamos o modelo hierárquico com dois níveis de representação. No primeiro nível, a cadeia semi-Markov (cadeia de Markov com auto-transições nulas e estágio explícito de

distribuições ocupacionais) representa a sucessão de zonas ao longo de brotações anuais e os comprimentos de cada zona. Cada zona é representada pelo estágio da cadeia de Markov e as sucessões de zonas são representadas por transições entre estádios. O segundo nível consiste em anexar para cada estágio da cadeia semi-Markov uma distribuição discreta que representa os tipos de produção lateral observados na zona correspondente. O modelo inteiro se chama cadeia semi-Markov escondida.

Os parâmetros do modelo são estimados a partir da amostra extraída das seqüências pela função Estimate:

```
AML> hsmc = Estimate(seq, "HIDDEN_SEMI_MARKOV", initial_hsmc,
Segmentation -> True)
```

O primeiro argumento "seq" representa as seqüências extraídas. "HIDDEN_SEMI_MARKOV" especifica a família de modelos. Initial_hsmc é uma cadeia escondida semi-Markov inicial que resume as hipóteses feitas no estágio de especificação. Uma segmentação ótima de seqüências é requerida pelo argumento opcional Segmentation conjunto em "True".

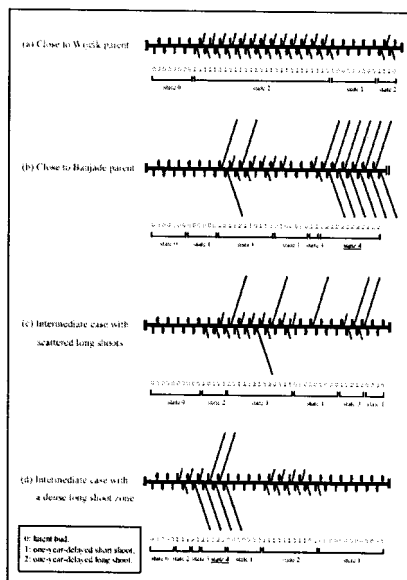


Figura 2-12 Exemplo de seqüências mostrando diferentes hábitos de ramificação na família de híbridos.

A cadeia semi-Markov escondida construída a partir das brotações anuais do ano 1990, dos 102 híbridos, é descrita na Figura 2-13 com a seguinte convenção: cada estágio é representado por uma caixa numerada no canto direito em baixo. As possíveis transições entre estágios são representadas pelos limites diretos com as probabilidades notadas e anexadas. Estádios de transição são desenhados por uma linha simples, enquanto estádios recorrentes são desenhados por uma linha dupla. Estádio i é chamado recorrente se tem início no estágio i , e o primeiro retorno ao estágio i sempre ocorre depois de um certo número finito de transições.

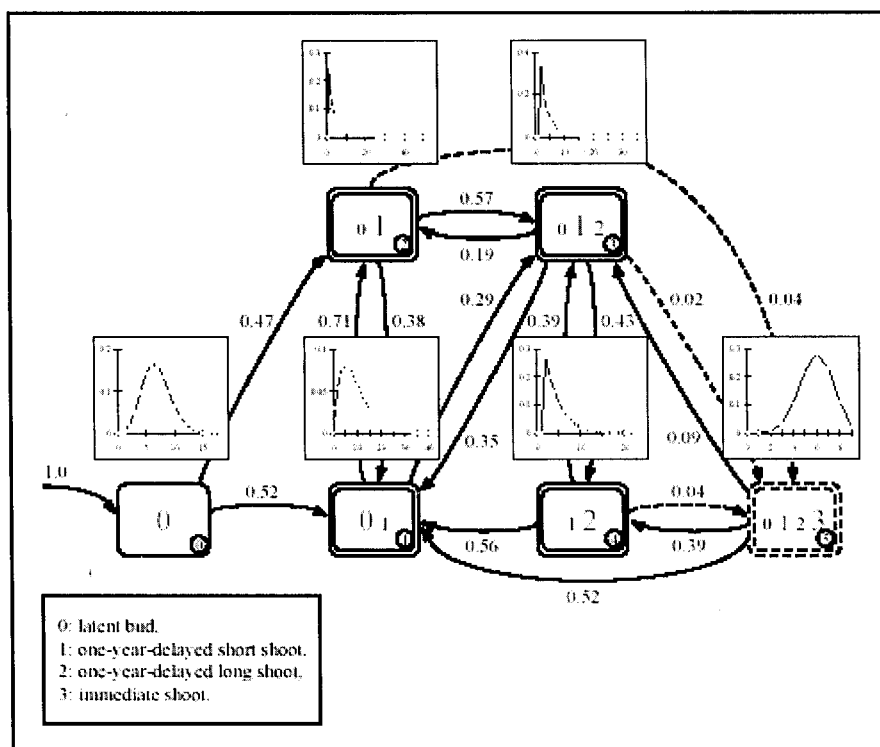


Figura 2-13 A cadeia semi-Markov escondida desenvolvida a partir de brotações anuais, do ano 1990, dos 102 híbridos. Somente as transições cuja probabilidade seja $L \geq 0.02$ estão representadas. Transições menos prováveis (estádios respectivos) estão representados pelos limites pontuados (e respectivas caixas pontuadas).

62 Workshop internacional sobre digitalização para arquitetura tridimensional - 3D em sistemas agroflorestais

O estágio não recorrente é chamado transitivo. As distribuições de estádios ocupacionais, que representam o comprimento de zonas no que diz respeito ao número de nós, são mostradas acima de suas caixas correspondentes. A produção lateral possível observada em cada zona é indicada dentro das caixas, sendo o tamanho das letras proporcional às probabilidades observadas (para o estágio 3, estas probabilidades são 0.1; 0.62; 0.28 e para o estágio 4 as probabilidades são 0.01; 0.07; 0.92 para gema latente, brotação anual curta tardia de um ano e brotação anual longa tardia de um ano, respectivamente). O estágio O, o qual é o único estágio transitivo, é também o único estágio inicial, conforme indicado pelo limite entrando no estágio O. Estádio O representa a zona basal não ramificada da brotação anual. Os cinco estádios remanescentes constituem uma classe recorrente que corresponde à fase estacionária das seqüências.

O desenvolvimento de um modelo paramétrico nos dá uma visão global da estrutura das brotações anuais no tronco, do ano 1990, para os 102 híbridos. A adequação entre modelo estimado para os dados é conferida pelo exame da coesão entre as distribuições características teóricas extraídas dos dados. A contagem das distribuições características, por exemplo, enfoca o número de ocorrências de um determinado atributo em uma determinada seqüência. Os dois atributos de interesse são o número de séries e o número de ocorrências de um dado tipo de produção lateral por seqüência. O ajuste das distribuições contadas (**Figura 2-14**) pode ser plotado pela seguinte função:

```
AML> Plot (hsrnc. "Counting")
```

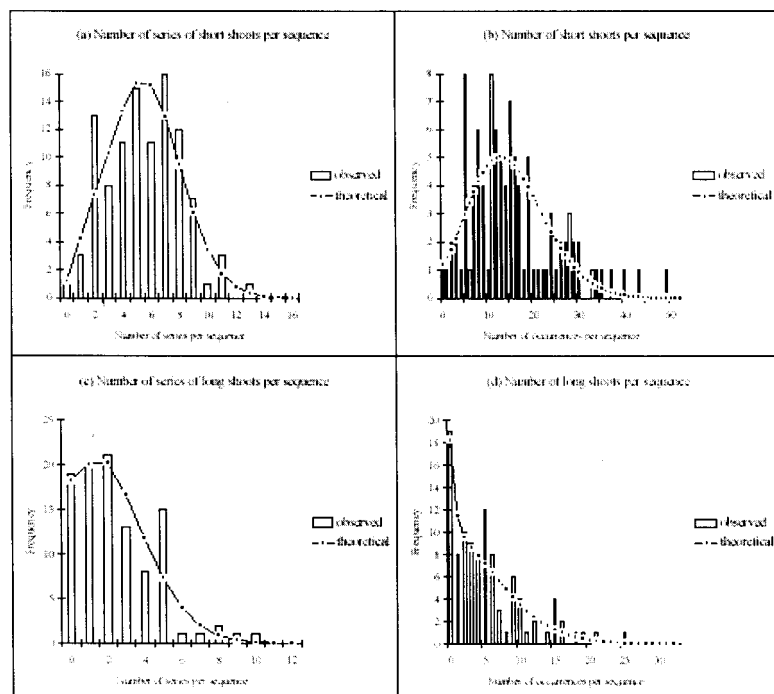


Figura 2-14 Ajustamento de distribuições das características teóricas computadas a partir de parâmetros do modelo para as distribuições correspondentes extraídas a partir de dados.

Além disso, a segmentação ótima das seqüências observadas em zonas sucessivas (**Figura 3-12**) pode ser extraída do modelo enquanto um sub-produto da estimativa dos parâmetros de modelo através da seguinte função:

```
AM L> segmented_seg = ExtractData (hsmc)
```

Onde "segmented_seg" representa as seqüências observadas acrescentadas por uma variável que contém as correspondentes seqüências ótimas (**Figura 3-12**). Um cuidadoso exame desta segmentação ótima nos ajuda a salientar uma propriedade discriminatória: ele sugere usar a ausência do estádio 4 nesta segmentação ótima como regra de discriminação entre os híbridos mais

próximos do genitor Wijick, mais que para o genitor Baujade (e vice-versa). O Estádio 4 corresponde à zona de ramificação densa, característica do genitor Baujade. Duas sub-populações próximas a seus genitores são extraídas pela função ValueSelect em função de ausência/presença do estádio 4 na 1.ª variável:

```
AML>wijick_seq = ValueSelect (segmented_seq, 1,4,  
    Mode -> Reject)  
AML> baujade_seq = ValueSelect (segmented_seq, 1, 4,  
    Mode -> Keep)
```

Simplesmente a contagem do número de ramos axilares longos por seqüência não seria suficiente, uma vez que para um determinado número de ramos longos, estes poderiam ser tanto dispersos (Figura 3-12c) quanto agregados em uma zona densa (**Figura 3-12d**). Isto é confirmado pela comparação das distribuições empíricas do número de séries existentes com o número de ocorrências de ramos axilares longos por seqüências extraídas a partir das duas sub-populações híbridas. As distribuições empíricas de número de séries/ número de ocorrências de ramos axilares longos (codificados com 2) por seqüência para a sub-população próxima ao genitor Wijick, podem ser simultaneamente plotadas pela função seguinte:

```
AML> Plot(ExtractHistogram(wijick seq, "NbSeries", 2, 2),  
    ExtractHistogram(wijick_seq, "NbOccurrences", 2, 2))
```

Estas distribuições empíricas são muito parecidas com a sub-população próxima ao genitor Wijick (**Figura 3-15a**). A maioria das séries é, portanto, composta de um único longo ramo. Estas distribuições empíricas são muito diferentes das sub-populações próximas ao genitor Baujade (**Figura 3-15b**). Neste caso, as séries são freqüentemente compostas por várias brotações longas sucessivas.

A amostra de seqüências estudada engloba um amplo espectro de hábitos de ramificação, indo desde o genitor Wijick até o Baujade. Assim, o desenvolvimento de um modelo paramétrico é usado principalmente para identificar uma regra discriminatória para separar a amostra inicial das seqüências de ramificação em duas sub-amostras.

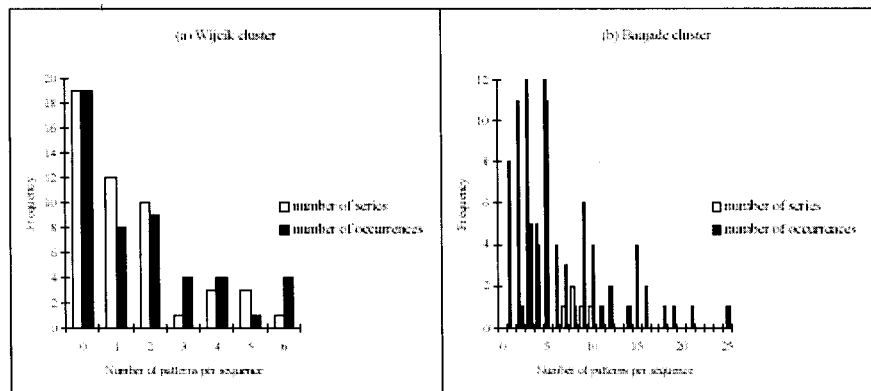


Figura 3-15 Número de séries/ocorrências de ramos longos por seqüência para duas subpopulações próximas a cada genitor.

Autores

Boris Adam

I.N.R.A. Domaine de Crouel, 63039 Clermont-Ferrand
Cedex 02, França

H Sinoquet

I.N.R.A. Domaine de Crouel, 63039 Clermont-Ferrand
Cedex 02, França

G Godin

CIRAD-AMIS, programme AMAP, BP 5035, 34032

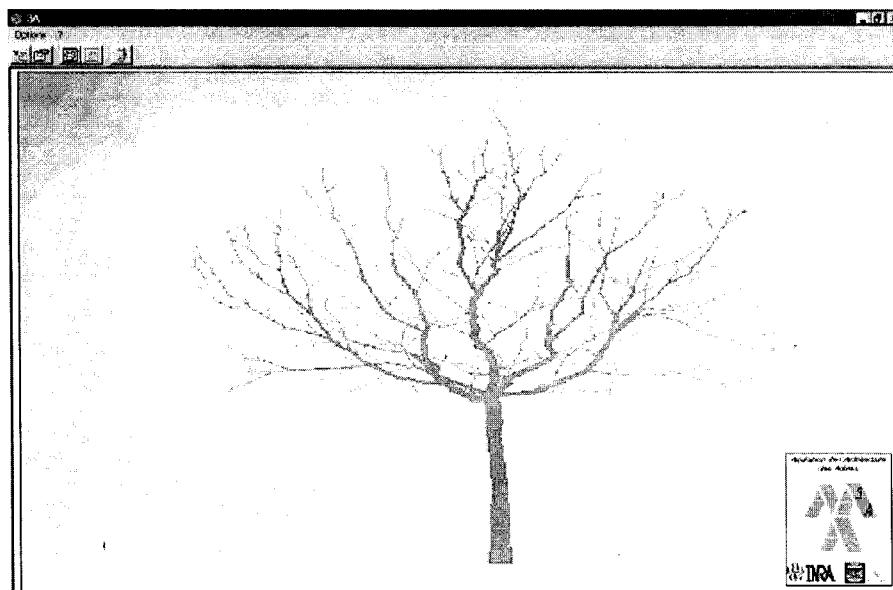
N Dones

I.N.R.A. Domaine de Crouel, 63039 Clermont-Ferrand
Cedex 02, França

ANEXO 2

3A (Versão 2.0): Aquisição da Arautetura das Árvores

O **3A** é um programa configurável que permite a aquisição computadorizada da topologia de uma planta segundo a codificação AMAPmod, de forma auxiliar. Ele permite também a obtenção de coordenadas espaciais dos órgãos da planta graças a utilização de um digitalizador 3D (POLHEMUS 3SPACE FASTRAK™).



I. CONFIGURAÇÃO DA CODIFICAÇÃO

1. As entidades de código em diferentes escalas

O 3A pode administrar até cinco escalas válidas (*echelles valides*), podendo cada uma constituir-se de nove entidades.

ECHELLE 1
 ECHELLE 2
 ECHELLE 3
 ECHELLE 4
 ECHELLE 5

ECHELLES VALIDES

SELECTION ECHELLE 1 ECHELLE 2 ECHELLE 3 ECHELLE 4 ECHELLE 5

Observação: Pode-se utilizar como símbolo de entidade as 26 letras do alfabeto (francês).

ECHELLE 1

	SYMB.	DK	DESCRIPTION
1	A	<input checked="" type="checkbox"/>	Ave
2		<input type="checkbox"/>	
3		<input type="checkbox"/>	

SELECTION ECHELLE 1

ECHELLE 2

	SYMB.	DK	DESCRIPTION	SYMB.	DK
1	S	<input checked="" type="checkbox"/>	Sagrot	4	<input type="checkbox"/>
2		<input checked="" type="checkbox"/>	Unité de croissance	5	<input type="checkbox"/>
3		<input type="checkbox"/>		6	<input type="checkbox"/>

SELECTION ECHELLE 1 ECHELLE 2

2. Decomposição e topologia

ECHELLE 1 DECOMPOSITION /

S U
A X

TOPOLOGIE <<

A A
X

ECHELLE 1 DECOMPOSITION ANNULER ECHELLE SUIVANTE

Esta janela permite ao usuário especificar a maneira pela qual essas entidades se decompõem à escala superior e quais são as relações topológicas entre as entidades de uma mesma escala (sucessão : < e ramificação : --).

Observação: O 3A administra as restrições topológicas induzidas pelas escolhas efetuadas em escalas inferiores.

3. Escolha dos atributos

The screenshot shows a window titled "NOM DES ATTRIBUTS" with a list of 10 attributes. Each attribute is represented by a row with a number, a name in a dropdown menu, and a data type in another dropdown menu. The data types are either "REAL" or "INT".

Number	Attribute Name	Data Type
1	DIGITALISEUR	REAL
2	Annæe	INT
3	TopDia	REAL
4		REAL
5		REAL
6		REAL
7		REAL
8		REAL
9		REAL
10		REAL

At the bottom of the window is a button labeled "O.K."

Esta janela permite a listagem dos atributos, que poderão ser associados às entidades e definir seu tipo (real, inteiro, data ...). O digitalizador é sempre posicionado, por definição padrão, na primeira posição. Se ele for selecionado, abrange seis variáveis (três coordenadas espaciais e três ângulos de orientação pelo 3SPACE).

4. Aplicação dos atributos

VALEUR DES ATTRIBUTS

LEGENDE

1 click : ATTRIBUT OPTIONNEL (OPT. *)
 2 click : ATTRIBUT OBLIGATOIRE (OBL. *)
 3 click : ATTRIBUT INUTILISE

	ECHELLE	Année	TopDia	INDICE
A (Axe)		1 OPT.	OBL.	1
S (Segment)		2 OPT.	OPT.	1
U (Unité de croû)		2 OBL.		Année

Indice de S (Segment)

INCREMENTAL O.K. O.K.

Esta janela permite associar os diferentes atributos às entidades. Esta ligação, caso exista, pode ser:

- obrigatória, quer dizer que o atributo deverá ser indicado cada vez que a entidade for selecionada (escolhida) durante a aquisição;
- opcional, o atributo será indicado se o usuário assim o desejar.

A coluna «*indice*» permite selecionar o tipo de índice para cada entidade. Por definição, este índice será incrementado automaticamente com um valor inicial fixado em 1, mas poderá ser modificado na zona de texto prevista para esta finalidade. Pode também ser definido como sendo um dos atributos obrigatórios e do tipo inteiro de entidade.

11. CONFIGURAÇÃO DO DIGITALIZADOR

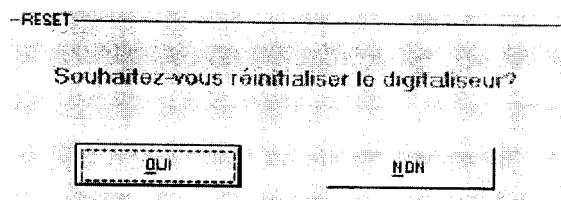
Ela permite ao usuário adaptar os parâmetros do aparelho ao objeto que se deseja digitalizar.

É possível, então:

1. Efetuar um RESET

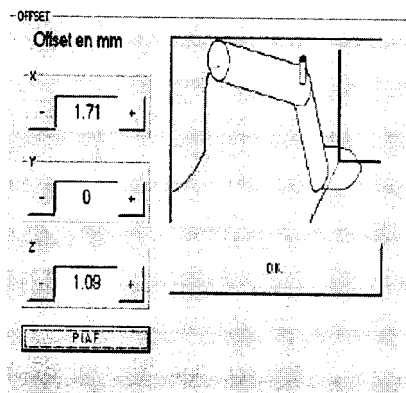
Zerar os parâmetros do aparelho, à exceção do "offset" do apontador.

Observação: Uma parada do digitalizador reinicializa só os valores de "offset" do apontador.



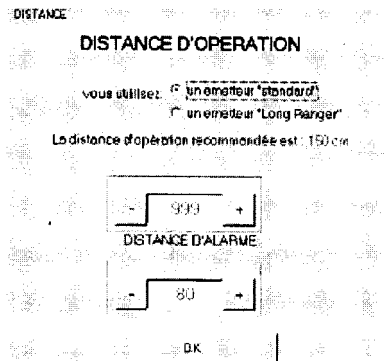
2. Modificar o OFFSET do apontador

Mover a ponta do apontador nas direções x, y e z.



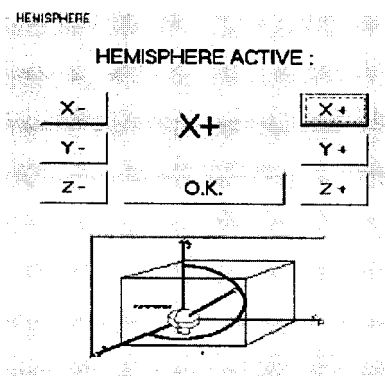
3. Definir uma DISTÂNCIA DE OPERAÇÃO:

- distância máxima entre emissor e receptor;
- distância máxima entre dois pontos sucessivos;
- o usuário será avisado caso estas distâncias sejam ultrapassadas durante a digitalização.



4. Mu'dar o HEMISFÉRIO ATIVO

Por razões de simetria, o digitalizador calcula duas soluções para as coordenadas espaciais e angulares. É necessário especificar o hemisfério no qual o usuário trabalha a fim de escolher a melhor solução.



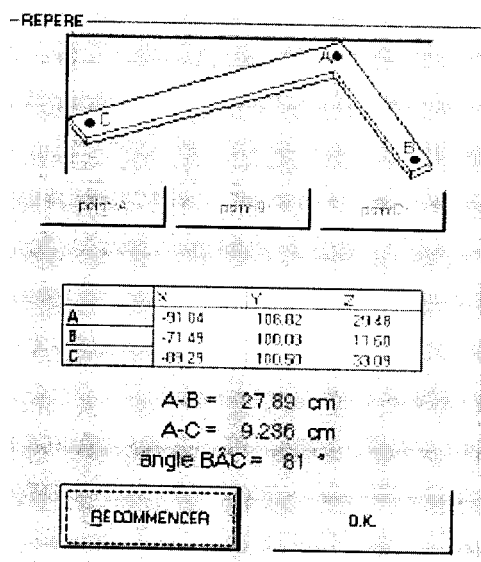
Observação: Uma mudança brusca de hemisfério se traduz por medições fora dos padrões e aciona geralmente a advertência 'Distância de alarme'.

5- Definir um novo PONTO DE REFERÊNCIA

A referência do usuário é definida por três pontos situados em um plano horizontal:

- A) origem da nova referência;
- S) um ponto não específico no eixo x da nova referência;
- C) um ponto não específico no eixo y da nova referência.

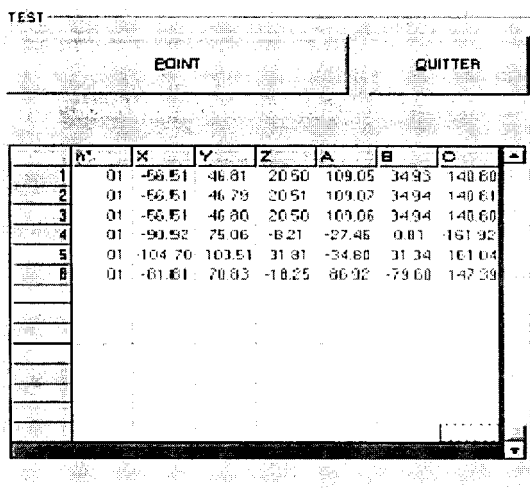
A janela indica as distâncias AS e AC assim como a medição do ângulo entre AS e AC. Os valores permitem ao usuário verificar a qualidade de sua marca de referência, e geralmente a qualidade do ambiente magnético no qual ele trabalha.



Observação: No presente caso o ângulo AS, AC que deveria ser de 90° não está correto; assim a qualidade das medições provavelmente será ruim.

6. Realizar um TESTE

Verificar se o microcomputador recebe corretamente os pontos.

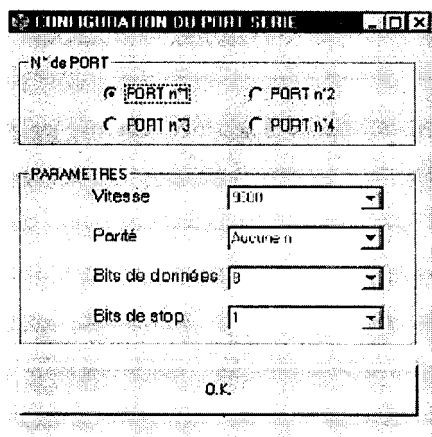


The screenshot shows a window titled 'TEST' with a menu bar containing 'EQINT' and 'QUITTER'. Below the menu is a table with 8 rows and 8 columns. The columns are labeled 'N°', 'X', 'Y', 'Z', 'A', 'B', 'C', and 'D'. The data in the table is as follows:

N°	X	Y	Z	A	B	C	D
1	01	-56.51	-46.81	20.50	109.05	34.93	148.60
2	01	-56.51	-46.79	20.51	109.07	34.94	148.61
3	01	-56.51	-46.80	20.50	109.06	34.94	148.60
4	01	-90.52	75.06	-8.21	-27.46	0.81	-161.32
5	01	-104.70	103.51	31.81	-34.88	31.34	161.04
6	01	-81.61	70.83	-18.25	86.92	-79.60	147.39

Um menu INICIALIZAÇÃO DA ASSISTÊNCIA permite passar sucessivamente por todas as etapas da configuração.

7. Configuração da porta serial

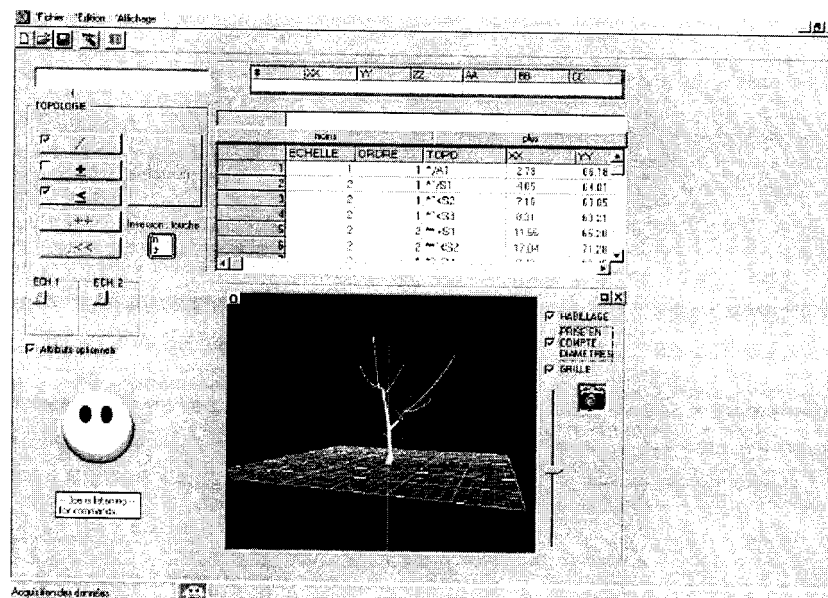


The screenshot shows a dialog box titled 'CONFIGURATION DU PORT SERIE'. It has two main sections: 'N° de PORT' and 'PARAMETRES'. In the 'N° de PORT' section, there are four radio buttons: 'PORT n°1' (selected), 'PORT n°2', 'PORT n°3', and 'PORT n°4'. In the 'PARAMETRES' section, there are four dropdown menus: 'Vitesse' (set to 9600), 'Parité' (set to Aucune), 'Bits de données' (set to 8), and 'Bits de stop' (set to 1). At the bottom of the dialog is an 'O.K.' button.

Os parâmetros de comunicação, por definição, são: 9600 bauds (baud _ unidade de velocidade de transmissão de sinais correspondente a 1 bit por segundo), ausência de paridade (*pas de parité*), 8 bits de dados e 1 bit de "stop". É necessário, evidentemente, tomar cuidado para que estes parâmetros estejam em conformidade com àqueles definidos pelo digitalizador 3SPACE' (Dip-switch I/O SELECT na face traseira),

111AQUISIÇÃO DOS DADOS

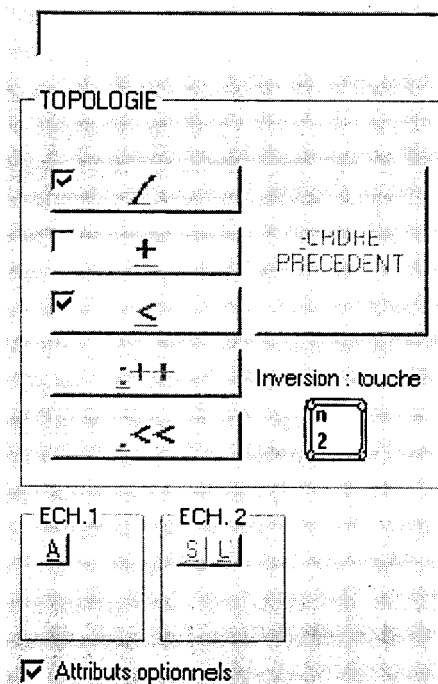
A aquisição de dados consiste em descrever a topologia da planta, como por exemplo, os constituintes e suas relações, associando-lhes os atributos. A descrição da planta é efetuada a partir de sua base. Ela é iniciada pela descrição do eixo principal até o encontro de uma primeira ramificação. Esta ramificação é então descrita até o seu topo (ápice). antes de retornar à descrição do eixo principal. Este procedimento é utilizado para todas as ordens de ramificações. Na verdade, ele corresponde à constituição progressiva e linear de um arquivo **MTG** do AMAPmod.



A aquisição de dados começa com o carregamento de um arquivo de configuração (.cfg), cujo nome é solicitado quando seleciona-se um Novo Arquivo ("Fichier Nouveau"). Seguindo esse carregamento, a folha de aquisição é personalizada de maneira a poder propor os níveis e entidades definidas no arquivo de configuração.

Um arquivo de dados pode também ser criado várias vezes. Neste caso, basta carregar o arquivo de dados (.atal não concluído escolhendo «Fichier Ouvrir» [Abrir Arquivo] e a configuração da topologia estará incluída no arquivo de dados.

1. Aquisição da topologia



Ela é efetuada pela entrada alternada de uma relação topológica e de um símbolo correspondente a uma entidade. A entrada dos dados é feita graças aos botões ilustrando as relações e os símbolos, ou com auxílio do teclado digitando as teclas de função. As entradas de dados são controladas pelas regras que foram definidas no arquivo de configuração. Isto permite evitar os erros de digitação ou de lógica durante a coleta de dados.

Quando a descrição chega ao final de um eixo, é necessário retornar à ordem precedente clicando o botão correspondente ou a tecla -. O programa **3A** permite descer a diversas ordens de ramificação: a passagem da ordem n para a ordem $n-2$ não obriga tomar uma entidade de ordem $n-1$ entre os dois.

O **3A** utiliza os chapéus « ^ » para conectar uma entidade a uma entidade precedente situada na mesma ordem aparente (ordem n) ou à ordem $n-1$ (em acordo com a definição da codificação de AMAPmod). Por definição padrão, a planta é supostamente considerada monopodial: as relações " | " e "<:" são associadas a um chapéu " ^ ", que quer dizer que a decomposição e a sucessão não estão acompanhadas de uma passagem à ordem superior. Por outro lado, a relação " + " não comporta um chapéu " ^ ", o que significa que o início de um ramo axilar acompanha-se de uma mudança de ordem aparente.

Este parâmetro definido como padrão pode ser modificado de duas maneiras:

- de maneira permanente (mas reversível) : basta clicar na caixa-controle acompanhando um dos botões de topologia para alterar a associação ou não de um chapéu « ^ », A relação será associada a um chapéu se a caixa-controle for selecionada;
- de maneira transitória (concernente somente à relação imediatamente tomada): utilizando a chave de inversão.

Por exemplo, para descrever uma planta simpodial (por exemplo o algodoeiro) seria necessário associar a relação " + " a um chapéu « ^ » de maneira permanente, e desconectar a chave de inversão para descrever as ramificações reais.

Caso particular das relações topológicas duplas; "+ +" e "< <" (conforme definição da codificação AMAPmod).

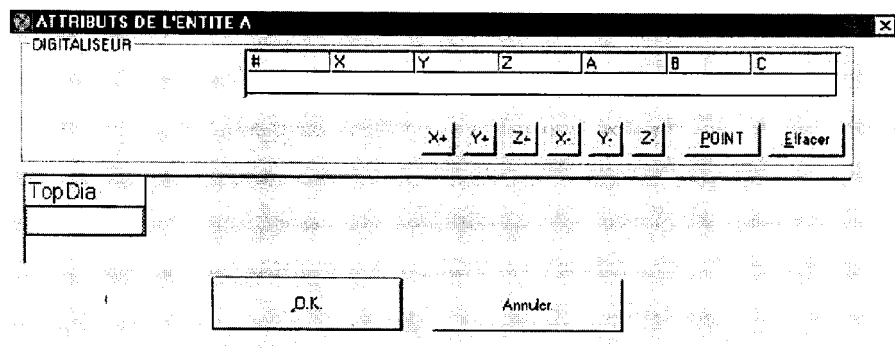
As relações duplas " ++ " e " < < " são também geradas pelo programa **3A**. Estas relações estão disponíveis quando as seguintes condições são conferidas para uma entidade E:

- a relação: E + E (ou E < E) é possível;
- a entidade E abrange um índice com incremento;
- a entidade E não possui um atributo obrigatório.

Quando um dos botões ++ ou << é pressionado, uma zona de texto aparece na tela do computador para que o usuário possa entrar com o índice da última entidade da série. Este índice deve ser um valor inteiro e superior ao valor do índice da primeira entidade da série.

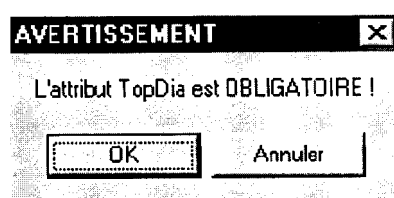
2. Aquisição dos atributos

Os atributos são introduzidos pelo teclado em uma janela especial que se abre automaticamente após ter adquirido uma entidade.



Esta janela revela em uma grade os nomes dos atributos obrigatórios e opcionais da entidade. A validação com OK dispõe os valores dos atributos na grade principal da janela de aquisição.

Observação 1: Se um símbolo obrigatório não foi informado, uma mensagem de erro aparece.



Observação 2: A janela dos símbolos não aparece se a entidade não possui atributos.

Observação 3: Se a entidade possui apenas atributos opcionais, é possível desconectar a abertura da janela de símbolos graças à caixa-controle «*Attributs optionnets*» (símbolos opcionais) situada na janela de aquisição. Quando a abertura da janela de símbolos é desconectada, basta pressionar a caixa-controle para fazê-la reaparecer.

Caso particular dos atributos de DIGITALIZAÇÃO

Se a entidade possui o atributo DIGITALIZADOR, a janela dos atributos é enriquecida com uma parte dedicada ao controle do digitalizador. Ela permite a visualização dos valores (coordenadas espaciais e ângulos de orientação do último ponto de digitalização), botão para iniciar a medição de um ponto de digitalização e a mudança do hemisfério ativo.

Observação 4: A aquisição dos pontos de digitalização 3D pode ser efetuada a qualquer momento. Os valores já incorporados serão as últimas medições registradas ao fechamento da janela de atributos.

Observação 5: Não esquecer que, no AMAPmod, as coordenadas espaciais de uma entidade são, por definição padrão, aquelas de seu topo (e não de sua base). Esta regra deve ser levada em conta na escolha das entidades a digitalizar.

Caso particular de uma série de entidades definidas pelas relações duplas $11+ +''$ ou $11< <Jl$:

Neste caso, os atributos se aplicam à última entidade da série. É necessário portanto tomá-los quando se define a primeira entidade da série. Esse ponto merece ser melhorado em uma versão posterior do programa **3A**.

3. Grade principal

	moins		plus	
	ECHELLE	ORDRE	TOPO	DIAM
8		2	1 *^<U1	
1		1	1 ^/A1	
2		2	1 *^/S1	
3		1	2 *ok +A1	
4		2	2 *ok^/S1	
5		2	2 *ok^<U1	
6		2	1 *^<S2	
7		2	1 *^<S3	
8		2	1 *^<U1	
9		2	1 *^<U2	

Ela reúne as informações relativas às entidades levantadas: escala, ordem, codificação topológica do AMAPmod, valores dos atributos. Uma linha da grade corresponde a uma entidade única, exceto se as relações topológicas duplas $u + +u$ e $u < <u$, são utilizadas. A ordem aparente de ramificação é também visualizada na coluna TOPO, graças à presença de asteriscos em número igual à ordem de ramificação.

Sobre a grade principal é posicionada uma linha dita "*ligne de rappel*" (linha de lembrete), que indica à qual entidade é topologicamente associada a entidade atual (por exemplo, a última ou aquela que está em curso de definição ou em andamento). Esta linha de lembrete é particularmente útil quando se termina a descrição de um eixo e desce-se de uma ou várias ordens de ramificações.

Observação 1: O tamanho da grade principal é modificado graças aos botões menos (-) e mais (+).

4. Possibilidades de correção dos dados adquiridos

Existem três maneiras de corrigir os dados contidos na grade principal:

- durante a definição de uma entidade ou de uma relação topológica, basta tomar uma outra (entidade ou relação) para substituir a precedente. Na verdade, uma relação topológica é validada pela entrada de uma entidade e vice versa;
- pressionar o botão direito do "mouse", junto com o botão esquerdo apoiado, permite corrigir manualmente o conteúdo da célula indicada. Este tipo de correção aplica-se unicamente aos valores dos atributos;
- finalmente é possível apagar a última linha da grade principal, quantas vezes for necessário, graças ao botão ' *affacer*' (apagar) localizado na barra de ferramentas.

Observação 1 : Os dois últimos tipos de correção aplicam-se às linhas que ainda não foram salvas. No caso de uma aquisição a partir de um precedente arquivo de dados, as linhas lidas no arquivo não podem ser mais corrigidas. Depois é possível somente a intervenção no arquivo (.ata) com um editor clássico.

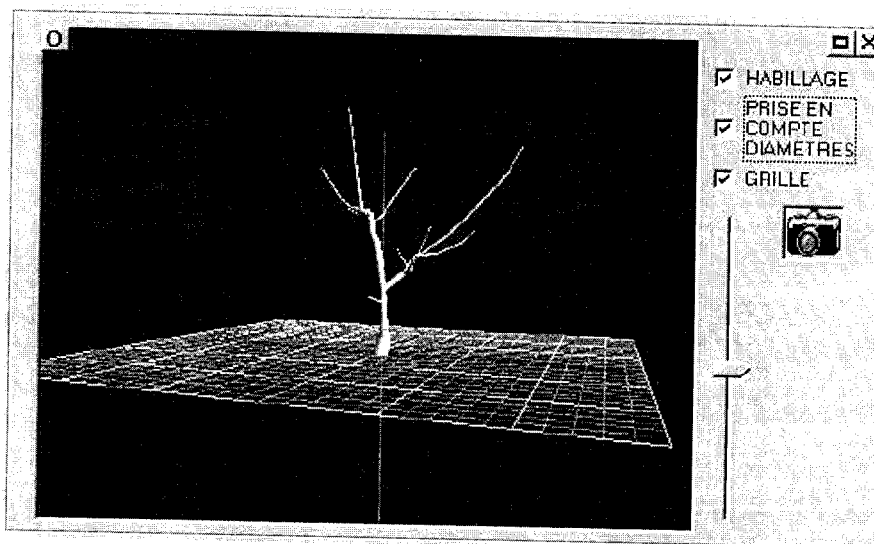
5. Registro dos dados

É possível salvar os dados arquivados a qualquer momento. A primeira salvaguarda deve ser realizada pelo menu "*Fichier Seuver*" (Arquivo Salvar). As seguintes podem ser efetuadas clicando na barra de ferramentas. Os dados são salvos na forma ASCII em um arquivo com extensão (.ata). Os arquivos de dados integram a configuração a partir da qual eles foram criados.

No menu "*Fichier*" (Arquivo), também é possível criar um arquivo no formato **MTG** diretamente utilizável dentro do AMAPmod.

6. Representação 3D

O **3A** permite, se acoplado a um digitalizador durante a aquisição (obtenção dos dados), obter uma representação tridimensional das entidades digitalizadas, em tempo real. Para isto basta clicar no botão na barra de ferramentas. Obtêm-se, assim, uma janela onde aparece uma referência x,y,z (visível ou não) na qual será representada a planta.



A ação do "mouse" nesta janela permite:

- um movimento de rotação da imagem (botão esquerdo);
- um movimento de translação (botão direito);
- um "zoom" (os dois botões simultaneamente).

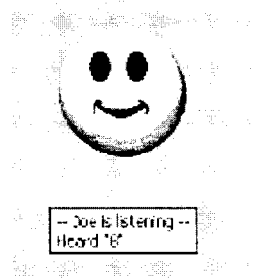
A imagem 3D da planta poderá ser apresentada:


- em modo *'fi! de ter'* (fio de ferro) como definição padrão;
- em modo cilíndrico (procurar Vestimenta ("HABILLAGE"));
- levando em consideração o diâmetro real das entidades se estas possuem um atributo «Tcpfria» (procurar considerar os diâmetros "PRISE EN COMPTE DES DIAMETRES").

Esta janela pode ser apresentada em tela completa, e inclusive, durante a aquisição.

O ícone «*epereil photo*» (máquina fotográfica) permite a salvaguarda das perspectivas da planta em formato bitmap (.brnp).

7. Reconhecimento vocal



Pode ser utilizado depois de pressionar  na janela principal.

Observação: Sua utilização necessita, porém, da instalação do Vocal **3A** (disponível em CO-Rom) e de ter, em seguida, realizado a parte de aprendizagem do programa de reconhecimento de voz.

O automatismo de reconhecimento funciona só na língua inglesa.

A aquisição de uma entidade é feita ditando seu nome ao computador. No que concerne a topologia e aos símbolos existe a necessidade da utilização de um vocabulário particular.

86 Workshop internacional sobre digitalização para arquitetura tridimensional - 3D em sistemas agroflorestais

Palavra usada (sotaque inglês)	Botão correspondente	Ação
Slash	/	Decomposição
Plus	+	Ramificação
Inf	<	Sucessão
Deplus	++	Ramificação
Deinf	«	Sucessões múltiplas
Minus		Ordem precedente
Invert	Botão 'n/2'	Gestão de « ^ »
Del		Deletar o último caractere escrito
Erase		Deletar a totalidade dos caracteres escritos
Enter	Botão 'ENTER'	Validação
Point	Botão '.'	Escrever um ponto (Separador Decimal)
Right	Botão '!'	Movimentar para a direita
Left	Botão '!'	Movimentar para a esquerda
0,1,2,3,4,5,6,7,8,9	Botão numérico	

IV- LIMITAÇÕES DA VERSÃO ATUAL DE 3A

Limitação da descrição topológica

O **3A** descreve os sistemas ramificados nos quais todas as entidades são dependentes e relacionadas entre elas. Em particular, um arquivo só pode conter uma única planta. Uma versão posterior poderá integrar a descrição de florestas. O **3A** não gera as opções AMAPmod Linear, Tree, Forest. Os índices são incrementados um por um.

Limites numéricos:

- Número máximo de escalas: 5
- Número máximo de entidades em uma escala dada: 9
- Número máximo de entidades: 26
- Número máximo de linhas em um arquivo (.ata): 5.000 (por razões de velocidade de armazenamento do arquivo: 25 segundos para 5.000 linhas em um Pentium 11)

Edição dos arquivos

A parte "Configuração Topológica" não é «editável»: não é possível carregar um arquivo de configuração e modificá-lo. As possibilidades de edição dos arquivos de dados são limitadas ao cancelamento da última linha. Não é possível apagar ou inserir linhas no meio do arquivo.

Para saber mais sobre a codificação AMAPmod :

-Godin C., Guédon Y., 1999. AMAPmod Version 1.2. Introduction and reference manual.

-Godin, C. Costes. E. et Caraglio, Y., 1997. Exploring plant topology structure with the AMAPmod software: an outline. *Silva Fennica*, 31 (3): 355-366,

-Godin, C., Guédon, Y. et Costes, E., 1999. Exploration of plant architecture databases with the AMAPmod software illustrated on apple-tree bybird family. *Agronomie*, 19(3/4): 163-184.

AUTOR

Boris Adam

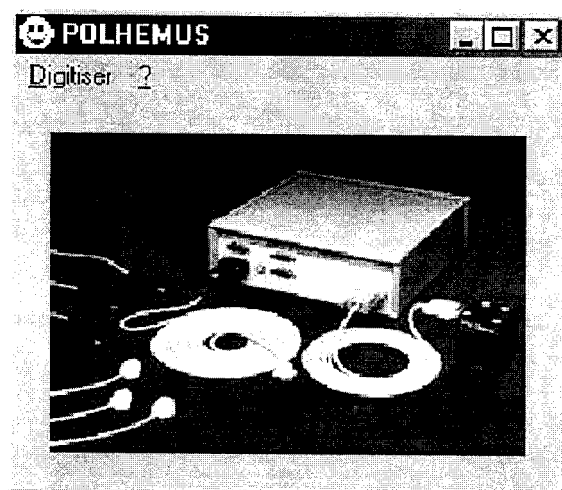
I.N.R.A. Domaine de Crouel, 63039 Clermont-Ferrand
Cedex 02, França

ANEXO 3

POL 95

APRESENTAÇÃO GERAL

O *POL95* opera sobre um digitalizador tridimensional do tipo:



POLHEMUS 3SPACE FASTRAK™

Este "software" permite configurar os parâmetros de um digitalizador mas, também, realizar a aquisição de pontos. Ele permite, também, a possibilidade do usuário fornecer os pontos obtidos.

1- CONFIGURAÇÃO

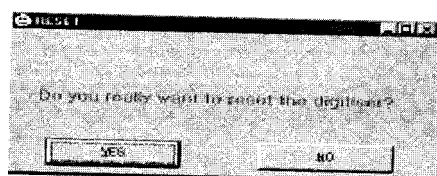
Ela permite ao usuário adaptar os parâmetros do aparelho ao assunto (objeto _ planta) que gostaria de digitalizar (trabalhar).

Para isso:

1. Realizar um RESET

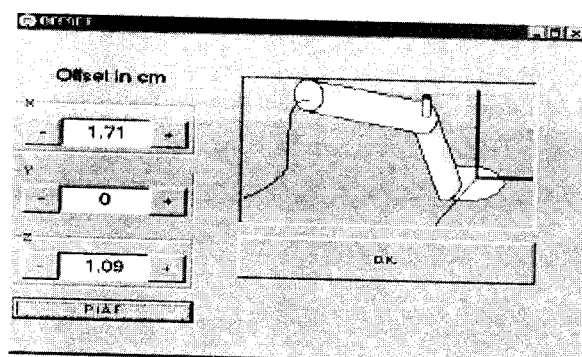
Zerar os parâmetros do aparelho à exceção do offset do apontador.

Observação: Uma parada do digitalizador reinicializa só os valores do offset do apontador.



2. Modificar o offset do apontador

Mover a ponta do apontador nas direções X, Y e Z.

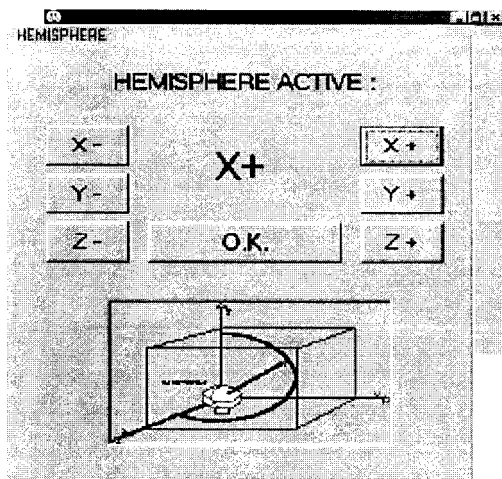


3. Definir uma distância de operação

- distância máxima entre o emissor e o receptor;
- distância máxima entre dois pontos sucessivos.

O usuário será advertido se as distâncias são ultrapassadas na hora de sua digitação.

4. Mudar o hemisfério ativo (HEMISPHERE ACTIVE)



Por razões de simetria, o digitalizador calcula duas soluções para as coordenadas espaciais e angulares. Por isso é necessário especificar os hemisférios dentro do qual o usuário trabalha a fim de obter a melhor solução.

Observação : Uma mudança brusca de hemisfério se traduz por medições fora dos padrões e aciona geralmente a advertência "Distância de alarme".

5. Definir um novo ponto de referência

O ponto de referência do usuário é definido por três pontos situados em um plano horizontal:

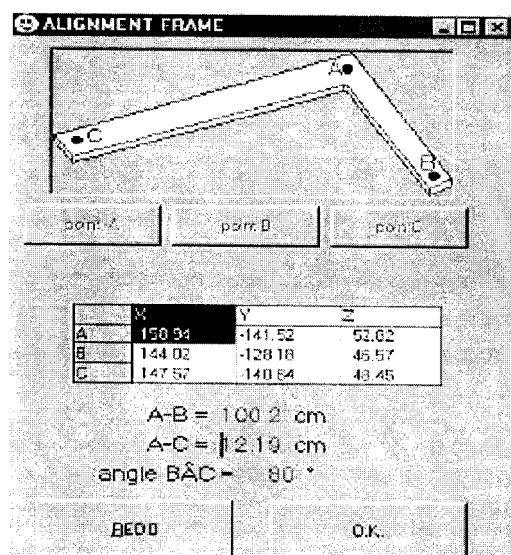
A : origem da nova referência;

S : um ponto não específico no eixo dos X da nova referência;

C : um ponto não específico no eixo dos Y da nova referência.

A janela indica a distância AS e AC assim como a medida do ângulo entre AS e AC.

Os valores permitem ao usuário verificar a qualidade de sua marca de referência e, geralmente, a qualidade do meio magnético no qual ele trabalha.



Observação: Neste caso, o ângulo AS, AC que deveria ser reto (90°) não está correto. Dessa forma a qualidade das medições será, provavelmente, ruim.

6. Realizar um teste

Verificar se o microcomputador recebe corretamente os pontos.

	ID	X	Y	Z	A	B	C
1	01	2.23	33.13	-4.26	113.11	-18.17	-133.03
2	01	9.96	-39.69	-33.49	24.01	61.01	-135.86
3	01	16.85	40.15	13.19	-176.90	17.00	0.39
4	01	14.64	46.07	11.63	169.38	21.41	-2.18
5	01	17.16	48.23	11.61	171.01	27.34	2.03
6	01	12.10	-31.90	-20.50	59.10	36.19	-59.47
7	01	4.57	-31.16	-4.74	80.73	26.07	-41.81

Um menu INICIALIZAÇÃO DA ASSISTÊNCIA (INITIALISATION ASSISTEE) permite passar sucessivamente por todas as etapas da configuração.

11-AQUISIÇÃO

Generalidades

ID	X	Y	Z	A	B	C	data1	data2	data3	data4	data5	data6
1	67.67	56.64	55.83	28.61	-81.23	17.99	aaaa					
2	67.76	56.46	55.75	28.73	-81.16	17.79		bbbb				
3	67.64	56.62	55.62	28.74	-81.00	17.90			cccc			
4	67.70	56.52	55.81	28.63	-81.10	17.95				dddd		
5	67.65	56.64	55.79	28.74	-81.22	17.93					eeee	
6	64.10	95.62	-21.02	-169.09	-14.99	65.33						ffff
7	-72.00	98.07	-31.29	176.87	-16.14	76.69	aaaa			bbbb		
8	-70.57	97.54	-29.32	178.96	-15.33	69.09		bbbb				
9	-70.93	97.03	-30.07	178.94	-15.52	69.77			cccc			
10	-70.12	97.07	-25.21	-175.70	-15.66	65.00				dddd		
11	-70.83	97.44	-25.24	-178.93	-15.95	65.03					eeee	
12	-70.64	97.69	-29.44	-178.90	-15.79	68.83						ffff
13	-69.12	97.21	-27.30	-177.96	-15.01	60.95					bbbb	

O POL95 permite adquirir os pontos provenientes de um digitalizador e os esclarecer.

Os pontos coletados aparecem numa tabela de 14 colunas.

0	Número de linhas
1	Número de pontos
2	Coordenada X
3	Coordenada Y
4	Coordenada Z
5	Azimute
6	Inclinação
7	Rodada
8/13	Comentários de entradas do teclado

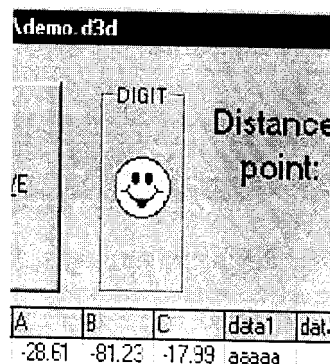
- Detalhes

The screenshot shows the POL95 software interface. At the top, there is a menu bar with 'File', 'Edit', and 'Shift to'. Below the menu bar, there are three main buttons: 'POINT', 'SAVE', and 'DIGIT' (which includes a smiley face icon). To the right of these buttons, it says 'Distance to previous point: 2.610 cm'. Below the buttons, there is a data table with 14 columns. The table has two rows of data. Arrows labeled '4' and '5' point to the 'SAVE' and 'DIGIT' buttons respectively.

	#	X	Y	Z	A	B	C	data1	data2	data3	data4
1	01	-67.67	56.64	55.83	-28.61	-81.23	-17.99	aaaaa			
2	01	-67.70	56.46	55.75	20.70	-81.16	-17.79		bbbb		

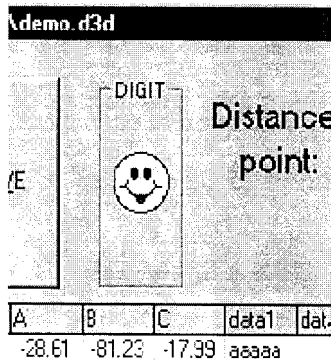
1. Menu (lista)
 - File (arquivo): menu tradicional Windows (NEW, OPEN, SAVE AS, EXIT)
 - **Observação:** Os arquivos gerais são do tipo ASCII, com separador de vírgula e possuem uma extensão .d3d
 - Edit (editar): permite ao utilizador inserir, modificar ou suprimir um ponto dentro de uma grade.
 - Shift to: dá a possibilidade de mudar de hemisfério ativo durante aquisição sem repassar para o menu de configuração.
2. Point (ponto): adquirir um novo ponto (*idem* ao botão pressionador do ponteiro - Alt P).
3. Redo last point : apaga a última linha escrita (Alt R).
4. Save: registra a grade dentro do arquivo previamente nomeado dentro do menu SAVE AS (Alt V).
5. Distance to previous point: distância em centímetros entre o último e o antepenúltimo ponto.

Indicador de estado

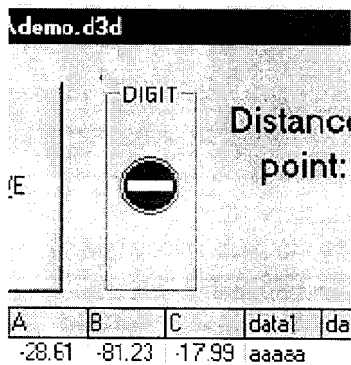



Modo de aquisição de pontos
O microcomputador está pronto para receber os pontos provenientes da digitação e os arquivos dentro das grades. Toda ação do operador sobre o teclado ou o clicar sobre a grade automaticamente passa para o modo "informação dos pontos", indicador de estado.

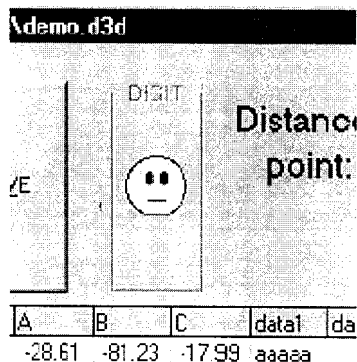
Indicador de estado




Modo de aquisição de pontos
 O microcomputador está pronto para receber os pontos provenientes da digitação e os arquivos dentro das grades. Toda ação do operador sobre o teclado ou o clicar sobre a grade automaticamente passa para o modo "informação dos pontos", indicador de estado.

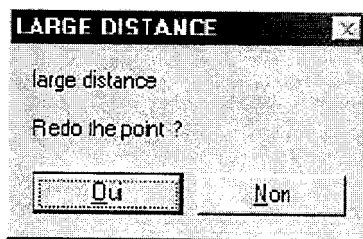


Modo de reforçamento dos pontos
 O microcomputador não possui condição mais de receber os pontos provenientes da digitação. O operador pode agora preencher as colunas 8 a 13. Para retornar ao modo precedente é suficiente clicar sobre o sinal  ou pressionar a tecla ENTER.



Modo de edição

 O operador seleciona uma linha e escolhe uma inserção, uma modificação ou uma exclusão em seguida ao modo aquisição é suficiente pressionar a tecla ENTER.

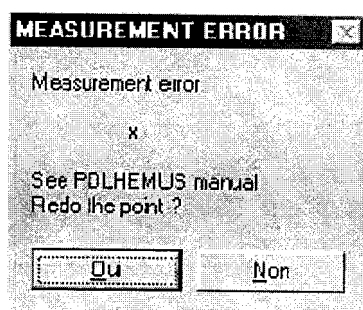
As mensagens de erros:



A distância que separa o último ponto conseguido do penúltimo é superior à distância de alarme (DISTANCE D'ALARME) definido no curso da configuração. O operador pode escolher refazer o ponto.

Observação: Este erro intervém seguidamente se o operador troca inadvertidamente o apontador fora do hemisfério ativo (HEMISPHERE ACTIVE). Neste caso é necessário:

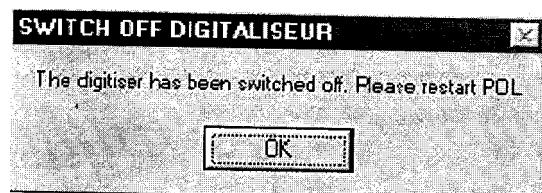
2.



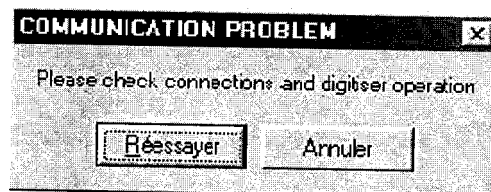
O último ponto conseguido contém um erro. A lista com os códigos de erro se encontra na página 136 do manual POLHEMUS.

IMPERATIVOS DE FUNCIONAMENTO DO SOFTWARE

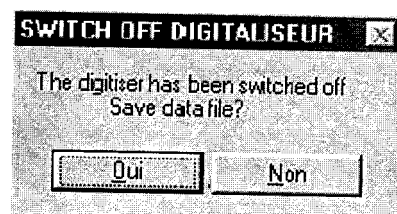
- A ligação série RS232 (entre Fastrak e o computador) deve estar ligada ao COM 1 do microcomputador.
- É fundamental escolher o ponto, e não a vírgula, como separador decimal dentro dos parâmetros do Windows.
- O **POL95** é operacional somente se o digitalizador estiver em marcha e corretamente ligado ao microcomputador, senão aparece a situação apresentada na janela:



- Em caso de parada do aparelho as mensagens a seguir aparecem:
 - Em modo de configuração:

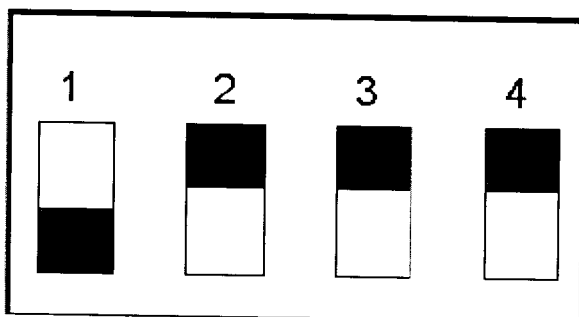


- Em modo de aquisição:

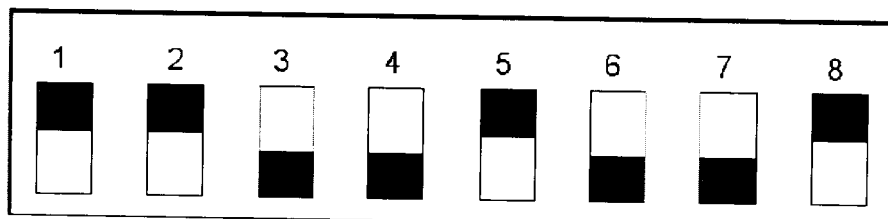


CONSELHOS E PRECAÇÕES NA UTILIZAÇÃO DO SOFTWARE

O diqitador possui 4 bases subD 15 para conectar o apontador, só que a primeira permite a utilização apenas do primeiro botão pressionado para validar os pontos sendo, então, preferível utilizá-lo. Para isso é necessário regular os dip-switchs, identificados selecionando como segue:



A ligação RS232 entre o POLHEMUS e o microcomputador se efetua a uma velocidade de 9.600 bauds sem poder haver paridade com 8 bits dos dados e 1 bit de parada. Para isso é necessário regularizar os dip-switchs identificados I/O como a seguir:



É necessário evitar que o apontador fique próximo ao Fastrack quando o aparelho estiver ligado, pois este é responsável por um dos erros da leitura.

Se o apontador é colocado muito perto do emissor durante a aquisição ele se maqnetiza e traz problemas de medição.

AUTORES

Boris Adam

I.N.R.A. Domaine de Crouel, 63039 Clermont-Ferrand
Cedex 02, França

Hervé Sinoquet

I.N.R.A. Domaine de Crouel, 63039 Clermont-Ferrand
Cedex 02, França

Nocolas Dones

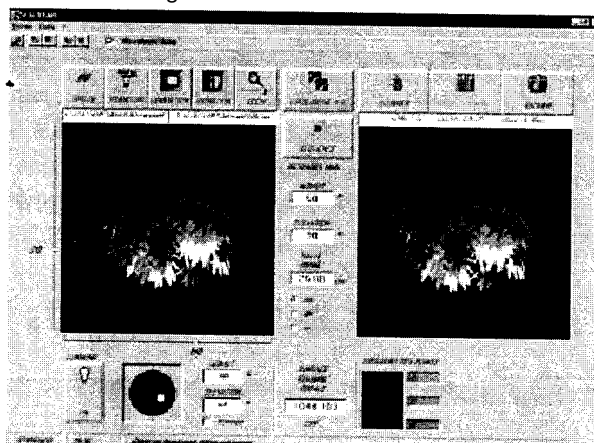
I.N.R.A. Domaine de Crouel, 63039 Clermont-Ferrand
Cedex 02, França

ANEXO 4

VegeSTAR (versão 1): Cálculo da interceptação luminosa

APRESENTAÇÃO

O **VegeSTAR** é um software que permite visualizar plantas digitalizadas e calcular suas propriedades de interceptação da luz. A interceptação é determinada a partir da análise das imagens de síntese destas plantas. A utilização padrão consiste em calcular a STAR (*"Silhouette to Total Area Ratio"* - silhueta para a taxa total da área) das plantas, isto é, a área projetada da folhagem dentro da direção do raio incidente. Entretanto, a utilização de falsas cores permite diversas aplicações, como a estimativa de uma parte da luz entre os componentes da vegetação, da distribuição espacial da luz ou da iluminação direta da folhagem.



I - PRINCÍPIOS DO MÉTODO

O método tem por objetivo medir as propriedades de interceptação de luz a partir de imagens das plantas digitalizadas. Ele combina: 1) a digitalização 3D das plantas, de forma geral numa escala foliar; 2) a síntese da imagem de plantas virtuais e, 3) a análise das imagens de síntese.

No desenvolvimento do software **VegeSTAR**, a digitalização da folhagem permite obter uma descrição das plantas sob a forma de uma coleção de folhas, onde são conhecidas as dimensões, a orientação e a posição.

O **VegeSTAR** utiliza estes dados para construir uma maquete das plantas podendo-se observá-las de todas as direções. O princípio do **VegeSTAR** é o seguinte: a folhagem vista sobre uma imagem numa determinada direção é a folhagem iluminada pela luz vindo desta direção. Particularmente uma imagem exposta numa direção do sol mostra a área foliar iluminada, ou em outros termos, a área foliar que intercepta o raio direto.

É suficiente contar a área foliar visível sobre a imagem para estimar a interceptação da luz nesta direção. O **VegeSTAR** calcula a superfície de uma interceptação contando o número de "pixels" onde a cor corresponde àquela da vegetação. Note-se que a área medida sob a imagem corresponde à superfície foliar projetada perpendicularmente à direção da mira e não à superfície total.

A utilização de falsas cores (geralmente Vermelho, Verde e Azul), e de propriedades de superfícies variadas permite efetuar análises das características variadas com a partição da luz, os perfis de interceptação ou iluminação da folhagem.

Os detalhes do método, bem como os exemplos de suas aplicações, são apresentados dentro do artigo: Sinoquet H., Thanisawanyangkura S., Mabrouk H., Kasemsap P., 1998. Characterisation of light interception in canopies using 3D digitising and image processing. *Annals of Botany*, 82, 2, 203-212.

O **VegeSTAR** permite uma ação integrada, rápida e de fácil assimilação do método.

11-CRIAÇÃO DE UMA CENA

1. Formato dos arquivos SCENE (.vgs)

Um arquivo cena é constituído de um conjunto geométrico de figuras (órgãos ou pedaços de órgãos que compõem a vegetação).

No.linha	Effect X	Effect Y	Effect Z	Coord X	Coord Y	Coord Z	Rot X	Rot Y	Rot Z	0 à 255	0 à 255	0 à 255	0 à 1	0 à 1
1 à 6	Taille X	Taille Y	Taille Z	Coord X	Coord Y	Coord Z	Rot X	Rot Y	Rot Z	0 à 255	0 à 255	0 à 255	0 à 1	0 à 1
1 à 6	Taille X	Taille Y	Taille Z	Coord X	Coord Y	Coord Z	Rot X	Rot Y	Rot Z	0 à 255	0 à 255	0 à 255	0 à 1	0 à 1
1 à 6	Taille X	Taille Y	Taille Z	Coord X	Coord Y	Coord Z	Rot X	Rot Y	Rot Z	0 à 255	0 à 255	0 à 255	0 à 1	0 à 1
?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?

Os arquivos SCENE devem ter um formato ASCII com um separador "TAB", "Vírgula" ou "Espaço".

A primeira linha do arquivo deve indicar o número de objetos da cena da mesma forma que a posição (x, y, z) média dos objetos antes de recuperá-los. Esta posição média será utilizada, por definição, como ponto central das imagens criadas.

Exemplo: 245 <TAB> 64.66 <TAB> 49.33

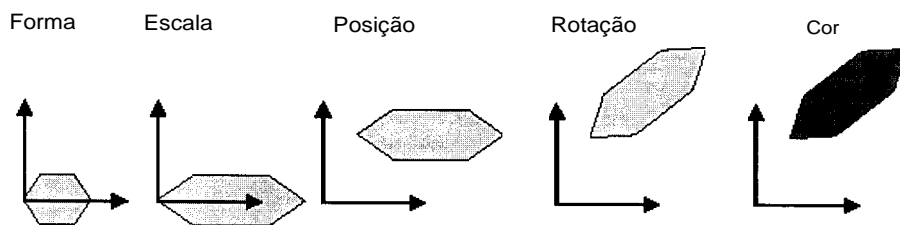
As outras linhas do arquivo representam cada objeto da cena. Eles compreendem os 15 parâmetros que ficam dentro da seguinte ordem:

- 1) Forma do objeto;
- 2) Tamanho do objeto segundo o eixo x;
- 3) Tamanho do objeto segundo o eixo Y;
- 4) Tamanho do objeto segundo o eixo Z;
- 5) Coordenada X da extremidade próxima do objeto;
- 6) Coordenada Y " " " " ;
- 7) Coordenada Z " " " " ;
- 8) Rotação do objeto em torno do eixo X;
- 9) " " " " Y;
- 10) " " " " Z;
- 11) Nível de cor vermelha (entre 0 e 255);
- 12) " " " verde (entre 0 e 255);
- 13) " " " Azul (entre 0 e 255);

14) AMBIENTE: entre 0 e 1;

15) DIFUSO: entre 0 e 1.

Obs. Os dois últimos parâmetros se relacionam com a propriedade radiativa dos objetos.

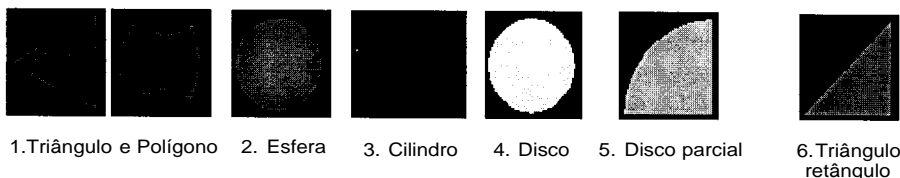


O AMBIENTE, regulado até 1, fornece a um dado objeto as propriedades de um emissor perfeito, isto é, aquele que é visto com a mesma cor e a mesma intensidade qualquer que seja a claridade da cena e a direção do visar. No parâmetro DIFUSO, regulado até 1, a cor do objeto dependerá da iluminação e do ângulo entre a inclinação do objeto e a direção do visar.

Exemplo: 4 <TAB> 1.17 <TAB> 0.35 <TAB> 0.1 <TAB> -7.32
<TAB> 2.92 <TAB> -1.78 <TAB> -1.31 <TAB> 44.05 <TAB> -44.15
<TAB> 255 <TAB> 0 <TAB> 0 <TAB> 1 <TAB> 0

2. Formas disponíveis

As formas de base atualmente disponíveis são 6.

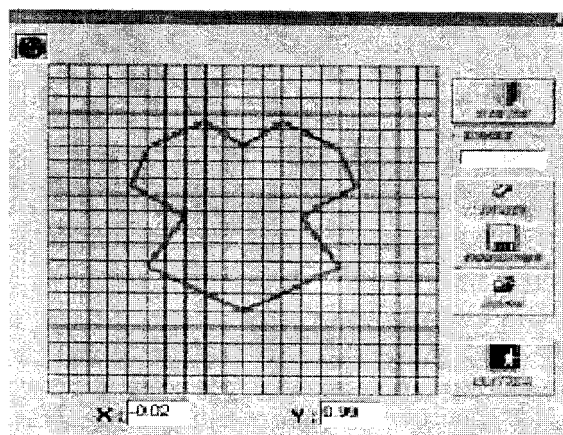


A dimensão característica destas formas é unitária. Elas serão, em seguida, colocadas na escala em função do tamanho real dos objetos.

3. Caso particular dos polígonos

Por definição, a forma no1 é um triângulo. Se a poligonal de uma folha for aberta ou criada, a forma n° 1 vem a ser então um polígono.

Para criar uma forma poligonal, escolher '*Créer une feui/e po/ygone*' (criar uma folha poligonal) no menu '*Outils*' (ferramentas). A folha seguinte aparece:



Esta grade permite desenhar diversas formas de polígonos. Lembramos que estes polígonos de base são unitários, isto é, que a nervura central representada pela seta azul é de largura igual a 1. Por outro lado, só os polígonos são corretamente representados na cena. Se a forma desejada é simétrica em relação à nervura central, é suficiente desenhar a metade, pois ao clicar no botão simétrico se obtém o polígono inteiro. Uma vez criada sobre a superfície a folha também estará afixada. Isto permite, eventualmente, verificar se a relação alométrica entre dimensões e superfície das folhas está correta. Os polígonos criados podem ser registrados no formato ASCII com a extensão .pol.

111 CONFIGURAÇÃO DA CENA

1. Grade

O **VegeSTAR** representa uma cena dentro de uma imagem ,materializada por uma grade. Pode-se fazer com que ela apareça ou não clicando sobre um botão 'GRILLE' .



2. Câmera

O **VegeSTAR** representa, por definição, uma cena vista com uma câmera ortográfica, isto é, com uma perspectiva montada onde os raios saídos da câmera são paralelos. Esta câmera deve ser utilizada para criar imagens que servirão para avaliar as propriedades de interceptação, caso estas últimas sejam normalmente direcionadas. Entretanto, clicando sobre um botão abaixo, você poderá obter uma mira padrão.



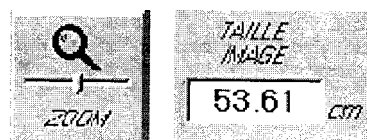
3. Animação

Estes botões permitem animar a cena em rotação vertical ou horizontal.



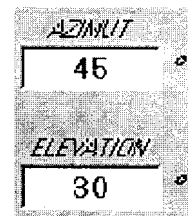
4. Tamanho da imagem

O cursor do zoom permite regular o tamanho da cena (a janela da cena é quadrada). Pode-se também alterar manualmente a altura da imagem desejada dentro da zona de texto; tamanho de imagem ("Taille image") e escolher a unidade de medida: centímetro, decímetro ou metro. Por definição, os dados métricos são padronizados em centímetros, isto é, a unidade utilizada pelo digitalizador.

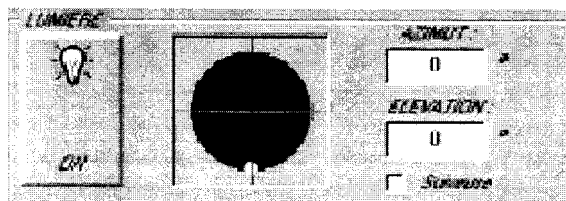


5. Regulagem da mira

Há três possibilidades que permitem regular a direção da mira. Pode-se utilizar as zonas de texto *AZIMUT* (azimute) e *ELEVATION* (elevação). fazer rodar (girar em torno de um ponto fixo) a cena com ajuda do mouse ou ainda utilizar o cursor colocado na esquerda e em baixo da janela da cena.



6. Regulagem da luz

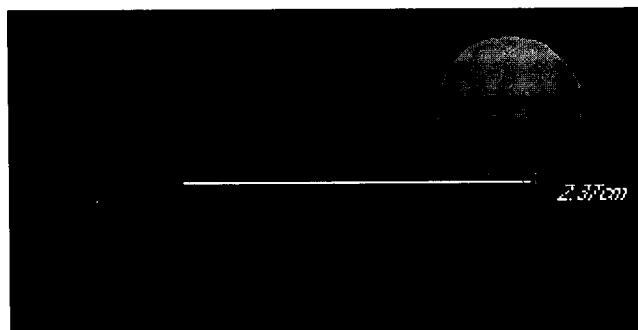


A cena pode ou não ser mais clara (botão *ON/OFF*). No caso onde a cena for iluminada, o recurso da luz pode ser independente ou ligado à direção da mira (caso se escolha a opção 'suiveuse').

Para trocar a luz independentemente da direção da mira, pode-se utilizar o mouse dentro da indicação materializada por uma esfera azul. Também, pode-se utilizar as zonas do texto "*AZIMUT*" e "*ELEVATION*".

IV. ANÁLISE DA IMAGEM

1. Medidas



O **VegeSTAR** permite realizar medidas de distâncias sobre uma imagem obtida. Para isto é suficiente clicar num ponto da imagem e deslocar o mouse mantendo o botão esquerdo pressionado. Para apagar a medição, basta clicar sobre o botão direito.

2. Análise manual

Após a regulagem dos parâmetros da cena, você pode realizar uma análise da imagem obtida para calcular o histograma. Para isto é necessário transferir a imagem de uma parte analisada usando o botão "*COPIE IMAGE*" (Cópia de Imagens) e em seguida "*SCANNER*" (Escanear) para obter o histograma (a operação leva em torno de 15 segundos quando se usa um Pentium II 350 MHz). Você pode fixar o histograma que aparecerá na parte esquerda do monitor.

O **VegeSTAR** propõe salvar o histograma no formato ASCII com a extensão .hst. O arquivo obtido apresenta a seguinte estrutura:

	A	B	C	D
1		AZIMUT 0 °	ELEVATION 0 °	TAILLE 6.39cm
2		ROUGE	VERT	BLEU
3	0	39.05130825	38.50143301	38.54235017
4	1	0	0	0
5	2	0	0	0
6	3	0	0	0
7	4	0	0	0
255	252	0	1.10E-02	5.41E-02
256	253	0	1.39E-02	5.41E-02
257	254	1.790701748	1.57514942	1.279386039
258	255	0	0	0
259	↑	↑	↑	↑
260	Niveau Couleur	Surface ROUGE	Surface VERT	Surface BLEU

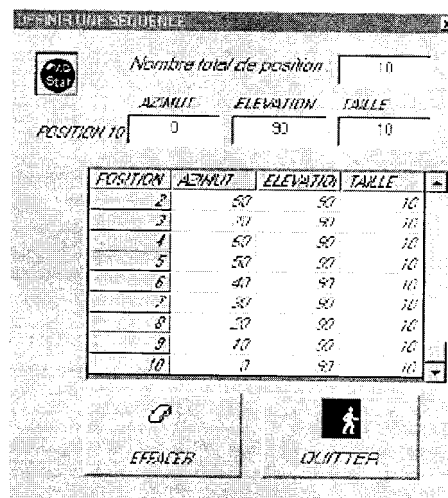
Este arquivo dá para cada cor (vermelha, verde e azul) níveis de 0 à 255. A unidade de área utilizada é aquela que foi definida para o tamanho da imagem. O cabeçalho do arquivo nos lembra a posição da mira e o tamanho da imagem.

Enfim, o botão "SAUVER" (salvar), permite arquivar a imagem no formato BITMAP (.bmp).

3. Análise automática

Para uma mesma cena, o *VegeSTAR* permite realizar automaticamente uma série de cálculos do histograma para os ângulos de mira pré-definidos. Isto se refere à função 'seqüência'.

Para definir uma seqüência deve-se escolher "Créer une séquence" (criar uma seqüência) dentro do menu "Outils" (ferramentas). A folha seguinte aparece:



Você deve, no início, indicar o número total da posição. Em seguida é suficiente definir para cada posição os valores do azimute (*AZIMUTH*, de elevação (*ELEVATION*) e do tamanho (*TAILLE*). Você pode arquivar sua seqüência no formato ASCII com a extensão .seq.

Quando o arquivo 'seqüência' é aberto (abrir uma .seqüência' dentro do menu 'Pichier' (arquivo)) você pode lançar a análise clicando sobre o botão 'SEQUENCE' (seqüência). O **VegeSTAR** pede agora o nome do arquivo do histograma (.hst) de destino e começa a análise.

O arquivo obtido tem a seguinte estrutura:

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	
1	CONTENU										
2	AZIMUT 25 ° ELEVATION TABLE 6.04 AZIMUT 50 ° ELEVATION TABLE 6.04 AZIMUT 75 ° ELEVATION TABLE 6.04										
3		ROUGE	VERT	BLEU	ROUGE	VERT	BLEU	ROUGE	VERT	BLEU	
4	0	35.71159	35.04578	35.03106	35.67279	38.20679	35.40901	35.35004	34.74233	34.85348	
5	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
6	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
7	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
8	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
250	250	0	7.30E-03	4.40E-03	0	6.13E-03	1.06E-02	0	7.30E-03	3.02E-02	
251	250	0	5.76E-03	4.68E-03	0	5.47E-03	0.0141049	0	9.29E-03	1.00E-02	
252	254	0	5.10E-03	4.55E-03	0	4.32E-03	1.39E-02	0	5.10E-03	2.90E-02	
253	255	0.7700123	0.0048816	0.6401096	0.0008135	0.5034505	0.638614	1.131558	0.9720965	0.9801465	

Este arquivo é idêntico a muitos arquivos.hst, obtidos de maneira manual, colocados lado a lado.