STANDARD *NSSDA* APLICADO AL VUELO FOTOGRAMETRICO DE MONTEVIDEO EFECTUADO EN DICIEMBRE 2021

Objetivo:

Aplicar el estándar NSSDA a los productos que fueron entregados por parte de la empresa GEOIMAGEN SRL, adjudicataria de la LICITACIÓN ABREVIADA Nº 389671/1 del año 2021. Los productos analizados fueron, ortomosaico de 10 cm de píxel GSD y modelo digital de superficie (MDS), también de 10 cm de píxel, que abarcan la totalidad de la extensión territorial del departamento de Montevideo.

Procedimiento:

Como primer paso, se llevó a cabo la determinación de una muestra de puntos homogénea que cubra por completo el departamento, asegurándose de que dichos puntos se encuentren en áreas del terreno sin accidentes geográficos. Según el estándar NSSDA (*National Standard for Spatial Data Accuracy*), se requieren veinte o más puntos para realizar una evaluación estadística significativa de la calidad posicional, más allá del tamaño total de la muestra o de la superficie de que se trate. Con veinte puntos se asocia un cálculo de calidad con un nivel de confianza del 95%.

Sobre estos puntos se realizaron mediciones con un equipo GNSS, método diferencial y técnica RTK-NTRIP, vinculado a la estación permanente UYMO, ubicada en el Cerro de Montevideo. Se obtuvieron coordenadas planas UTM Zona 21 Sur, sistema de referencia SIRGAS-ROU98 y alturas ortométricas calculadas a partir del modelo geoidal global EGM08. Todos los puntos relevados fueron fotografiados en el momento de la medición.

Como paso siguiente, con el ortomosaico del vuelo y las fotos de los puntos medidos en el terreno, estos se fotointerpretaron y se generó una planilla de coordenadas “ortofoto”.

Una vez conformado el listado de coordenadas de los puntos medidos y el listado de coordenadas de los puntos fotointerpretados en el ortomosaico del vuelo, se procedió a calcular las diferencias en X, en Y y en H. Los valores de H correspondientes al vuelo fueron obtenidos del Modelo Digital de Superficie, producto del mismo vuelo.

Como es recomendado, previo a aplicar el estándar de la NSSDA se efectuaron procesos estadísticos. En primer lugar se identificaron valores atípicos (*outliers*) mediante

el método de Chauvenet. Se aplicó el método a tres muestras diferentes, diferencia en X (ΔX), diferencia en Y (ΔY) y diferencia en H (ΔH). De existir valor atípico en ΔX o ΔY y no en ΔH, se elimina el punto en planimetría pero se mantiene el valor de ΔH, ya que sigue manteniendo información valiosa para la validación del MDS. Asimismo, de existir un valor atípico en ΔH pero no en ΔX y ΔY, se mantienen los valores planimétricos para la validación del ortomosaico.

El método consiste en primer lugar, en el cálculo del promedio ***p*** y la desviación estándar ***s*** de los valores de la muestra:

$$p = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} x_i = \frac{x_1 + x_2 + \ldots + x_n}{n} \qquad s = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^{n}(x_i - p)^2}{n-1}}$$

donde x_i son cada uno de los datos y ***n*** la cantidad de datos.

Luego se calcula la diferencia de cada dato con el promedio y se lo compara con la desviación estándar mediante la siguiente fórmula:

$$\tau = \frac{|x_i - p|}{s}$$

Finalmente, cada valor **τ** calculado se compara con el valor crítico dado por la tabla de valores de Chauvenet.

n	critical values	n	critical values
3	1,383	24	2,311
4	1,534	25	2,326
5	1,645	26	2,341
6	1,732	27	2,355
7	1,803	28	2,369
8	1,863	29	2,382
9	1,915	30	2,394
10	1,960	31	2,406
11	2,000	32	2,418
12	2,037	33	2,429
13	2,070	34	2,440
14	2,100	35	2,450
15	2,128	36	2,460
16	2,154	37	2,470
17	2,178	38	2,479
18	2,200	39	2,489
19	2,222	40	2,498
20	2,241	50	2,576
21	2,260	100	2,807
22	2,278	500	3,291
23	2,295	1000	3,481

- Tabla de valores críticos de Chauvenet. -

La muestra inicial constaba de 41 ternas de coordenadas. Por lo que se depuró la serie eliminando los datos cuyo valor τ superó a 2,5058. Posteriormente se volvió a realizar el procedimiento completo con la nueva serie de datos, calculando un nuevo p, s y y τ comparando estos con un nuevo valor crítico. Así hasta que no se detectaron más valores atípicos.

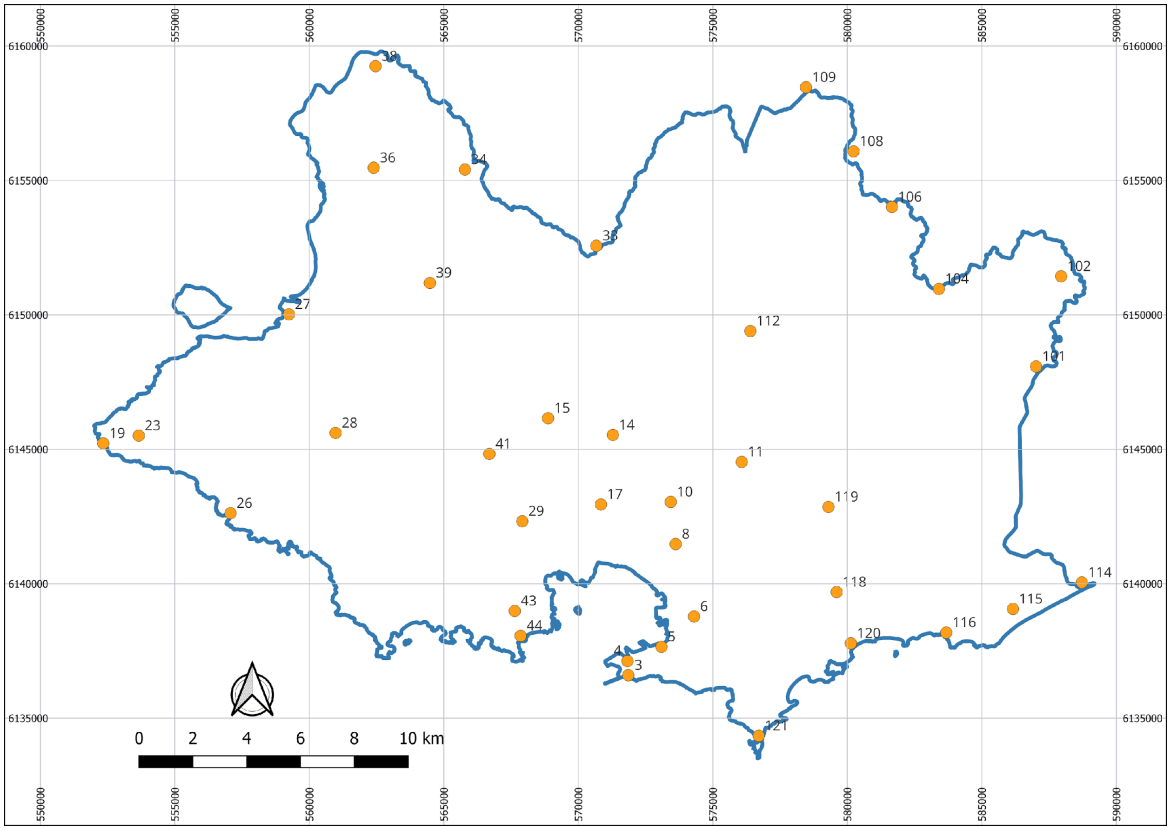
Para depurar la serie de ΔH, se repitió el procedimiento con Chauvenet una vez (se realizó dos veces en total), eliminando 3 valores atípicos. Para depurar la serie de ΔX y ΔY se repitió el procedimiento dos veces (tres veces en total), eliminando 5 valores atípicos.

En la siguiente tabla se muestran los valores de ΔX, ΔY y ΔH iniciales. Resaltados en naranja se identifican los valores atípicos.

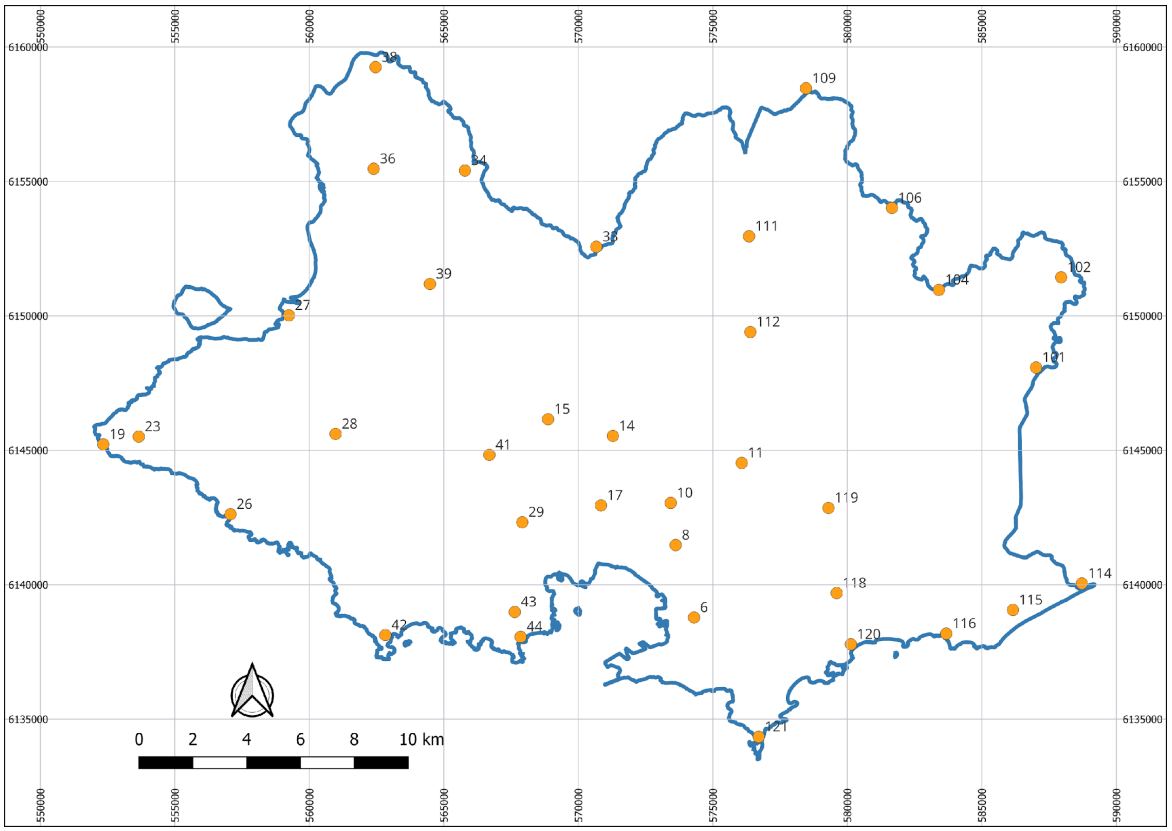
	ΔX	ΔY	ΔH
3	-0,2948	0,3212	-0,1426
4	-0,1561	0,3859	-0,0091
5	-0,0220	0,1540	0,0101
6	-0,0220	0,0044	-0,0394
8	-0,0601	-0,0337	-0,1946
10	0,0411	-0,0176	-0,1851
11	-0,0411	0,0059	-0,1039
14	0,0059	-0,0176	-0,0983
15	0,1115	-0,0880	-0,1126
17	-0,0411	-0,0176	-0,1465
19	-0,0293	-0,0059	-0,1417
23	0,0411	-0,0176	-0,0791
26	0,0117	-0,0117	-0,1126
27	0,0411	-0,0763	-0,0922
28	0,1232	-0,0763	-0,1491
29	-0,0293	0,0059	-0,0827
33	-0,0059	0,0059	-0,0525
34	0,0059	-0,0528	-0,0879
36	-0,0059	-0,0176	-0,0753
38	-0,1290	0,0235	-0,1693
39	-0,0295	0,0230	-0,0410
41	-0,0853	-0,0066	-0,0967
42	-0,0482	-0,0512	-0,4270
43	0,0083	0,0747	-0,1790
44	0,0540	0,0415	-0,1393
101	0,1059	-0,0436	0,0540
102	-0,0311	-0,1183	-0,0100
104	-0,0436	0,0311	-0,0080
106	-0,1059	0,0311	-0,0410
108	-0,0762	0,2220	0,0060
109	-0,0861	-0,0839	-0,0240
110	0,0584	0,2452	0,1800
111	-0,0864	0,0257	0,1140
112	-0,0109	0,0701	0,0800
114	0,0592	-0,0529	-0,0070
115	-0,0498	0,0249	-0,0360
116	0,0156	-0,0965	-0,1160
118	-0,0888	-0,0109	-0,1220
119	-0,0016	-0,0047	-0,1550
120	-0,1059	0,0187	-0,0060
121	0,1059	0,0062	-0,0180

- Muestra de datos identificando los valores atípicos en naranja. -

De esta manera, se cuenta con una muestra de 38 valores de altura para la validación del MDS y una muestra de 36 puntos bicoordenados para la validación del ortomosaico.



- Ubicación de la muestra con valores ΔH. -



- Ubicación de la muestra con valores ΔX y ΔY. -

El paso siguiente es realizar la prueba de contraste de bondad de ajuste a una distribución normal. Como los tamaños muestrales son menores o iguales a 50, se aplica la prueba de Shapiro-Wilk. Para muestras mayores a 50, se utiliza la prueba de Kolmogorov-Smirnov.

El método consiste en plantearse una hipótesis H_0 que implica que la muestra proviene de una distribución normal. Luego se aplica un algoritmo que sirve para aceptar la H_0 o rechazarla. El algoritmo es el siguiente (ejemplo de la muestra de ΔX):

- Se lista la serie de datos ordenados de menor a mayor y se calcula el promedio de ellos.

  ΔX_i : [-0.1290, -0.1059, -0.1059, … , 0.1059, 0.1115, 0.1232]

  $$p = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} \Delta X_i = \frac{\Delta X_1 + \Delta X_2 + ... + \Delta X_n}{n}$$

  Donde ***n*** es el tamaño de la muestra.

- Se calcula la diferencia de cada uno de estos datos con el promedio y se eleva al cuadrado. Todos estos ***n*** resultados se suman.

  $$z = \sum_{i=1}^{n} (\Delta X_i - p)^2$$

- Se consulta la Tabla de coeficientes a_{in} para el contraste de Shapiro-Wilk ingresando por el tamaño de la muestra, en este caso 36:

Coeficientes a_{in} para el contraste de Shapiro-Wilks

n \ i	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
2	0.7071										
3	0.7071	0.0000									
4	0.6872	0.1677									
5	0.6646	0.2413	0.0000								
6	0.6431	0.2806	0.0875								
7	0.6233	0.3031	0.1401	0.0000							
8	0.6052	0.3164	0.1743	0.0561							
9	0.5888	0.3244	0.1976	0.0947	0.0000						
10	0.5739	0.3291	0.2141	0.1224	0.0399						
11	0.5601	0.3315	0.2260	0.1429	0.0695	0.0000					
12	0.5475	0.3325	0.2347	0.1586	0.0922	0.0303					
13	0.5359	0.3325	0.2412	0.1707	0.1099	0.0539	0.0000				
14	0.5251	0.3318	0.2495	0.1802	0.1240	0.0727	0.0240				
15	0.5150	0.3306	0.2495	0.1878	0.1353	0.0880	0.0433	0.0000			
16	0.5056	0.3290	0.2521	0.1988	0.1447	0.1005	0.0593	0.0196			
17	0.4968	0.3273	0.2540	0.1988	0.1524	0.1109	0.0725	0.0359	0.0000		
18	0.4886	0.3253	0.2553	0.2027	0.1587	0.1197	0.0837	0.0496	0.0163		
19	0.4808	0.3232	0.2561	0.2059	0.1641	0.1271	0.0932	0.0612	0.0303	0.0000	
20	0.4734	0.3211	0.2565	0.2085	0.1686	0.1334	0.1013	0.0711	0.0422	0.0140	
21	0.4643	0.3185	0.2578	0.2119	0.1736	0.1339	0.1092	0.0804	0.0530	0.0263	0.0000
22	0.4590	0.3156	0.2571	0.2131	0.1764	0.1443	0.1150	0.0878	0.0618	0.0368	0.0122
23	0.4542	0.3126	0.2563	0.2139	0.1787	0.1480	0.1201	0.0941	0.0696	0.0459	0.0228
24	0.4493	0.3098	0.2554	0.2145	0.1807	0.1512	0.1245	0.0997	0.0764	0.0539	0.0321
25	0.4450	0.3069	0.2543	0.2148	0.1822	0.1539	0.1283	0.1046	0.0823	0.0610	0.0403
26	0.4407	0.3043	0.2533	0.2151	0.1836	0.1563	0.1316	0.1089	0.0876	0.0672	0.0476
27	0.4366	0.3018	0.2522	0.2152	0.1848	0.1584	0.1346	0.1128	0.0923	0.0728	0.0540
28	0.4328	0.2992	0.2510	0.2151	0.1857	0.1601	0.1372	0.1162	0.0965	0.0778	0.0598
29	0.4291	0.2968	0.2499	0.2150	0.1864	0.1616	0.1395	0.1192	0.1002	0.0822	0.0650
30	0.4254	0.2944	0.2487	0.2148	0.1870	0.1630	0.1415	0.1219	0.1036	0.0862	0.0697
31	0.4220	0.2921	0.2475	0.2145	0.1874	0.1641	0.1433	0.1243	0.1066	0.0899	0.0739
32	0.4188	0.2898	0.2463	0.2141	0.1878	0.1651	0.1449	0.1265	0.1093	0.0931	0.0777
33	0.4156	0.2876	0.2451	0.2137	0.1880	0.1660	0.1463	0.1284	0.1118	0.0961	0.0812
34	0.4127	0.2854	0.2439	0.2132	0.1882	0.1667	0.1475	0.1301	0.1140	0.0988	0.0844
35	0.4096	0.2834	0.2427	0.2127	0.1883	0.1673	0.1487	0.1317	0.1160	0.1013	0.0873
36	0.4068	0.2813	0.2415	0.2121	0.1883	0.1678	0.1496	0.1331	0.1179	0.1036	0.0900
37	0.4040	0.2794	0.2403	0.2116	0.1883	0.1683	0.1505	0.1344	0.1196	0.1056	0.0924
38	0.4015	0.2774	0.2391	0.2110	0.1881	0.1686	0.1513	0.1356	0.1211	0.1075	0.0947

n \ i	12	13	14	15	16	17	18	19	20
12	0.0107								
13	0.0200	0.0000							
14	0.0284	0.0094							
15	0.0358	0.0178	0.0000						
16	0.0424	0.0253	0.0084						
17	0.0483	0.0320	0.0159	0.0000					
18	0.0537	0.0381	0.0227	0.0076					
19	0.0585	0.0435	0.0289	0.0144	0.0000				
20	0.0629	0.0485	0.0344	0.0206	0.0068				
21	0.0669	0.0530	0.0395	0.0262	0.0187	0.0000			
22	0.0706	0.0572	0.0441	0.0314	0.0187	0.0062			
23	0.0739	0.0610	0.0484	0.0361	0.0239	0.0119	0.0000		
24	0.0770	0.0645	0.0523	0.0404	0.0287	0.0172	0.0057		
25	0.0798	0.0677	0.0559	0.0444	0.0331	0.0220	0.0110	0.0000	
26	0.0824	0.0706	0.0592	0.0481	0.0372	0.0264	0.0158	0.0053	

- Tabla de coeficientes a_{in} para el contraste de Shapiro-Wilk.-

Estos coeficientes a_{i36} se listan de 1 a $n/2$.

- Consultando el listado de n valores ΔX_i ordenados se calculan los siguientes $n/2$ valores d_i:

$$d_i = \Delta X_i - \Delta X_{n-i+1}$$

Donde n sigue correspondiendo al tamaño de la muestra.

- Se multiplican a_{i36} x d_i obteniendo $n/2$ valores, que sumando todos ellos resulta el valor b:

$$b = \sum_{i=1}^{n/2} a_{i36} \cdot d_i$$

- Con esto se puede calcular el coeficiente de correlación de Shapiro Wilk W_c:

$$W_c = \frac{b^2}{z}$$

- Este valor W_c se compara con el coeficiente de correlación mínimo W_t que se obtiene de la siguiente tabla, ingresando por el tamaño de la muestra y por el nivel de significancia:

Niveles de significación para el contraste de Shapiro-Wilks.

n	0.01	0.02	0.05	0.1	0.5	0.9	0.95	0.98	0.99
3	0.753	0.756	0.767	0.789	0.959	0.998	0.999	1.000	1.000
4	0.687	0.707	0.748	0.792	0.935	0.987	0.992	0.996	0.997
5	0.686	0.715	0.762	0.806	0.927	0.979	0.986	0.991	0.993
6	0.713	0.743	0.788	0.826	0.927	0.974	0.981	0.986	0.989
7	0.730	0.760	0.803	0.838	0.928	0.972	0.979	0.985	0.988
8	0.749	0.778	0.818	0.851	0.932	0.972	0.978	0.984	0.987
9	0.764	0.791	0.829	0.859	0.935	0.972	0.978	0.984	0.986
10	0.781	0.806	0.842	0.869	0.938	0.972	0.978	0.983	0.986
11	0.792	0.817	0.850	0.876	0.940	0.973	0.979	0.984	0.986
12	0.805	0.828	0.859	0.883	0.943	0.973	0.979	0.984	0.986
13	0.814	0.837	0.866	0.889	0.945	0.974	0.979	0.984	0.986
14	0.825	0.846	0.874	0.895	0.947	0.975	0.980	0.984	0.986
15	0.835	0.855	0.881	0.901	0.950	0.975	0.980	0.984	0.987
16	0.844	0.863	0.887	0.906	0.952	0.976	0.981	0.985	0.987
17	0.851	0.869	0.892	0.910	0.954	0.977	0.981	0.985	0.987
18	0.858	0.874	0.897	0.914	0.956	0.978	0.982	0.986	0.988
19	0.863	0.879	0.901	0.917	0.957	0.978	0.982	0.986	0.988
20	0.868	0.884	0.905	0.920	0.959	0.979	0.983	0.986	0.988
21	0.873	0.888	0.908	0.923	0.960	0.980	0.983	0.987	0.989
22	0.878	0.892	0.911	0.926	0.961	0.980	0.984	0.987	0.989
23	0.881	0.895	0.914	0.928	0.962	0.981	0.984	0.987	0.989
24	0.884	0.898	0.916	0.930	0.963	0.981	0.984	0.987	0.989
25	0.888	0.901	0.918	0.931	0.964	0.981	0.985	0.988	0.989
26	0.891	0.904	0.920	0.933	0.965	0.982	0.985	0.988	0.989
27	0.894	0.906	0.923	0.935	0.965	0.982	0.985	0.988	0.990
28	0.896	0.908	0.924	0.936	0.966	0.982	0.985	0.988	0.990
29	0.898	0.910	0.926	0.937	0.966	0.982	0.985	0.988	0.990
30	0.900	0.912	0.927	0.939	0.967	0.983	0.985	0.988	0.990
31	0.902	0.914	0.929	0.940	0.967	0.983	0.986	0.988	0.990
32	0.904	0.915	0.930	0.941	0.968	0.983	0.986	0.988	0.990
33	0.906	0.917	0.931	0.942	0.968	0.983	0.986	0.989	0.990
34	0.908	0.919	0.933	0.943	0.969	0.983	0.986	0.989	0.990
35	0.910	0.920	0.934	0.944	0.969	0.984	0.986	0.989	0.990
36	0.912	0.922	0.935	0.945	0.970	0.984	0.986	0.989	0.990
37	0.914	0.924	0.936	0.946	0.970	0.984	0.987	0.989	0.990
38	0.916	0.925	0.938	0.947	0.971	0.984	0.987	0.989	0.990

- Tabla con valores de significancia o significación para el contraste de Shapiro-Wilk.-

Como en este caso el tamaño de la muestra es ***n*** = 36 y la significancia de 0.05 el valor W_t o correlación mínima es 0.935. En el caso de la muestra de ΔX el W_c obtenido es 0.96693. Como se sobrepasa la correlación mínima, no hay evidencia para rechazar la hipótesis de que la muestra sigue una distribución normal.

- Un último paso para verificar la normalidad de la muestra es hallar la verdadera significancia (o *valor-p*) para el coeficiente de correlación calculado. La misma se obtiene de la última tabla, ingresando por ***n*** y por el W_c calculado. Como la tabla es una serie de valores discretizada, para hallar el *valor-p* hay que interpolar o plantear una regresión. Observando la tabla se aprecia que el *valor-p* se encuentra entre 0.1 y 0.5, que es mayor a la significancia de 0.05, lo que es suficiente para confirmar que no se rechaza la hipótesis de normalidad.

Este procedimiento se ejecutó con el programa *RStudio*, obteniendo para las tres series de datos los resultados que se exponen a continuación:

```
> deltaH <- c(-0.1426,-0.0091,0.0101,-0.0394,-0.1946,-0.1851,-0.
1039,-0.0983,-0.1126,-0.1465,-0.1417,-0.0791,-0.1126,-0.0922,-0.
1491,-0.0827,-0.0525,-0.0879,-0.0753,-0.1693,-0.0410,-0.0967,-0.
1790,-0.1393,0.0540,-0.0100,-0.0080,-0.0410,0.0060,-0.0240,0.080
0,-0.0070,-0.0360,-0.1160,-0.1220,-0.1550,-0.0060,-0.0180)
> shapiro.test(deltaH)

        Shapiro-Wilk normality test

data:  deltaH
W = 0.97157, p-value = 0.4354

> deltaX <- c(-0.0220,-0.0601,0.0411,-0.0411,0.0059,0.1115,-0.04
11,-0.0293,0.0411,0.0117,0.0411,0.1232,-0.0293,-0.0059,0.0059,-
0.0059,-0.1290,-0.0295,-0.0853,-0.0482,0.0083,0.0540,0.1059,-0.0
311,-0.0436,-0.1059,-0.0861,-0.0864,-0.0109,0.0592,-0.0498,0.015
6,-0.0888,-0.0016,-0.1059,0.1059)
> shapiro.test(deltaX)

        Shapiro-Wilk normality test

data:  deltaX
W = 0.96693, p-value = 0.3477

> deltaY <- c(0.0044,-0.0337,-0.0176,0.0059,-0.0176,-0.0880,-0.0
176,-0.0059,-0.0176,-0.0117,-0.0763,-0.0763,0.0059,0.0059,-0.052
8,-0.0176,0.0235,0.0230,-0.0066,-0.0512,0.0747,0.0415,-0.0436,-
0.1183,0.0311,0.0311,-0.0839,0.0257,0.0701,-0.0529,0.0249,-0.096
5,-0.0109,-0.0047,0.0187,0.0062)
> shapiro.test(deltaY)

        Shapiro-Wilk normality test

data:  deltaY
W = 0.96822, p-value = 0.379
```

- Impresión de pantalla de *RStudio*, mostrando los resultados de la prueba de normalidad.-

En las tres pruebas, la significación estadística o *valor-p* es mayor a 0.05, por lo que se acepta la hipótesis de que las muestras siguen una distribución normal.

Por otro lado, la aleatoriedad de las muestras se analiza aplicando el test de Ljung-Box.

El método consiste en plantear una hipótesis H_0 que implica que la muestra es independiente e idénticamente distribuida (i.i.d.). Luego se aplica un algoritmo que sirve para aceptar la H_0 o rechazarla. El algoritmo es el siguiente (caso ΔX):

- En primer lugar se calculan los coeficientes de correlación muestral de rezago (*Lag* $_j$, por rezago en inglés) que, básicamente, vinculan cada observación de la muestra con observaciones anteriores. Se recomienda que la cantidad de *Lags* calculados esté entre el 5% y el 10% de la cantidad de datos con los que se cuenta. En el caso de ΔX, la cantidad de datos ***n*** = 36 por lo que calculamos hasta *Lag* $_4$.

Lag_0 , surge de la suma de los ***n*** Lag_{0i} que se calculan de la siguiente manera:

$Lag_{0i} = (\Delta X_i - \boldsymbol{p}) \times (\Delta X_i - \boldsymbol{p})$, siendo ***p*** el promedio de toda la muestra e *i* variando de 1 a ***n***.

Lag_1 , surge de la suma de ***n*** - 1 Lag_{1i} que se calculan de la siguiente manera:

$Lag_{1i} = (\Delta X_i - \boldsymbol{p}) \times (\Delta X_{i-1} - \boldsymbol{p})$, con *i* variando de 2 a ***n***.

Lag_2 , surge de la suma de ***n*** - 2 Lag_{2i} que se calculan de la siguiente manera:

$Lag_{2i} = (\Delta X_i - \boldsymbol{p}) \times (\Delta X_{i-2} - \boldsymbol{p})$, con *i* variando de 3 a ***n***.

Lag_3 , surge de la suma de ***n*** - 3 Lag_{3i} que se calculan de la siguiente manera:

$Lag_{3i} = (\Delta X_i - \boldsymbol{p}) \times (\Delta X_{i-3} - \boldsymbol{p})$, con *i* variando de 4 a ***n***.

Lag_4 , surge de la suma de ***n*** - 4 Lag_{4i} que se calculan de la siguiente manera:

$Lag_{4i} = (\Delta X_i - \boldsymbol{p}) \times (\Delta X_{i-4} - \boldsymbol{p})$, con *i* variando de 5 a ***n***.

Entonces,

$$Lag_0 = \sum_{i=1}^{n} Lag_{0i} \; , \; Lag_1 = \sum_{i=2}^{n} Lag_{1i} \; , \; Lag_2 = \sum_{i=3}^{n} Lag_{2i} \; , \; Lag_3 = \sum_{i=4}^{n} Lag_{3i}$$

y $$Lag_4 = \sum_{i=5}^{n} Lag_{4i}$$

- Paso siguiente es calcular z:

$$z = \sum_{i=1}^{n} (\Delta X_i - p)^2$$

- Se calculan ahora los ACF (Función de Autocorrelación) para cada *Lag* $_j$, con j de 0 a 4.

$$ACF_j = \frac{Lag_j}{z}$$

- Se calcula el estadístico de Ljung-Box, llamado *Q*.

  Para j = 1,

  $$Q_1 = n(n+2)\frac{ACF_1{}^2}{n-1}$$

  Para j = 2,

  $$Q_2 = n(n+2)\sum_{j=1}^{2}\frac{ACF_j{}^2}{n-j}$$

  Para j = 3,

  $$Q_3 = n(n+2)\sum_{j=1}^{3}\frac{ACF_j{}^2}{n-j}$$

  Y para j = 4,

  $$Q_4 = n(n+2)\sum_{j=1}^{4}\frac{ACF_j{}^2}{n-j}$$

  El estadístico Q tiene una distribución aproximada $\chi^2(j)$.

- Se calcula el *valor-p* para cada *j* , a partir del valor $\chi^2_{1-\alpha,j}$ donde *j* son los grados de libertad. Se utiliza la siguiente fórmula chisqdist(*Q* , *j*) en *LibreOffice Calc* o chisq.dist(*Q* , *j*) en *Excel* y se obtiene un valor que se resta a 1. Esta función ingresa a la siguiente tabla por el valor Q (χ^2) y los grados de libertad *j*.

Grados de libertad (df)	**valor χ^2**										
1	0.004	0.02	0.06	0.15	0.46	1.07	1.64	2.71	3.84	6.63	10.83
2	0.10	0.21	0.45	0.71	1.39	2.41	3.22	4.61	5.99	9.21	13.82
3	0.35	0.58	1.01	1.42	2.37	3.66	4.64	6.25	7.81	11.34	16.27
4	0.71	1.06	1.65	2.20	3.36	4.88	5.99	7.78	9.49	13.28	18.47
5	1.14	1.61	2.34	3.00	4.35	6.06	7.29	9.24	11.07	15.09	20.52
6	1.63	2.20	3.07	3.83	5.35	7.23	8.56	10.64	12.59	16.81	22.46
7	2.17	2.83	3.82	4.67	6.35	8.38	9.80	12.02	14.07	18.48	24.32
8	2.73	3.49	4.59	5.53	7.34	9.52	11.03	13.36	15.51	20.09	26.12
9	3.32	4.17	5.38	6.39	8.34	10.66	12.24	14.68	16.92	21.67	27.88
10	3.94	4.87	6.18	7.27	9.34	11.78	13.44	15.99	18.31	23.21	29.59
Valor *p* (probabilidad)	0.95	0.90	0.80	0.70	0.50	0.30	0.20	0.10	0.05	0.01	0.001

- Tabla de valores χ^2 y valores-p.-

En la última fila de la tabla figura el *valor-p* calculado. Si el *valor-p* es mayor a la significancia de 0.05, es suficiente para confirmar que no se rechaza la hipótesis nula.

Este procedimiento se ejecutó con el programa *RStudio*, obteniendo para las tres series de datos los resultados que se exponen a continuación:

```
> deltaH <- c(-0.1426,-0.0091,0.0101,-0.0394,-0.1946,-0.1851,-0.1039,-0.0983,-0.1126,-0.1465,
-0.1417,-0.0791,-0.1126,-0.0922,-0.1491,-0.0827,-0.0525,-0.0879,-0.0753,-0.1693,-0.0410,-0.09
67,-0.1790,-0.1393,0.0540,-0.0100,-0.0080,-0.0410,0.0060,-0.0240,0.0800,-0.0070,-0.0360,-0.11
60,-0.1220,-0.1550,-0.0060,-0.0180)
> Box.test(deltaH, lag = 1, type = c("Ljung-Box"))

        Box-Ljung test

data:  deltaH
X-squared = 6.6494, df = 1, p-value = 0.009919

> Box.test(deltaH, lag = 2, type = c("Ljung-Box"))

        Box-Ljung test

data:  deltaH
X-squared = 6.8531, df = 2, p-value = 0.0325

> Box.test(deltaH, lag = 3, type = c("Ljung-Box"))

        Box-Ljung test

data:  deltaH
X-squared = 6.9145, df = 3, p-value = 0.07467

> Box.test(deltaH, lag = 4, type = c("Ljung-Box"))

        Box-Ljung test

data:  deltaH
X-squared = 8.774, df = 4, p-value = 0.067

> deltaX <- c(-0.0220,-0.0601,0.0411,-0.0411,0.0059,0.1115,-0.0411,-0.0293,0.0411,0.0117,0.04
11,0.1232,-0.0293,-0.0059,0.0059,-0.0059,-0.1290,-0.0295,-0.0853,-0.0482,0.0083,0.0540,0.105
9,-0.0311,-0.0436,-0.1059,-0.0861,-0.0864,-0.0109,0.0592,-0.0498,0.0156,-0.0888,-0.0016,-0.10
59,0.1059)
> Box.test(deltaX, lag = 1, type = c("Ljung-Box"))

        Box-Ljung test

data:  deltaX
X-squared = 0.19987, df = 1, p-value = 0.6548

> Box.test(deltaX, lag = 2, type = c("Ljung-Box"))

        Box-Ljung test

data:  deltaX
X-squared = 0.89988, df = 2, p-value = 0.6377

> Box.test(deltaX, lag = 3, type = c("Ljung-Box"))

        Box-Ljung test

data:  deltaX
X-squared = 1.3855, df = 3, p-value = 0.7089

> Box.test(deltaX, lag = 4, type = c("Ljung-Box"))

        Box-Ljung test

data:  deltaX
X-squared = 3.2289, df = 4, p-value = 0.5203
```

- Impresión de pantalla de *RStudio*, mostrando los resultados de la prueba de aleatoriedad para ΔH y ΔX.-

```
> deltaY <- c(0.0044,-0.0337,-0.0176,0.0059,-0.0176,-0.0880,-0.0176,-0.0059,-0.0176,-0.0117,-
0.0763,-0.0763,0.0059,0.0059,-0.0528,-0.0176,0.0235,0.0230,-0.0066,-0.0512,0.0747,0.0415,-0.0
436,-0.1183,0.0311,0.0311,-0.0839,0.0257,0.0701,-0.0529,0.0249,-0.0965,-0.0109,-0.0047,0.018
7,0.0062)
> Box.test(deltaY, lag = 1, type = c("Ljung-Box"))

        Box-Ljung test

data:  deltaY
X-squared = 0.25805, df = 1, p-value = 0.6115

> Box.test(deltaY, lag = 2, type = c("Ljung-Box"))

        Box-Ljung test

data:  deltaY
X-squared = 5.7771, df = 2, p-value = 0.05566

> Box.test(deltaY, lag = 3, type = c("Ljung-Box"))

        Box-Ljung test

data:  deltaY
X-squared = 5.9107, df = 3, p-value = 0.116

> Box.test(deltaY, lag = 4, type = c("Ljung-Box"))

        Box-Ljung test

data:  deltaY
X-squared = 7.514, df = 4, p-value = 0.1111
```

- Impresión de pantalla de *RStudio*, mostrando los resultados de la prueba de aleatoriedad para ΔY.-

Como se ve en los resultados, en el caso de la muestra de ΔH se rechaza la hipótesis de aleatoriedad para Lag_1 y Lag_2.

Para la muestra de ΔX y ΔY, como el valor p es mayor a 0,05 en todo los casos, las muestras cumplen con la H_0.

Más allá de los controles estadísticos, aunque no se cumpla la aleatoriedad en ΔH, se realiza el test estadístico NSSDA tanto en planimetría como en altura.

	ΔX^2	ΔY^2	$\Delta X^2 + \Delta Y^2$	ΔH^2
3	------	------	------	0,0203
4	------	------	------	0,0001
5	------	------	------	0,0001
6	0,0005	0,0000	0,0005	0,0016
8	0,0036	0,0011	0,0048	0,0379
10	0,0017	0,0003	0,0020	0,0343
11	0,0017	0,0000	0,0017	0,0108
14	0,0000	0,0003	0,0003	0,0097
15	0,0124	0,0077	0,0202	0,0127
17	0,0017	0,0003	0,0020	0,0215
19	0,0009	0,0000	0,0009	0,0201
23	0,0017	0,0003	0,0020	0,0063
26	0,0001	0,0001	0,0003	0,0127
27	0,0017	0,0058	0,0075	0,0085
28	0,0152	0,0058	0,0210	0,0222
29	0,0009	0,0000	0,0009	0,0068
33	0,0000	0,0000	0,0001	0,0028
34	0,0000	0,0028	0,0028	0,0077
36	0,0000	0,0003	0,0003	0,0057
38	0,0167	0,0006	0,0172	0,0287
39	0,0009	0,0005	0,0014	0,0017
41	0,0073	0,0000	0,0073	0,0094
42	0,0023	0,0026	0,0049	------
43	0,0001	0,0056	0,0057	0,0320
44	0,0029	0,0017	0,0046	0,0194
101	0,0112	0,0019	0,0131	0,0029
102	0,0010	0,0140	0,0150	0,0001
104	0,0019	0,0010	0,0029	0,0001
106	0,0112	0,0010	0,0122	0,0017
108	------	------	------	0,0000
109	0,0074	0,0070	0,0144	0,0006
110	------	------	------	------
111	0,0075	0,0007	0,0081	------
112	0,0001	0,0049	0,0050	0,0064
114	0,0035	0,0028	0,0063	0,0000
115	0,0025	0,0006	0,0031	0,0013
116	0,0002	0,0093	0,0096	0,0135
118	0,0079	0,0001	0,0080	0,0149
119	0,0000	0,0000	0,0000	0,0240
120	0,0112	0,0003	0,0116	0,0000
121	0,0112	0,0000	0,0112	0,0003
		SUMA	**0,229**	**0,399**
		Promedio	**0,006**	**0,010**
		RMSE	**0,080**	**0,102**
		NSSDA	**0,138**	**0,201**

- Datos utilizados para el cálculo del estadístico NSSDA.-

Para el caso planimétrico:

- **Suma** = $\sum (\Delta X^2 + \Delta Y^2)$
- **Promedio** = $\sum (\Delta X^2 + \Delta Y^2)/n$ siendo ***n***: número de puntos.
- **RMSE** = $\sqrt{Promedio}$

El estadístico NSSDA, para un 95% de confianza para las componentes X e Y se calcula: **NSSDA = 1,7308 x RMSE**

Y en el caso altimétrico:

- **Suma** = $\sum \Delta H^2$
- **Promedio** = $(\sum \Delta H^2)/n$ siendo ***n***: número de puntos.
- **RMSE** = $\sqrt{Promedio}$

El estadístico NSSDA, para un 95% de confianza para la componente Z se calcula: **NSSDA = 1,9600 x RMSE**

Resultados:

- Precisión posicional horizontal testeada: 0,138 metros para un nivel de confianza de 95%.
- Precisión posicional vertical testeada: 0,201 metros para un nivel de confianza de 95%.

Conclusión:

Tanto el ortomosaico como el MDS entregados por la empresa GEOIMAGEN SRL, que surgen como resultado del vuelo fotogramétrico de Diciembre de 2021, cumplen con el requisito de precisión indicado en las especificaciones técnicas del pliego de la LICITACIÓN ABREVIADA Nº 389671/1 del año 2021, que es: “la precisión posicional debe ser mejor que 0.20 m en X e Y, y 0.30 m en Z”. Esto se puede concluir por los resultados obtenidos de la aplicación del estándar NSSDA indicados anteriormente.