Diversidade de solo

Importando pacotes e inicializando geemap

```
import os
import ee
import geemap

geemap.ee_initialize()
```

A diversidade de solo é incluida na diversidade da paisagem em locais com baixa variedade de landforms, amplitude de elevação e wetland score. A diversidade de solos é calculada somando o número de tipos de solo presentes na vizinhaça da célula focal.

Banda de Dados

Nós utilizamos a base de dados de pedologia do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE) como base para o cálculo da diversidade de solos. Os polígonos foram posteriomente filtrados por tipo de solo e rasterizados na escala do modelo digital de elevação que usamos nas etapas anteriores (~ 90 metros).

Códigos para a criação da diversidade de solos

As análises foram rodadas no *Google Earth Engine* (Gorelick 2017), devido a demanda computacional do projeto, usando o pacote **geemap** (Wu 2020), em *Python* (Python Software Foundation 2023), como interface pela facilidade na documentação e reprodutividade das análises.

O primeiro passo é criar uma função que filtra os polígonos pelo nome do solo, atribui valor 1 ao polígono, transforma em *raster* e reprojeta para a resolução do modelo digital de elevação que estamos usando em todas as análises (~90 metros). Depois, a função cria uma imagem cujas bandas são as células da vizinhaça da célula focal. Células com a presença do solo tem

valor 1 e sem o solo 0. Ao somarmos os valores das células dentro da vizinhança temos o número de células com o tipo de solo. Por fim, transformamos valores maior que 0 em 1 para classificarmos o *raster* como presença ou ausência do tipo de solo na vizinhança da célula focal.

```
# Função para mudar o valor da propriedade do polígono para 1
def set_feature(feature):
               return feature.set("cod simbol", 1)
# Função para filtrar o polígono por tipo de solo,
# transformar em raster e retornar um raster de presença
# e ausência do solo na vizinhança
def soil_presence(code):
    # Filtra o tipo de solo e atribui valor 1 (para rasterizar)
    type = (soil.filter(ee.Filter.eq("cod_simbol", code))
           .map(set_feature))
    # Transforma o polígono em raster
    soil_rast = type.reduceToImage(**{
                        'properties': ["cod_simbol"],
                        'reducer': ee.Reducer.first()
                      })
    # Converte o raster para a escala do modelo digital de elevação
    soil_raster = (soil_rast
                  .reproject(**{'crs': "EPSG:4326",
                                  'scale': escala}))
    radius_pixels = 15
    # Conte o número de células na vizinhança que possuem o tipo de solo selecionado
    soil_count = (soil_raster.neighborhoodToBands(ee.Kernel.circle(radius_pixels))
                 .reduce(ee.Reducer.count()))
    # Tranforme os valore maiores que 0 em 1, indicando a presença
    #ou ausência do tipo de solo na vizinhança
    soil_diversity = soil_count.where(soil_count.gt(0), 1)
    return soil_diversity
```

```
# Importando mapa de biomas do IBGE para extrair as coordenadas mínimas e máximas do Brasi
bioma = ee.FeatureCollection("projects/ee-lucasljardim9/assets/Biome")

def func_cmp(feature):
    return feature.bounds()

# Extraindo as coordenadas mínimas e máximas do Brasil
bioma_box = bioma.map(func_cmp).geometry().dissolve(**{'maxError': 1}).bounds()

# Extraindo a resolução do mapa
DEM = ee.Image("MERIT/DEM/v1_0_3")

escala = DEM.projection().nominalScale()
```

Nós importamos os polígonos de solo do IBGE e filtramos a coluna com o tipo de solo ("cod_simbol"), e criamos uma lista com os nomes dos tipos de solo, eliminando os polígonos que não tinham nomes.

Depois, aplicamos a função que criamos anteriormente para cada nome de solo e transformamos em bandas de uma imagem. Ao somarmos os valores de cada célula nas bandas calculamos o número de tipos de solo presentes na vizinhança de cada célula focal, a diversidade de solos.

.toDouble())

```
# Exporte o raster de diversidade de solo
assetId = "projects/ee-lucasljardim9/assets/soil_diversity"

geemap.ee_export_image_to_asset(
    soil_diversity, description='soil_diversity', assetId=assetId, region=bioma_box, scale
)
```