

Report - Projeto SDM

Salu Coêlho da Silva

2024-11-08

Projeto final para disciplina ‘O nicho ecológico e a distribuição geográfica’

Neste projeto são elaborados Modelos de Distribuição de Espécies (MDE) para peixes do gênero *Anablepsoides* (Cryprinodontiformes: Rivulidae) na Amazônia brasileira.

Anablepsoides são pequenos peixes rivulídeos não anuais, fortemente associados a florestas tropicais úmidas, com distribuição majoritária na Amazônia. Das aproximadamente 50 espécies válidas, apenas três não ocorrem nesse bioma. A grande maioria dessas espécies possui poucos dados de ocorrência disponíveis, sendo muitas delas recentemente descritas.



Este grupo se distribui em pequenos córregos, alagados ou poças, podendo até sair da água e se deslocar entre diferentes corpos d'água, realizando saltos no ambiente terrestre, em busca de novas áreas para reprodução ou recursos alimentares. Por isso, é considerado um grupo de peixes anfíbios. Assim, as espécies de *Anablepsoides* não são encontradas exclusivamente próximas a grandes rios, habitando diversos tipos de corpos d'água disponíveis. Até o momento, não foi identificado um padrão claro de distribuição que defina a presença desses peixes dentro das florestas tropicais.

Dessa forma, este estudo tem como objetivo **avaliar a distribuição de *Anablepsoides* por meio de Modelos de Distribuição de Espécies (MDE) na Amazônia brasileira, buscando identificar a área de distribuição do gênero e os principais fatores bioclimáticos que a explicam.**

Hipóteses:

- **H1:** Fatores bioclimáticos específicos limitam a distribuição das espécies do gênero *Anablepsoides* dentro da Amazônia, indicando que apenas determinadas áreas do bioma são adequadas para sua presença.

1. Preparação de dados

Pacotes utilizados para modelagem

```
# funcao para instalar pacotes se ainda não estão instalados
install_pack <- function(x){
  new.packages <- x[!(x %in% installed.packages()[,"Package"])]
  if(length(new.packages)) install.packages(new.packages)
}

pacotes <- c(
  "tidyverse",
  "rnatualearth",
  "rnatualearthdata",
  "ngeo",
  "sf",
  "tmap",
  "spocc",
  "CoordinateCleaner",
  "spThin",
  "mapview",
  "mapedit",
  "raster",
  "viridis",
  "usdm",
  "ENMTools",
  "geodata",
  "ade4",
  "robis",
  "here",
  "sdmpredictors",
  "geobr", #Official Spatial Data Sets of Brazil
  "tools",
  "sp",
  "biomod2",
  "janitor",
  "tidyterra",
  "pROC"
)

install_pack(pacotes)

for(i in pacotes){
  eval(bquote(library(. (i))))
}
```

```

## -- Attaching core tidyverse packages ----- tidyverse 2.0.0 --
## v dplyr      1.1.4      v readr      2.1.5
## v forcats    1.0.0      v stringr   1.5.1
## v ggplot2     3.5.1      v tibble    3.2.1
## v lubridate  1.9.3      v tidyr     1.3.1
## v purrr      1.0.2
## -- Conflicts ----- tidyverse_conflicts() --
## x dplyr::filter() masks stats::filter()
## x dplyr::lag()     masks stats::lag()
## i Use the conflicted package (<http://conflicted.r-lib.org/>) to force all conflicts to become errors
##
## Anexando pacote: 'rnatualearthdata'
##
##
## O seguinte objeto é mascarado por 'package:rnatualearth':
##
##      countries110
##
## Carregando pacotes exigidos: sf
##
## Linking to GEOS 3.12.1, GDAL 3.8.4, PROJ 9.3.1; sf_use_s2() is TRUE
##
## Breaking News: tmap 3.x is retiring. Please test v4, e.g. with
## remotes::install_github('r-tmap/tmap')
##
## Carregando pacotes exigidos: spam
##
## Spam version 2.11-0 (2024-10-03) is loaded.
## Type 'help( Spam)' or 'demo( spam)' for a short introduction
## and overview of this package.
## Help for individual functions is also obtained by adding the
## suffix '.spam' to the function name, e.g. 'help( chol.spam)'.
##
##
## Anexando pacote: 'spam'
##
##
## Os seguintes objetos são mascarados por 'package:base':
##
##      backsolve, forwardsolve
##
##
## Carregando pacotes exigidos: grid
##
## Carregando pacotes exigidos: fields
##
## Carregando pacotes exigidos: viridisLite
##
##
## Try help(fields) to get started.
##
## Carregando pacotes exigidos: knitr
##

```

```

## Carregando pacotes exigidos: sp
##
##
## Anexando pacote: 'raster'
##
##
## O seguinte objeto é mascarado por 'package:dplyr':
##
##   select
##
##
## Carregando pacotes exigidos: terra
##
## terra 1.7.83
##
##
## Anexando pacote: 'terra'
##
##
## O seguinte objeto é mascarado por 'package:knitr':
##
##   spin
##
##
## O seguinte objeto é mascarado por 'package:fields':
##
##   describe
##
##
## O seguinte objeto é mascarado por 'package:grid':
##
##   depth
##
##
## O seguinte objeto é mascarado por 'package:tidyr':
##
##   extract
##
##
## Carregando pacotes exigidos: dismo
##
##
## Anexando pacote: 'geodata'
##
##
## O seguinte objeto é mascarado por 'package:fields':
##
##   world
##
##
## Anexando pacote: 'robis'
##
##

```

```

## O seguinte objeto é mascarado por 'package:terra':
##
##     area
##
##
## O seguinte objeto é mascarado por 'package:raster':
##
##     area
##
##
## here() starts at C:/Users/Salu Coêlho/Documents/UFRN/LISE/Doutorado/Disciplinas/nicho_ecologico/salu

## Warning: pacote 'geobr' foi compilado no R versão 4.4.2

## biomod2 4.2-5-2 loaded.
## /!\ New set up for modeling options. We apologize for the trouble ^[*.*]^
## Carregando pacotes exigidos: nnet
## Carregando pacotes exigidos: rpart
## Carregando pacotes exigidos: mda

## Warning in library(package, lib.loc = lib.loc, character.only = TRUE,
## logical.return = TRUE, : não há nenhum pacote chamado 'mda'

## Carregando pacotes exigidos: gam
## Carregando pacotes exigidos: splines
## Carregando pacotes exigidos: foreach
##
## Anexando pacote: 'foreach'
##
## Os seguintes objetos são mascarados por 'package:purrr':
##
##     accumulate, when
##
## Loaded gam 1.22-5
##
## Carregando pacotes exigidos: mgcv
## Carregando pacotes exigidos: nlme
##
## Anexando pacote: 'nlme'
##
## O seguinte objeto é mascarado por 'package:usdm':
##
##     Variogram
##
## O seguinte objeto é mascarado por 'package:raster':
##
##     getData
##
## O seguinte objeto é mascarado por 'package:dplyr':
##
##     collapse
##
## This is mgcv 1.9-1. For overview type 'help("mgcv-package")'.

```

```

##
## Anexando pacote: 'mgcv'
##
## Os seguintes objetos são mascarados por 'package:gam':
##
##     gam, gam.control, gam.fit, s
##
## O seguinte objeto é mascarado por 'package:nnet':
##
##     multinom
##
## Carregando pacotes exigidos: gbm
## Loaded gbm 2.2.2
## This version of gbm is no longer under development. Consider transitioning to gbm3, https://github.com
## Carregando pacotes exigidos: earth

## Warning in library(package, lib.loc = lib.loc, character.only = TRUE,
## logical.return = TRUE, : não há nenhum pacote chamado 'earth'

## Carregando pacotes exigidos: maxnet
## Carregando pacotes exigidos: randomForest
## randomForest 4.7-1.2
## Type rfNews() to see new features/changes/bug fixes.
##
## Anexando pacote: 'randomForest'
##
## O seguinte objeto é mascarado por 'package:dplyr':
##
##     combine
##
## O seguinte objeto é mascarado por 'package:ggplot2':
##
##     margin
##
## Carregando pacotes exigidos: xgboost

## Warning in library(package, lib.loc = lib.loc, character.only = TRUE,
## logical.return = TRUE, : não há nenhum pacote chamado 'xgboost'

##
## Anexando pacote: 'janitor'
##
## O seguinte objeto é mascarado por 'package:terra':
##
##     crosstab
##
## O seguinte objeto é mascarado por 'package:raster':
##
##     crosstab
##
## Os seguintes objetos são mascarados por 'package:stats':
##
##     chisq.test, fisher.test

```

```
##
##
## Anexando pacote: 'tidyterra'
##
## O seguinte objeto é mascarado por 'package:raster':
##
##     select
##
## O seguinte objeto é mascarado por 'package:stats':
##
##     filter
##
## Type 'citation("pROC")' for a citation.
##
## Anexando pacote: 'pROC'
##
## Os seguintes objetos são mascarados por 'package:stats':
##
##     cov, smooth, var
```

```
sf::sf_use_s2(use_s2 = FALSE)
```

```
## Spherical geometry (s2) switched off
```

```
select <- dplyr::select
```

Organizando diretórios

```
dir.create("dados")
dir.create("dados/ocorrencias")
dir.create("dados/variaveis")
dir.create("dados/shapefiles")
```

1.1 Area de estudo

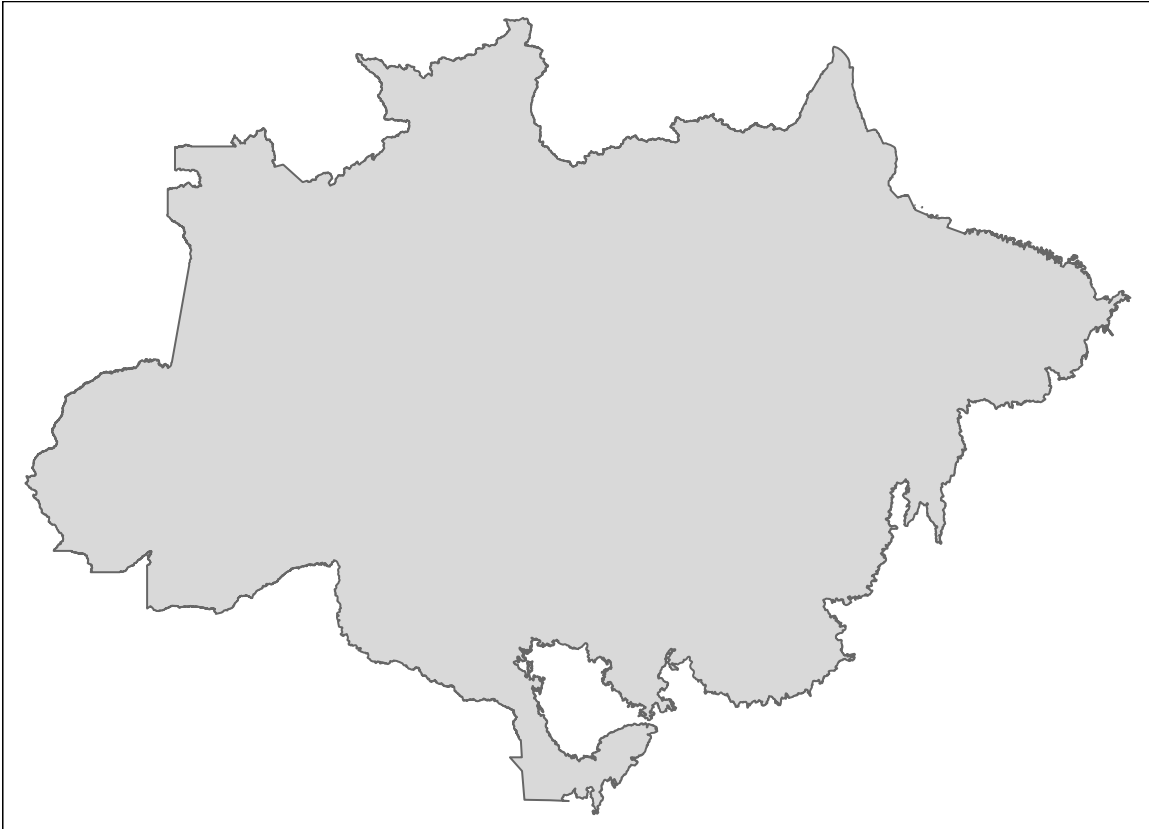
- O dado de delimitação espacial foi obtido através do pacote *geobr*, que utiliza dados de biomas diretamente do IBGE pela função *read_biomes()*.

```
biomas_br <- read_biomes()
```

```
## Using year/date 2019
```

```
amazonia <- subset(biomas_br, biomas_br$name_biome == "Amazônia")

#plot
tm_shape(amazonia) +
  tm_polygons()
```



1.2 Dados de ocorrências

- Pelas descrições de habitat do grupo de estudo e por ele ser amplamente distribuído no bioma. Foi escolhida a delimitação de todo bioma Amazônia dentro do Brasil.
- Os dados de ocorrências utilizados neste projeto foram obtidos através de um longo processo de consulta em acervos científicos, periódicos, amostragens e também do GBIF.
- *Esses dados fazem parte da pesquisa de doutorado e já estavam planilhados anteriormente.*

```
occ_data <- read.csv("./dados/ocorrencias/occ_anablepsoides.csv",
                    header = T,
                    sep = ";", encoding = "UTF-8")

occ_data <- occ_data %>%
  rename(
    sp = Espécie,
    latitude = Latitude,
    longitude = Longitude,
    lote = Lote
  ) %>%
  mutate(longitude = as.numeric(longitude),
         latitude = as.numeric(latitude))
```



```

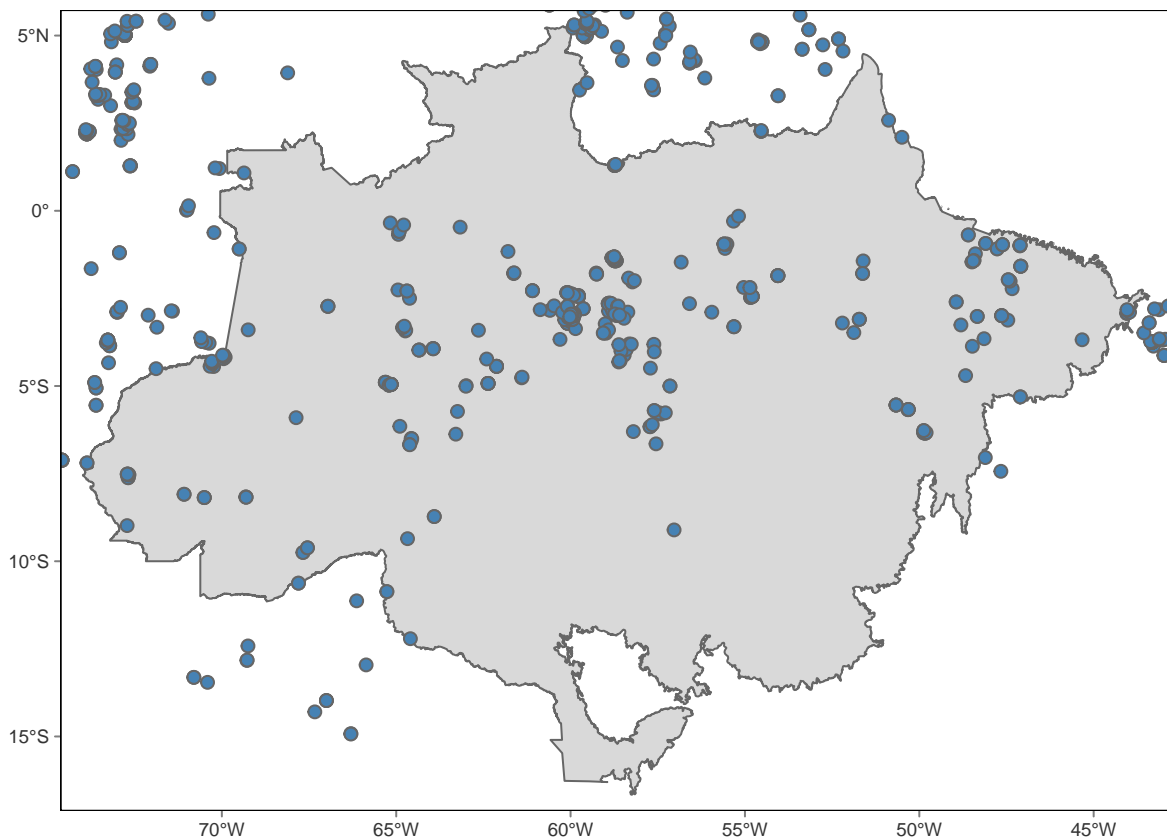
# Remover NAs
occ_data <- occ_data %>%
  drop_na(longitude, latitude)

occ_data_vector <- st_as_sf(occ_data, coords = c("longitude", "latitude"), crs = 4326)

occ_data_vector <- occ_data %>%
  tidyr::drop_na(longitude, latitude) %>%
  dplyr::mutate(lon = longitude, lat = latitude) %>%
  sf::st_as_sf(coords = c("lon", "lat"), crs = 4326)

#visualizar
# map
tm_shape(amazonia) +
  tm_polygons() +
  tm_shape(occ_data_vector) +
  tm_dots(size = .2, shape = 21, col = "steelblue") +
  tm_graticules(lines = FALSE) +
  tm_view(bbox = c(xmin = -74, xmax = -34, ymin = -33, ymax = 5))

```



1.3 Filtragem

- A filtragem foi de grande importância, pois, como os dados foram compilados a partir de coleções científicas e amostragens de campo, frequentemente são catalogados inúmeros espécimes ou lotes de indivíduos para uma mesma localidade. O processo de remoção de dados duplicados foi essencial.

- A filtragem por distância espacial também resultou em uma redução significativa dos dados, sendo crucial para evitar o enviesamento dos modelos. Foi definida uma distância mínima de 50 km entre cada ocorrência.

Limite espacial -Aqui foram removidas as ocorrências de outros biomas (cerrado, amazônia e caatinga) e fora dos limites do brasil.

```
# crop to limit
st_crs(amazonia) <- 4326
occ_data_sptlim <- st_intersection(occ_data_vector, amazonia)
```

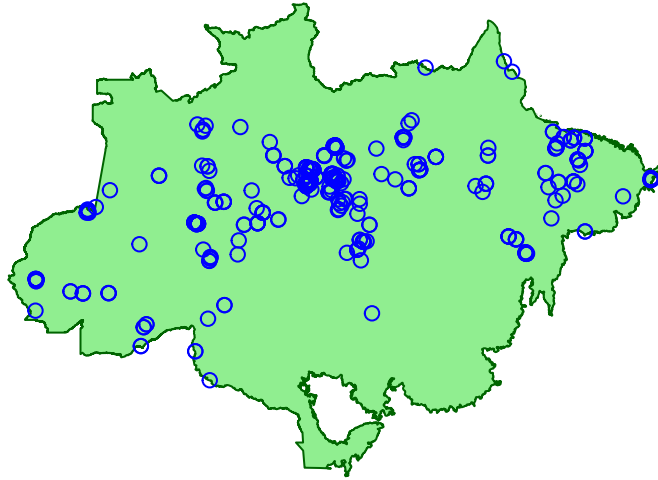
```
## although coordinates are longitude/latitude, st_intersection assumes that they
## are planar
```

```
occ_data_sptlim
```

```
## Simple feature collection with 357 features and 7 fields
## Geometry type: POINT
## Dimension: XY
## Bounding box: xmin: -72.71667 ymin: -12.21028 xmax: -43.9705 ymax: 2.584111
## Geodetic CRS: WGS 84
## First 10 features:
##           lote           sp latitude longitude
## 16          UFRN 4729    Anablepsoides sp. -0.931861 -48.09692
## 17          UFRN 5002    Anablepsoides sp. -0.931861 -48.09692
## 18          UFRN 5768    Anablepsoides sp.  2.584111 -50.88047
## 19    MPEG.ICT 027856 Anablepsoides urophthalmus -5.000000 -57.15000
## 20    \tMPEG.ICT 023420 Anablepsoides urophthalmus -1.788889 -51.62556
## 21    MPEG.ICT 027950 Anablepsoides urophthalmus -5.700000 -57.60000
## 22    \tMPEG.ICT 036343 Anablepsoides urophthalmus -6.336389 -49.87278
## 23    MPEG.ICT 030519 Anablepsoides urophthalmus -2.601389 -48.94194
## 24    FLMNH Ichthyology 189590 Anablepsoides urophthalmus -1.851167 -54.05544
## 25 FLMNH Ichthyology \t188903 Anablepsoides urophthalmus -1.851167 -54.05544
##   name_biome code_biome year           geometry
## 16  Amazônia          1 2019 POINT (-48.09692 -0.931861)
## 17  Amazônia          1 2019 POINT (-48.09692 -0.931861)
## 18  Amazônia          1 2019 POINT (-50.88047 2.584111)
## 19  Amazônia          1 2019 POINT (-57.15 -5)
## 20  Amazônia          1 2019 POINT (-51.62556 -1.788889)
## 21  Amazônia          1 2019 POINT (-57.6 -5.7)
## 22  Amazônia          1 2019 POINT (-49.87278 -6.336389)
## 23  Amazônia          1 2019 POINT (-48.94194 -2.601389)
## 24  Amazônia          1 2019 POINT (-54.05544 -1.851167)
## 25  Amazônia          1 2019 POINT (-54.05544 -1.851167)
```

```
occ_data_sptlim <- occ_data_sptlim %>%
  dplyr::select(names(occ_data_vector))
```

```
#map
plot(st_geometry(amazonia), col = "lightgreen", border = "darkgreen") +
plot(st_geometry(occ_data_sptlim), col = "blue", add = TRUE)
```



```
## integer(0)
```

-Observa-se que muitas ocorrências são sobrepostas e agrupadas em determinados locais, logo, precisam ser triadas

Viés -Aqui foram removidas as ocorrências duplicadas, com lat e long iguais e localizadas no mar.

```
# flag data

occ_data_sptlim_bias <- CoordinateCleaner::clean_coordinates(
  x = sf::st_drop_geometry(occ_data_sptlim),
  species = "sp",
  lon = "longitude",
  lat = "latitude",
  outliers_mtp = 2,
  value = "clean",
  tests = c("duplicates",
            "equal",
            "seas",
            "zeros"
  )) %>%
  tibble::as_tibble() %>%
  dplyr::mutate(lon = longitude, lat = latitude) %>%
  sf::st_as_sf(coords = c("lon", "lat"), crs = 4326)
```

```

## Testing coordinate validity

## Flagged 0 records.

## Testing equal lat/lon

## Flagged 0 records.

## Testing zero coordinates

## Flagged 0 records.

## Testing sea coordinates

## Reading layer `ne_50m_land' from data source
##   `C:\Users\Salu Coêlho\AppData\Local\Temp\RtmpIbSxTU\ne_50m_land.shp'
##   using driver `ESRI Shapefile'
## Simple feature collection with 1420 features and 3 fields
## Geometry type: MULTIPOLYGON
## Dimension:      XY
## Bounding box:   xmin: -180 ymin: -89.99893 xmax: 180 ymax: 83.59961
## Geodetic CRS:   WGS 84

## Flagged 4 records.

## Testing duplicates

## Flagged 65 records.

## Flagged 69 of 357 records, EQ = 0.19.

```

```
occ_data_sptlim_bias
```

```

## Simple feature collection with 288 features and 4 fields
## Geometry type: POINT
## Dimension:      XY
## Bounding box:   xmin: -72.71667 ymin: -12.21028 xmax: -43.9705 ymax: 2.584111
## Geodetic CRS:   WGS 84
## # A tibble: 288 x 5
##   lote                sp latitude longitude      geometry
## * <chr>             <chr>   <dbl>   <dbl>      <POINT [°]>
## 1 "UFRN 4729"        Anab~  -0.932  -48.1 (-48.09692 -0.931861)
## 2 "UFRN 5768"        Anab~   2.58  -50.9 (-50.88047 2.584111)
## 3 "MPEG.ICT 027856"   Anab~  -5      -57.2  (-57.15 -5)
## 4 "\tMPEG.ICT 023420" Anab~  -1.79  -51.6 (-51.62556 -1.788889)
## 5 "MPEG.ICT 027950"   Anab~  -5.7    -57.6  (-57.6 -5.7)
## 6 "\tMPEG.ICT 036343" Anab~  -6.34  -49.9 (-49.87278 -6.336389)
## 7 "MPEG.ICT 030519"   Anab~  -2.60  -48.9 (-48.94194 -2.601389)
## 8 "FLMNH Ichthyology 189590" Anab~  -1.85  -54.1 (-54.05544 -1.851167)
## 9 "MPEG.ICT 028548"   Anab~  -5.79  -57.4  (-57.45 -5.79)
## 10 "\tMPEG.ICT 036345" Anab~  -6.27  -49.9 (-49.87194 -6.270833)
## # i 278 more rows

```

```

# filtro de distância espacial

occ_data_sptlim_bias <- occ_data_sptlim_bias

occ_data_sptlim_bias <- occ_data_sptlim_bias %>%
  mutate(genero = "anablepsoides")

filter_thin <- spThin::thin(loc.data = occ_data_sptlim_bias,
  lat.col = "latitude",
  long.col = "longitude",
  spec.col = "genero",
  thin.par = 50,
  reps = 1,
  write.files = FALSE,
  write.log.file = FALSE,
  locs.thinned.list.return = TRUE,
  verbose = TRUE) %>%

.[[1]] %>%
  tibble::as_tibble() %>%
  dplyr::rename_with(tolower) %>%
  dplyr::mutate(sptdist_filter = TRUE)

```

```

## *****
## Beginning Spatial Thinning.
## Script Started at: Sat Nov 16 02:56:53 2024
## lat.long.thin.count
## 86
## 1
## [1] "Maximum number of records after thinning: 86"
## [1] "Number of data.frames with max records: 1"
## [1] "No files written for this run."

```

```
filter_thin
```

```

## # A tibble: 86 x 3
##   longitude latitude sptdist_filter
##   <dbl>     <dbl> <lgl>
## 1   -48.1   -0.932 TRUE
## 2   -50.9    2.58  TRUE
## 3   -57.2    -5    TRUE
## 4   -57.6   -5.7   TRUE
## 5   -49.8   -6.35  TRUE
## 6   -47.1   -1.58  TRUE
## 7   -47.1   -5.31  TRUE
## 8   -50.3   -5.67  TRUE
## 9   -52.2   -3.20  TRUE
## 10  -54.1   -1.85  TRUE
## # i 76 more rows

```

```

# join
occ_data_sptlim_bias_sptdist <- dplyr::left_join(
  x = occ_data_sptlim_bias,

```

```

y = filter_thin,
by = c("longitude", "latitude")) %>%
filter(sptdist_filter)
occ_data_sptlim_bias_sptdist

```

```

## Simple feature collection with 88 features and 6 fields
## Geometry type: POINT
## Dimension: XY
## Bounding box: xmin: -72.71667 ymin: -12.21028 xmax: -44.043 ymax: 2.584111
## Geodetic CRS: WGS 84
## # A tibble: 88 x 7
##   lote          sp latitude longitude geometry genero
## * <chr>      <chr>   <dbl>   <dbl>   <POINT [°]> <chr>
## 1 "UFRN 4729"  Anab~  -0.932  -48.1 (-48.09692 -0.931861) anablepso~
## 2 "UFRN 5768"  Anab~   2.58  -50.9 (-50.88047 2.584111) anablepso~
## 3 "MPEG.ICT 027856" Anab~  -5      -57.2 (-57.15 -5) anablepso~
## 4 "MPEG.ICT 027950" Anab~  -5.7    -57.6 (-57.6 -5.7) anablepso~
## 5 "\tMPEG.ICT 036346" Anab~  -6.35   -49.8 (-49.82944 -6.348056) anablepso~
## 6 "MPEG.ICT 018250" Anab~  -1.58   -47.1 (-47.09139 -1.581944) anablepso~
## 7 "\tMPEG.ICT 021072" Anab~  -5.31   -47.1 (-47.10222 -5.309167) anablepso~
## 8 "ZUEC-PIS \t9050" Anab~  -5.67   -50.3 (-50.31361 -5.668611) anablepso~
## 9 "GEA 6001"    Anab~  -3.20   -52.2 (-52.2064 -3.20333) anablepso~
## 10 "MCP-Peixes 000050~ Anab~  -1.85   -54.1 (-54.05544 -1.851167) anablepso~
## # i 78 more rows
## # i 1 more variable: sptdist_filter <lgl>

```

#Exportando os dados

```

occ_data_filter <- occ_data_sptlim_bias_sptdist

# vetor
occ_data_filter %>%
  sf::st_write("dados/ocorrencias/occ_anablep_data_filter_edit.shp" , delete_layer = TRUE)

```

```

## Deleting layer `occ_anablep_data_filter_edit' using driver `ESRI Shapefile'
## Writing layer `occ_anablep_data_filter_edit' to data source
## `dados/ocorrencias/occ_anablep_data_filter_edit.shp' using driver `ESRI Shapefile'
## Writing 88 features with 6 fields and geometry type Point.

```

```

# tabela
occ_data_filter %>%
  sf::st_drop_geometry() %>%
  readr::write_csv("dados/ocorrencias/occ_anablep_data_filter_edit.csv")

```

-----Organizando para rodar os modelos -----
Seleccionar occ

```

occ_sf <- st_read("./dados/ocorrencias/occ_anablep_data_filter_edit.shp")

```

```

## Reading layer `occ_anablep_data_filter_edit' from data source
## `C:\Users\Salu Coêlho\Documents\UFRN\LISE\Doutorado\Disciplinas\nicho_ecologico\salu_sdm_projeto_f
## using driver `ESRI Shapefile'

```

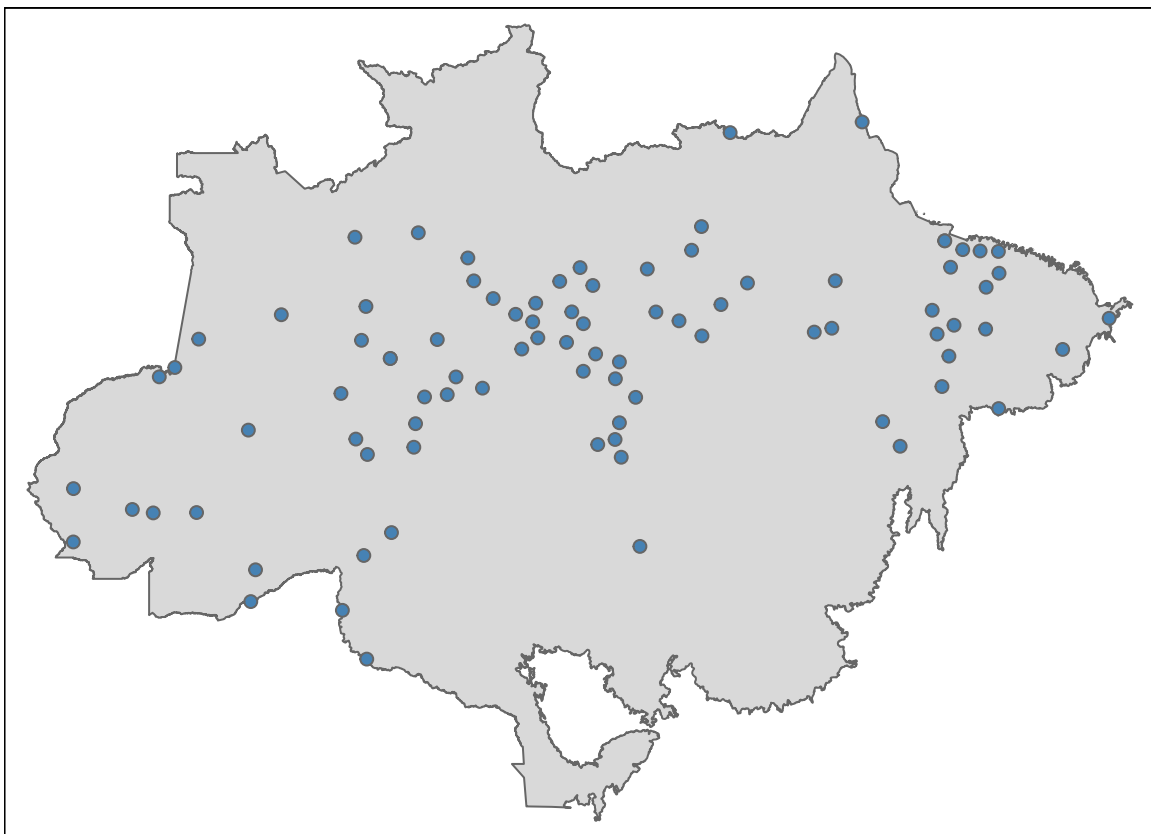
```
## Simple feature collection with 88 features and 6 fields
## Geometry type: POINT
## Dimension: XY
## Bounding box: xmin: -72.71667 ymin: -12.21028 xmax: -44.043 ymax: 2.584111
## Geodetic CRS: WGS 84
```

```
occ_data_ready <- as.data.frame(occ_sf) %>%
  select(sptdst_,longitd,latitud)

# extrair coordenadas
coordinates(occ_data_ready) <- ~longitd + latitud
```

- Após a filtragem dos dados a distribuição das ocorrências é seguinte:

```
# map
tm_shape(amazonia) +
  tm_polygons() +
  tm_shape(occ_data_sptlim_bias_sptdist) +
  tm_dots(size = .2, shape = 21, col = "steelblue")
```



1.3.1 Variáveis ambientais

-Os *Anablepsoides* são conhecidos por serem associados também a microhabitats, pensando nesse sentido, a resolução das variáveis baixadas foi de 5 arcmin. - Foram utilizadas variáveis bioclimáticas do World Clim e identificada a seguinte matrix de correlação:

```
# download variables
env <- worldclim_global("bio", res = 5,
                        path = "dados/variaveis")
```

```
# rename
names(env)
```

```
## [1] "wc2.1_5m_bio_1" "wc2.1_5m_bio_2" "wc2.1_5m_bio_3" "wc2.1_5m_bio_4"
## [5] "wc2.1_5m_bio_5" "wc2.1_5m_bio_6" "wc2.1_5m_bio_7" "wc2.1_5m_bio_8"
## [9] "wc2.1_5m_bio_9" "wc2.1_5m_bio_10" "wc2.1_5m_bio_11" "wc2.1_5m_bio_12"
## [13] "wc2.1_5m_bio_13" "wc2.1_5m_bio_14" "wc2.1_5m_bio_15" "wc2.1_5m_bio_16"
## [17] "wc2.1_5m_bio_17" "wc2.1_5m_bio_18" "wc2.1_5m_bio_19"
```

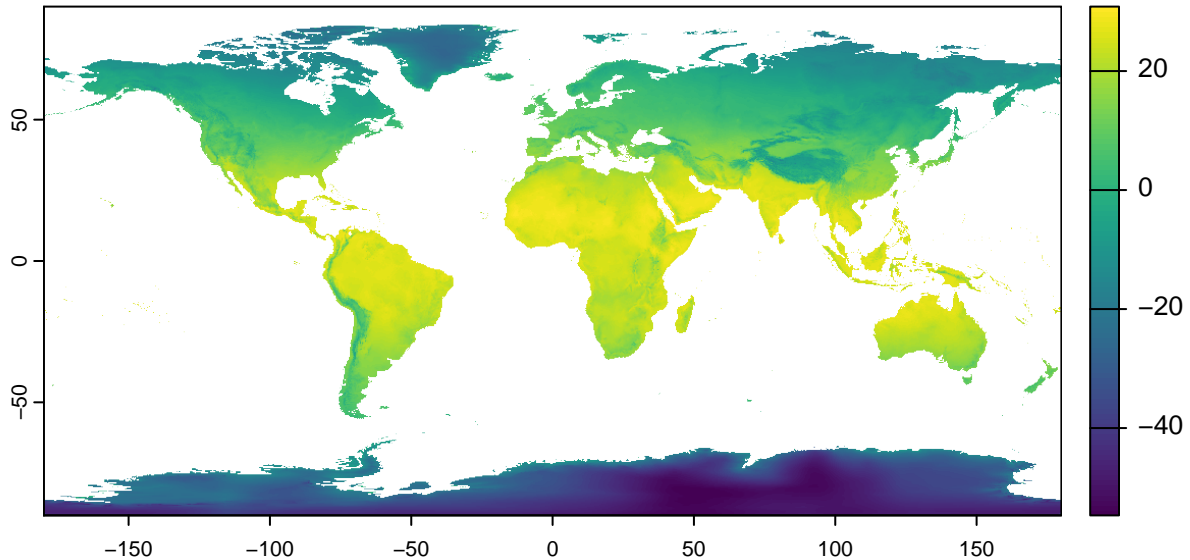
```
names(env) <- paste0("bio",1:19)
names(env)
```

```
## [1] "bio1" "bio2" "bio3" "bio4" "bio5" "bio6" "bio7" "bio8" "bio9"
## [10] "bio10" "bio11" "bio12" "bio13" "bio14" "bio15" "bio16" "bio17" "bio18"
## [19] "bio19"
```

```
env
```

```
## class      : SpatRaster
## dimensions  : 2160, 4320, 19  (nrow, ncol, nlyr)
## resolution  : 0.08333333, 0.08333333  (x, y)
## extent     : -180, 180, -90, 90  (xmin, xmax, ymin, ymax)
## coord. ref. : lon/lat WGS 84 (EPSG:4326)
## sources     : wc2.1_5m_bio_1.tif
##              wc2.1_5m_bio_2.tif
##              wc2.1_5m_bio_3.tif
##              ... and 16 more source(s)
## names       :      bio1,      bio2,      bio3,      bio4,      bio5,      bio6, ...
## min values  : -54.73946,  1.00000,   9.063088,   0.000, -29.700, -72.501, ...
## max values  :  31.05112, 21.73333, 100.000000, 2373.261,  48.265,  26.300, ...
```

```
# plot
plot(env$bio1)
```

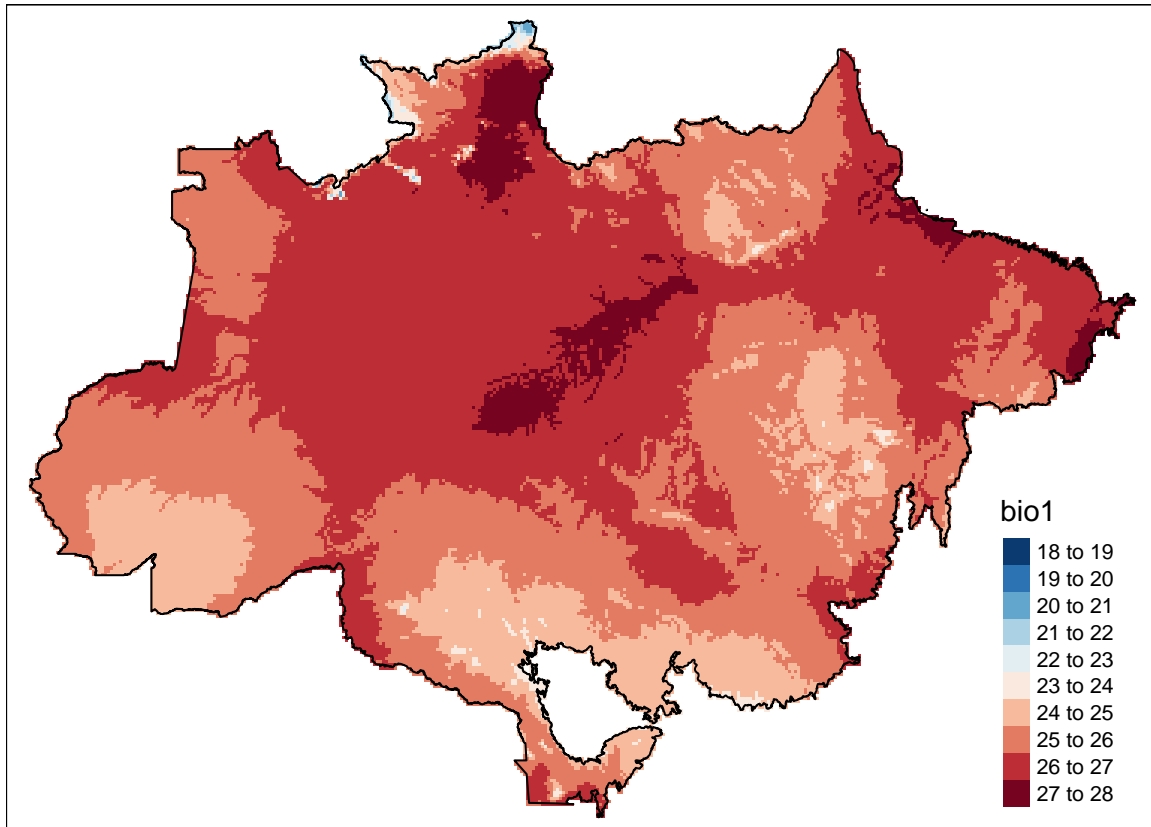
```
# adjust extent and resolution
env_amazon <- env %>%
  terra::crop(amazonia,mask = TRUE) #>%
  terra::aggregate(env_amazon, fact = .5/res(env)[1])
```

```
## class      : SpatRaster
## dimensions  : 44, 62, 19 (nrow, ncol, nlyr)
## resolution  : 0.5, 0.5 (x, y)
## extent     : -74, -43, -16.75, 5.25 (xmin, xmax, ymin, ymax)
## coord. ref. : lon/lat WGS 84 (EPSG:4326)
## source(s)   : memory
## names       : bio1, bio2, bio3, bio4, bio5, bio6, ...
## min values  : 21.73885, 7.260254, 65.44985, 24.20681, 27.60569, 13.08058, ...
## max values  : 27.74913, 14.373766, 90.97383, 172.61171, 36.11403, 22.86653, ...
```

```
env_amazon
```

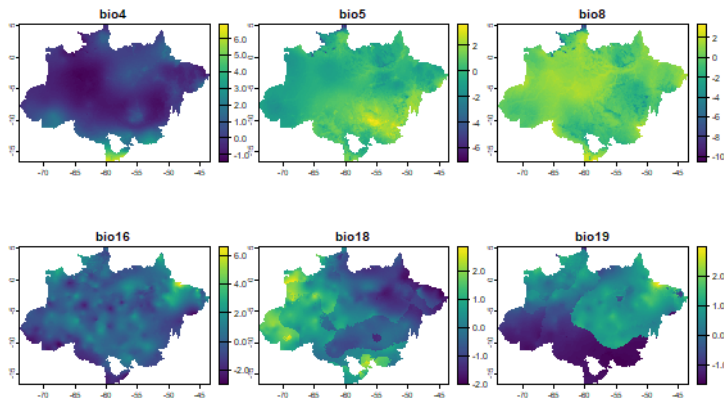
```
## class      : SpatRaster
## dimensions  : 263, 367, 19 (nrow, ncol, nlyr)
## resolution  : 0.08333333, 0.08333333 (x, y)
## extent     : -74, -43.41667, -16.66667, 5.25 (xmin, xmax, ymin, ymax)
## coord. ref. : lon/lat WGS 84 (EPSG:4326)
## source(s)   : memory
## names       : bio1, bio2, bio3, bio4, bio5, bio6, ...
## min values  : 18.63779, 6.64650, 64.72112, 22.32969, 24.561, 12.027, ...
## max values  : 27.97633, 14.91967, 92.56153, 189.06963, 36.538, 23.600, ...
```

```
# plot
tm_shape(env_amazon$bio1) +
  tm_raster(palette = "-RdBu", n = 10) +
  tm_shape(amazonia) +
  tm_borders(col = "black") +
  tm_layout(legend.position = c("right", "bottom"))
```



Colinearidade

- A filtragem por colinearidade foi realizada a partir de uma matriz de correlação de Pearson e testes para verificar o Fator de Inflação da Variância
- Restaram seis variáveis: 1. BIO4 = Temperature Seasonality 2. BIO5 = Max Temperature of Warmest Month 3. BIO8 = Mean Temperature of Wettest Quarter 4. BIO16 = Precipitation of Wettest Quarter 5. BIO18 = Precipitation of Warmest Quarter 6. BIO19 = Precipitation of Coldest Quarter



```
# correlation
ENMTools::raster.cor.matrix(
  env_amazon, method = "pearson")
```

```
##          bio1      bio2      bio3      bio4      bio5      bio6
## bio1  1.0000000 -0.6126927  0.3343736 -0.26927561  0.19287785  0.7875535
## bio2  -0.6126927  1.0000000 -0.6600437  0.39158635  0.52281575 -0.9408582
## bio3   0.3343736 -0.6600437  1.0000000 -0.40567919 -0.72653571  0.6922740
## bio4  -0.2692756  0.3915863 -0.4056792  1.00000000  0.13766783 -0.4695378
## bio5   0.1928778  0.5228157 -0.7265357  0.13766783  1.00000000 -0.3223405
## bio6   0.7875535 -0.9408582  0.6922740 -0.46953779 -0.32234049  1.0000000
## bio7  -0.5533735  0.9592179 -0.8410852  0.42992109  0.65352805 -0.9271603
## bio8   0.8883971 -0.4371494  0.2654363 -0.06551007  0.14207058  0.5717318
## bio9   0.8884479 -0.7543945  0.4086361 -0.41096070  0.08870623  0.8996855
## bio10  0.9674429 -0.5782222  0.2228993 -0.05512702  0.24141503  0.7311166
## bio11  0.9478931 -0.6710437  0.3932622 -0.54473998  0.13542136  0.8411883
## bio12  0.2672844 -0.4920626  0.5573079 -0.47278985 -0.39630149  0.4895946
## bio13  0.2090951 -0.3081301  0.2161366 -0.18735828 -0.04920890  0.3443163
## bio14  0.2968522 -0.5546841  0.7788539 -0.36432685 -0.57083988  0.5577794
## bio15 -0.2575812  0.5404190 -0.6762688  0.41458895  0.55802520 -0.5108781
## bio16  0.1901015 -0.2679708  0.1754653 -0.22932057 -0.02270932  0.3016830
## bio17  0.2905474 -0.5588170  0.7755791 -0.37894936 -0.57913037  0.5573564
## bio18 -0.1778210  0.1724176  0.2157724 -0.02487348 -0.32003857 -0.2129327
## bio19  0.4601742 -0.6041030  0.3653416 -0.34162843 -0.06634217  0.6721169
##          bio7      bio8      bio9      bio10      bio11      bio12
## bio1  -0.5533735  0.888397130  0.88844785  0.96744287  0.9478931  0.2672844
## bio2   0.9592179 -0.437149373 -0.75439454 -0.57822218 -0.6710437 -0.4920626
## bio3  -0.8410852  0.265436327  0.40863606  0.22289935  0.3932622  0.5573079
## bio4   0.4299211 -0.065510067 -0.41096070 -0.05512702 -0.5447400 -0.4727898
## bio5   0.6535281  0.142070580  0.08870623  0.24141503  0.1354214 -0.3963015
## bio6  -0.9271603  0.571731811  0.89968548  0.73111664  0.8411883  0.4895946
## bio7   1.0000000 -0.400915608 -0.68426221 -0.48903706 -0.6189996 -0.5483230
## bio8  -0.4009156  1.000000000  0.61852459  0.86678257  0.7666423  0.2394310
## bio9  -0.6842622  0.618524585  1.00000000  0.86104223  0.9226190  0.3236870
## bio10 -0.4890371  0.866782571  0.86104223  1.00000000  0.8654294  0.1398726
## bio11 -0.6189996  0.766642321  0.92261898  0.86542938  1.0000000  0.3537718
## bio12 -0.5483230  0.239430959  0.32368699  0.13987256  0.3537718  1.0000000
## bio13 -0.2947851  0.008631732  0.39066043  0.19876304  0.2565993  0.4719737
## bio14 -0.6719229  0.301405600  0.32120483  0.18285908  0.3406356  0.7848510
```

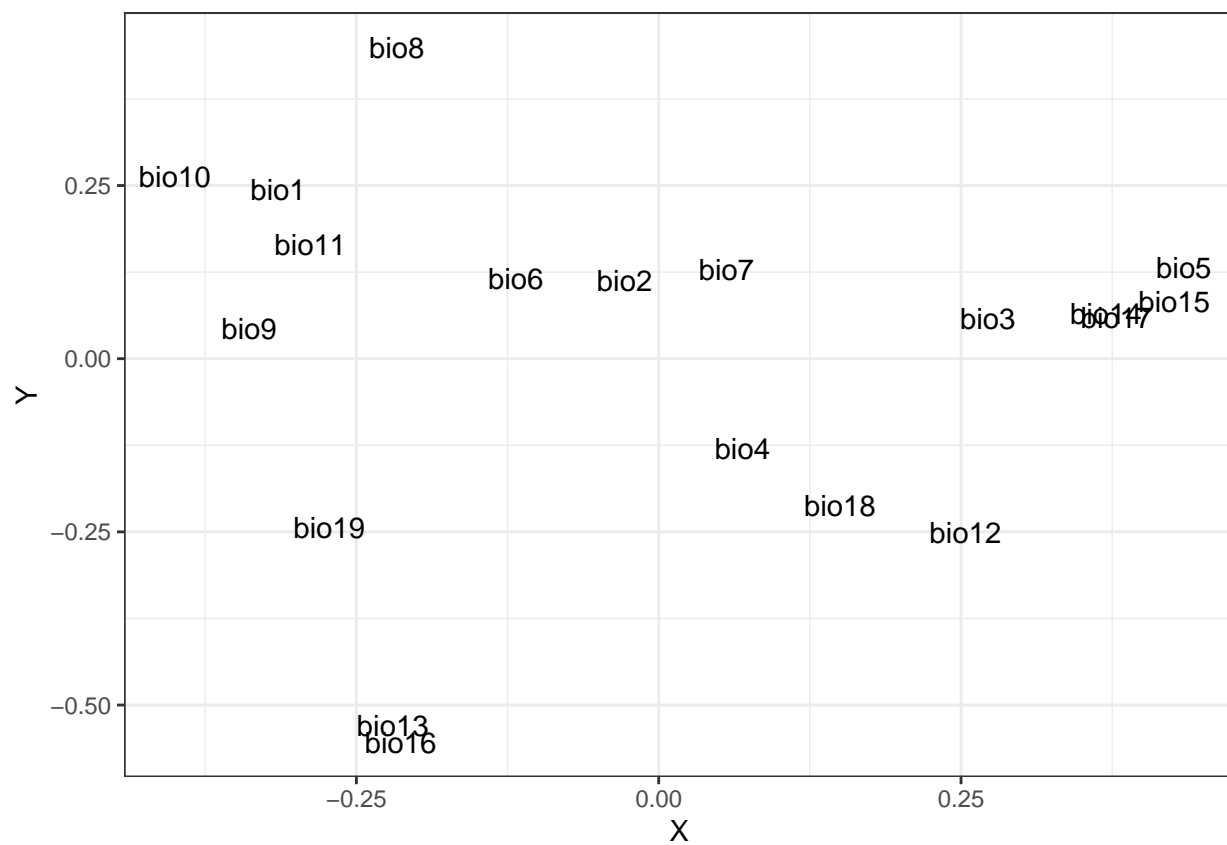
```

## bio15  0.6293495 -0.311199627 -0.24964088 -0.13182142 -0.3191321 -0.7554489
## bio16 -0.2502081  0.003980497  0.34811013  0.16193297  0.2476578  0.5576548
## bio17 -0.6748660  0.298067191  0.31426548  0.17323628  0.3393685  0.8044142
## bio18  0.0435886  0.115610462 -0.42429722 -0.27840047 -0.2070570  0.4437339
## bio19 -0.5636695  0.104070398  0.70212932  0.44993490  0.5375264  0.3138018
##          bio13      bio14      bio15      bio16      bio17      bio18
## bio1  0.209095070  0.2968522 -0.25758115  0.190101543  0.2905474 -0.17782095
## bio2 -0.308130107 -0.5546841  0.54041900 -0.267970790 -0.5588170  0.17241761
## bio3  0.216136619  0.7788539 -0.67626879  0.175465271  0.7755791  0.21577237
## bio4 -0.187358276 -0.3643269  0.41458895 -0.229320572 -0.3789494 -0.02487348
## bio5 -0.049208900 -0.5708399  0.55802520 -0.022709321 -0.5791304 -0.32003857
## bio6  0.344316259  0.5577794 -0.51087806  0.301683042  0.5573564 -0.21293269
## bio7 -0.294785128 -0.6719229  0.62934955 -0.250208134 -0.6748660  0.04358860
## bio8  0.008631732  0.3014056 -0.31119963  0.003980497  0.2980672  0.11561046
## bio9  0.390660427  0.3212048 -0.24964088  0.348110125  0.3142655 -0.42429722
## bio10 0.198763045  0.1828591 -0.13182142  0.161932966  0.1732363 -0.27840047
## bio11 0.256599266  0.3406356 -0.31913212  0.247657753  0.3393685 -0.20705701
## bio12 0.471973714  0.7848510 -0.75544890  0.557654818  0.8044142  0.44373386
## bio13 1.000000000  0.1118699  0.09750884  0.951294575  0.1084352 -0.28010228
## bio14 0.111869871  1.0000000 -0.91685807  0.118015253  0.9961635  0.47896843
## bio15 0.097508842 -0.9168581  1.00000000  0.061643318 -0.9343605 -0.56293868
## bio16 0.951294575  0.1180153  0.06164332  1.000000000  0.1209007 -0.18506650
## bio17 0.108435167  0.9961635 -0.93436055  0.120900716  1.0000000  0.49508546
## bio18 -0.280102280  0.4789684 -0.56293868 -0.185066496  0.4950855  1.00000000
## bio19 0.500212458  0.2733712 -0.14577037  0.468696648  0.2663351 -0.43631307
##          bio19
## bio1  0.46017416
## bio2 -0.60410302
## bio3  0.36534159
## bio4 -0.34162843
## bio5 -0.06634217
## bio6  0.67211693
## bio7 -0.56366947
## bio8  0.10407040
## bio9  0.70212932
## bio10 0.44993490
## bio11 0.53752643
## bio12 0.31380175
## bio13 0.50021246
## bio14 0.27337119
## bio15 -0.14577037
## bio16 0.46869665
## bio17 0.26633506
## bio18 -0.43631307
## bio19 1.00000000

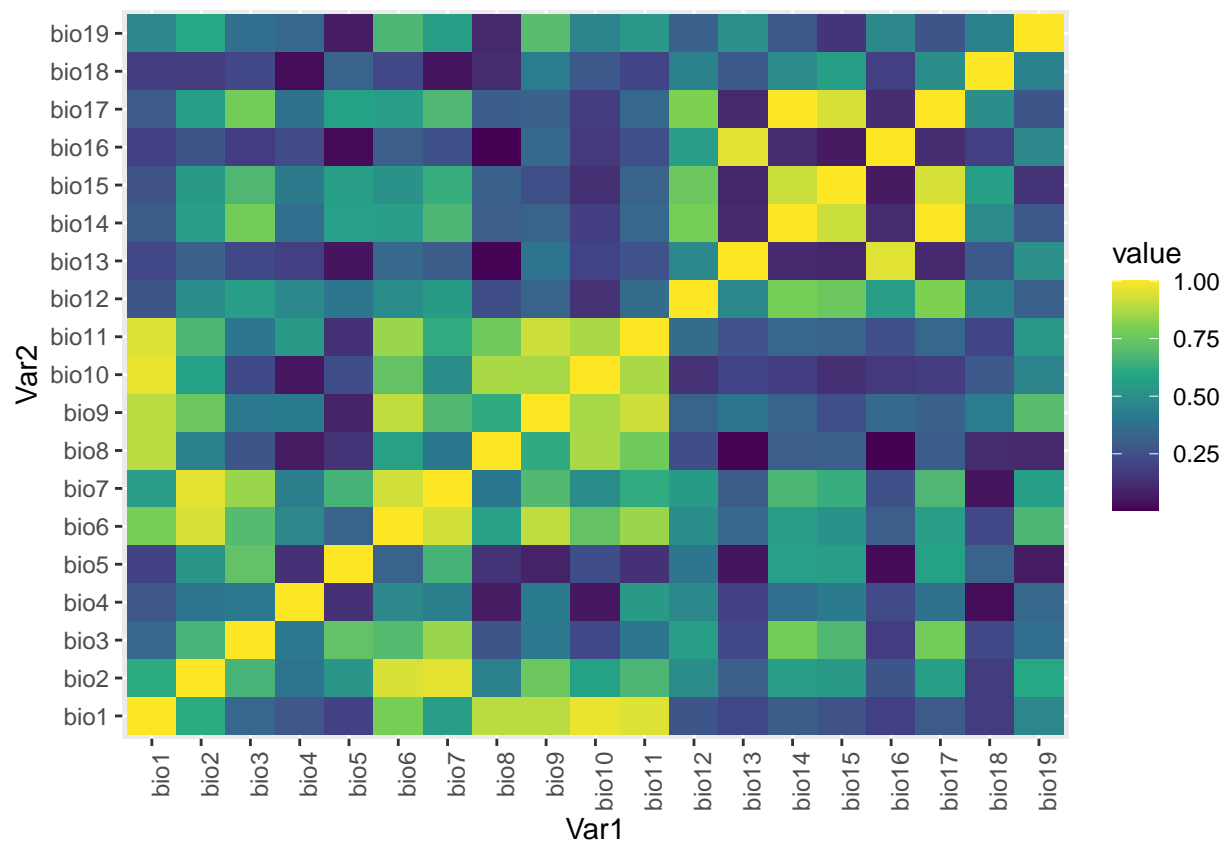
```

```
ENMTTools::raster.cor.plot(env_amazon)
```

```
## $cor.mds.plot
```

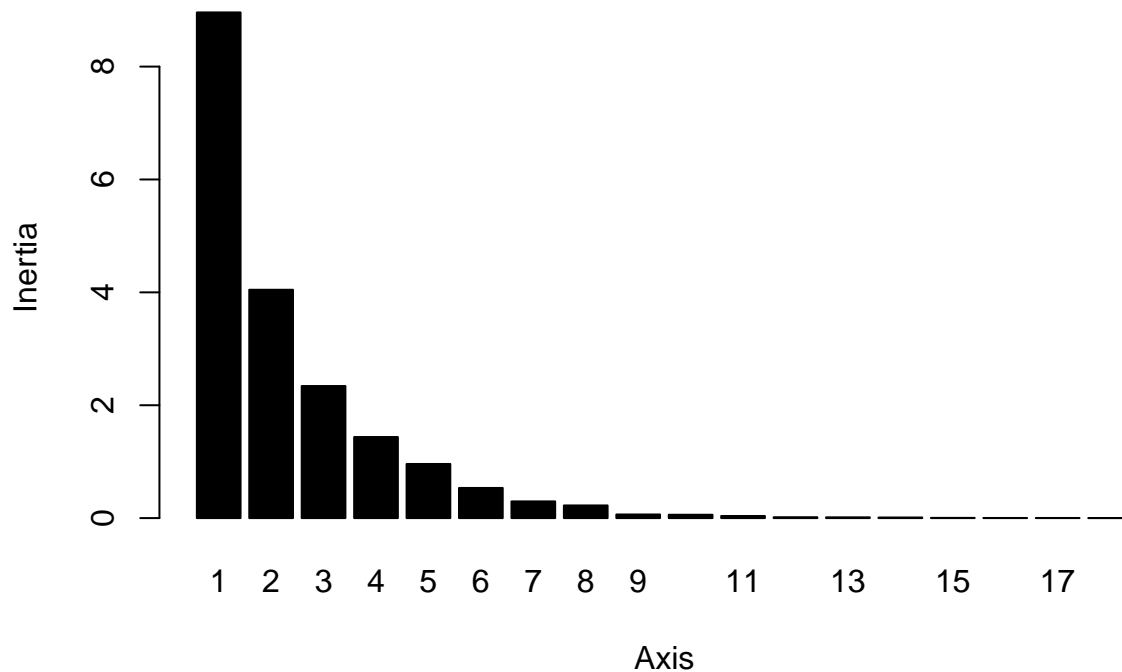


```
##
## $cor.heatmap
```



```
# pca
env_amazon_pca <- ade4::dudi.pca(env_amazon, center = TRUE,
                                scale = TRUE, scannf = FALSE,
                                nf = nlyr(env_amazon))
screeplot(env_amazon_pca, main = "Eigenvalues")
```

Eigenvalues



```
# vifstep

env_amazon_vifstep <- usdm::vifstep(env_amazon, th = 2)
env_amazon_vifstep

## 13 variables from the 19 input variables have collinearity problem:
##
## bio7 bio10 bio6 bio17 bio11 bio1 bio2 bio12 bio13 bio9 bio14 bio3 bio15
##
## After excluding the collinear variables, the linear correlation coefficients ranges between:
## min correlation ( bio16 ~ bio8 ): 0.001023384
## max correlation ( bio19 ~ bio16 ): 0.4577203
##
## ----- VIFs of the remained variables -----
##   Variables      VIF
## 1      bio4 1.176911
## 2      bio5 1.259060
## 3      bio8 1.119753
## 4     bio16 1.279884
## 5     bio18 1.626961
## 6     bio19 1.841311

# vifcor

env_amazon_vifcor <- usdm::vifcor(env_amazon, th = .7)
env_amazon_vifcor
```

```
## 11 variables from the 19 input variables have collinearity problem:
##
## bio17 bio10 bio7 bio16 bio11 bio6 bio15 bio1 bio12 bio3 bio9
##
## After excluding the collinear variables, the linear correlation coefficients ranges between:
## min correlation ( bio13 ~ bio8 ): 0.03052492
## max correlation ( bio19 ~ bio2 ): -0.6070026
##
## ----- VIFs of the remained variables -----
##   Variables      VIF
## 1      bio2 8.315392
## 2      bio4 1.439400
## 3      bio5 4.906563
## 4      bio8 3.375014
## 5     bio13 1.366002
## 6     bio14 3.442610
## 7     bio18 3.597904
## 8     bio19 3.016933
```

```
# select
env_amazon_vif <- usdm::exclude(env_amazon, env_amazon_vifstep)
env_amazon_vif
```

```
## class      : SpatRaster
## dimensions  : 263, 367, 6  (nrow, ncol, nlyr)
## resolution  : 0.08333333, 0.08333333  (x, y)
## extent      : -74, -43.41667, -16.66667, 5.25  (xmin, xmax, ymin, ymax)
## coord. ref. : lon/lat WGS 84 (EPSG:4326)
## source(s)   : memory
## names       :      bio4,      bio5,      bio8, bio16, bio18, bio19
## min values   : 22.32969, 24.561, 18.42067, 580, 36, 12
## max values   : 189.06963, 36.538, 27.91700, 1665, 920, 1665
```

```
env_amazon_cor <- usdm::exclude(env_amazon, env_amazon_vifcor)
env_amazon_cor
```

```
## class      : SpatRaster
## dimensions  : 263, 367, 8  (nrow, ncol, nlyr)
## resolution  : 0.08333333, 0.08333333  (x, y)
## extent      : -74, -43.41667, -16.66667, 5.25  (xmin, xmax, ymin, ymax)
## coord. ref. : lon/lat WGS 84 (EPSG:4326)
## source(s)   : memory
## names       :      bio2,      bio4,      bio5,      bio8, bio13, bio14, ...
## min values   : 6.64650, 22.32969, 24.561, 18.42067, 196, 0, ...
## max values   : 14.91967, 189.06963, 36.538, 27.91700, 596, 246, ...
```

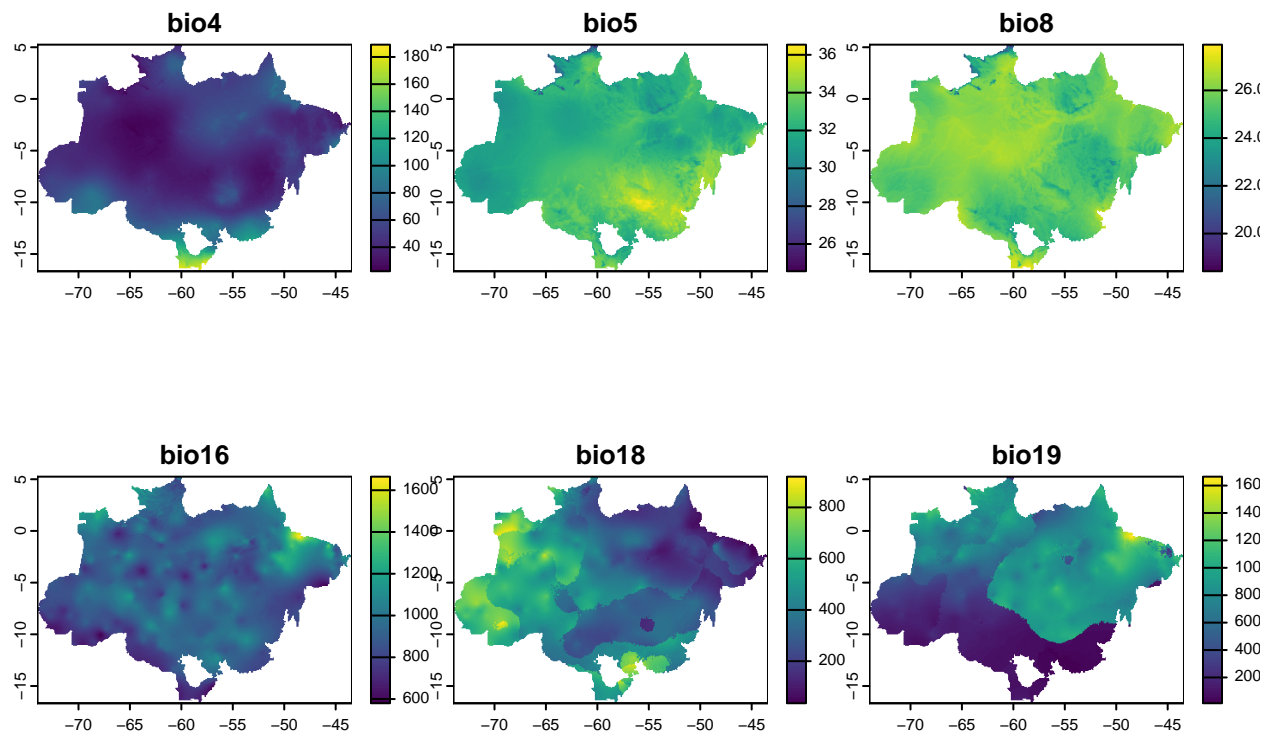
```
env_amazon_vif_scale <- terra::scale(env_amazon_vif)
env_amazon_vif_scale
```

```
## class      : SpatRaster
## dimensions  : 263, 367, 6  (nrow, ncol, nlyr)
## resolution  : 0.08333333, 0.08333333  (x, y)
```

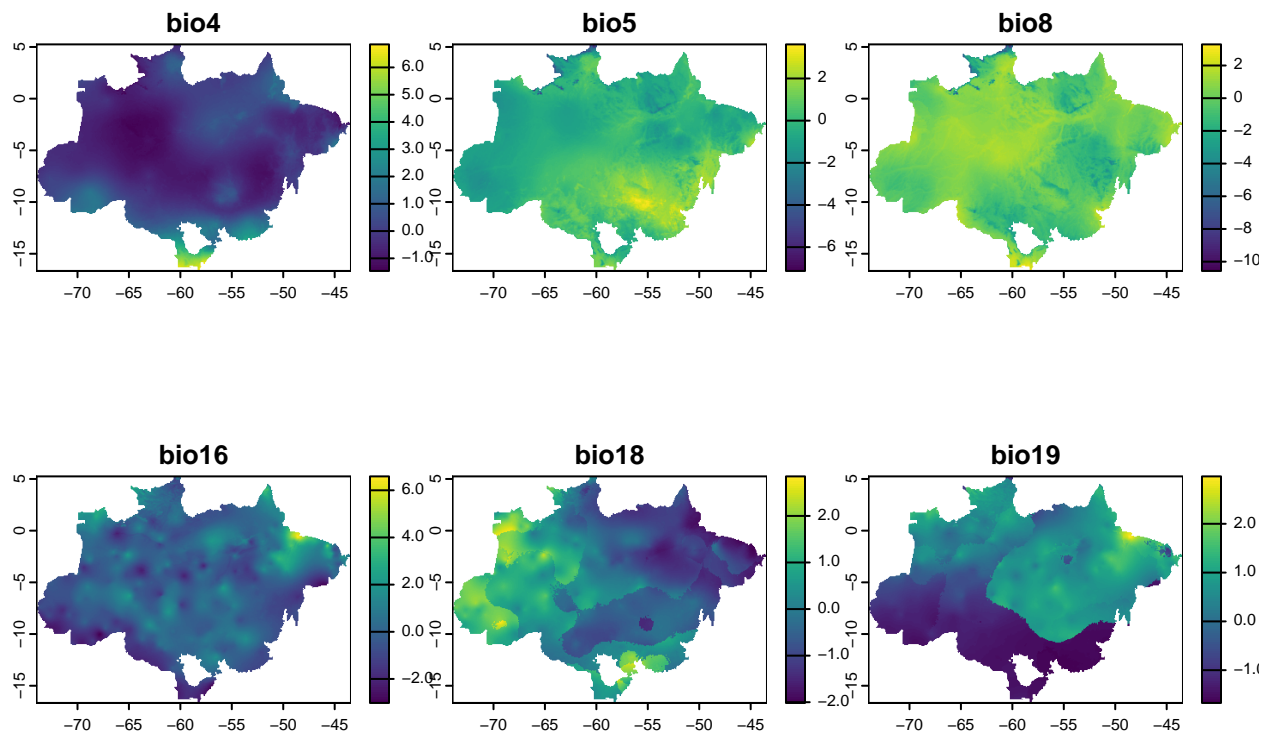


```
## extent      : -74, -43.41667, -16.66667, 5.25 (xmin, xmax, ymin, ymax)
## coord. ref. : lon/lat WGS 84 (EPSG:4326)
## source(s)   : memory
## names       :      bio4,      bio5,      bio8,      bio16,      bio18,      bio19
## min values  : -1.462503, -7.128849, -10.569205, -3.018644, -2.016321, -1.671972
## max values  :  6.844582,  3.618179,  3.292902,  6.591303,  2.849261,  2.972171
```

```
# plot
plot(env_amazon_vif, col = viridis::viridis(100))
```



```
plot(env_amazon_vif_scale, col = viridis::viridis(100))
```



```
#export
terra::writeRaster(x = env_amazon_vif_scale,
  filename = paste0("dados/variaveis/", names(env_amazon_vif_scale), ".tif"),
  overwrite = TRUE)
```

2. Construção dos modelos

-Aqui foram construídos os modelos através dos algoritmos 'GLM', 'GAM', 'ANN' e 'RF' com o pacote BIOMOD

```
# Escolha os algoritmos a ser usados
mds_algo <- c('GLM', 'GAM', "ANN", "RF")
# Número de repetições
n_rep <- 4 # Número de repetições que desejo (seleção aleatória de variáveis)

# Porcentagem de dados para amostra
data_sample <- 70

# Métrica de avaliação
eval_metric <- c("ROC", "TSS")

# Opções globais BIOMOD_EnsembleModeling

# Limite de inclusão do modelo
model_thresh <- c(0.5, 0.5)
```

```

biomod_data <- BIOMOD_FormatingData(
  resp.var = occ_data_ready,
  expl.var = env_amazon_vif_scale,
  resp.name = "anablepsoides_amazonicos",
  filter.raster = TRUE,
  PA.nb.rep = 3, # NUmber of batch pseudo absent (at least 3)
  PA.strategy = 'random',
  dir.name = "C:/Users/Salu Coêlho/Documents/UFRN/LISE/Doutorado/Disciplinas/nicho_ecologico"
)

```

```

##
## ===== anablepsoides_amazonicos Data Formating =====
##
##      ! Response variable name was converted into anablepsoides.amazonicos
##      !!! Some data are located in the same raster cell.
##      Only the first data in each cell will be kept as `filter.raster = TRUE`.
##
## Checking Pseudo-absence selection arguments...
##
##      > random pseudo absences selection
##      > Pseudo absences are selected in explanatory variables
##
##      ! No data has been set aside for modeling evaluation
## ===== Done =====

```

```

# Criar nosso modelo
biomod_model <- BIOMOD_Modeling(
  bm.format = biomod_data,
  models = mds_algo,
  CV.strategy = "random",      #crossvalidation
  CV.perc = 0.7,
  CV.nb.rep = 2,
  metric.eval = c('TSS','ROC')
)

```

```

##
## ===== Build Single Models =====
##
##
## Checking Models arguments...
##
##      > Automatic weights creation to rise a 0.5 prevalence
## Creating suitable Workdir...
##
##
## Checking Cross-Validation arguments...
##
##      > Random cross-validation selection
##
## ===== Build Modeling Options =====
##

```

```

## > GLM options (datatype: binary , package: stats , function: glm )...
## > GAM options (datatype: binary , package: mgcv , function: gam )...
## > ANN options (datatype: binary , package: nnet , function: nnet )...
## > RF options (datatype: binary , package: randomForest , function: randomForest )...
##
## ===== Done =====
##
##
##
## ===== anablepsoides.amazonicos Modeling Summary =====
##
## 6 environmental variables ( bio4 bio5 bio8 bio16 bio18 bio19 )
## Number of evaluation repetitions : 3.333333
## Models selected : GLM GAM ANN RF
##
## Total number of model runs: 40
##
## =====
##
##
## ===== anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN1_GLM
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ===== anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN1_GAM
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ===== anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN1_ANN
## # weights: 17
## initial value 363.105413
## iter 10 value 288.412569
## iter 20 value 281.092872
## iter 30 value 275.121999
## iter 40 value 268.498058
## iter 50 value 268.107244
## iter 60 value 267.942574
## iter 70 value 267.899902
## iter 80 value 267.740094
## iter 90 value 267.696671
## iter 100 value 267.668664
## final value 267.668664
## stopped after 100 iterations
##
## Model scaling...
## Evaluating Model stuff...
##
## ===== anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN1_RF
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ===== anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN2_GLM
##

```

```

## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN2_GAM
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN2_ANN
## # weights: 17
## initial value 360.463821
## iter 10 value 277.705561
## iter 20 value 266.227299
## iter 30 value 248.337767
## iter 40 value 246.440990
## iter 50 value 245.821798
## iter 60 value 245.732989
## iter 70 value 245.658430
## iter 80 value 245.117771
## iter 90 value 244.796290
## iter 100 value 244.660614
## final value 244.660614
## stopped after 100 iterations
##
## Model scaling...
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN2_RF
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA1_allRun_GLM
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA1_allRun_GAM
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA1_allRun_ANN
## # weights: 17
## initial value 531.724746
## iter 10 value 430.377725
## iter 20 value 415.946072
## iter 30 value 407.567839
## iter 40 value 404.405647
## iter 50 value 403.135777
## iter 60 value 402.476950
## iter 70 value 400.841281
## iter 80 value 400.552460
## iter 90 value 399.108819
## iter 100 value 398.769695
## final value 398.769695
## stopped after 100 iterations
##
## Model scaling...

```

```

## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA1_allRun_RF
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN1_GLM
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN1_GAM
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN1_ANN
## # weights: 17
## initial value 355.320215
## iter 10 value 301.012726
## iter 20 value 277.846294
## iter 30 value 270.682605
## iter 40 value 268.494444
## iter 50 value 267.471246
## iter 60 value 266.571081
## iter 70 value 266.489564
## iter 80 value 266.481813
## iter 90 value 266.205981
## iter 100 value 265.959407
## final value 265.959407
## stopped after 100 iterations
##
## Model scaling...
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN1_RF
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_GLM
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_GAM
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_ANN
## # weights: 17
## initial value 398.337364
## iter 10 value 309.502048
## iter 20 value 276.587423
## iter 30 value 267.517975
## iter 40 value 255.736024
## iter 50 value 254.744963
## iter 60 value 252.212553

```

```

## iter 70 value 248.499703
## iter 80 value 248.470581
## iter 90 value 248.464444
## final value 248.464196
## converged
##
## Model scaling...
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_RF
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA2_allRun_GLM
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA2_allRun_GAM
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA2_allRun_ANN
## # weights: 17
## initial value 528.008016
## iter 10 value 420.237181
## iter 20 value 400.513608
## iter 30 value 389.758403
## iter 40 value 386.358239
## iter 50 value 385.100145
## iter 60 value 381.232159
## iter 70 value 378.568190
## final value 378.564256
## converged
##
## Model scaling...
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA2_allRun_RF
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN1_GLM
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN1_GAM
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN1_ANN
## # weights: 17
## initial value 409.787065
## iter 10 value 307.142910
## iter 20 value 289.451103

```

```

## iter 30 value 283.012547
## iter 40 value 279.111050
## iter 50 value 275.387382
## iter 60 value 263.222922
## iter 70 value 250.883800
## iter 80 value 249.676979
## iter 90 value 249.084763
## iter 100 value 248.979487
## final value 248.979487
## stopped after 100 iterations
##
## Model scaling...
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN1_RF
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN2_GLM
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN2_GAM
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN2_ANN
## # weights: 17
## initial value 369.914411
## iter 10 value 288.054461
## iter 20 value 272.764595
## iter 30 value 257.688683
## iter 40 value 244.919894
## iter 50 value 242.476582
## iter 60 value 242.427105
## iter 70 value 242.267986
## iter 80 value 242.097635
## iter 90 value 242.027620
## iter 100 value 242.026124
## final value 242.026124
## stopped after 100 iterations
##
## Model scaling...
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN2_RF
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA3_allRun_GLM
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA3_allRun_GAM

```



```

##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA3_allRun_ANN
## # weights: 17
## initial value 591.145636
## iter 10 value 424.890871
## iter 20 value 405.471039
## iter 30 value 399.644830
## iter 40 value 397.551672
## iter 50 value 397.230653
## iter 60 value 396.342149
## iter 70 value 394.410375
## iter 80 value 394.299588
## iter 90 value 394.283259
## iter 100 value 394.261156
## final value 394.261156
## stopped after 100 iterations
##
## Model scaling...
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_PA3_allRun_RF
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_allData_allRun_GLM
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_allData_allRun_GAM
##
## Evaluating Model stuff...
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_allData_allRun_ANN
## # weights: 17
## initial value 421.796265
## final value 86.000000
## converged
##
## Model scaling...
## *** single value predicted
## ! Note : anablepsoides.amazonicos_allData_allRun_ANN failed!
##
##
## ----- anablepsoides.amazonicos_allData_allRun_RF
##
## Evaluating Model stuff...
## ----- Done -----

```

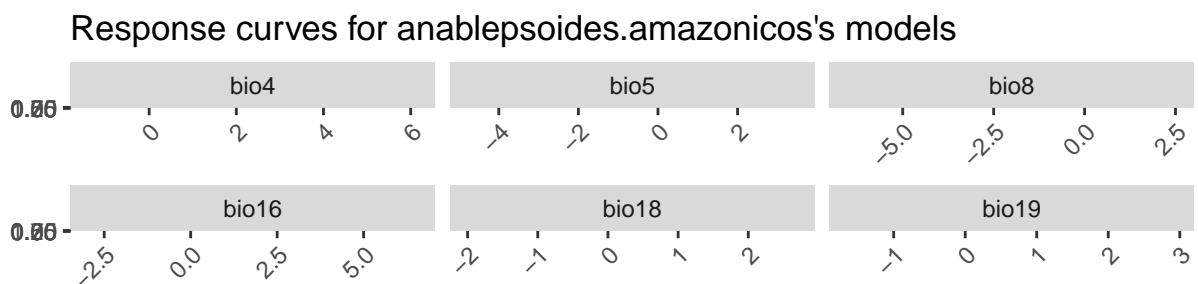
2.1 Curvas de resposta

```
# Plot response curve
```

```
env_window <- bm_PlotResponseCurves(
  biomod_model,
  fixed.var = 'mean',
)
```

```
## |
```

```
## No id variables; using all as measure variables
```



es.amazonicos_PA1_allRun_GLM	—	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_GLM	—	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_GLM
es.amazonicos_PA1_allRun_GAM	—	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_GAM	—	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_GAM
es.amazonicos_PA1_allRun_ANN	—	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_ANN	—	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_ANN
es.amazonicos_PA1_allRun_RF	—	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_RF	—	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_RF
es.amazonicos_PA2_RUN1_GLM	—	anablepsoides.amazonicos_PA2_allRun_GLM	—	anablepsoides.amazonicos_PA2_allRun_GLM
es.amazonicos_PA2_RUN1_GAM	—	anablepsoides.amazonicos_PA2_allRun_GAM	—	anablepsoides.amazonicos_PA2_allRun_GAM
es.amazonicos_PA2_RUN1_ANN	—	anablepsoides.amazonicos_PA2_allRun_ANN	—	anablepsoides.amazonicos_PA2_allRun_ANN
es.amazonicos_PA2_RUN1_RF	—	anablepsoides.amazonicos_PA2_allRun_RF	—	anablepsoides.amazonicos_PA2_allRun_RF

```
var_plot <-
  as.data.frame(env_window$tab) %>%
  filter(pred.val < 0.99 & pred.val > 0.1 # so os melhores) %>%
  group_by(expl.name, expl.val) %>%
  summarise_at(vars(pred.val),
    c(mean, sd),
    na.rm = T) %>%
  ggplot() +
  geom_ribbon(
    aes(
```

```

    x = expl.val,
    ymax = fn1+fn2,
    ymin = fn1-fn2
  ),
  fill = "grey"
) +
geom_line(
  aes(
    x = expl.val,
    y = fn1
  ),
  color = "black"
) +
theme_classic() +
labs(x = "Valores variavel explicativa",
     y = "Valores preditos") +
facet_wrap(~expl.name, scales = "free", ncol = 3)

```

3. Avaliações de modelo

```

# Avaliar o performance do modelo
biomod_model_evaluation <- get_evaluations(biomod_model)

# Mostrar resultados
print(biomod_model_evaluation)

```

##	full.name	PA	run	algo	metric.eval
## 1	anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN1_GLM	PA1	RUN1	GLM	TSS
## 2	anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN1_GLM	PA1	RUN1	GLM	ROC
## 3	anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN1_GAM	PA1	RUN1	GAM	TSS
## 4	anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN1_GAM	PA1	RUN1	GAM	ROC
## 5	anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN1_ANN	PA1	RUN1	ANN	TSS
## 6	anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN1_ANN	PA1	RUN1	ANN	ROC
## 7	anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN1_RF	PA1	RUN1	RF	TSS
## 8	anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN1_RF	PA1	RUN1	RF	ROC
## 9	anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN2_GLM	PA1	RUN2	GLM	TSS
## 10	anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN2_GLM	PA1	RUN2	GLM	ROC
## 11	anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN2_GAM	PA1	RUN2	GAM	TSS
## 12	anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN2_GAM	PA1	RUN2	GAM	ROC
## 13	anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN2_ANN	PA1	RUN2	ANN	TSS
## 14	anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN2_ANN	PA1	RUN2	ANN	ROC
## 15	anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN2_RF	PA1	RUN2	RF	TSS
## 16	anablepsoides.amazonicos_PA1_RUN2_RF	PA1	RUN2	RF	ROC
## 17	anablepsoides.amazonicos_PA1_allRun_GLM	PA1	allRun	GLM	TSS
## 18	anablepsoides.amazonicos_PA1_allRun_GLM	PA1	allRun	GLM	ROC
## 19	anablepsoides.amazonicos_PA1_allRun_GAM	PA1	allRun	GAM	TSS
## 20	anablepsoides.amazonicos_PA1_allRun_GAM	PA1	allRun	GAM	ROC
## 21	anablepsoides.amazonicos_PA1_allRun_ANN	PA1	allRun	ANN	TSS
## 22	anablepsoides.amazonicos_PA1_allRun_ANN	PA1	allRun	ANN	ROC
## 23	anablepsoides.amazonicos_PA1_allRun_RF	PA1	allRun	RF	TSS
## 24	anablepsoides.amazonicos_PA1_allRun_RF	PA1	allRun	RF	ROC

## 25	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN1_GLM	PA2	RUN1	GLM	TSS
## 26	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN1_GLM	PA2	RUN1	GLM	ROC
## 27	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN1_GAM	PA2	RUN1	GAM	TSS
## 28	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN1_GAM	PA2	RUN1	GAM	ROC
## 29	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN1_ANN	PA2	RUN1	ANN	TSS
## 30	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN1_ANN	PA2	RUN1	ANN	ROC
## 31	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN1_RF	PA2	RUN1	RF	TSS
## 32	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN1_RF	PA2	RUN1	RF	ROC
## 33	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_GLM	PA2	RUN2	GLM	TSS
## 34	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_GLM	PA2	RUN2	GLM	ROC
## 35	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_GAM	PA2	RUN2	GAM	TSS
## 36	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_GAM	PA2	RUN2	GAM	ROC
## 37	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_ANN	PA2	RUN2	ANN	TSS
## 38	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_ANN	PA2	RUN2	ANN	ROC
## 39	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_RF	PA2	RUN2	RF	TSS
## 40	anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_RF	PA2	RUN2	RF	ROC
## 41	anablepsoides.amazonicos_PA2_allRun_GLM	PA2	allRun	GLM	TSS
## 42	anablepsoides.amazonicos_PA2_allRun_GLM	PA2	allRun	GLM	ROC
## 43	anablepsoides.amazonicos_PA2_allRun_GAM	PA2	allRun	GAM	TSS
## 44	anablepsoides.amazonicos_PA2_allRun_GAM	PA2	allRun	GAM	ROC
## 45	anablepsoides.amazonicos_PA2_allRun_ANN	PA2	allRun	ANN	TSS
## 46	anablepsoides.amazonicos_PA2_allRun_ANN	PA2	allRun	ANN	ROC
## 47	anablepsoides.amazonicos_PA2_allRun_RF	PA2	allRun	RF	TSS
## 48	anablepsoides.amazonicos_PA2_allRun_RF	PA2	allRun	RF	ROC
## 49	anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN1_GLM	PA3	RUN1	GLM	TSS
## 50	anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN1_GLM	PA3	RUN1	GLM	ROC
## 51	anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN1_GAM	PA3	RUN1	GAM	TSS
## 52	anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN1_GAM	PA3	RUN1	GAM	ROC
## 53	anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN1_ANN	PA3	RUN1	ANN	TSS
## 54	anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN1_ANN	PA3	RUN1	ANN	ROC
## 55	anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN1_RF	PA3	RUN1	RF	TSS
## 56	anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN1_RF	PA3	RUN1	RF	ROC
## 57	anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN2_GLM	PA3	RUN2	GLM	TSS
## 58	anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN2_GLM	PA3	RUN2	GLM	ROC
## 59	anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN2_GAM	PA3	RUN2	GAM	TSS
## 60	anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN2_GAM	PA3	RUN2	GAM	ROC
## 61	anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN2_ANN	PA3	RUN2	ANN	TSS
## 62	anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN2_ANN	PA3	RUN2	ANN	ROC
## 63	anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN2_RF	PA3	RUN2	RF	TSS
## 64	anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN2_RF	PA3	RUN2	RF	ROC
## 65	anablepsoides.amazonicos_PA3_allRun_GLM	PA3	allRun	GLM	TSS
## 66	anablepsoides.amazonicos_PA3_allRun_GLM	PA3	allRun	GLM	ROC
## 67	anablepsoides.amazonicos_PA3_allRun_GAM	PA3	allRun	GAM	TSS
## 68	anablepsoides.amazonicos_PA3_allRun_GAM	PA3	allRun	GAM	ROC
## 69	anablepsoides.amazonicos_PA3_allRun_ANN	PA3	allRun	ANN	TSS
## 70	anablepsoides.amazonicos_PA3_allRun_ANN	PA3	allRun	ANN	ROC
## 71	anablepsoides.amazonicos_PA3_allRun_RF	PA3	allRun	RF	TSS
## 72	anablepsoides.amazonicos_PA3_allRun_RF	PA3	allRun	RF	ROC
## 73	anablepsoides.amazonicos_allData_allRun_GLM	allData	allRun	GLM	TSS
## 74	anablepsoides.amazonicos_allData_allRun_GLM	allData	allRun	GLM	ROC
## 75	anablepsoides.amazonicos_allData_allRun_GAM	allData	allRun	GAM	TSS
## 76	anablepsoides.amazonicos_allData_allRun_GAM	allData	allRun	GAM	ROC
## 77	anablepsoides.amazonicos_allData_allRun_RF	allData	allRun	RF	TSS
## 78	anablepsoides.amazonicos_allData_allRun_RF	allData	allRun	RF	ROC

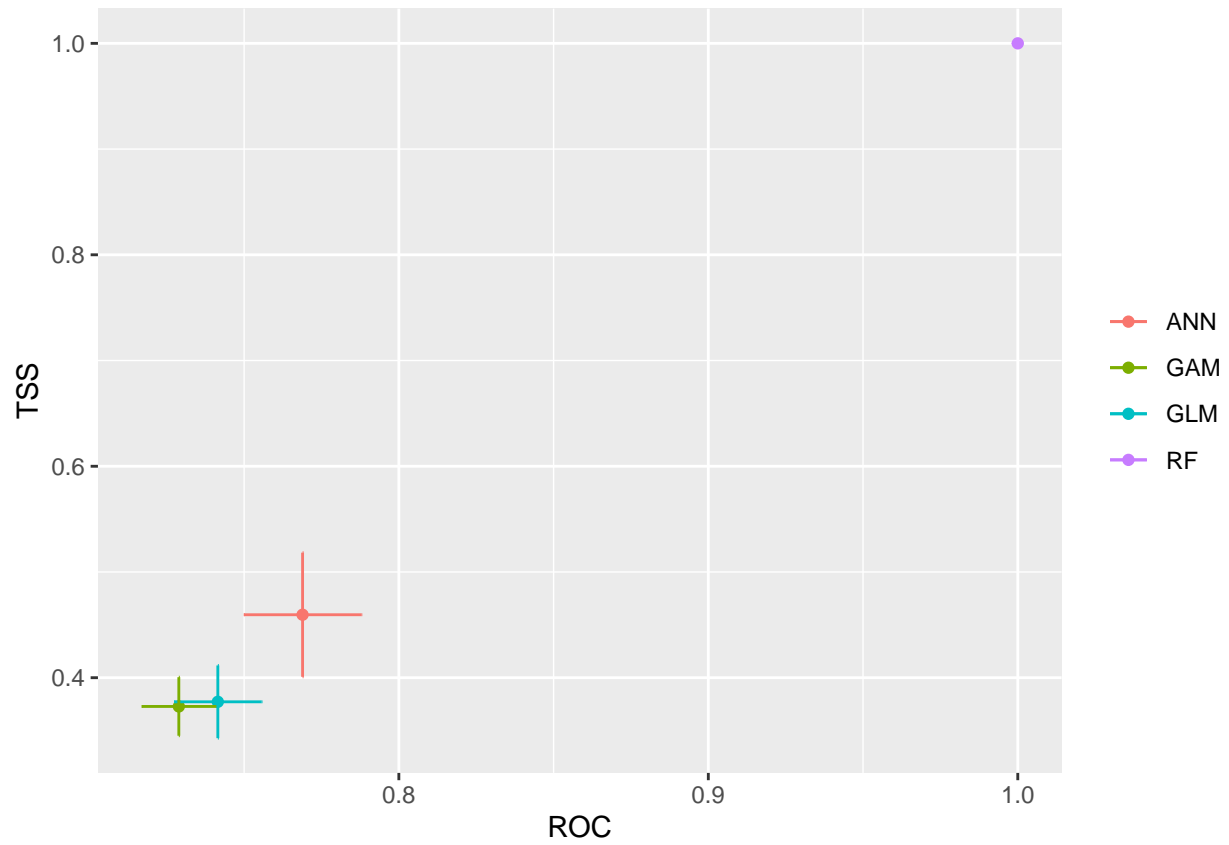
##	cutoff	sensitivity	specificity	calibration	validation	evaluation
## 1	494.0	73.333	65.714	0.390	0.271	NA
## 2	510.5	71.667	67.714	0.752	0.672	NA
## 3	503.0	75.000	59.571	0.370	0.301	NA
## 4	486.0	80.000	57.000	0.729	0.685	NA
## 5	550.0	85.000	61.000	0.460	0.162	NA
## 6	550.5	85.000	61.000	0.756	0.649	NA
## 7	398.5	100.000	100.000	1.000	-0.007	NA
## 8	398.0	100.000	100.000	1.000	0.688	NA
## 9	534.0	73.333	72.286	0.456	0.120	NA
## 10	537.5	73.333	72.571	0.766	0.658	NA
## 11	615.0	66.667	75.143	0.424	0.233	NA
## 12	628.5	65.000	78.571	0.748	0.693	NA
## 13	567.5	73.333	78.000	0.513	0.089	NA
## 14	569.0	73.333	78.000	0.799	0.582	NA
## 15	414.0	100.000	100.000	1.000	0.025	NA
## 16	416.0	100.000	100.000	1.000	0.589	NA
## 17	525.0	72.093	64.900	0.371	NA	NA
## 18	519.5	73.256	64.300	0.737	NA	NA
## 19	630.0	59.302	76.800	0.363	NA	NA
## 20	626.5	60.465	76.300	0.731	NA	NA
## 21	455.0	79.070	66.400	0.455	NA	NA
## 22	454.5	79.070	66.400	0.767	NA	NA
## 23	426.0	100.000	100.000	1.000	NA	NA
## 24	424.0	100.000	100.000	1.000	NA	NA
## 25	584.0	61.667	73.429	0.354	0.278	NA
## 26	584.5	61.667	73.714	0.724	0.724	NA
## 27	596.0	61.667	72.714	0.344	0.317	NA
## 28	597.5	61.667	73.000	0.713	0.734	NA
## 29	436.5	96.667	44.286	0.410	0.285	NA
## 30	533.5	96.667	44.429	0.749	0.639	NA
## 31	418.5	100.000	100.000	1.000	-0.010	NA
## 32	418.0	100.000	100.000	1.000	0.670	NA
## 33	544.0	68.333	65.429	0.339	0.351	NA
## 34	546.0	68.333	65.714	0.729	0.730	NA
## 35	660.0	50.000	85.286	0.356	0.355	NA
## 36	654.5	51.667	84.000	0.725	0.723	NA
## 37	430.0	93.333	58.286	0.516	0.257	NA
## 38	432.0	93.333	58.286	0.775	0.625	NA
## 39	395.5	100.000	100.000	1.000	0.074	NA
## 40	398.0	100.000	100.000	1.000	0.680	NA
## 41	537.0	69.767	65.300	0.351	NA	NA
## 42	531.5	70.930	64.500	0.734	NA	NA
## 43	629.0	58.140	79.100	0.376	NA	NA
## 44	634.5	56.977	80.900	0.730	NA	NA
## 45	600.0	90.698	54.300	0.450	NA	NA
## 46	602.5	90.698	54.300	0.764	NA	NA
## 47	399.0	100.000	100.000	1.000	NA	NA
## 48	398.0	100.000	100.000	1.000	NA	NA
## 49	465.0	81.667	54.429	0.362	0.319	NA
## 50	482.0	80.000	56.714	0.732	0.710	NA
## 51	535.0	71.667	60.857	0.327	0.339	NA
## 52	551.5	70.000	64.000	0.707	0.720	NA
## 53	675.0	60.000	84.286	0.443	0.231	NA

## 54	676.5	60.000	84.286	0.778	0.632	NA
## 55	442.5	100.000	100.000	1.000	-0.003	NA
## 56	442.0	100.000	100.000	1.000	0.691	NA
## 57	533.0	70.000	70.571	0.409	0.188	NA
## 58	536.5	70.000	71.429	0.762	0.644	NA
## 59	525.0	76.667	62.429	0.397	0.269	NA
## 60	525.5	76.667	63.000	0.740	0.682	NA
## 61	524.0	83.333	70.714	0.540	0.177	NA
## 62	525.5	83.333	70.714	0.791	0.595	NA
## 63	415.0	100.000	100.000	1.000	-0.010	NA
## 64	417.0	100.000	100.000	1.000	0.565	NA
## 65	573.0	66.279	71.600	0.380	NA	NA
## 66	569.5	67.442	70.900	0.743	NA	NA
## 67	607.0	65.116	73.700	0.390	NA	NA
## 68	610.5	65.116	74.300	0.736	NA	NA
## 69	480.0	48.837	85.800	0.349	NA	NA
## 70	477.5	50.000	85.100	0.741	NA	NA
## 71	419.0	100.000	100.000	1.000	NA	NA
## 72	422.0	100.000	100.000	1.000	NA	NA
## 73	33.0	67.442	67.334	0.360	NA	NA
## 74	26.5	76.744	59.328	0.736	NA	NA
## 75	41.0	65.116	71.913	0.381	NA	NA
## 76	42.5	65.116	74.220	0.730	NA	NA
## 77	383.5	100.000	100.000	1.000	NA	NA
## 78	387.0	100.000	100.000	1.000	NA	NA

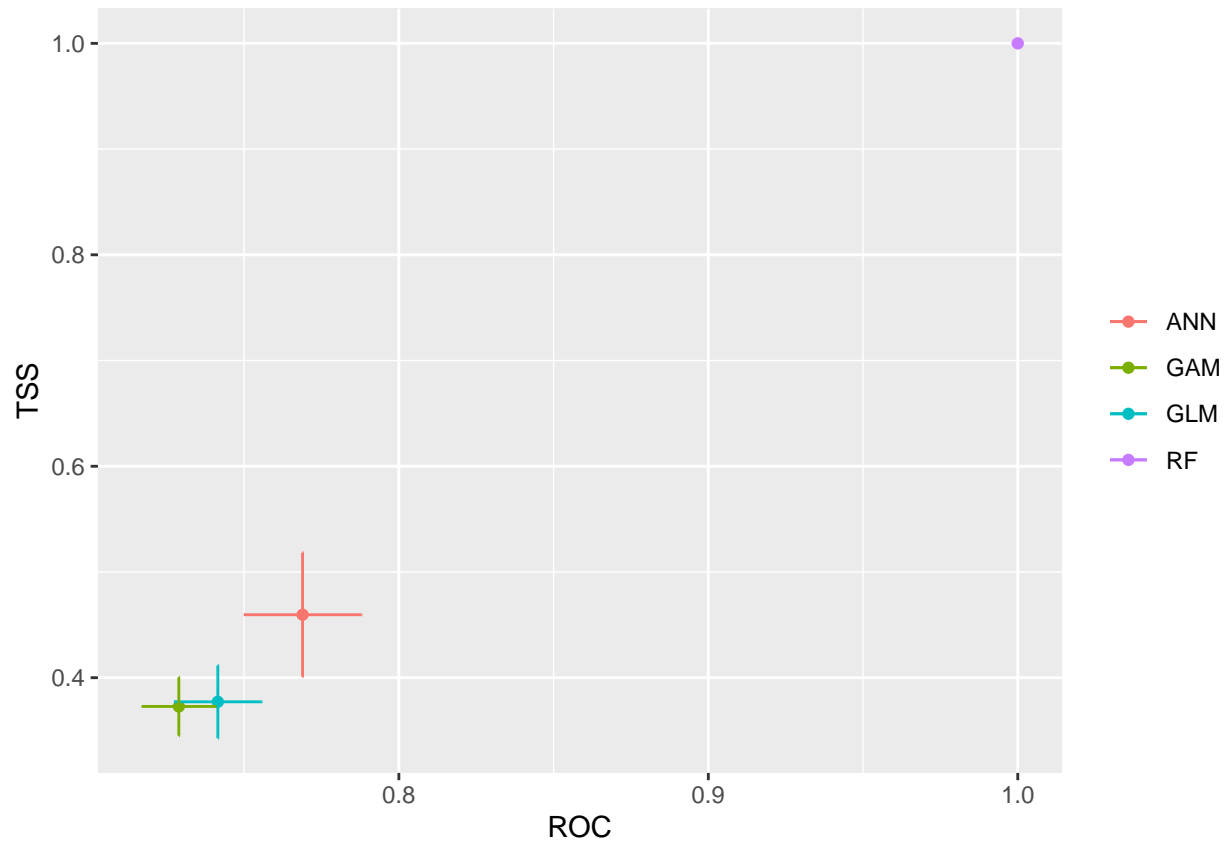
```
## Plot de ROC and TSS
```

```
# Fazer figura TSS vs ROC
```

```
bm_PlotEvalMean(biomod_model)
```



```
## $tab
##   name    mean1    mean2    sd1    sd2
## 1  ANN 0.7688889 0.4595556 0.01898318 0.05871352
## 2  GAM 0.7289000 0.3728000 0.01198564 0.02767590
## 3  GLM 0.7415000 0.3772000 0.01411264 0.03438604
## 4   RF 1.0000000 1.0000000 0.00000000 0.00000000
##
## $plot
```



4. Predições

```
# Identificar os modelos que tiveram melhor performance
well_peform_m <- biomod_model_evaluation %>%
  filter(validation >= 0.7) %>%
  pull(full.name)

# Previsões usando os modelos treinados
predictions_biomod <- BIOMOD_Projection(
  bm.mod = biomod_model,
  models.chosen = well_peform_m,
  new.env = env_amazon_vif_scale,
  proj.name = "future_Prediction"
)

##
## ----- Do Single Models Projection -----
##
## > Building clamping mask
##
## > Projecting anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN1_GLM ...
## > Projecting anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN1_GAM ...
## > Projecting anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_GLM ...
## > Projecting anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_GAM ...
```



```
## > Projecting anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN1_GLM ...
## > Projecting anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN1_GAM ...
## ===== Done =====
```

5. Ensembles dos modelos treinados

-*Predição final a partir do ensemble dos melhores modelos gerados* - Essa predição nos indica que a distribuição dos *Anablepsoides* não seria uniforme ao longo do bioma amazônico, e sim associado algumas regiões, como nossa hipótese previa. Inclusive em uma área que se sobrepõe principalmente sobre partes dos rios Amazonas e sua foz, Madeira e Negro. Essas indicações podem ser úteis para entender e levantar hipóteses sobre questões biogeográficas do grupo.

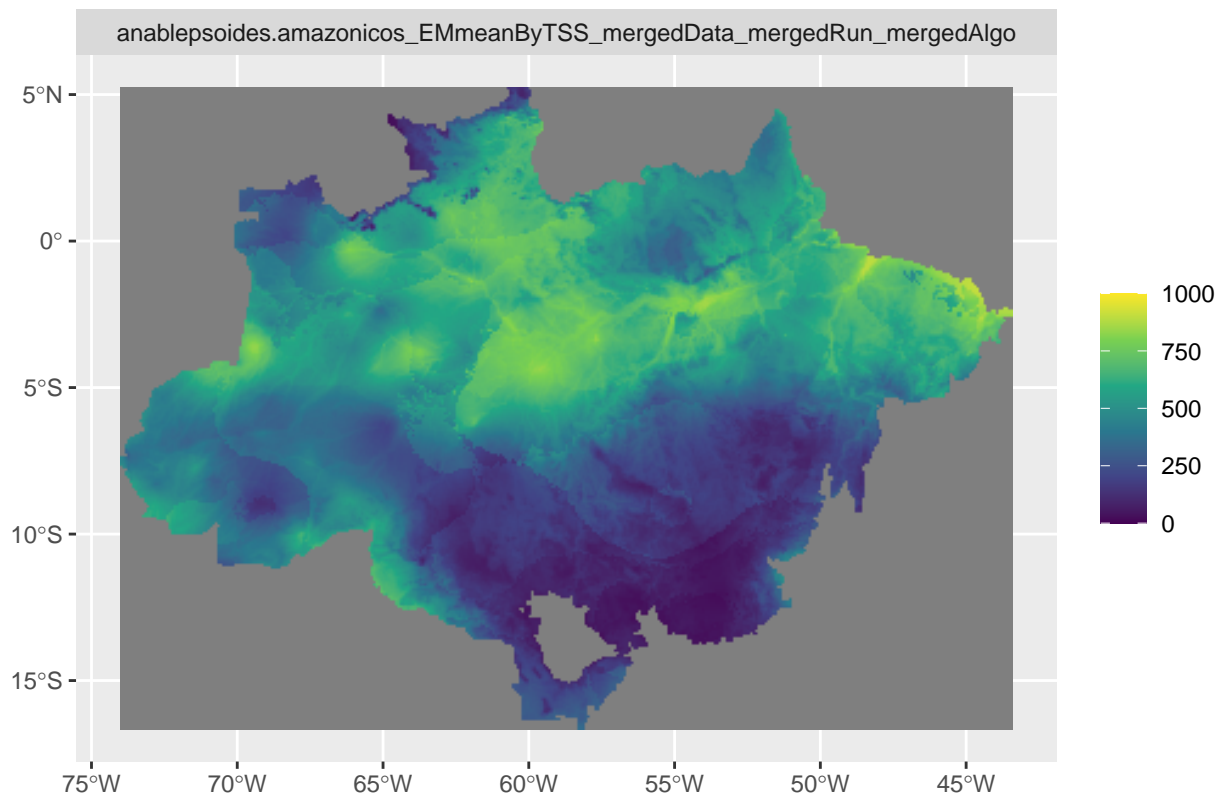
```
model_ens <- BIOMOD_EnsembleModeling(
  bm.mod = biomod_model,
  models.chosen = well_peform_m,
  metric.select = "TSS",
  em.by = "all"
)
```

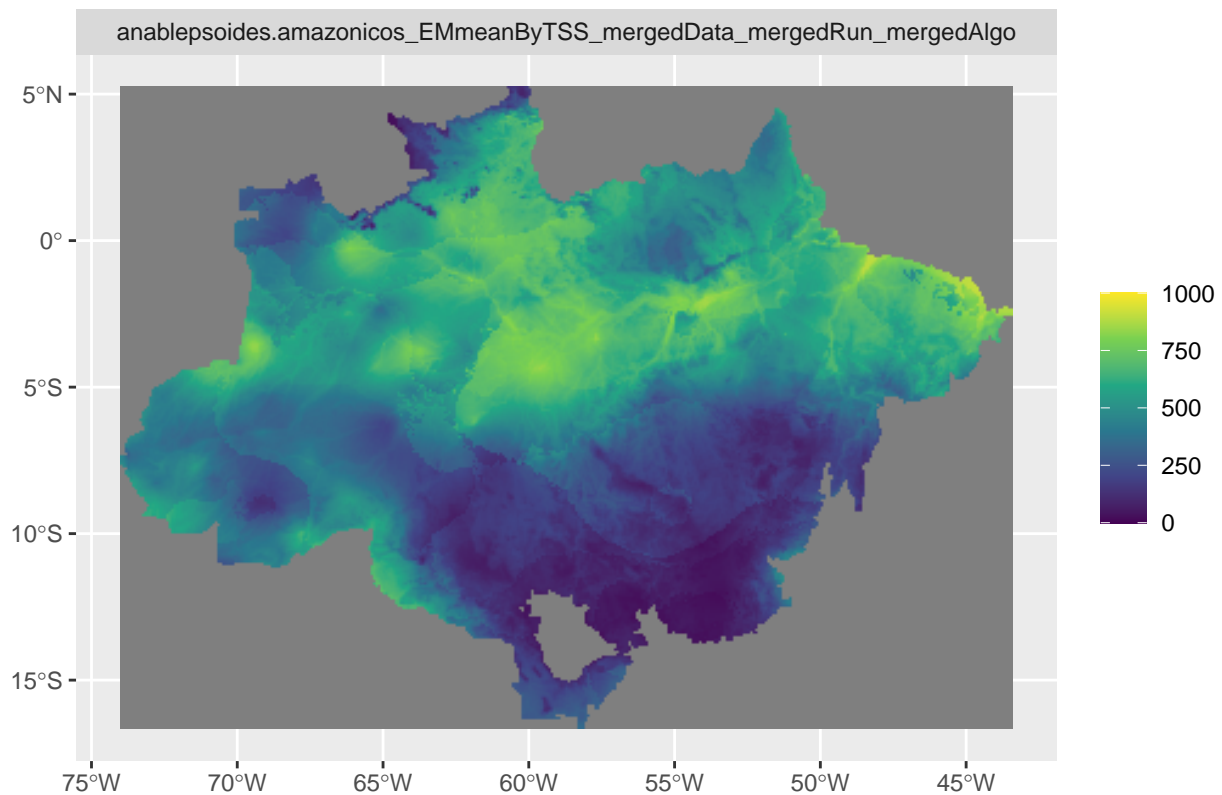
```
##
## ===== Build Ensemble Models =====
##
## ! setting em.algo to its default value c('EMmean')
## ! Ensemble Models will be filtered and/or weighted using validation dataset (if possible). Please v
## ! No metric.select.thresh -> All models will be kept for Ensemble Modeling
##
## > mergedData_mergedRun_mergedAlgo ensemble modeling
## ! Additional projection required for ensemble models merging several pseudo-absence dataset...
## ===== Do Single Models Projection =====
##
## > Projecting anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN1_GLM ...
## > Projecting anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN1_GAM ...
## > Projecting anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_GLM ...
## > Projecting anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_GAM ...
## ===== Done =====
##
## ===== Do Single Models Projection =====
##
## > Projecting anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN1_GLM ...
## > Projecting anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN1_GAM ...
## ===== Done =====
##
##
## > Mean of probabilities by TSS ...
## Evaluating Model stuff...
## ===== Done =====
```

```
model_ens_proj <- BIOMOD_EnsembleForecasting(
  bm.em = model_ens,
  # bm.proj = biomod_model,
  new.env = env_amazon_vif_scale,
  proj.name = "ens_anablepsoides"
)
```

```
##
## ----- Do Ensemble Models Projection -----
##
## Creating suitable Workdir...
##
## ----- Do Single Models Projection -----
##
## > Projecting anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN1_GLM ...
## > Projecting anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN1_GAM ...
## > Projecting anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_GLM ...
## > Projecting anablepsoides.amazonicos_PA2_RUN2_GAM ...
## > Projecting anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN1_GLM ...
## > Projecting anablepsoides.amazonicos_PA3_RUN1_GAM ...
## ----- Done -----
##
## > Projecting anablepsoides.amazonicos_EMmeanByTSS_mergedData_mergedRun_mergedAlgo ...
## ----- Done -----
```

```
plot(model_ens_proj)
```





```
get_evaluations(model_ens)
```

```
##                                     full.name
## 1 anablepsoides.amazonicos_EMmeanByTSS_mergedData_mergedRun_mergedAlgo
## 2 anablepsoides.amazonicos_EMmeanByTSS_mergedData_mergedRun_mergedAlgo
## 3 anablepsoides.amazonicos_EMmeanByTSS_mergedData_mergedRun_mergedAlgo
## merged.by.PA merged.by.run merged.by.algo filtered.by algo metric.eval
## 1 mergedData mergedRun mergedAlgo TSS EMmean KAPPA
## 2 mergedData mergedRun mergedAlgo TSS EMmean TSS
## 3 mergedData mergedRun mergedAlgo TSS EMmean ROC
## cutoff sensitivity specificity calibration validation evaluation
## 1 710.0 24.419 92.639 0.094 NA NA
## 2 540.0 69.767 63.806 0.338 NA NA
## 3 542.5 69.767 64.349 0.728 NA NA
```

```
env_window <- bm_PlotResponseCurves(
  model_ens,
  fixed.var = 'mean',
)
```

```
## |
```

```
## No id variables; using all as measure variables
```

Response curves for anablepsoides.amazonicos's models

