

Invasive

Ivan Gonzalez

October 13, 2015

El siguiente código replica la metodología propuesta por Magee y colaboradores (2009) y presenta una agregación para capas políticas y administrativas de Colombia.

Cargar paquetes necesarios

```
memory.limit(size = 30000)
```

```
## [1] 30000
```

```
library(raster)
```

```
## Warning: package 'raster' was built under R version 3.0.3
```

```
## Loading required package: sp
```

```
## Warning: package 'sp' was built under R version 3.0.3
```

```
library(maptools)
```

```
## Warning: package 'maptools' was built under R version 3.0.3
```

```
## Checking rgeos availability: TRUE
```

```
library(sp)
```

```
library(rgdal)
```

```
## Warning: package 'rgdal' was built under R version 3.0.3
```

```
## rgdal: version: 0.9-2, (SVN revision 526)
```

```
## Geospatial Data Abstraction Library extensions to R successfully loaded
```

```
## Loaded GDAL runtime: GDAL 1.11.2, released 2015/02/10
```

```
## Path to GDAL shared files: C:/Users/GIC 76/Documents/R/win-library/3.0/rgdal/gdal
```

```
## GDAL does not use iconv for recoding strings.
```

```
## Loaded PROJ.4 runtime: Rel. 4.9.1, 04 March 2015, [PJ_VERSION: 491]
```

```
## Path to PROJ.4 shared files: C:/Users/GIC 76/Documents/R/win-library/3.0/rgdal/proj
```

```
library(GGally)
```

```
## Warning: package 'GGally' was built under R version 3.0.3
```

2. INVASIBILIDAD

Se carga la información de los factores

```

colombia <- readOGR('.', 'COLOMBIA')

## OGR data source with driver: ESRI Shapefile
## Source: ".", layer: "COLOMBIA"
## with 1 features
## It has 1 fields

natural <- raster('natural.tif')
transformado <- raster('transformado.tif')

# Cercania areas protegidas
DIST_PNN <- raster('distProtArea.tif')
DIST_VIAS <- raster('distWays_prj.tif')
DIST_CASCOS <- raster("distUrban.tif" )

# Porcentaje de vecinos
areas <- natural
areas[areas == 3] <- 1
areas[is.na(areas)] <- 0
vecinos.nat <- focal(areas, w = matrix(1/9, nrow = 3, ncol = 3))
vecinos.nat <- vecinos.nat * 100

# Estandarizar y cortar
estandar01 <- function(x){
  return((x - min(x[], na.rm = TRUE))/(max(x[], na.rm = TRUE) - min(x[], na.rm = TRUE)))
}

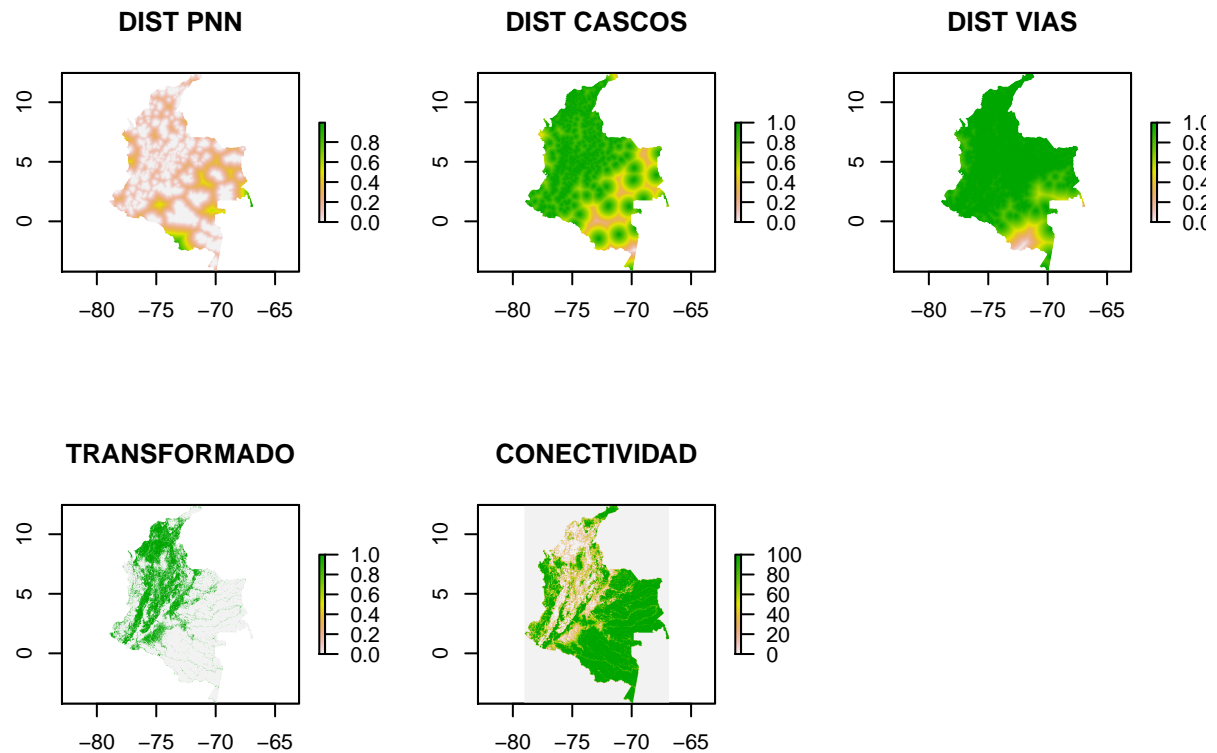
DIST_PNN_EST <- estandar01(mask(DIST_PNN, colombia))
DIST_CASCOS_EST <- 1 - estandar01(mask(DIST_CASCOS, colombia))
#DIST_VIAS <- projectRaster(DIST_VIAS, crs = colombia@proj4string)
#DIST_VIAS <- resample(DIST_VIAS, DIST_PNN_EST, filename = 'distWays_prj.tif')
DIST_VIAS_EST <- 1 - estandar01(mask(DIST_VIAS, colombia))

par(mfrow = c(2, 3))
plot(DIST_PNN_EST, main="DIST PNN")
plot(DIST_CASCOS_EST, main="DIST CASCOS")
plot(DIST_VIAS_EST, main="DIST VIAS")
plot(transformado, main="TRANSFORMADO")
plot(vecinos.nat, main="CONECTIVIDAD")

factorsDF <- na.omit(as.data.frame(stack(DIST_PNN_EST, DIST_CASCOS_EST, DIST_VIAS_EST, vecinos.nat)))
names(factorsDF) <- c('dist_PNN', 'dist_Urban', 'dist_Vias', 'Conectividad')
cor(factorsDF)

##           dist_PNN dist_Urban dist_Vias Conectividad
## dist_PNN      1.0000000 -0.1913645 -0.3252329      0.1723145
## dist_Urban    -0.1913645  1.0000000  0.4932670     -0.5813760
## dist_Vias     -0.3252329  0.4932670  1.0000000     -0.3693254
## Conectividad  0.1723145 -0.5813760 -0.3693254      1.0000000

```



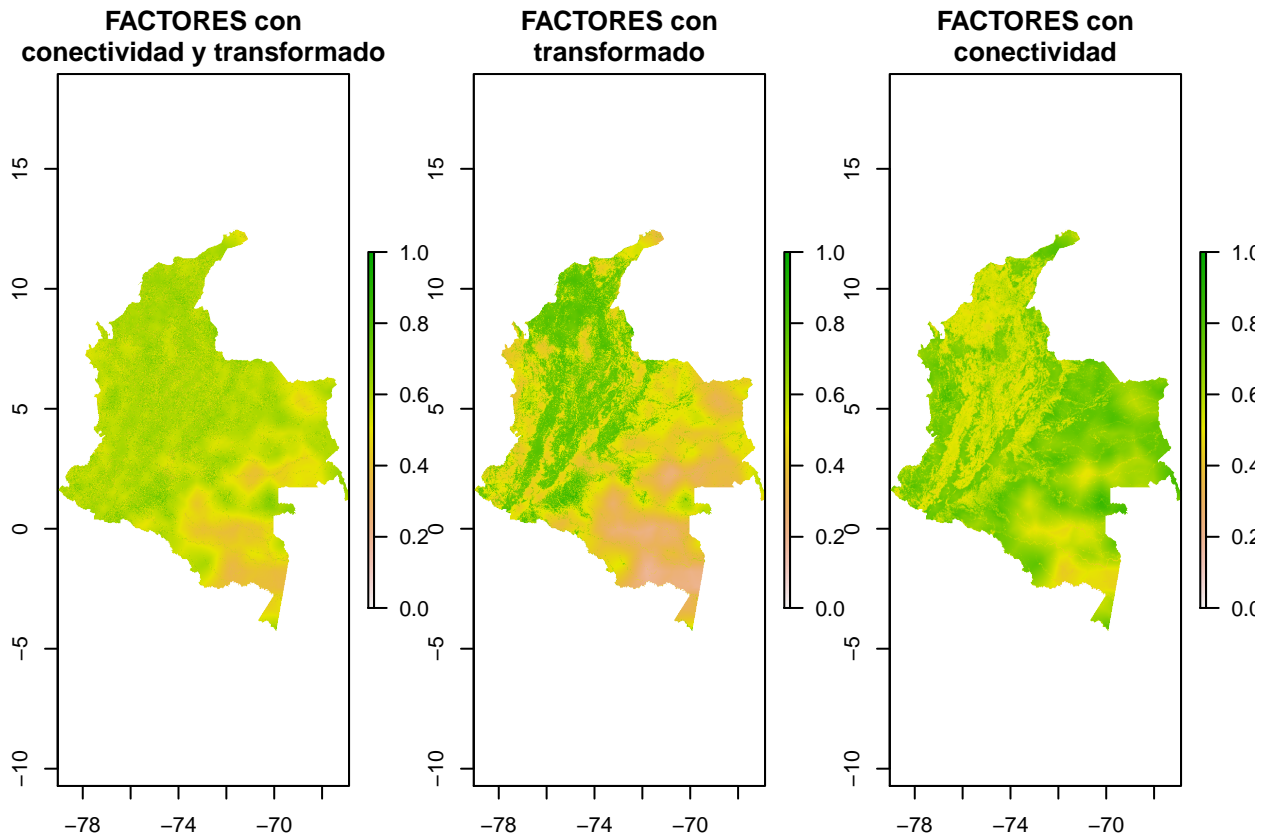
Una vez teniendo lista la información se hace la suma de factores. Se realizará una suma variando la presencia de la capa de vecinos y ecosistemas transformados en la ecuación. Se grafican los resultados y la relación entre los tres resultados

```
AREA_PELIGRO_todo <- (transformado + DIST_PNN_EST + DIST_CASCOS_EST + DIST_VIAS_EST + (vecinos.nat/100))
AREA_PELIGRO_tran <- (transformado + DIST_PNN_EST + DIST_CASCOS_EST + DIST_VIAS_EST)/4
AREA_PELIGRO_cone <- (DIST_PNN_EST + DIST_CASCOS_EST + DIST_VIAS_EST + (vecinos.nat/100)) /4

writeRaster(AREA_PELIGRO_todo, 'PELIGRO_todo.tif', overwrite = TRUE)
writeRaster(AREA_PELIGRO_tran, 'PELIGRO_tran.tif', overwrite = TRUE)
writeRaster(AREA_PELIGRO_cone, 'PELIGRO_cone.tif', overwrite = TRUE)
```

```
## class      : RasterLayer
## dimensions  : 2003, 1461, 2926383  (nrow, ncol, ncell)
## resolution  : 0.008333334, 0.008333334  (x, y)
## extent      : -79.04723, -66.87223, -4.230484, 12.46118  (xmin, xmax, ymin, ymax)
## coord. ref. : +proj=longlat +datum=WGS84 +no_defs +ellps=WGS84 +towgs84=0,0,0
## data source : C:\IAvH\BioReportes\products\invasive\Magee\PELIGRO_cone.tif.grd
## names       : layer
## values      : 0.2218739, 0.8595283  (min, max)
```

```
par(mfrow = c(1, 3), mar = c(3, 2, 3, 2))
plot(AREA_PELIGRO_todo, main = "FACTORES con\nconectividad y transformado", zlim = c(0, 1))
plot(AREA_PELIGRO_tran, main = "FACTORES con\ntransformado", zlim = c(0, 1))
plot(AREA_PELIGRO_cone, main = "FACTORES con\nconectividad", zlim = c(0, 1))
```



```
resultsDF <- na.omit(as.data.frame(stack(AREA_PELIGRO_todo, AREA_PELIGRO_tran, AREA_PELIGRO_cone)))
names(resultsDF) <- c('Todo', 'Transf', 'Conec')
cor(resultsDF)
```

```
##           Todo      Transf      Conec
## Todo      1.0000000  0.8439877  0.2334878
## Transf    0.8439877  1.0000000 -0.2462038
## Conec     0.2334878 -0.2462038  1.0000000
```

2. INVASIVIDAD

Se requiere dos archivos que contengan el nombre de las especies con mapas disponibles y con el valor de invasibilidad

```
# Seleccionar especies con modelos disponibles
speciesMod <- read.csv("SpTaxonomy.csv", as.is = TRUE)
riesgo <- read.csv("Clasificacion de riesgo.csv", as.is = TRUE)
riesgo$scientificName <- gsub('_', ' ', riesgo$especie_aceptada)
riesgo.especies <- riesgo[which(riesgo$scientificName %in% speciesMod$scientificName &
                               !is.na(riesgo$Calificación.de.riesgo)), ]

riesgo.especies$est <- as.numeric(riesgo.especies$Calificación.de.riesgo)/
  max(as.numeric(riesgo.especies$Calificación.de.riesgo)) + 1
```

Se cargan los mapas de probabilidad de cada especie

Se genera el calculo por cada especie usando los mapas de idoneidad y el valor de invasibilidad

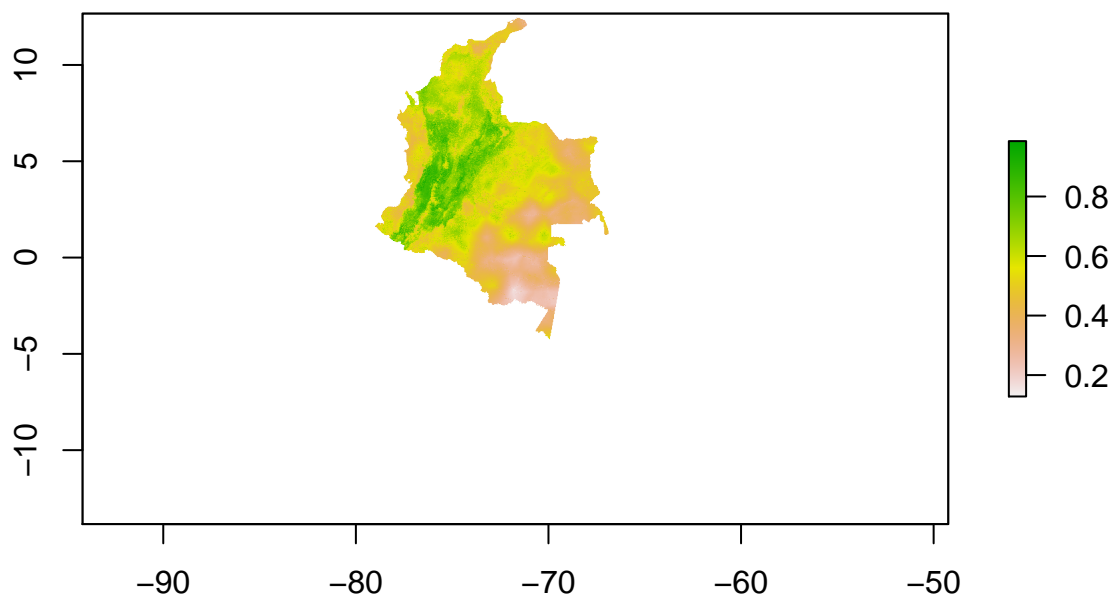
```
AREA_PELIGRO <- resample(AREA_PELIGRO_todo, MODELOS[[1]])
RIESGOS <- MODELOS[[1]]; RIESGOS[] <- 0
```

```
for (i in 1:length(modelos)){
  invasividad <- riesgo.especies$est[i]
  idoneidad <- MODELOS[[i]]
  idoneidad[is.na(idoneidad[])] <- 0
  invasibilidad <- (idoneidad + 1) * invasividad
  riesgo <- log( (AREA_PELIGRO * invasibilidad) + 1)
  RIESGOS <- RIESGOS + riesgo
  cat(paste(i))
}
```

```
## 12345678910111213141516171819202122232425262728293031323334353637383940414243444546474849505152535455
```

```
sum.riesgos <- RIESGOS
sum.riesgos.est <- estandar01(sum.riesgos)
writeRaster(sum.riesgos, 'riesgo.tif', overwrite = TRUE)
writeRaster(sum.riesgos.est, 'riesgo_01.tif', overwrite = TRUE)

par(mfrow = c(1, 1))
plot(sum.riesgos.est, 'Estandar')
```



pdf
2

pdf
2