

Apêndice

Tabelas

Tabela 1: Pontos de ocorrências de *Encholirium subsecundum* (Barker Mez).

Estado	Município	Longitude	Latitude	Referência
Minas Gerais	Belo Horizonte	- 43.93780	- 19.92080	Fundação Zoo-Botânica de Belo Horizonte
Minas Gerais	Santana do Riacho	- 43.71440	- 19.16890	Fundação Zoo-Botânica de Belo Horizonte
Minas Gerais	Conceição do Mato Dentro	- 43.42500	- 19.03720	Fundação Zoo-Botânica de Belo Horizonte
Minas Gerais	Serro	- 43.37940	- 18.60470	Coleção da Escola Superior de Agronomia Luiz de Queiroz - USP
Minas Gerais	Serro	- 43.44500	- 18.47250	Herbário do Museu Nacional
Minas Gerais	Jequitaí	- 44.44560	- 17.23560	Coleção da Universidade Federal de Viçosa
Minas Gerais	Buenópolis	- 44.18000	- 17.87330	Coleção da Universidade Federal de Viçosa
Minas Gerais	Buenópolis	- 44.23389	- 17.92389	Coleção da Universidade Federal do Maranhão
Minas Gerais	Buenópolis	- 44.24944	- 17.90917	Coleção da Universidade Federal do Maranhão
Minas Gerais	Santana do Riacho	- 43.71440	- 19.16890	Coleção da Universidade Federal de Viçosa
Minas Gerais	Mariana	- 43.41610	- 20.37780	Coleção da Universidade Federal de Viçosa
Minas Gerais	Datas	- 43.65580	- 18.44560	Herbário do Museu Botânico Municipal
Minas Gerais	Joaquim Felício	- 44.17220	- 17.75750	Coleção da Universidade Estadual de Feira de Santana
Minas Gerais	Joaquim Felício	- 44.29190	- 17.69890	The New York Botanical Garden
Minas Gerais	Joaquim Felício	- 44.17220	- 17.75750	Herbário da Universidade Estadual de Feira de Santana
Minas Gerais	Santana do Riacho	- 43.71440	- 19.16890	Instituto de Botânica

Estado	Município	Longitude	Latitude	Referência
Minas Gerais	Penha da França	- 43.83333	- 18.83333	Coleção da Universidade de Brasília
Minas Gerais	Montes Claros	- 43.86170	- 16.73500	Coleção da UNICAMP
Minas Gerais	Santo Antônio do Itambé	- 43.33944	- 18.45694	Herbário da UFMG
Minas Gerais	Pedro Leopoldo	- 44.04310	- 19.61810	Herbário da UFMG
Minas Gerais	Itacambira	- 43.30890	- 17.06470	Herbário da UFMG
Minas Gerais	Dom Joaquim	- 43.23333	- 18.86667	Herbário do Museu do Jardim Botânico do Rio de Janeiro
Minas Gerais	Mato Verde	- 42.77889	- 15.38667	Herbário do Museu do Jardim Botânico do Rio de Janeiro
Minas Gerais	Santana de Pirapama	- 43.75556	- 19.00611	Herbário do Museu do Jardim Botânico do Rio de Janeiro
Minas Gerais	Diamantina	- 43.55278	- 18.35500	Herbário do Museu do Jardim Botânico do Rio de Janeiro
Minas Gerais	Diamantina	- 43.62806	- 18.19194	Herbário do Museu do Jardim Botânico do Rio de Janeiro
Minas Gerais	Presidente Kubitschek	- 43.55722	- 18.65389	@mariana2014
Minas Gerais	Santana do Riacho	- 43.51667	- 19.25000	Herbário da UFMG
Bahia	Itatim	- 39.69810	- 12.71190	Instituto de Botânica
Minas Gerais	Jaboticatubas	- 43.74500	- 19.51360	The New York Botanical Garden
Minas Gerais	Jaboticatubas	- 43.58333	- 19.16667	Herbário do Museu Nacional

Tabela 2: Pontos de ocorrências de *Lonchophylla bokermanni* (Sazima, Vizotto & Taddei).

Estado	Município	Longitude	Latitude	Referência
Minas gerais	Jaboticatubas	-43.74472	-19.51361	Coleção de Mamíferos do Museu de Zoologia da UNICAMP
Minas gerais	Jaboticatubas	-43.74540	-19.52210	Coleção de Quirópteros da UNESP
Minas gerais	Serra do Cipó	-43.60000	-19.26667	Coleção de Mamíferos do Museu de Zoologia da UNICAMP
Minas gerais	Itambé do Mato Dentro	- 43.349444	- 19.410278	@nascimento2013
Minas gerais	Diamantina	- 43.516667	- 18.383333	@dias2013
Minas gerais	Diamantina	- 43.383333	- 18.383333	@almeida2016
Bahia	Caetité	- 42.500000	- 14.266667	@claudio2018
Bahia	Ourolândia	- 41.083333	- 11.083333	@claudio2018

Tabela 3: Descrição das variáveis bioclimáticas derivadas de valores de temperatura e pluviosidade [worldclim].

Variáveis bioclimáticas	Descrição
Bio 1	Temperatura média anual
Bio 2	Intervalo médio diurno (Média mensal (máx. temp. - mín temp.))
Bio 3	Isotermalidade
Bio 4	Sazonalidade de Temperatura (desvio padrão *100)
Bio 5	Temperatura máxima do mês mais quente
Bio 6	Temperatura mínima do mês mais frio
Bio 7	Intervalo da temperatura anual
Bio 8	Média da temperatura do quarto de ano mais úmido
Bio 9	Média da temperatura do quarto de ano mais seco
Bio 10	Média da temperatura do quarto de ano mais quente
Bio 11	Média da temperatura do quarto de ano mais frio
Bio 12	Precipitação anual
Bio 13	Precipitação do mês mais frio
Bio 14	Precipitação do mês mais seco
Bio 15	Sazonalidade de precipitação (Coeficiente de variação)
Bio 16	Precipitação do quadrimestre mais úmido
Bio 17	Precipitação do quadrimestre mais seco
Bio 18	Precipitação do quadrimestre mais quente
Bio 19	Precipitação do quadrimestre mais frio

Tabela 4: Valores VIF das variáveis sem problema de colinearidade ($VIF < 10$) da espécie *E. subsecundum*.

Variável	VIF
Bio 3	4.266921
Bio 4	6.135108
Bio 7	7.469114
Bio 9	2.401162
Bio 13	6.836922
Bio 14	6.308869
Bio 19	4.786559

Tabela 5: Valores VIF das variáveis sem problema de colinearidade ($VIF < 10$) da espécie *L. bokermanni*.

Variável	VIF
Bio 15	1.200694
Bio 18	1.200694

Tabela 6: Área potencial (em km^2) das espécies de acordo com o presente e os dois cenários climáticos futuros.

Espécie	Cenário climático	Área potencial
<i>Lonchophylla bokermanni</i>	Presente	499674.7
	RCP 4.5 (2050)	309803.4
	RCP 8.5 (2050)	201510.3
<i>Encholirium subsecundum</i>	Presente	513506.5
	RCP 4.5 (2050)	140215.9
	RCP 8.5 (2050)	97012.5

Tabela 7: Contração, expansão ou não alteração relativa (em porcentagem) para a espécie de planta e morcego sob os dois cenários climáticos futuro, com relação à distribuição presente.

Espécie	Cenário	Ganho (%)	Perda (%)	Sem alteração (%)
<i>Lonchophylla bokermanni</i>	RCP 4.5 (2050)	0.67	37.65	61.68
	RCP 8.5 (2050)	0.06	58.12	41.81
<i>Encholirium subsecundum</i>	RCP 4.5 (2050)	0.08	72.78	27.14

Espécie	Cenário	Ganho (%)	Perda (%)	Sem alteração (%)
	RCP 8.5 (2050)	0.00	81.11	18.89

Tabela 8: Distribuição com sobreposição (planta+morcego) nos 3 cenário climáticos e alteração com respeito à sobreposição do presente.

Cenário climático	Área de sobreposição (km^2)	Sobreposição com relação à distribuição do morcego no cenário (%)	Sobreposição com relação à distribuição da planta no cenário (%)
Presente	369410.9	73.93	71.94
RCP 4.5 (2050)	119088.6	38.44	84.93
RCP 8.5 (2050)	74409.3	36.92	76.70

Tabela 9: Distribuição sem sobreposição (desencontro geográfico) entre planta e morcego nos três cenários climáticos.

Espécie	Cenário	Área de desencontro geográfico	Porcentagem com relação à distribuição da espécie no cenário
<i>Lonchophylla bokermanni</i>	Presente	130263.7	26.07
	RCP 4.5 (2050)	190714.7	61.56
	RCP 8.5 (2050)	127101.0	63.07
<i>Encholirium subsecundum</i>	Presente	144095.6	28.06
	RCP 4.5 (2050)	21127.3	15.07
	RCP 8.5 (2050)	22603.2	23.30

Figuras

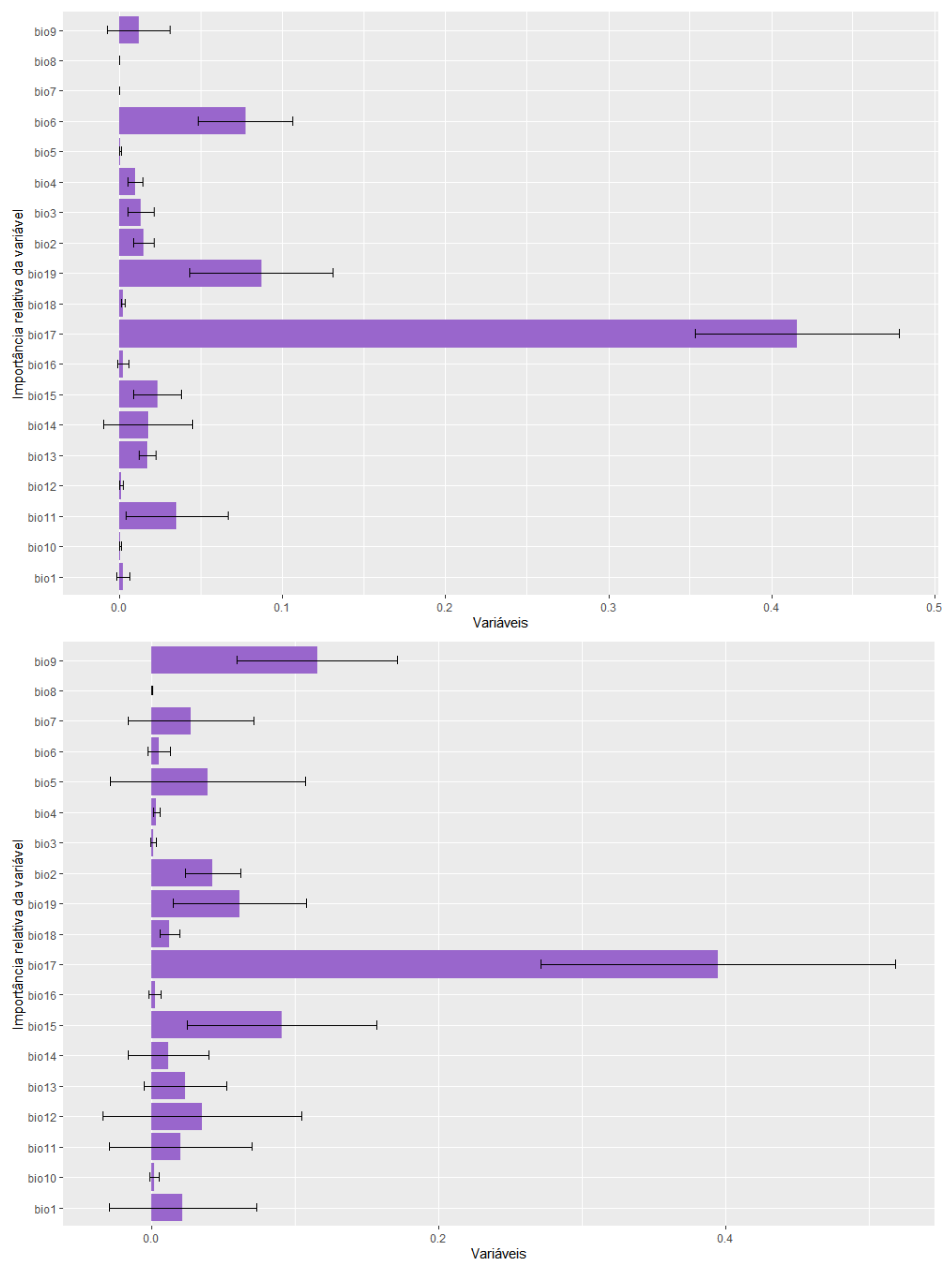


Figure 1: Importância relativa das variáveis para o modelo cheio da espécie de planta (acima) e para o morcego (abaixo)

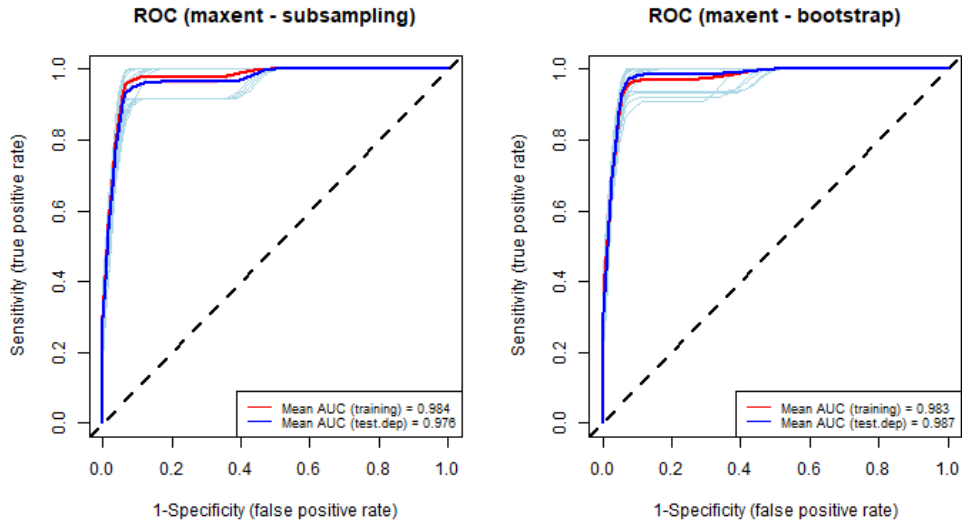


Figure 2: Valores médio de AUC para os 25 modelos gerados para a espécie *Encholirium subsecundum* com replicação por *subsampling* (à esquerda) e 25 por *bootstrap* (à direita)

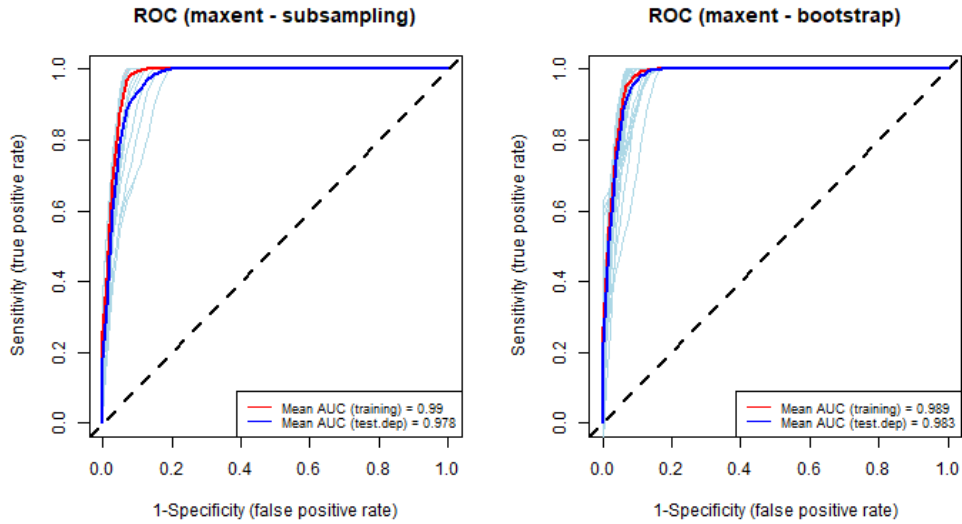


Figure 3: Valores médio de AUC para os 25 modelos gerados para a espécie *Lonchophylla boker-manni* com replicação por *subsampling* (à esquerda) e 25 por *bootstrap* (à direita)

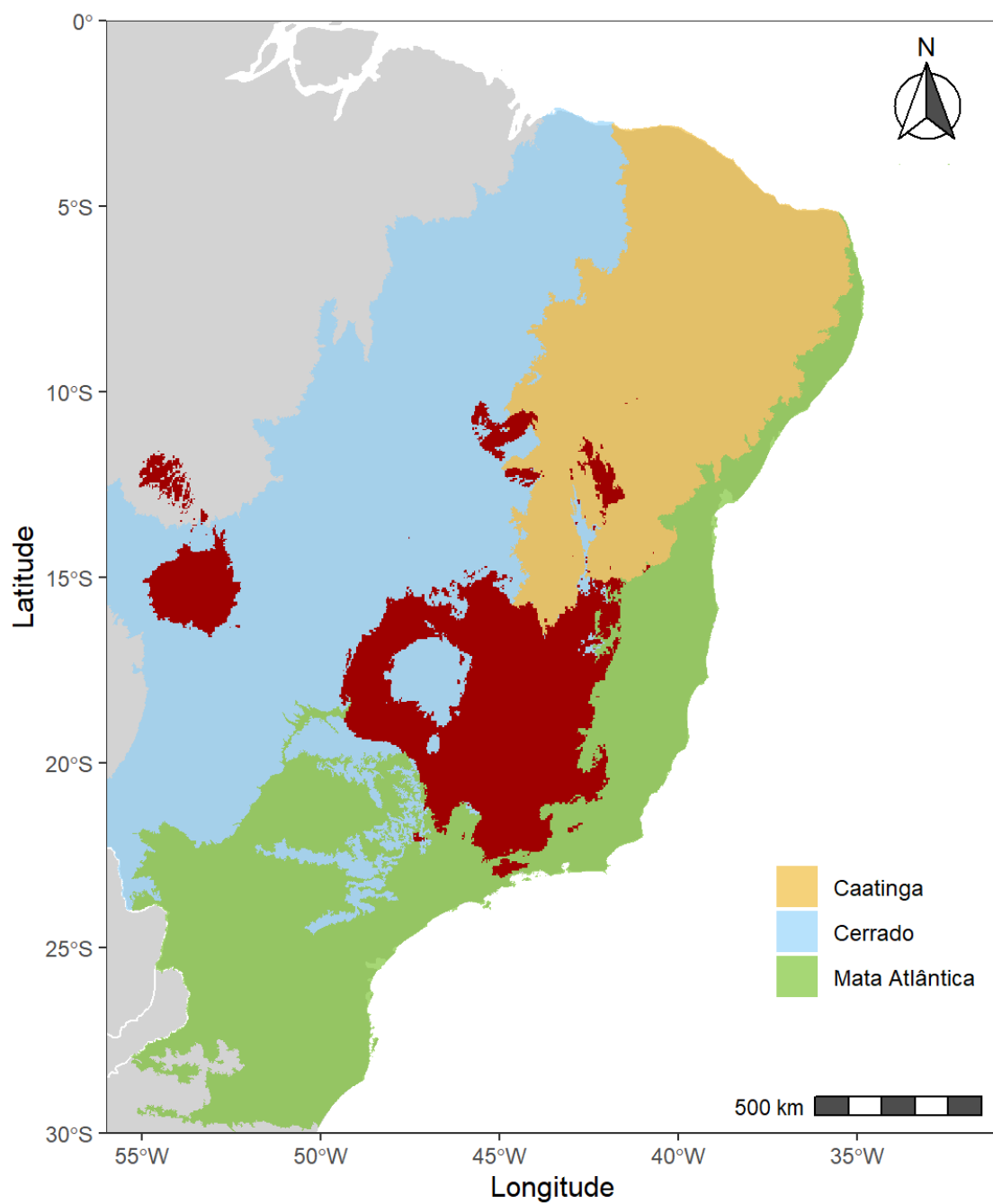


Figure 4: Distribuição potencial de *Encholirium subsecundum* (em vermelho) para o presente.

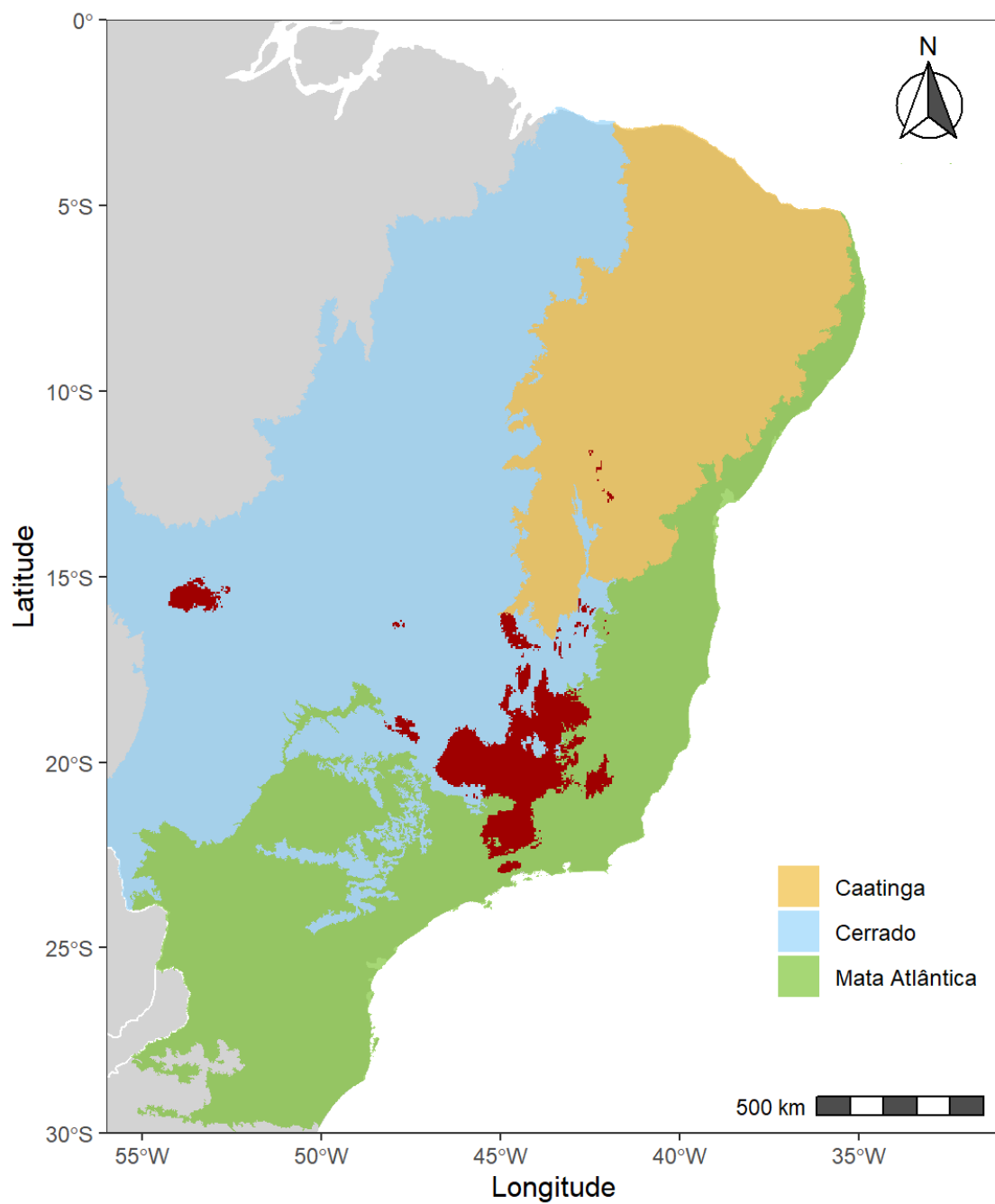


Figure 5: Distribuição potencial de *Encholirium subsecundum* (em vermelho) para o cenário futuro de RCP 4.5 (2050).

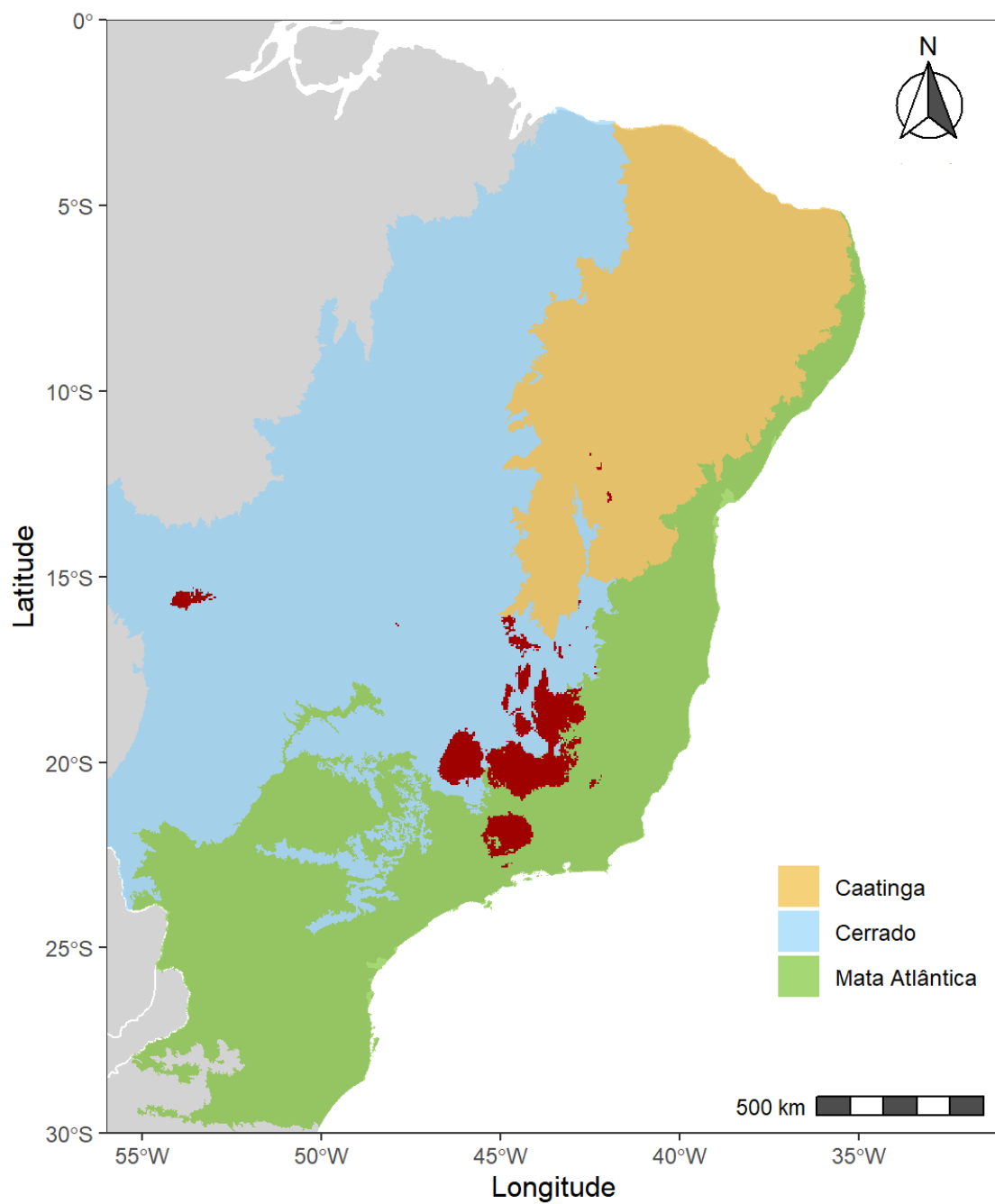


Figure 6: Distribuição potencial de *Encholirium subsecundum* (em vermelho) para o cenário futuro de RCP 8.5 (2050).

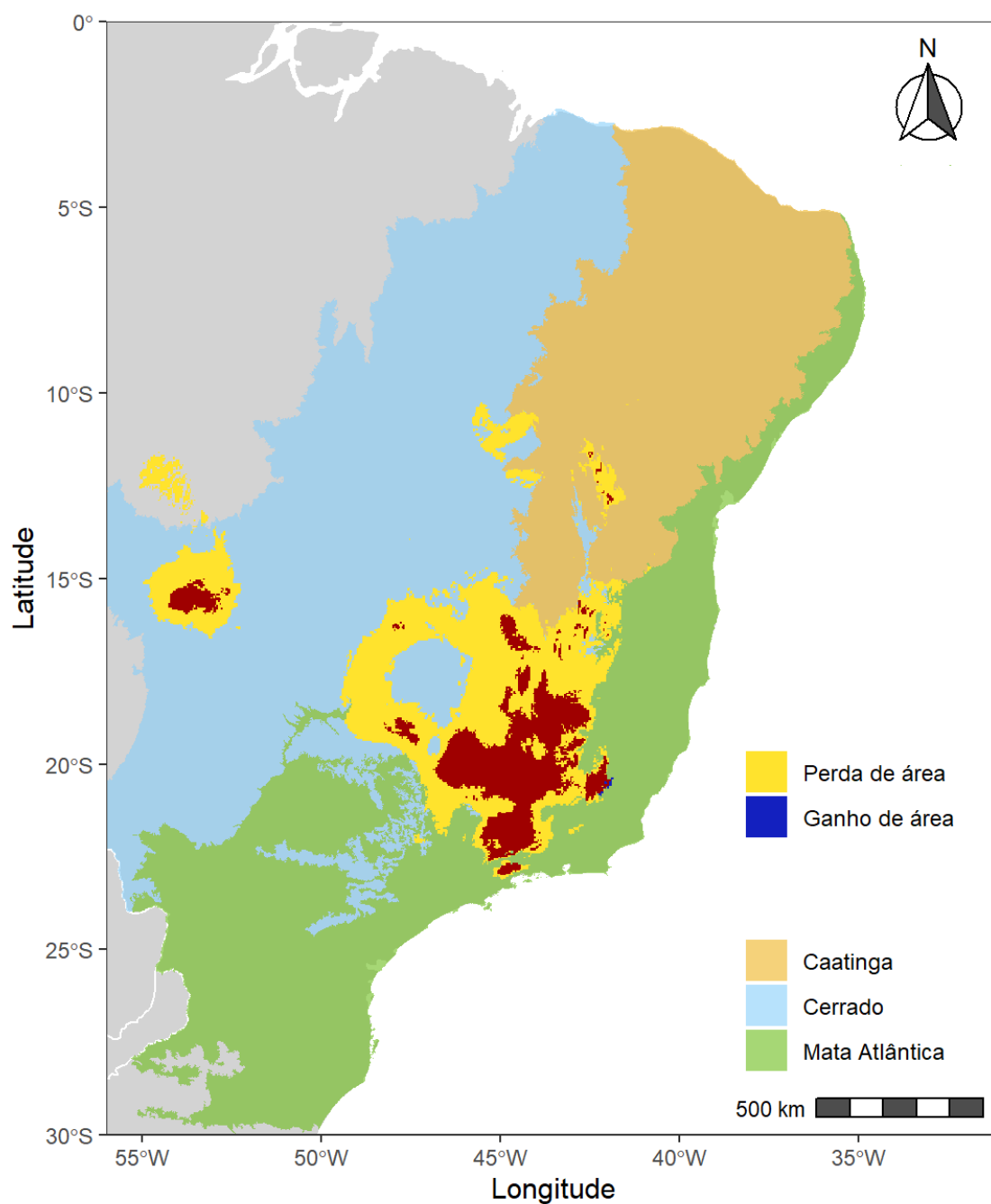


Figure 7: Mapa de alteração da distribuição potencial de *Encholirium subsecundum* no cenário RCP 4.5 (2050) em relação à distribuição do presente. A área em vermelho, amarelo e azul representam a distribuição sem alteração, perda e ganha, respectivamente.

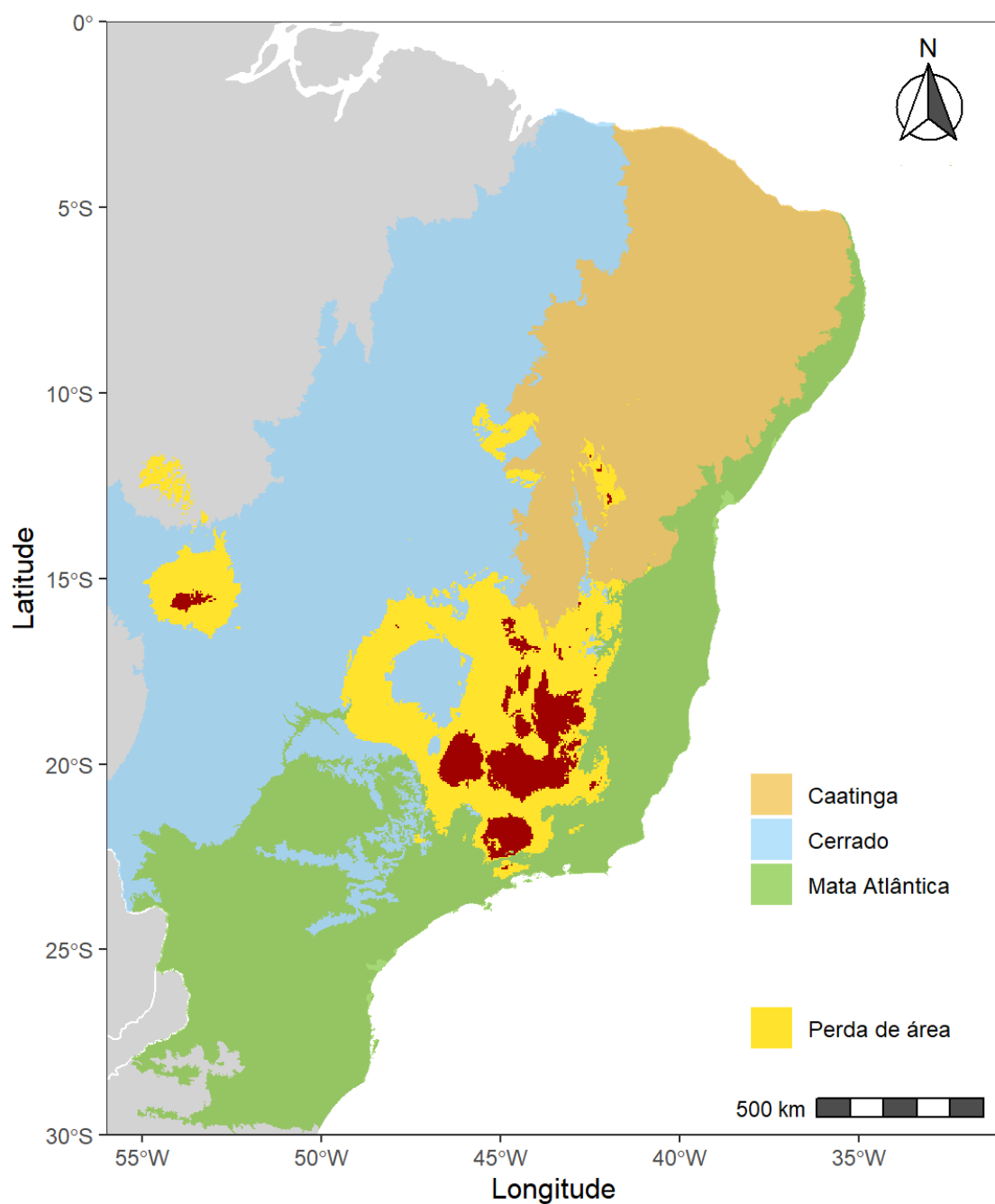


Figure 8: Mapa de alteração da distribuição potencial de *Encholirium subsecundum* no cenário RCP 8.5 (2050) em relação à distribuição do presente. A área em vermelho e amarelo representam a distribuição sem alteração e perdida. Não houve distribuição ganha da planta no RCP 8.5.

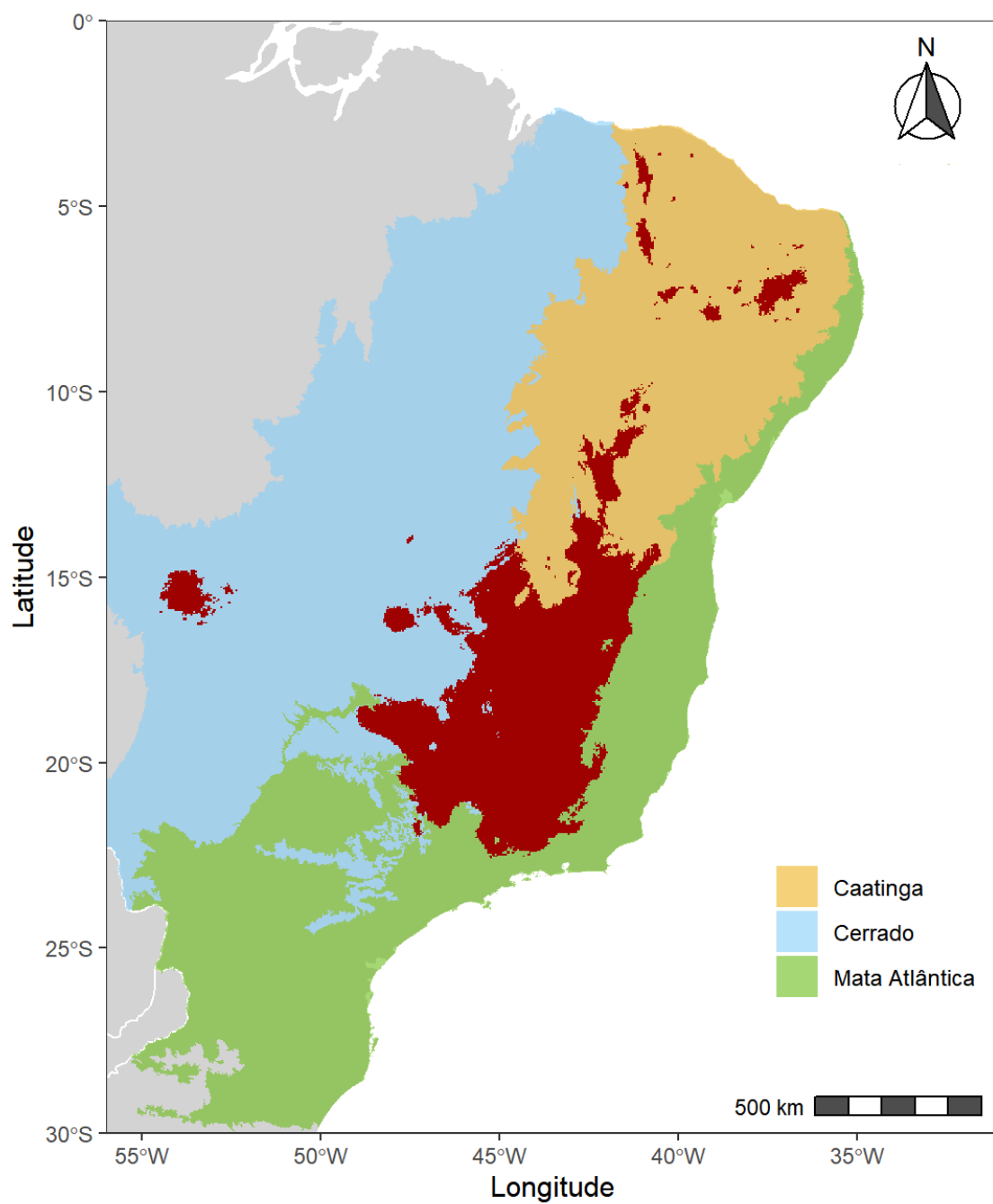


Figure 9: Distribuição potencial de *Lonchophylla bokermanni* (em vermelho) para o presente.

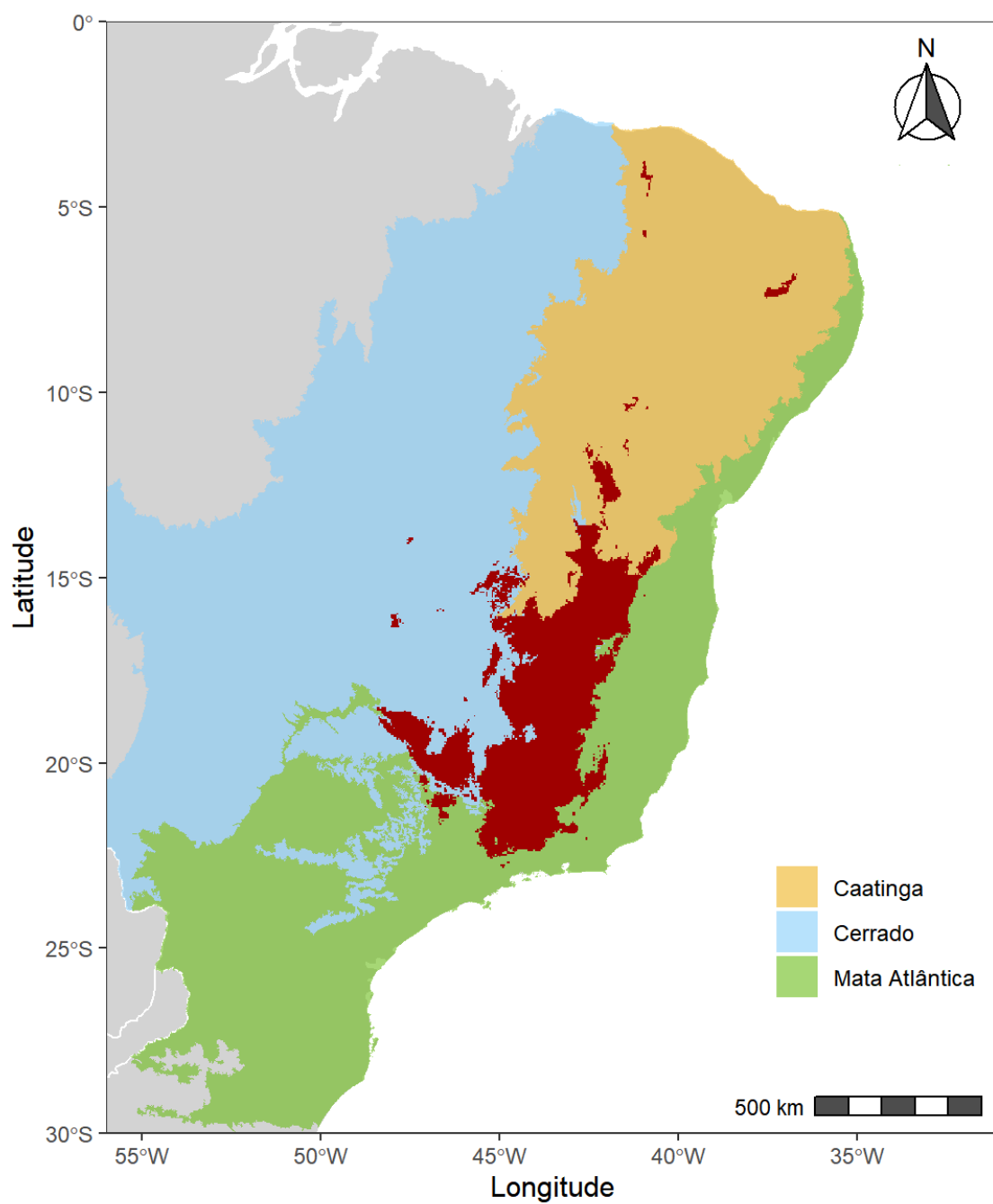


Figure 10: Distribuição potencial de *Lonchophylla bokermanni* (em vermelho) para o cenário futuro de RCP 4.5.

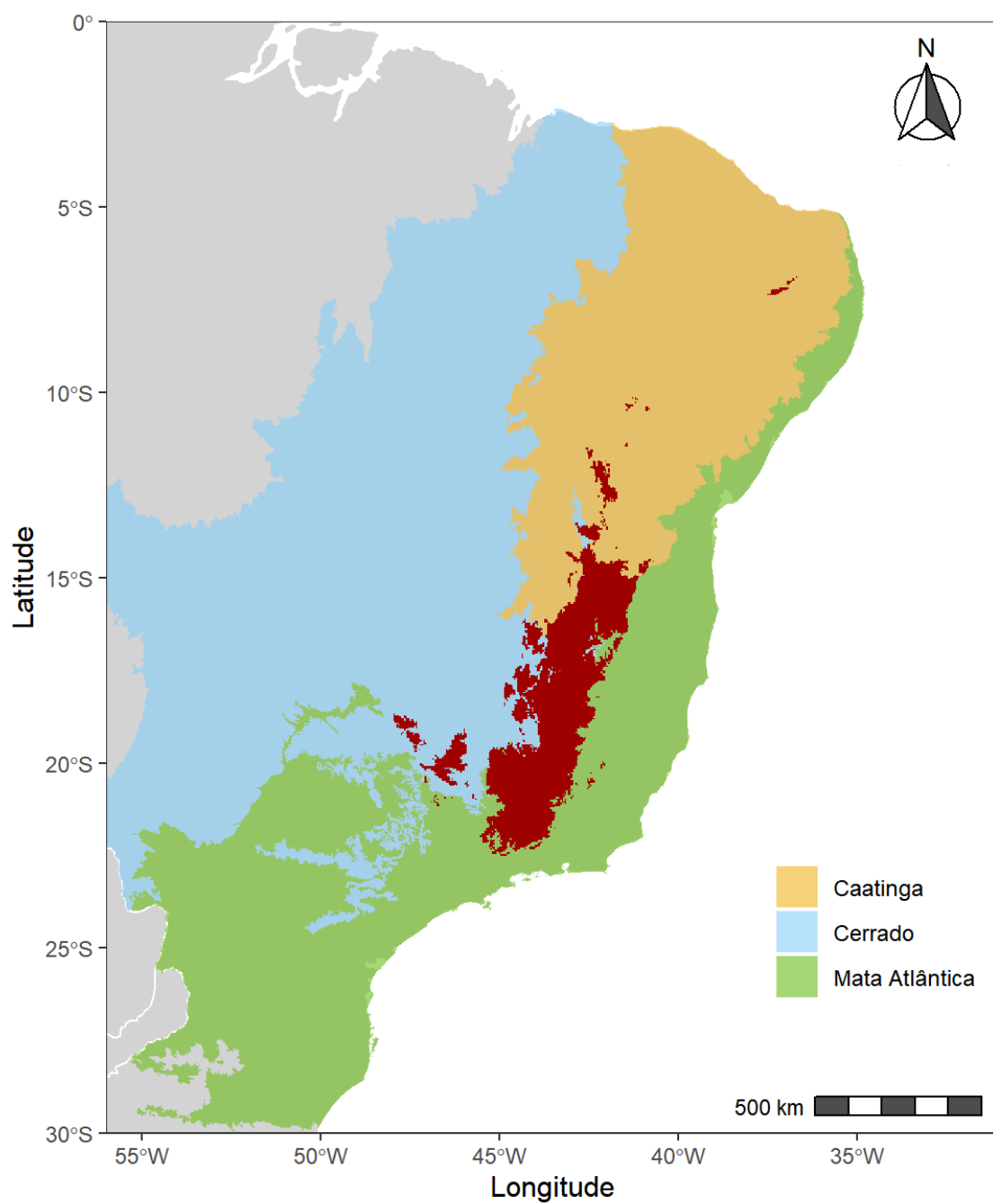


Figure 11: Distribuição potencial de *Lonchophylla bokermanni* (em vermelho) para o cenário futuro de RCP 8.5.

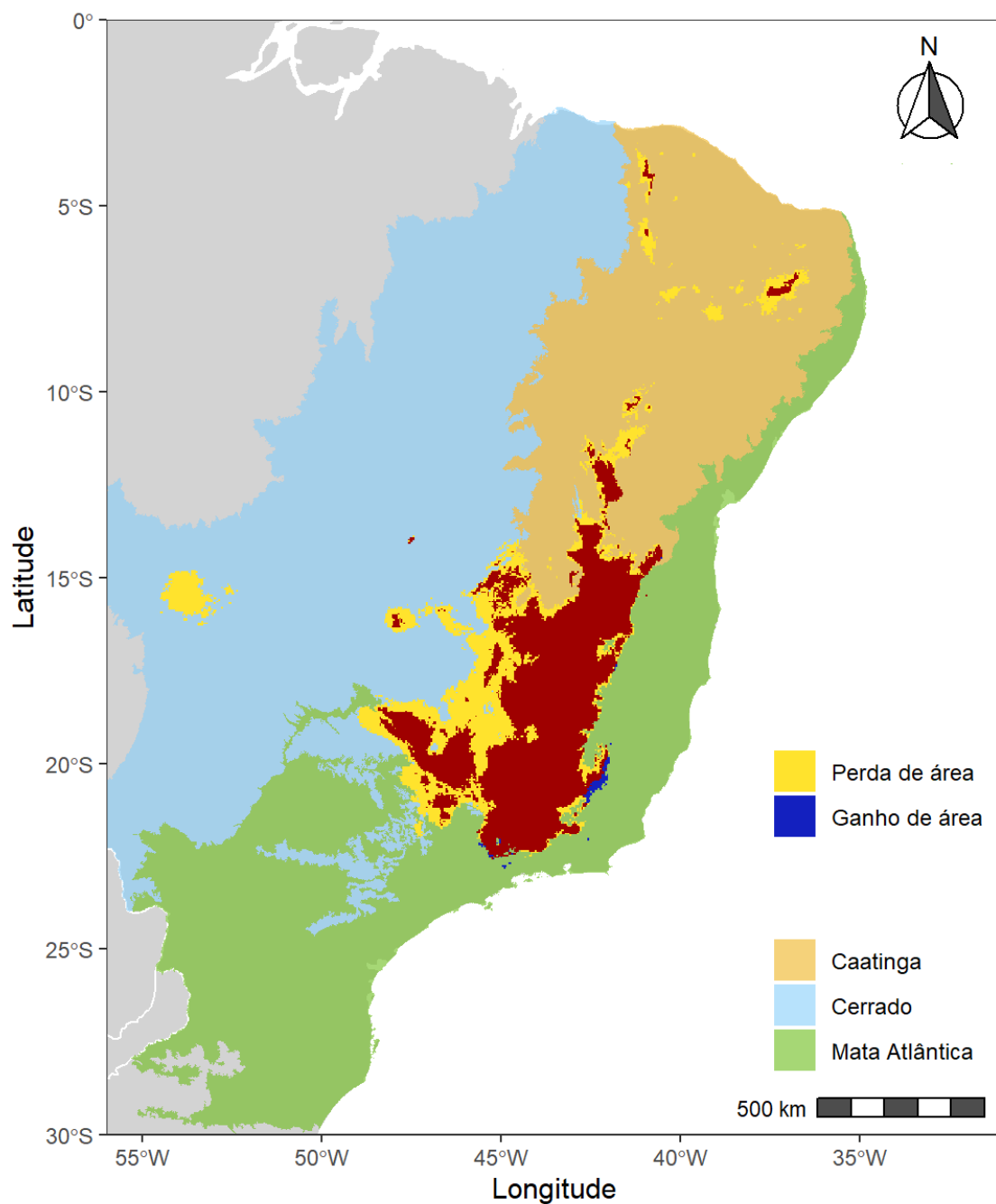


Figure 12: Mapa de alteração da distribuição potencial de *Lonchophylla bokermanni* no cenário RCP 4.5 (2050) em relação à distribuição do presente. A área em vermelho, amarelo e azul representam a distribuição sem alteração, perda e ganha, respectivamente.

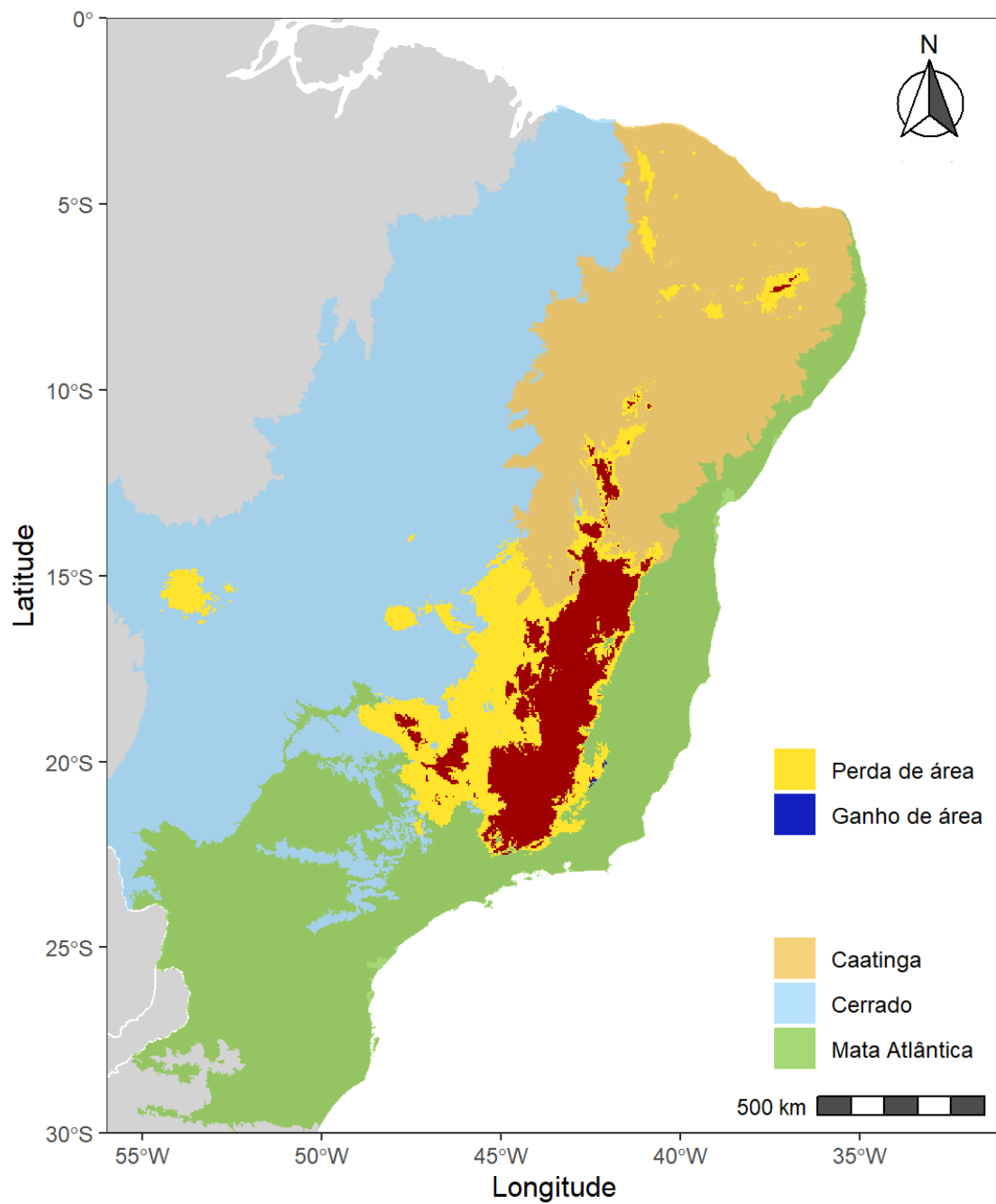


Figure 13: Mapa de alteração da distribuição potencial de *Lonchophylla bokermanni* no cenário RCP 8.5 (2050) em relação à distribuição do presente. A área em vermelho, amarelo e azul representam a distribuição sem alteração, perda e ganha, respectivamente.

```
##### SCRIPTS DO PROJETO DE PDPD #####
```

```
# 1. Carregamento e corte das camadas ambientais do presente
# 2. Rodagem dos modelos de distribuicao para a especie
#   de planta Encholirium subsecundum e selecao das camadas
# 3. Rodagem do modelo final com as camadas selecionadas
# 4. Criacao das projecoes no presente
# 5. Criacao das projecoes no cenario futuro de RCP 4.5
# 6. Criacao das projecoes no cenario futuro de RCP 8.5
# 7. Construção dos mapas simples, binarios e não binarios
# 7. Classificação das alteracoes de area
```

```
#####
```

```
#### Carregamento das bibliotecas necessarias
```

```
if (!require(tidyverse)) install.packages('tidyverse')
if (!require(sdm)) install.packages('sdm')
if (!require(dismo)) install.packages('dismo')
if (!require(dplyr)) install.packages('dplyr')
if (!require(mapview)) install.packages('mapview')
if (!require(raster)) install.packages('raster')
if (!require(rgdal)) install.packages('rgdal')
if (!require(usdm)) install.packages('usdm')
```

```
# Rodar na primeira vez para instalar as dependencias que o 'sdm' precisa.
installAll()
```

```
#####
```

```
#----- 1. CARREGAMENTO E CORTE DAS CAMADAS
```

```
#           AMBIENTAIS E DADOS DE E. SUBSECUNDUM -----#
```

```
### CARREGAR DADOS DE E. SUBSECUNDUM
```

```
spg <- read.csv('./Dados/Ocorrencias/E_subsecundum_corrigido.csv')
```

```
# Adicionamos uma coluna com a especie (necesaria como argumento na modelagem)
spg$species <- 1
```

```
# Exploramos o data frame
```

```

head(spg)

# Transformar as coordenadas em um objeto "Spatial"
sp::coordinates(spg) <-c('x','y')
spg

#-----
### CARREGAR CAMADAS DO PRESENTE

# Criar um objeto com o contorno (poligono) do Brasil
mascara <- raster::shapefile('Dados/Mascaras/mascara_brasil.shp')

# Baixar camadas presente do database online Worldclim
bio <- raster::getData('worldclim', var='bio', res=2.5, path="./Camadas_presente/")
plot(bio)

# cortar as camadas com o shape do brasil
corte <- bio
cam_rep <- bio[[1]]

# Reduzir o tamanho da camada representante para um retangulo
cam_rep <- raster::crop(cam_rep, extent(mascara))

# Reduzir o tamanho de todas as camadas ambientais do presente
bioCams <- raster::resample(corte, cam_rep, method="bilinear",
                           snap='out', bylayer=TRUE, progress='text')

# Cortar as camadas ambientais e cortar a partir da mascara criada
bioCams <- raster::mask(bioCams, mascara, bylayer=TRUE)

# Verificacao
plot(bioCams)

#-----
### CARREGAR CAMADAS DO FUTURO RCP45, ANO 2050

# Download das camadas futuras (RCP 45) do database online Worldclim
biof45 <- raster::getData('CMIP5', var='bio', res=2.5, rcp=45, model='CN',

```

```

                                year=50, path="./Camadas_RCP45/")
plot(biof45)

# As camadas futuras devem ter o mesmo nome que as do presente
names(biof45) <- names(bio)

# Carregar as camadas e uma camada representante (bio 1) para corte das camadas
cortef <- biof45
cam_repf <- biof45[[1]]

# Reduzir o tamanho da camada representante para um retangulo
cam_repf <- raster::crop(cam_repf, extent(mascara))

# Reduzir o tamanho de todas as camadas ambientais RCP 45
bio45 <- raster::resample(cortef, cam_repf, method="bilinear",
                           snap='out', bylayer=TRUE, progress='text')

# Cortar as camadas ambientais e cortar a partir da mascara criada do Brasil
bio45 <- raster::mask(bio45, mascara, bylayer=TRUE)

# Verificacao
plot(bio45)

#-----
### CARREGAR CAMADAS DO FUTURO RCP85, ANO 2050

# Download das camadas futuras (RCP 45) do database online Worldclim
biof85 <- raster::getData('CMIP5', var='bio', res=2.5, rcp=85, model='CN',
                           year=50, path="./Camadas_RCP85/")
plot(biof85)

# As camadas futuras devem ter o mesmo nome que as do presente
names(biof85) <- names(bio)

# Carregar as camadas e uma camada representante (bio 1) para corte das camadas
cortef85 <- biof85
cam_repf85 <- biof85[[1]]

```

```

# Reduzir o tamanho da camada representante para um retangulo
cam_rep85 <- raster::crop(cam_rep85, extent(mascara))

# Reduzir o tamanho de todas as camadas ambientais RCP 85
bio85 <- raster::resample(cortef85, cam_rep85, method="bilinear",
                           snap='out', bylayer=TRUE, progress='text')

# Cortar as camadas ambientais e cortar a partir da mascara criada do Brasil
bio85 <- raster::mask(bio85, mascara, bylayer=TRUE)

# Verificacao
plot(bio85)

#####
#----- 2. RODAGEM DO MODELO PREVIO E
#          SELECAO DAS VARIÁVEIS      -----#

# MODELO CHEIO

# Adicionar os dados previo para fazer um modelo com todas as variaveis
dC <- sdm::sdmData(species~., spg, predictors = bioCams,
                   bg=list(method='gRandom', n=10000))
dC

# Ajustar e criar os modelos
mC <- sdm::sdm(species~., dC, methods = 'maxent', replication=c('sub', 'boot'),
               test.p=30, n=25, parallelSettings=list(ncore=5, method='parallel'))

# NOTAS: 1) Para o MaxEnt funcionar o Java do computador deve estar atualizado.
# 2) O parametro ncore e a quantidade de cores de processamento utilizados para
# a modelagem, altere conforme a capacidade do computador

mC

# Plot da importancia das variaveis
plot(getVarImp(mC), 'AUC', main="Importância relativa das biovariáveis",
     ylab='Variáveis', xlab="Importância relativa da variável") # Biovars: 6, 17, 19, 14
getVarImp(mC)

```

```

# Para abrir uma interface de exploracao do modelo
sdm::gui(mC)

#-----
# TESTE VIF COM AS VARIÁVEIS COM MAIOR IMPORTANCIA

# Tiramos a camada 14 (alto vif e importância menor do que a correlata 17)
bioc <- raster::subset(bioCams, c(6, 17, 19))
vif(bioc)

# Essa parte ? desnecessaria pois ja fizemos de forma manual
# ex <- raster::extract(bioc, spg)
# head(ex)

# v <- usdm::vifstep(ex)
# cor(ex)

# Deixar apenas as vars sem problema de colinearidade
# bioc <- usdm::exclude(bioc, v)
# bioc

#####
#----- 3. MODELAGEM COM AS CAMADAS SELECIONADAS
#                               -----#

# Adicionar os dados previos: ocorrencias, camadas e pontos de background
d <- sdm::sdmData(species~., spg, predictors = bioc, bg=list(method='gRandom',
                                                             n=10000))

d

# Ajustar os modelos, 50 replicacoes, 25 por Subsampling e 25 por Bootstrap
m <- sdm::sdm(species~., d, methods='maxent', replication=c('sub', 'boot'),
               test.p=30, n=25, parallelSettings=list(ncore=5, method='parallel'))

# NOTAS: Como mencionado no item 2, o parametro ncore é a quantidade de cores de
# processamento utilizados para a modelagem, altere conforme a configuracao do
# computador

```



```

m

# Plot das contribuicoes das variaveis
plot(getVarImp(m), 'AUC')
sdm::getVarImp((m))

# Para abrir uma interface de exploracao do modelo
sdm::gui(m)

#####
#----- 4. PROJECAO DO MODELO PARA O PRESENTE -----#

# Projecao dos 50 modelos criados na seção anterior para o presente
p1 <- predict(m, bioc, filename='./Resultados_subsecundum/presente.img',
              overwrite=TRUE)
p1

# Obter um modelo consenso dentre os 50 criados para o presente por meio da
# mediana ponderada
en <- sdm::ensemble(m, bioc, filename =
                  './Resultados_subsecundum/ensemble_presente.img',
                  setting =list(method='weighted', stat='tss', opt=2),
                  overwrite=TRUE)
en

# Verificacao
plot(p1)
plot(en)

#####
#----- 5. PROJECAO DO MODELO PARA O FUTURO (RCP45) -----#

# Selecionar apenas as biovariaveis 6, 17, 19
bioS45 <- raster::subset(bio45, c(6, 17, 19))
plot(bioS45)

# Predicao utilizando o modelo criado na secao 3 para as camadas de RCP45

```

```

p2 <- predict(m, bioS45, filename='./Resultados_subsecundum/modelos_RCP45.img',
              overwrite=TRUE)
p2

# Obter um modelo consenso dentre os 50 criados para o futuro RCP45 por meio da
# mediana ponderada
en45 <- sdm::ensemble(m, bioS45, filename='./Resultados_subsecundum/futuro_RCP45.img',
                     setting =list(method='weighted', stat='tss', opt=2),
                     overwrite=TRUE)
en45

# Verificacao
plot(p2)
plot(en45)

#####
#----- 6. PROJECAO DO MODELO PARA O FUTURO (RCP85) -----#

# Selecionar apenas as biovariaveis 6, 17, 19
bioS85 <- raster::subset(bio85, c(6, 17, 19))
plot(bioS85)

# Predicao utilizando o modelo criado na secao 3 para as camadas de RCP85
p3 <- predict(m, bioS85, filename='./Resultados_subsecundum/modelos_RC85.img',
              overwrite=TRUE)
p3

# Obter um modelo consenso dentre os 50 criados para o futuro RCP85 por meio da
# mediana ponderada
en85 <- sdm::ensemble(m, bioS85, filename='./Resultados_subsecundum/futuro_RC85.img',
                     setting =list(method='weighted', stat='tss', opt=2),
                     overwrite=TRUE)

# Verificacao
plot(en85)

#####
#----- 7. CONSTRUCAO DE MAPAS BINARIOS E

```

```

#                               DE DENSIDADE DE PROBABILIDADE  -----#

# Paleta de cores
cores <- grDevices::colorRampPalette(c(
  '#3E49BB', '#3498DB', 'yellow', 'orange', 'red', 'darkred'))

# Plot dos mapa com a nova paleta de cores
plot(en, col=cores(200))
plot(en45, col=cores(200))
plot(en85, col=cores(200))

# Visualizacao alteranativa dos mapaP45 por meio do mapview
mapview::mapview(stack(en,en45,en85))

#-----
### Mapa de alteracao de adequabilidade (NAO BINARIO) entre o presente e o futuro
# de RCP 45
ch45 <- en45 - en

cores2<-grDevices::colorRampPalette(c('red', 'orange', 'yellow', 'gray',
  'green', 'blue'))

plot(ch45, col=cores2(200))
# Areas mais proximas ao azul representam areas ganhas no futuro (RCP45)
# Areas mais proximas ao vermelho representam areas ganhas perdidas (RCP45)
# Areas cinzas permanceram inalteradas no futuro

#-----
### Mapa de alteracao de adequabilidade (NAO BINARIO) entre o presente e o futuro
# de RCP 85
ch85 <- en85 - en

cores2<-grDevices::colorRampPalette(c('red', 'orange', 'yellow', 'gray',
  'green', 'blue'))

plot(ch85, col=cores2(200))

#-----
### OBTEN MEDIDAS DE THRESHOLD PARA A CONSTRUCAO DOS mapaP45 BINARIOS
df <- as.data.frame(d)

```

```

df <- data.frame(species=df$species, coordinates(d))
xy = as.matrix(df[,c('x', 'y')])
head(xy)

# Extrair do raster da predicao do presente os valores das biovariaveis nos
# pontos de ocorrencias das especies
p<-raster::extract(en,xy)

# Avaliacao do modelo
ev <- evaluates(df$species,p)
ev@statistics

# Medidas de threshold
ev@threshold_based

th <- ev@threshold_based$threshold[2] #Threshold pelo metodo SSS: max(espec+sens)

# Verificar valor de threshold
th

#-----
### MAPA BINARIO DO PRESENTE UTILIZANDO O VALOR DE THRESHOLD th
pa1 <- raster(en)
pa1[] <- ifelse(en[] >= th, 1,0)
plot(pa1)

### MAPA BINARIO DO FUTURO (RCP45)
pa2 <- raster(en45)
pa2[] <- ifelse(en45[] >= th, 1,0)
plot(pa2)

### MAPA BINARIO DO FUTURO (RCP85)
pa3 <- raster(en85)
pa3[] <- ifelse(en85[] >= th, 1,0)
plot(pa3)

### MAPA BINARIO DE ALTERACAO DE ADEQUABILIDADE (Futuro RCP45 - Presente)
chp45 <- pa2 - pa1

```

```

plot(chp45, col=c('red','gray','blue'))

### MAPA BINARIO DE ALTERACAO DE ADEQUABILIDADE (Futuro RCP85 - Presente)
chp85 <- pa3 - pa1
plot(chp85, col=c('red','gray','blue'))

#####
#----- 7. CLASSIFICACAO DAS ALTERACOES DE AREA -----#

# Obter os tamanhos das celulas
cel_tam<-area(pa1, na.rm=TRUE, weights=FALSE)
cel_tam<-cel_tam[!is.na(cel_tam)]

#-----
### AREA PRESENTE (KM^2)
mapa <- pa1$layer@data@values==1
tamanho <- sum(mapa[!is.na(mapa)])
area <- tamanho*median(cel_tam)
area

#-----
### AREA FUTURA (RCP45) (KM^2)
mapaF45 <- pa2$layer@data@values==1
tamanhoF45 <- sum(mapaF45[!is.na(mapaF45)])
areaF45 <- tamanhoF45*median(cel_tam)
areaF45

#-----
### AREA FUTURA (RCP85) (KM^2)
mapaF85 <- pa3$layer@data@values==1
tamanhoF85 <- sum(mapaF85[!is.na(mapaF85)])
areaF85 <- tamanhoF85*median(cel_tam)
areaF85

#-----
### AREA ALTERADA ENTRE O PRESENTE E O FUTURO RCP45 (KM^2)
# area de perda < 0
# area de ganho > 0

```

```

mapaP45 <- chp45$layer@data@values < 0
tamanhoP45 <- sum(mapaP45[!is.na(mapaP45)])
areaP45 <- tamanhoP45*median(cel_tam)
areaP45          # Area perdida

# Porcentagem de perda
(areaP45/area)*100

mapaG45 <- chp45$layer@data@values >0
tamanhoG45 <- sum(mapaG45[!is.na(mapaG45)])
areaG45 <- tamanhoG45*median(cel_tam)
areaG45          # Area ganha

# Porcentagem de ganho
(areaG45/area)*100

#-----
### AREA ALTERADA ENTRE O PRESENTE E O FUTURO RCP85 (KM^2)
# area de perda < 0
# area de ganho > 0

mapaP85 <- chp85$layer@data@values < 0
tamanhoP85 <- sum(mapaP85[!is.na(mapaP85)])
areaP85 <- tamanhoP85*median(cel_tam)
areaP85          # Area perdida

# Porcentagem de perda
(areaP85/area)*100

mapaG85 <- chp85$layer@data@values >0
tamanhoG85 <- sum(mapaG85[!is.na(mapaG85)])
areaG85 <- tamanhoG85*median(cel_tam)
areaG85          # Area ganha

# Porcentagem de ganho

```

```
(areaG85/area)*100
```