

Disciplina IBE 875 - Modelagem de Distribuição de Espécies

Professores: Rodrigo Tardin, Maria Lucia Lorini, Mariana Mira Vasconcelos

Roteiro – Script 6 – Projeção, transferabilidade e incerteza

Agora já modelamos a distribuição da Araponga, usando diferentes algoritmos e conhecemos a relação das variáveis com a ocorrência da espécie. Mas ainda temos uma pergunta importante: quais são as áreas mais ou menos adequadas para a Araponga? Nesse exercício, vamos projetar, no espaço geográfico, as predições dos modelos no presente e no futuro em cenários de mudanças climáticas. Para essa segunda etapa (projetar para o futuro), precisaremos incluir no workspace as camadas para o futuro (disponíveis no drive da disciplina), que faremos mais à frente no script.

Funções usadas

- BIOMOD_Projection
- crop
- mask

- Projetando as predições dos modelos no espaço geográfico - presente

Cada um dos 72 modelos que geramos (36 SRE, GLM, GAM + 36 RF, GBM, MaxEnt) produz predições sobre a adequabilidade de ocorrência da Araponga tendo como base as variáveis preditoras. A modelagem que realizamos nos roteiros 4 e 5 representa o espaço ambiental. Agora queremos entender as predições do modelo no espaço geográfico. Para isso, precisamos projetar essas predições na área de distribuição da Araponga e gerar os mapas onde o modelo prediz ser mais ou menos adequadas.

Lembre-se que temos dois conjuntos de modelos: um incluindo algoritmos de envelope e regressão (`procnias1model`) e outro incluindo algoritmos de classificação e máxima entropia (`procnias2model`). Dessa forma, iremos gerar mapas com as predições espaciais para cada um dos conjuntos. Então teremos 36 mapas de distribuição considerando cada um dos modelos (algoritmo + rodada + conjunto de PA) para a modelagem `procnias1model` e 36 outros mapas para a modelagem `procnias2model`.

No código abaixo, temos que indicar alguns parâmetros indispensáveis: o objeto onde geramos os modelos (`modeling.output`) e o espaço geográfico onde queremos projetar as predições dos modelos (`new.ev`). O restante dos argumentos auxilia na projeção. Além dos dois parâmetros indispensáveis, indicamos o nome da pasta, se queremos selecionar todos os modelos para projetar ou não (positivo no nosso caso), o

método para transformar predições contínuas de adequabilidade em presença/ausência (binary.meth) e a forma de gravar as figuras para processamento em outro programa (para quem quiser por exemplo fazer os mapas no ArcGIS).

- Gerando o objeto com as predições espaciais de todos os modelos e rodadas separadamente para GLM, GAM, SRE

```
projec_procnias1 <- BIOMOD_Projection(  
  modeling.output = procnias1model, #objeto com os modelos criados  
  new.env = biostack2, #variaveis ambientais onde os modelos vão  
ser projetados  
  proj.name = "GLM_GAM_SRE", #nome da pasta com as projeções  
  selected.models = "all",  
  binary.meth = "TSS", #metodo para binarização  
  output.format = ".img", compress = ' xz ' ,  
  clamping.mask = F, do.stack = T  
)  
  
# Sumário do objeto com as projeções no espaço geográfico  
projec_procnias1
```

Certo! Acima, criamos um objeto, onde podemos projetar no polígono de ocorrência da Araponga, as predições espaciais dos modelos de envelope climático e de regressão. Antes de projetarmos, com a função plot, dê uma olhada na sua pasta 'Procnias' e veja que agora existe uma pasta com o mesmo nome que você deu ao argumento proj.name. Lá estão os arquivos com as predições em formato .img.

Agora vamos fazer o mesmo para os modelos dos algoritmos de classificação e máxima entropia.

```
##Gerando o objeto com as predições espaciais de todos os modelos  
e rodadas separadamente para GBM, RF, MaxEnt  
projec_procnias2 <- BIOMOD_Projection(  
  modeling.output = procnias2model, #objeto com os modelos criados  
  new.env = biostack2, #variaveis ambientais onde os modelos vão  
ser projetados  
  proj.name = "GBM_RF_MAX", #nome da pasta com as projeções  
  selected.models = "all",  
  binary.meth = "TSS", #metodo para binarização  
  output.format = ".img", compress = ' xz ' ,  
  clamping.mask = F, do.stack = T  
)
```

```
# Sumário do objeto com as projeções no espaço geográfico
projec_procnias2
```

Agora já temos objetos que vão nos permitir projetar no espaço geográfico as previsões espaciais geradas pelos modelos. Para isso, precisaremos apenas usar a nossa velha conhecida função `plot`.

```
# Plotando as projeções por algoritmo (melhorar com os códigos da
Mari para mapas)
plot(projec_procnias1, str.grep = "GLM")
plot(projec_procnias1, str.grep = "GAM")
plot(projec_procnias1, str.grep = "SRE")
plot(projec_procnias2, str.grep = "GBM")
plot(projec_procnias2, str.grep = "RF")
plot(projec_procnias2, str.grep = "MAXENT.Phillips")
```

Uma etapa interessante da modelagem de distribuição de espécies é transferir as previsões do modelo para outro recorte temporal ou espacial. Nessa parte do exercício, vamos transferir as previsões do modelo para o futuro, baseado em cenários de mudanças climáticas.

Para isso, vamos inserir as camadas com projeções futuras (anos de 2060 a 2080). Depois vamos cortar as variáveis para a nossa área de estudo. Por fim, vamos unir as variáveis já cortadas em um único arquivo ('stack') e fazer um plot. Todas essas funções foram usadas no script 2, porém agora essas camadas são para o futuro. Um ponto muito importante é que para projetar para um cenário futuro, as variáveis devem ser as mesmas que as do presente, porém para o tempo futuro desejado (2060 a 2080).

- Preparando as camadas para transferir as previsões do modelo no tempo

```
#Camadas obtidas do worldClim (CMIP 6) dentro dos Shared Socio-
Economic Pathway 585 para os anos de 2060-2080
(https://www.carbonbrief.org/cmip6-the-next-generation-of-climate-
models-explained).
```

- Carregando as camadas futuras correspondentes as que foram usadas para modelar no tempo presente (bio 3, bio 7, bio 12, bio 15)

Aqui temos que ter atenção para um detalhe. Os nomes dos arquivos das camadas na pasta do futuro têm que ser os mesmos das do presente para que o BIOMOD entenda que se trata das mesmas variáveis, porém em recortes temporais diferentes. Na pasta

‘futuro’ no Drive (e que você deve ter baixado para a pasta que você está trabalhando no R), as camadas do futuro já estão com os nomes iguais ao do presente, mas essa dica fica para quando vocês tiverem que fazer seus projetos finais.

```
bio3_2060=raster("C:/Users/rhtar/OneDrive/R/ENM_PPGE/Camadas/Futuro/WC_bio3_lonlat.tif")
```

```
#Isotermalidade 2060
```

```
bio7_2060=raster("C:/Users/rhtar/OneDrive/R/ENM_PPGE/Camadas//Futuro/WC_bio7_lonlat.tif")
```

```
#Variação Anual da Temperatura 2060
```

```
bio12_2060=raster("C:/Users/rhtar/OneDrive/R/ENM_PPGE/Camadas/Futuro/WC_bio12_lonlat.tif")
```

```
#Precipitação Anual 2060
```

```
bio15_2060=raster("C:/Users/rhtar/OneDrive/R/ENM_PPGE/Camadas/Futuro/WC_bio15_lonlat.tif")
```

```
#Sazonalidade da precipitação 2060
```

Para permitir uma abordagem que a Araponga possa, em um cenário de mudanças climáticas, estar expandindo sua área (e não só tendo sua área reduzida)

- Cortando as camadas futuras para o polígono da Araponga

```
bio3procneas_futuro=mask(crop(bio3_2060,procneaspolygon),procneaspolygon)
```

Como a camada bio3 no futuro está numa escala diferente da do presente, precisamos formatar os valores da bio3_2060 para ficar no mesmo 'range' de valores do que o bio 3 no tempo presente, que é basicamente dividir por 100.

```
bio3procneas_futuro=bio3procneas_futuro/100
```

```
bio7procneas_futuro=mask(crop(bio7_2060,procneaspolygon),procneaspolygon)
```

```
bio12procneas_futuro=mask(crop(bio12_2060,procneaspolygon),procneaspolygon)
```

```
bio15procneas_futuro=mask(crop(bio15_2060,procneaspolygon),procneaspolygon)
```

- Unindo as variáveis futuras em um unico 'stack'

```
biostack_futuro=stack(altprocnias,bio3procnias_futuro,bio7procnias_futuro,bio12procnias_futuro,bio15procnias_futuro)
```

- Plotando o 'stack' das variáveis futuras e comparando com o 'stack' do presente (melhorar com os códigos da Mari)

```
plot(biostack_futuro, col=topo.colors(255))
plot(biostack1, col=topo.colors(255))
```

Nos próximos passos, vamos projetar os modelos criados (procnias1model e procnias2model) no novo ambiente, ou seja, no conjunto de camadas com projeções futuras que geramos acima (biostack_futuro). Aqui é importante a gente perceber que não rodaremos novos modelos de distribuição e sim apenas transferir as predições da modelagem no presente com base nas variáveis preditoras para o futuro.

- Projetando no espaço geográfico os modelos do presente nas condições climáticas futuras

```
projec_procnias1_futuro <- BIOMOD_Projection(
  modeling.output = procnias1model, #modelo do presente de
  envelope e regressao
  new.env = biostack_futuro, #aqui você indica as camadas futuras
  que vão ser usadas para projetar
  proj.name = "Modelos Futuro_SRE_GLM_GAM", #nome da pasta
  selected.models = "all",
  binary.meth = "TSS",
  output.format = ".img", compress = ' xz ' ,
  clamping.mask = T, do.stack = T
```

```
projec_procnias2_futuro <- BIOMOD_Projection(
  modeling.output = procnias2model, #modelo do
  presente_classificação e maxima entropia
  new.env = biostack_futuro, #aqui você indica as camadas futuras
  que vão ser usadas para projetar
  proj.name = "Modelos Futuro_RF_BRT_MAXENT", #nome da pasta
  selected.models = "all",
  binary.meth = "TSS",
  output.format = ".img", compress = ' xz ' ,
  clamping.mask = T, do.stack = T
)
```

Por fim, vamos plotar todos os modelos projetados para o futuro para cada algoritmo utilizado.

```
#### Plotando os modelos individuais projetados no futuro ####
plot(projec_procnias1_futuro, str.grep = "GLM")
plot(projec_procnias1_futuro, str.grep = "GAM")
plot(projec_procnias1_futuro, str.grep = "SRE")
plot(projec_procnias2_futuro, str.grep = "GBM")
plot(projec_procnias2_futuro, str.grep = "RF")
plot(projec_procnias2_futuro, str.grep = "MAXENT.Phillips")

#Fim do Script 6
```