**Mô hình diễn thế sinh thái**

Mục lục

[Các gói (pakages) được sử dụng: 2](#_Toc92097843)

[Cấu trúc thư mục 2](#_Toc92097844)

[Các hàm chính được xây dựng trong mô hình 4](#_Toc92097845)

[CreateBoundary(data) 4](#_Toc92097846)

[GetDataSp(data) 4](#_Toc92097847)

[RunModel(OTCdefine, dataRaw, shp, DataSptable, PeriodTime, species, area, dispKernel) 4](#_Toc92097848)

[Xử lý kết quả của mô hình 7](#_Toc92097849)

**Danh sách hình**

[Hình 1. Cấu trúc thư mục gốc 3](#_Toc92051012)

[Hình 2. Thư mục Core 3](#_Toc92051013)

[Hình 3. Thư mục Datasource 4](#_Toc92051014)

[Hình 4. Thư mục Model 4](#_Toc92051015)

[Hình 5. Thư mục Result 4](#_Toc92051016)

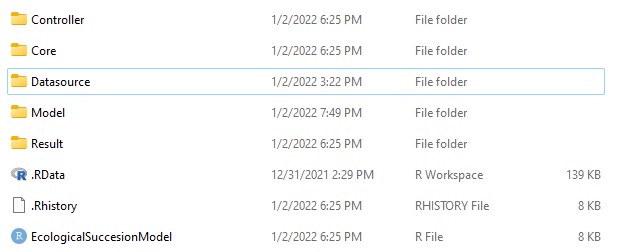
# Các gói (pakages) được sử dụng:

* **readxl:** dùng đọc file .csv;
* **rgeos:** chủ yếu dùng để tạo polygon biên giữa vùng bị bão tác động và vùng không bị bão tác động;
* **rgdal:** sử dụng để mở các dữ liệu không gian (vd: raster, shapefile) và xuất file không gian;
* **sf:** Chuyển đối tượng khác về một đối tượng sf để tạo grid polygon;
* **raster:** sử dụng để thao tác với các dữ liệu không gian (vd.shapefile);
* **facilitation:** package dùng để mô phỏng diễn thế sinh thái theo học thuyết nội diễn thế không có sự tác động từ tác nhân bên ngoài sau bão;

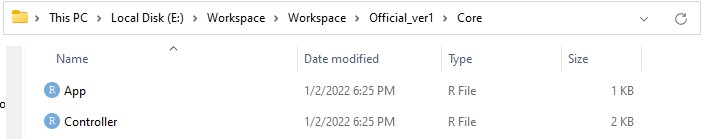
# Cấu trúc thư mục

Gồm 5 thư mục con và 1 file R script tại thư mục gốc (xem Hình 1)

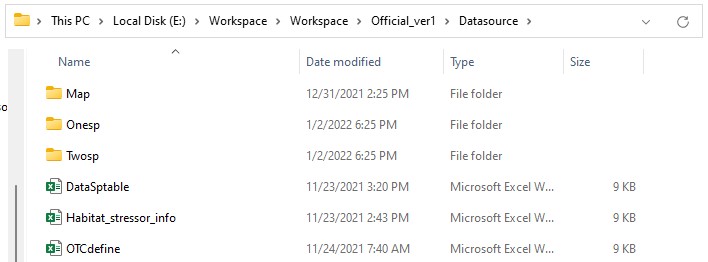
* **Controller:** chứa 2 file R script (*CreatePolygon.R*, *CreateSuccession.R*) để trỏ tới hàm xử lý trong thư mục **Model.**
* **Core:** chứa 2 file R script với *App.R –* gọi các hàm xử lý cho mô hình và *Controller.R* – hàm trung gian để lựa chọn mô hình đơn loài hay đa loài trong diễn thế cho khu vực hướng tới (xem Hình 2)
* **Datasource:** chứa 3 thư mục con và 3 file “.csv” (xem Hình 3)
* 3 file “.csv” theo thứ tự DataSptable.csv, Habitat\_stressor\_info.csv, OTCdefine lần lượt chỉ ra đường dẫn tới bảng dữ liệu loài, thông tin của các khu vực nghiên cứu, thông tin ô tiêu chuẩn và thời gian diễn thế.
* Thư mục Map – chứa \Map\Habitat\_layers gồm shapefile chỉ ra khu vực sinh cảnh không bị bão tác động; chứa \Map\Stressor\_layers gồm shapefile chỉ khu vực sinh cảnh bị bão tác động; Thư mục Onesp và Twosp chứa dữ liệu sinh lý liên quan của các loài trong diễn thế.
* **Model:** Chứa 5 file R script (xem Hình 4)
* BoundaryArea.R: chứa hàm xử lý tạo vùng biên
* CreateGridPolygon.R: chứa hàm xử lý tạo grid polygon
* GetDataSp.R: chứa hàm xử lý tạo list tổng hợp dữ liệu sinh lý
* ModelForOneSp.R: chứa hàm mô phỏng diễn thế đơn loài
* ModelForTwoSp.R: chứa hàm mô phỏng diễn thế hai loài
* **Result:** Chứa 2 thư mục là Intermedia (chứa dữ liệu trung gian) và Output (Chứa kết quả được xuất ra) (xem Hình 5)
* R script trong thư mục gốc: **EcologicalSuccessionModel.R** – Đóng vai trò như app chính gói toàn bộ các file của mô hình và xuất kết quả.

****

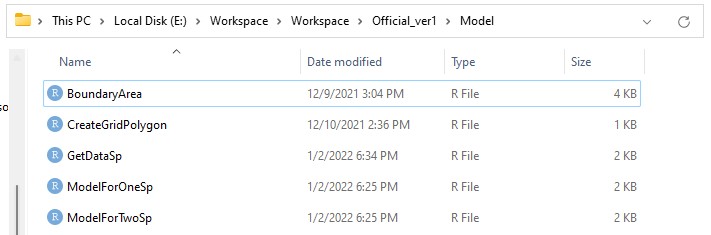
Hình 1. Cấu trúc thư mục gốc



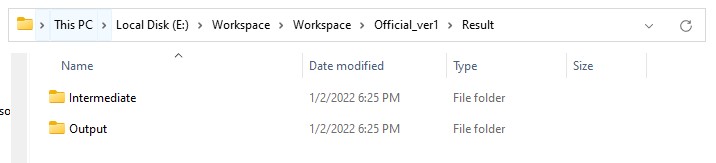
Hình 2. Thư mục Core



Hình 3. Thư mục Datasource



Hình 4. Thư mục Model



Hình 5. Thư mục Result

# Các hàm chính được xây dựng trong mô hình

## CreateBoundary(data)

Chức năng: tạo boundary shapefile

Gồm các hàm bổ trợ:

* ChooseFunction(type, Pathdir, Str\_buffer): dựa trên đầu vào đẻ lựa chọn hàm CreateBoundaryHabitat hay CreateBoundaryStressor
* CreateBoundaryHabitat(Pathdir)
* CreateBoundaryStressor(Pathdir, Str\_buffer)
* ConvertObj(Area): hỗ trợ chuyển đối tượng SpatialPolygons thành SpatialPolygonsDataframe trong hàm CreateBoundaryHabitat và CreateBoundaryStressor

## GetDataSp(data)

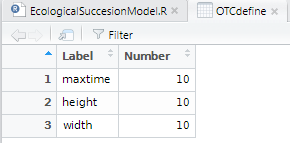
Chức năng: Tổng hợp thông tin sinh lý của các loài được nghiên cứu

## RunModel(OTCdefine, dataRaw, shp, DataSptable, PeriodTime, species, area, dispKernel)

Chức năng: xuất kết quả diễn thế theo khu vực nghiên cứu

Các tham số số cần thiết:

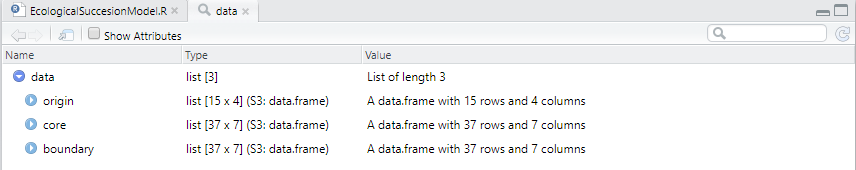
* OTCdefine



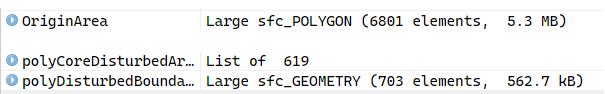
* maxtime: thời gian tối đa của quá trình diễn thế
* height: chiều dài của ô tiêu chuẩn
* width: chiều rộng của ô tiêu chuẩn

Nên thiết lập width = height trong trường hợp width ≠ height mô hình sẽ mặc định width, height của OTC bằng 10

* DataRaw

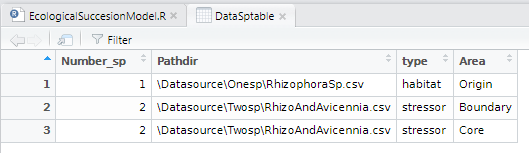


* shp



Đọc từ shapefile được tạo trong thư mục “Result/Intermediate/map/…”

* DataSptable: 1 dataframe có 3 trường với:
* number\_sp chỉ ra số lượng loài tham gia vào diễn thế (hiện tại mô hình chỉ hỗ trợ tối đa 2 loài)
* Pathdir chỉ ra đường dẫn tới file “.csv” mô tả đặc tính sinh lý của các loài tham gia diễn thế
* type chỉ ra dữ liệu sinh lý sẽ được sử dụng cho sinh cảnh đối tượng sinh cảnh đặc trưng tương ứng ở trường Area
* Trường Area hiện tại chỉ hỗ trợ nhận diện 3 giá trị là “Origin”, “Boundary”, “Core”



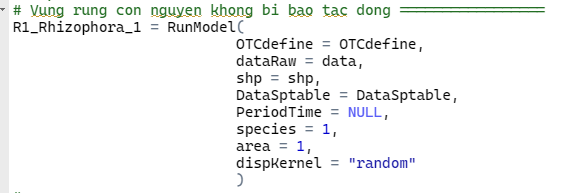
* PeriodTime: khoảng thời gian hoặc điểm thời mong muốn trích xuất, có thể set null nếu không cần thiết
* Area: kiểu số nguyên hoặc 1 hoặc 2 hoặc 3 chỉ ra vị trí của tên biến khu vực trong list shp



* dispKernel: cách thức phân tán hạt của loài – chọn “exponential” hoặc “random”. Lưu ý: khi chọn random hàm mô phỏng facilitation::community() sẽ bỏ qua giá trị dispersal radius

Kết quả đầu ra của hàm này là các shapefile

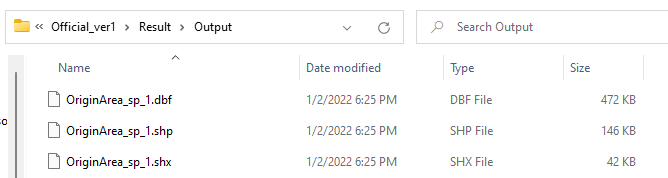
Ví dụ.



Tên file xuất ra sẽ có format: (Tên biến của vung)\_(Ten giai doan loai).shp

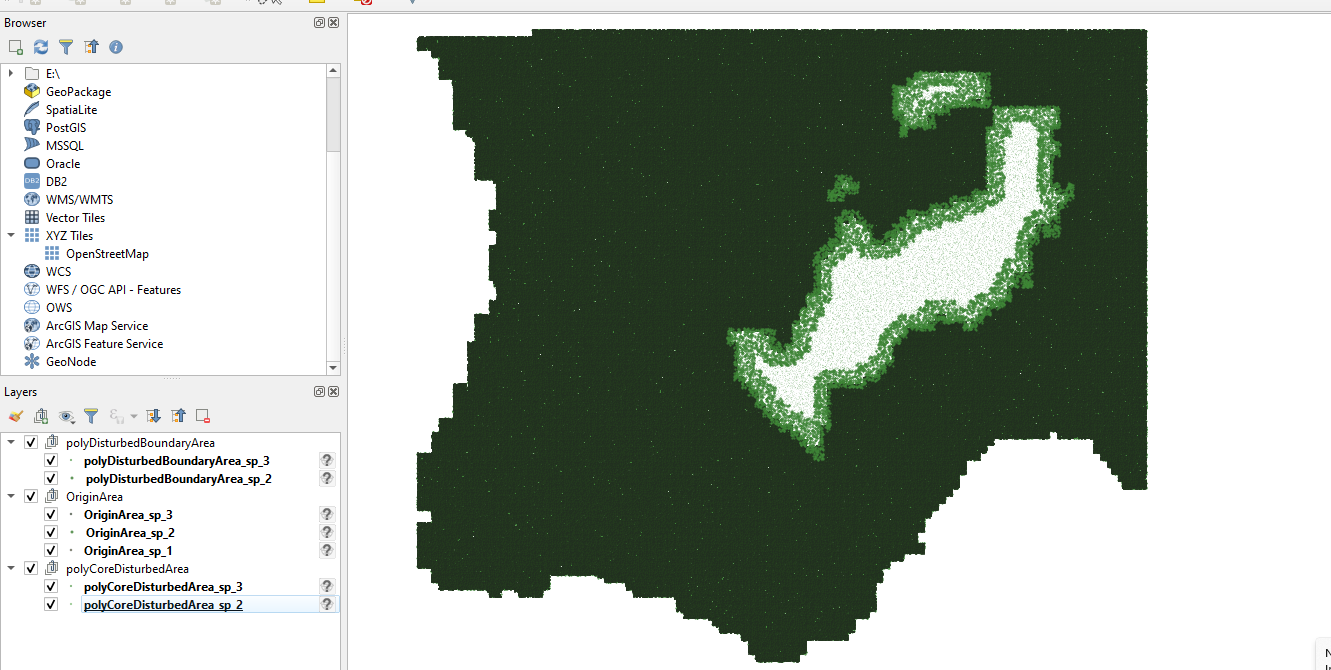
Ten giai doan loai có dạng: sp\_numstage

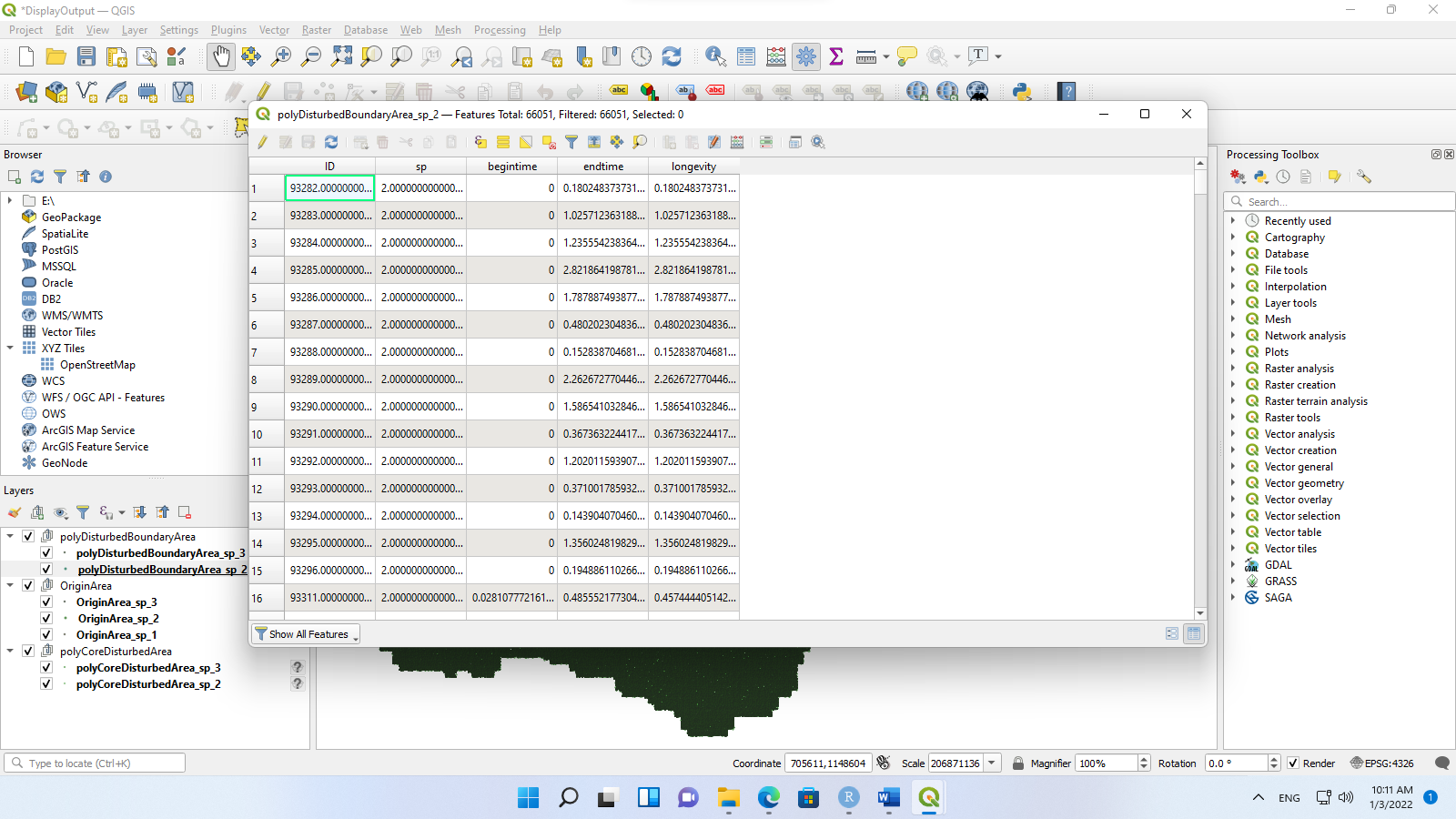
Kết quả trong ví dụ trên



# Xử lý kết quả của mô hình

Kết quả của mô hình là shapefile vì thế sẽ được thông kê, xử lý trực quan hóa với phần mềm Qgis hoặc ArcGIS …





Dữ liệu trong attribute table gồm 5 cột

* ID: id của cá thể
* Sp: giai đoạn – loài của cá thể
* Begintime: thời gian bắt đầu giai đoạn (thời gian sinh ra của cá thể)
* Endtime: thời gian chết (thời gian kết thúc giai đoạn của cá thể)
* Longevity: tuổi thọ của cá thể

Để sử kiểm định mô hình có thể sử dụng kiểm định theo hệ số RMSE (Root mean square error)