

Cálculo de Largura de Banda para GWR

Seu Nome/Projeto

2025-06-17

Contents

```
# 1. Carregar bibliotecas necessárias
message("Carregando bibliotecas essenciais para análise espacial e GWR...")

## Carregando bibliotecas essenciais para análise espacial e GWR...

library(sf) # Para manipulação de dados espaciais vetoriais (Simple Features)

## Linking to GEOS 3.13.1, GDAL 3.10.2, PROJ 9.5.1; sf_use_s2() is TRUE

library(GWmodel) # Para Geographically Weighted Regression (GWR) e funções relacionadas

## Carregando pacotes exigidos: robustbase

## Carregando pacotes exigidos: sp

## Carregando pacotes exigidos: Rcpp

## Welcome to GWmodel version 2.4-2.

library(dplyr) # Para manipulação e transformação de dados

##
## Anexando pacote: 'dplyr'

## Os seguintes objetos são mascarados por 'package:stats':
##
##     filter, lag

## Os seguintes objetos são mascarados por 'package:base':
##
##     intersect, setdiff, setequal, union
```

```
library(ggplot2) # Para visualização e criação de mapas
library(sp) # Necessário para o pacote GWmodel, que utiliza objetos Spatial*DataFrame
library(spdep) # Para testes de autocorrelação espacial como o I de Moran <--- ADICIONADO
```

```
## Carregando pacotes exigidos: spData
```

```
## To access larger datasets in this package, install the spDataLarge
## package with: 'install.packages('spDataLarge',
## repos='https://nowosad.github.io/drat/', type='source')'
```

```
message("Bibliotecas carregadas com sucesso.")
```

```
## Bibliotecas carregadas com sucesso.
```

```
# --- INÍCIO: Definição dos caminhos dos arquivos ---
# É uma boa prática centralizar a definição de caminhos para facilitar a manutenção
# e a portabilidade do script. Considere usar 'here::here()' para caminhos relativos
# ao projeto, o que torna o script mais robusto em diferentes ambientes.
# Exemplo: path_base <- here::here("data", "shp")
# path_roubos <- file.path(path_base, "roubo.shp")
# path_drogas <- file.path(path_base, "drogas.shp")
# path_area_estudo <- file.path(path_base, "centro_expandido", "centro_expandido_dissolve.shp")
```

```
path_roubos <- "C:/Users/Rodrigo - H2R/OneDrive - Conhecimento e Ação em Marketing Ltda/Documentos/mba/1"
path_drogas <- "C:/Users/Rodrigo - H2R/OneDrive - Conhecimento e Ação em Marketing Ltda/Documentos/mba/1"
path_area_estudo <- "C:/Users/Rodrigo - H2R/OneDrive - Conhecimento e Ação em Marketing Ltda/Documentos/mba/1"
# --- FIM: Definição dos caminhos dos arquivos ---
```

```
# 2. Ler os arquivos shapefile
```

```
message("Iniciando a leitura dos arquivos shapefile...")
```

```
## Iniciando a leitura dos arquivos shapefile...
```

```
tryCatch({
  # st_read com quiet = TRUE suprime mensagens de progresso, mantendo o output limpo.
  pontos_roubo <- st_read(path_roubos, quiet = TRUE)
  pontos_drogas <- st_read(path_drogas, quiet = TRUE)
  area_estudo <- st_read(path_area_estudo, quiet = TRUE)
}, error = function(e) {
  # Em caso de erro na leitura (e.g., arquivo não encontrado, corrompido),
  # o script é interrompido com uma mensagem clara.
  stop("Erro crítico ao ler um ou mais arquivos shapefile. Verifique os caminhos e a integridade dos arquivos.")
})
message("Arquivos shapefile carregados com sucesso.")
```

```
## Arquivos shapefile carregados com sucesso.
```

```
# 3. Definir CRS projetado alvo e transformar camadas
# Para análises de distância e área, como GWR e criação de grades, é CRÍTICO usar
# um CRS (Coordinate Reference System) projetado (em metros, quilômetros, etc.),
```

```
# e não um CRS geográfico (em graus de latitude/longitude).
crs_projetado_epsg <- 31983 # SIRGAS 2000 / UTM zone 23S - um CRS comum para o Brasil.
crs_projetado_desejado <- st_crs(crs_projetado_epsg)
message(paste("CRS projetado desejado para a análise de distância e área: EPSG:", crs_projetado_epsg))
```

```
## CRS projetado desejado para a análise de distância e área: EPSG: 31983
```

```
# Função auxiliar para transformar CRS de forma segura e com feedback
transformar_crs_se_necessario <- function(sf_object, target_crs_obj, nome_camada) {
  if (st_crs(sf_object) != target_crs_obj) {
    message(paste("Transformando CRS da camada '", nome_camada, "' (EPSG:", st_crs(sf_object)$epsg, ") para EPSG:", st_crs(target_crs_obj)$epsg))
    return(st_transform(sf_object, crs = target_crs_obj))
  } else {
    message(paste("CRS da camada '", nome_camada, "' já é o desejado (EPSG:", st_crs(target_crs_obj)$epsg, ")"))
    return(sf_object)
  }
}

tryCatch({
  area_estudo <- transformar_crs_se_necessario(area_estudo, crs_projetado_desejado, "area_estudo")
  pontos_roubo <- transformar_crs_se_necessario(pontos_roubo, crs_projetado_desejado, "pontos_roubo")
  pontos_drogas <- transformar_crs_se_necessario(pontos_drogas, crs_projetado_desejado, "pontos_drogas")
}, error = function(e) {
  stop("Erro durante a transformação de CRS de uma ou mais camadas: ", e$message)
})
```

```
## Transformando CRS da camada ' area_estudo ' (EPSG: 4326 ) para EPSG: 31983 ...
```

```
## Transformando CRS da camada ' pontos_roubo ' (EPSG: 4326 ) para EPSG: 31983 ...
```

```
## Transformando CRS da camada ' pontos_drogas ' (EPSG: 4326 ) para EPSG: 31983 ...
```

```
# Verificação final para garantir que todos os CRS foram harmonizados
if (st_crs(area_estudo) != crs_projetado_desejado || st_crs(pontos_roubo) != crs_projetado_desejado || st_crs(pontos_drogas) != crs_projetado_desejado) {
  stop("Falha crítica ao harmonizar CRS para todas as camadas. Verifique as configurações de CRS.")
} else {
  message(paste("Todas as camadas foram harmonizadas com sucesso para o CRS projetado (EPSG:", st_crs(crs_projetado_desejado)$epsg, ")"))
}
```

```
## Todas as camadas foram harmonizadas com sucesso para o CRS projetado (EPSG: 31983 ).
```

```
# Confirmação explícita de que o CRS é projetado para a criação da grade
if (st_is_longlat(area_estudo)) {
  stop("O CRS da área de estudo ainda é geográfico (latitude/longitude). A criação da grade e a análise de distância e área não são possíveis.")
} else {
  message(paste("CRS para criação da grade é projetado (EPSG:", st_crs(area_estudo)$epsg, ")", adequado para cálculos de distância e área.))
}
```

```
## CRS para criação da grade é projetado (EPSG: 31983 ), adequado para cálculos de distância e área.
```

```
# --- Função Auxiliar para Impressão Robusta de Diagnósticos ---
# Verifica se o valor é numérico e finito antes de imprimir
print_diagnostic_robust <- function(value, name, description) {
  if (!is.null(value) && is.numeric(value) && is.finite(value)) {
    cat(paste0(name, ": ", round(value, 4), "\n")) # Aumenta precisão para AIC/R2/etc.
    cat(paste0(" -> ", description, "\n"))
  } else {
    # Tenta extrair o valor mesmo que não seja numérico/finito para mostrar o que encontrou
    val_str <- if (is.null(value)) "NULL" else as.character(value)
    cat(paste0(name, ": Não disponível ou não numérico/finito (Valor: ", val_str, ")\n"))
    cat(paste0(" -> ", description, " (Não calculado/Reportado)\n"))
  }
}

# Nota: Certifique-se de que o pacote 'e1071' está instalado para Assimetria e Curtose dos Resíduos
# install.packages('e1071') # Rode isto no console R se não tiver instalado
# library(e1071) # Carregue o pacote no início do seu script
```

```
# 4. Criar uma grade hexagonal de análise sobre a área de estudo
cell_size_m <- 800
message(paste("Criando grade hexagonal de análise com 'side length' de", cell_size_m, "metros..."))
```

```
## Criando grade hexagonal de análise com 'side length' de 800 metros...
```

```
area_estudo_union <- st_union(area_estudo)
grade_base <- st_make_grid(area_estudo_union, cellsize = cell_size_m, what = "polygons", square = FALSE)
grade_sf_obj <- st_sf(id_celula_grade_temp = 1:length(grade_base), geometry = grade_base)
grade_area_estudo_raw <- st_intersection(grade_sf_obj, area_estudo_union)
```

```
## Warning: attribute variables are assumed to be spatially constant throughout
## all geometries
```

```
grade_area_estudo <- grade_area_estudo_raw[!st_is_empty(grade_area_estudo_raw), ]
grade_area_estudo <- grade_area_estudo[st_is_valid(grade_area_estudo$geometry), ]

if(nrow(grade_area_estudo) == 0) {
  stop("Nenhuma célula da grade intersecta a área de estudo ou todas as geometrias resultantes são in")
}
grade_area_estudo$id_celula_grade <- 1:nrow(grade_area_estudo)
grade_area_estudo <- grade_area_estudo %>% dplyr::select(id_celula_grade, geometry)
message(paste("Grade hexagonal de análise criada com", nrow(grade_area_estudo), "células válidas dentro"))
```

```
## Grade hexagonal de análise criada com 406 células válidas dentro da área de estudo.
```

```
# Bloco 5: Agregar os pontos à grade e aplicar transformação log1p
message("Iniciando a agregação dos pontos de roubo e drogas às células da grade...")
```

```
## Iniciando a agregação dos pontos de roubo e drogas às células da grade...
```

```

agregar_pontos_a_grade <- function(pontos_sf, grade_sf, nome_variavel_contagem) {
  pontos_na_grade <- suppressMessages(st_join(pontos_sf, grade_sf, join = st_intersects))
  contagem <- pontos_na_grade %>%
    st_drop_geometry() %>%
    filter(!is.na(id_celula_grade)) %>%
    group_by(id_celula_grade) %>%
    summarise(!!sym(nome_variavel_contagem) := n(), .groups = 'drop')
  return(contagem)
}

```

```

contagem_roubos <- agregar_pontos_a_grade(pontos_roubo, grade_area_estudo, "n_roubos")
contagem_drogas <- agregar_pontos_a_grade(pontos_drogas, grade_area_estudo, "n_drogas")

```

```

dados_gwr_sf <- grade_area_estudo %>%
  left_join(contagem_roubos, by = "id_celula_grade") %>%
  left_join(contagem_drogas, by = "id_celula_grade")

```

```

dados_gwr_sf$n_roubos[is.na(dados_gwr_sf$n_roubos)] <- 0
dados_gwr_sf$n_drogas[is.na(dados_gwr_sf$n_drogas)] <- 0
message("Dados de roubos e drogas agregados às células da grade.")

```

Dados de roubos e drogas agregados às células da grade.

```

message("Aplicando transformação log1p às variáveis de contagem (n_roubos, n_drogas)...")

```

Aplicando transformação log1p às variáveis de contagem (n_roubos, n_drogas)...

```

dados_gwr_sf <- dados_gwr_sf %>%
  mutate(
    log1p_n_roubos = log1p(n_roubos),
    log1p_n_drogas = log1p(n_drogas)
  )
message("Transformação log1p aplicada. Novas colunas criadas: 'log1p_n_roubos' e 'log1p_n_drogas'.")

```

Transformação log1p aplicada. Novas colunas criadas: 'log1p_n_roubos' e 'log1p_n_drogas'.

```

formula_gwr <- log1p_n_roubos ~ log1p_n_drogas
message(paste("Fórmula GWR definida como:", deparse(formula_gwr)))

```

Fórmula GWR definida como: log1p_n_roubos ~ log1p_n_drogas

6. Preparar dados para GWR

```

message("Preparando dados para GWR: convertendo para formato SpatialPointsDataFrame (SPDF)...")

```

Preparando dados para GWR: convertendo para formato SpatialPointsDataFrame (SPDF)...

```

dados_gwr_sf_validos <- NULL
dados_spdf_gwr <- NULL

tryCatch({

```

```

dados_gwr_sf_validos <- dados_gwr_sf
if(nrow(dados_gwr_sf_validos) == 0) stop("Nenhuma célula com geometria válida após a agregação. Impossível continuar.")

message("Calculando pontos representativos (st_point_on_surface) para as células da grade...")
locais_regressao_sf_centroids <- st_point_on_surface(dados_gwr_sf_validos)
coords_locais_regressao <- st_coordinates(locais_regressao_sf_centroids)

if(any(is.na(coords_locais_regressao))) {
  stop("Coordenadas NA encontradas após st_point_on_surface. Isso pode indicar geometrias problemáticas.")
}

message("Extraindo atributos (incluindo colunas transformadas log1p) para o SPDF...")
dados_atributos_para_spdf <- st_drop_geometry(dados_gwr_sf_validos)

dados_spdf_gwr <- SpatialPointsDataFrame(coords = coords_locais_regressao,
                                         data = dados_atributos_para_spdf,
                                         proj4string = CRS(st_crs(dados_gwr_sf_validos)$proj4string))

message(paste("Dados SPDF preparados com sucesso. Número de Pontos SPDF para GWR:", length(dados_spdf_gwr@data)))
message(paste("Nomes das colunas de atributos em dados_spdf_gwr@data:", paste(names(dados_spdf_gwr@data), collapse=" ")))

if(!("log1p_n_roubos" %in% names(dados_spdf_gwr@data) && "log1p_n_drogas" %in% names(dados_spdf_gwr@data))) {
  warning("AVISO: Colunas 'log1p_n_roubos' ou 'log1p_n_drogas' não encontradas em dados_spdf_gwr@data.")
} else {
  message("Confirmação: Colunas 'log1p_n_roubos' e 'log1p_n_drogas' estão presentes em dados_spdf_gwr@data.")
}
}, error = function(e) {
  stop(paste("Erro ao preparar dados para GWR (conversão para SPDF):", e$message))
})

```

```
## Calculando pontos representativos (st_point_on_surface) para as células da grade...
```

```
## Warning: st_point_on_surface assumes attributes are constant over geometries
```

```
## Extraindo atributos (incluindo colunas transformadas log1p) para o SPDF...
```

```
## Dados SPDF preparados com sucesso. Número de Pontos SPDF para GWR: 406
```

```
## Nomes das colunas de atributos em dados_spdf_gwr@data: id_celula_grade, n_roubos, n_drogas, log1p_n_roubos, log1p_n_drogas
```

```
## Confirmação: Colunas 'log1p_n_roubos' e 'log1p_n_drogas' estão presentes em dados_spdf_gwr@data.
```

```
# --- INÍCIO: Inspeção da Esparsidade dos Dados ---
```

```
message("-----")
```

```
## -----
```

```
message("Inspeção da Esparsidade dos Dados para GWR:")
```

```
## Inspeção da Esparsidade dos Dados para GWR:
```

```

message("-----")

## -----

if (!is.null(dados_spdf_gwr) && nrow(dados_spdf_gwr@data) > 0) {
  cat("Resumo estatístico para 'n_roubos' (variável dependente):\n")
  print(summary(dados_spdf_gwr$n_roubos))
  cat("\nFrequência de células com e sem ocorrências de roubos:\n")
  print(table(Com_Roubos = dados_spdf_gwr$n_roubos > 0))
  message(paste("\nPorcentagem de células SEM roubos:",
    round(sum(dados_spdf_gwr$n_roubos == 0) / length(dados_spdf_gwr$n_roubos) * 100, 2), "%"))

  cat("\nResumo estatístico para 'n_drogas' (variável independente):\n")
  print(summary(dados_spdf_gwr$n_drogas))
  cat("\nFrequência de células com e sem ocorrências de drogas:\n")
  print(table(Com_Drogas = dados_spdf_gwr$n_drogas > 0))
  message(paste("\nPorcentagem de células SEM drogas:",
    round(sum(dados_spdf_gwr$n_drogas == 0) / length(dados_spdf_gwr$n_drogas) * 100, 2), "%"))

  message(paste("\nNúmero de células com n_roubos = 0 E n_drogas = 0:",
    sum(dados_spdf_gwr$n_roubos == 0 & dados_spdf_gwr$n_drogas == 0)))
  message(paste("Porcentagem de células com n_roubos = 0 E n_drogas = 0:",
    round(sum(dados_spdf_gwr$n_roubos == 0 & dados_spdf_gwr$n_drogas == 0) / length(dados_spdf_gwr$n_roubos & dados_spdf_gwr$n_drogas == 0) * 100, 2), "%"))

  message(paste("\nTotal de células (pontos de regressão) na análise GWR:", length(dados_spdf_gwr@data)))
  if (length(dados_spdf_gwr@data) < 50) {
    warning("0 número de células para a análise GWR é baixo (< 50). Isso pode afetar a estabilidade da análise.")
  }
} else {
  warning("dados_spdf_gwr está vazio ou nulo. Não foi possível inspecionar a esparsidade dos dados.")
}

##
## Resumo estatístico para 'n_roubos' (variável dependente):
##   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##   0.000  0.000   1.000   4.335   3.000 177.000
##
## Frequência de células com e sem ocorrências de roubos:
## Com_Roubos
## FALSE  TRUE
##   159   247
##
## Porcentagem de células SEM roubos: 39.16 %
##
##
## Resumo estatístico para 'n_drogas' (variável independente):
##   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
##   0.0   25.0   60.0   128.5   129.5  1552.0
##
## Frequência de células com e sem ocorrências de drogas:
## Com_Drogas
## FALSE  TRUE
##    19   387

```

```

##
## Porcentagem de células SEM drogas: 4.68 %

##
## Número de células com n_roubos = 0 E n_drogas = 0: 16

## Porcentagem de células com n_roubos = 0 E n_drogas = 0: 3.94 %

##
## Total de células (pontos de regressão) na análise GWR: 406

message("-----\n")

## -----

# --- FIM: Inspeção da Esparsidade dos Dados ---

# 7. Calcular a largura de banda ótima e matriz de distância
message(paste("Fórmula GWR definida como:", deparse(formula_gwr)))

## Fórmula GWR definida como: log1p_n_roubos ~ log1p_n_drogas

if(is.null(dados_spdf_gwr) || length(dados_spdf_gwr) < 30) { # Mínimo sugerido para GWR robusto
  stop(paste("Número insuficiente de pontos (<30) para GWR ou dados_spdf_gwr é nulo. Atualmente:",
    ifelse(is.null(dados_spdf_gwr), 0, length(dados_spdf_gwr)),
    "\nConsidere aumentar 'cell_size_m' ou verificar a área de estudo e a agregação de dados"))
}

vars_na_formula <- all.vars(formula_gwr)
if(!all(vars_na_formula %in% names(dados_spdf_gwr@data))){
  colunas_faltantes <- setdiff(vars_na_formula, names(dados_spdf_gwr@data))
  stop(paste("ERRO CRÍTICO: Variáveis da fórmula ('", paste(colunas_faltantes, collapse=", "), "') não"))
} else {
  message(paste("Confirmação: Todas as variáveis da fórmula ('", paste(vars_na_formula, collapse=", "), "'"))
}

## Confirmação: Todas as variáveis da fórmula (' log1p_n_roubos, log1p_n_drogas ') estão presentes em '

# --- INÍCIO DA CORREÇÃO: Calcular a matriz de distância ---
message("Calculando a matriz de distância para a seleção da largura de banda...")

## Calculando a matriz de distância para a seleção da largura de banda...

dMat_calibracao <- NULL
if (is.null(dados_spdf_gwr) || nrow(dados_spdf_gwr) == 0) {
  stop("dados_spdf_gwr está vazio ou nulo. Não é possível calcular a matriz de distância.")
}
coords_para_dmat <- coordinates(dados_spdf_gwr)
if(any(is.na(coords_para_dmat))) {
  stop("Coordenadas NA encontradas em dados_spdf_gwr. Impossível calcular a matriz de distância.")
}

```



```

}

# Verifica se o CRS é geográfico (longlat=TRUE) ou projetado (longlat=FALSE)
# O CRS foi definido como projetado no Bloco 3.
crs_spdf <- st_crs(dados_spdf_gwr)
is_longlat_check <- FALSE # Default para projetado
if (!is.na(crs_spdf) && !is.null(crs_spdf)) {
  is_longlat_check <- st_is_longlat(crs_spdf)
  if (is.na(is_longlat_check)) { # Se st_is_longlat retorna NA
    warning("Não foi possível determinar programaticamente se o CRS é longlat (st_is_longlat retorna NA)")
    is_longlat_check <- FALSE
  }
} else {
  warning("CRS de dados_spdf_gwr é NA ou NULL. Assumindo projetado (longlat=FALSE). Verifique a preparação dos dados.")
  is_longlat_check <- FALSE
}
message(paste("Para o cálculo da matriz de distância: longlat =", is_longlat_check))

```

```
## Para o cálculo da matriz de distância: longlat = FALSE
```

```

tryCatch({
  dMat_calibracao <- GWmodel::gw.dist(
    dp.locat = coords_para_dmat,
    # rp.locat = coords_para_dmat, # Não é necessário para bw.gwr/bw.ggwr se dp.locat é usado para cálculo
    p = 2, # Distância Euclidiana
    theta = 0, # Nenhuma rotação
    longlat = is_longlat_check
  )
  message("Matriz de distância 'dMat_calibracao' calculada com sucesso.")
  message(paste("Dimensões da dMat_calibracao:", paste(dim(dMat_calibracao), collapse = "x")))
}, error = function(e) {
  stop(paste("Erro ao calcular a matriz de distância 'dMat_calibracao' com gw.dist:", e$message))
})

```

```
## Matriz de distância 'dMat_calibracao' calculada com sucesso.
```

```
## Dimensões da dMat_calibracao: 406x406
```

```

if (is.null(dMat_calibracao) || !is.matrix(dMat_calibracao) || nrow(dMat_calibracao) != length(dados_spdf_gwr))
  stop("A matriz de distância 'dMat_calibracao' não foi criada corretamente ou tem dimensões inválidas.")
}
# --- FIM DA CORREÇÃO ---

message("Iniciando a busca pela largura de banda adaptativa ótima...")

```

```
## Iniciando a busca pela largura de banda adaptativa ótima...
```

```

bw_adaptativa <- NULL
error_message_bw <- ""
kernel_usado_para_bw <- "gaussian" # Default

```

```

tentativas_bw_gwr <- list(
  list(approach = "AIC", kernel = "gaussian"),
  list(approach = "CV", kernel = "gaussian"),
  list(approach = "AIC", kernel = "bisquare"),
  list(approach = "CV", kernel = "bisquare")
)

tentativas_bw_ggwr <- list(
  list(approach = "AICc", kernel = "gaussian"),
  list(approach = "CV", kernel = "gaussian"),
  list(approach = "AICc", kernel = "bisquare"),
  list(approach = "CV", kernel = "bisquare")
)

funcao_bw_usada <- ""

message("\n--- Priorizando GWmodel::bw.gwr (específico para GWR Gaussiano) ---")

##
## --- Priorizando GWmodel::bw.gwr (específico para GWR Gaussiano) ---

for (i in 1:length(tentativas_bw_gwr)) {
  params <- tentativas_bw_gwr[[i]]
  message(paste0("\n--- Tentativa com bw.gwr ", i, ": approach = '", params$approach, "'", kernel = "'",
  tryCatch({
    bw_adaptativa_temp <- GWmodel::bw.gwr(
      formula = formula_gwr,
      data = dados_spdf_gwr,
      dMat = dMat_calibracao, # AGORA dMat_calibracao EXISTE
      approach = params$approach,
      kernel = params$kernel,
      adaptive = TRUE
    )
    if (!is.null(bw_adaptativa_temp) && is.numeric(bw_adaptativa_temp) && bw_adaptativa_temp > 0 && bw_a
      bw_adaptativa <- bw_adaptativa_temp
      kernel_usado_para_bw <- params$kernel
      funcao_bw_usada <- "bw.gwr"
      message(paste("Sucesso com bw.gwr na Tentativa ", i, "! Largura de banda:", round(bw_adaptativa, 0
      break
    } else {
      msg <- paste0("bw.gwr Tentativa ", i, " (", params$approach, ", ", params$kernel, ") não retornou
      message(msg)
      error_message_bw <- paste0(error_message_bw, msg, "; ")
    }
  }, error = function(e) {
    message(paste("ERRO com bw.gwr na Tentativa ", i, " (", params$approach, ", ", params$kernel, "):",
    error_message_bw <- paste0(error_message_bw, "Erro bw.gwr (", params$approach, ", ", params$kernel,
  })
  if (!is.null(bw_adaptativa)) break
}

##
## --- Tentativa com bw.gwr 1: approach = 'AIC', kernel = 'gaussian' ---

```

```
## Adaptive bandwidth (number of nearest neighbours): 258 AICc value: 1027.573
## Adaptive bandwidth (number of nearest neighbours): 167 AICc value: 1013.533
## Adaptive bandwidth (number of nearest neighbours): 110 AICc value: 995.649
## Adaptive bandwidth (number of nearest neighbours): 75 AICc value: 977.411
## Adaptive bandwidth (number of nearest neighbours): 53 AICc value: 957.1655
## Adaptive bandwidth (number of nearest neighbours): 40 AICc value: 950.0465
## Adaptive bandwidth (number of nearest neighbours): 31 AICc value: 929.7529
## Adaptive bandwidth (number of nearest neighbours): 26 AICc value: 929.3024
## Adaptive bandwidth (number of nearest neighbours): 22 AICc value: 928.6423
## Adaptive bandwidth (number of nearest neighbours): 20 AICc value: 924.5499
## Adaptive bandwidth (number of nearest neighbours): 18 AICc value: 911.9409
## Adaptive bandwidth (number of nearest neighbours): 18 AICc value: 911.9409
```

```
## Sucesso com bw.gwr na Tentativa 1 ! Largura de banda: 18 vizinhos, kernel: gaussian
```

```
if (is.null(bw_adaptativa)) {
  message("\n--- bw.gwr falhou ou não encontrou largura de banda. Tentando GWmodel::bw.ggwr (Gaussian)
  for (i in 1:length(tentativas_bw_ggwr)) {
    params <- tentativas_bw_ggwr[[i]]
    message(paste0("\n--- Tentativa com bw.ggwr ", i, ": approach = '", params$approach, "'", kernel = 
    tryCatch({
      bw_adaptativa_temp <- GWmodel::bw.ggwr(
        formula = formula_gwr,
        data = dados_spdf_gwr,
        dMat = dMat_calibracao, # AGORA dMat_calibracao EXISTE
        approach = params$approach,
        kernel = params$kernel,
        adaptive = TRUE
      )
      if (!is.null(bw_adaptativa_temp) && is.numeric(bw_adaptativa_temp) && bw_adaptativa_temp > 0 &&
        bw_adaptativa <- bw_adaptativa_temp
        kernel_usado_para_bw <- params$kernel
        funcao_bw_usada <- "bw.ggwr"
        message(paste("Sucesso com bw.ggwr na Tentativa ", i, "! Largura de banda:", round(bw_adaptativa
        break
      } else {
        msg <- paste0("bw.ggwr Tentativa ", i, " (", params$approach, ", ", params$kernel, ") não ret
        message(msg)
        error_message_bw <- paste0(error_message_bw, msg, "; ")
      }
    }, error = function(e) {
      message(paste("ERRO com bw.ggwr na Tentativa ", i, " (", params$approach, ", ", params$kernel, 
      if (grepl("the condition has length > 1", e$message, fixed = TRUE)) {
        message("AVISO: O erro 'the condition has length > 1' persistiu mesmo sem especificar 'fami
      }
      error_message_bw <- paste0(error_message_bw, "Erro bw.ggwr (", params$approach, ", ", params$kernel
    })
    if (!is.null(bw_adaptativa)) break
  }
}

if (is.null(bw_adaptativa)) {
  cat("-----\n")
  cat("ATENÇÃO: Não foi possível calcular automaticamente a largura de banda ótima (bw_adaptativa)\n")
}
```



```
## Executando a Regressão Geograficamente Ponderada (GWR) com gwr.basic (modelo Gaussiano implícito)...
```

```
gwr_resultado_lista <- NULL

tryCatch({
  gwr_resultado_lista <- GWmodel::gwr.basic(
    formula = formula_gwr,
    data = dados_spdf_gwr,
    bw = bw_adaptativa,
    kernel = kernel_usado_para_bw,
    adaptive = TRUE,
    dMat = dMat_calibracao
  )
}, error = function(e) {
  cat("Erro crítico ao executar gwr.basic (modelo Gaussiano implícito):\n", e$message, "\n")

  if (grepl("the condition has length > 1", e$message, fixed = TRUE)) {
    message("AVISO: O erro 'the condition has length > 1' persistiu em gwr.basic mesmo sem especificar")
  }
  stop(paste("Falha ao executar gwr.basic (modelo Gaussiano implícito). Verifique a largura de banda, o",
    "Causas comuns (além de bugs no pacote) incluem: singularidade devido a poucos vizinhos, d"))
})

if (is.null(gwr_resultado_lista) || is.null(gwr_resultado_lista$SDF)) {
  stop("Falha ao executar gwr.basic (modelo Gaussiano implícito) ou o resultado não contém o componente")
} else {
  message("Análise GWR (gwr.basic, modelo Gaussiano implícito) concluída com sucesso. Processando os res")
}
```

```
## Análise GWR (gwr.basic, modelo Gaussiano implícito) concluída com sucesso. Processando os resultados
```

```
gwr_resultados_sdf <- gwr_resultado_lista$SDF
message(paste("Resultados GWR (SDF) obtidos. Nomes das colunas no SDF do GWR:", paste(names(gwr_resultados_sdf), collapse = ", ")))
```

```
## Resultados GWR (SDF) obtidos. Nomes das colunas no SDF do GWR: Intercept, log1p_n_drogas, y, yhat, r
```

```
# Verificar se a variável dependente no SDF corresponde à VD da fórmula
var_dependente_formula <- all.vars(formula_gwr)[1]
if ("y" %in% names(gwr_resultados_sdf)) {
  if (all(gwr_resultados_sdf$y == dados_spdf_gwr@data[[var_dependente_formula]], na.rm = TRUE)) {
    message(paste0("Confirmação: A coluna 'y' no SDF do GWR corresponde aos valores de '", var_dependente_formula, "'"))
  } else {
    warning(paste0("AVISO: A coluna 'y' no SDF do GWR pode não corresponder exatamente aos valores de '", var_dependente_formula, "'"))
  }
} else {
  warning("AVISO: Coluna 'y' (variável dependente) não encontrada no SDF do GWR.")
}
```

```
## Confirmação: A coluna 'y' no SDF do GWR corresponde aos valores de 'log1p_n_roubos' dos dados de ent.
```

```

# Verificar se a coluna da variável independente principal da fórmula existe nos resultados
var_independente_principal_formula <- all.vars(formula_gwr)[2]
if (!(var_independente_principal_formula %in% names(gwr_resultados_sdf))) {
  warning(paste0("AVISO: A coluna do coeficiente para '", var_independente_principal_formula, "' não foi encontrada nos resultados do GWR."))
}

if(nrow(dados_gwr_sf_validos) == nrow(gwr_resultados_sdf)) {
  # Extrair os dados do SDF do GWR para um data.frame
  gwr_resultados_df_para_join <- as.data.frame(gwr_resultados_sdf)

  # Adicionar 'id_celula_grade' de 'dados_gwr_sf_validos' aos resultados do GWR
  if ("id_celula_grade" %in% names(dados_gwr_sf_validos)) {
    gwr_resultados_df_para_join$id_celula_grade <- dados_gwr_sf_validos$id_celula_grade
    message("Coluna 'id_celula_grade' adicionada aos resultados do GWR a partir de 'dados_gwr_sf_validos'.")
  } else {
    stop("ERRO CRÍTICO: 'id_celula_grade' não encontrada em 'dados_gwr_sf_validos'. Impossível adicionar a coluna.")
  }

  # Verificar se 'id_celula_grade' está presente
  if (!"id_celula_grade" %in% names(gwr_resultados_df_para_join)) {
    stop("Falha inesperada ao adicionar 'id_celula_grade' a 'gwr_resultados_df_para_join'. Verifique os dados de entrada.")
  }

  # Renomear a coluna do coeficiente 'n_drogas' para 'coef_n_drogas'
  if ("n_drogas" %in% names(gwr_resultados_df_para_join)) {
    names(gwr_resultados_df_para_join)[names(gwr_resultados_df_para_join) == "n_drogas"] <- "coef_n_drogas"
    message("Coluna do coeficiente para 'n_drogas' nos resultados GWR renomeada para 'coef_n_drogas'.")
  } else {
    warning("Coluna do coeficiente para 'n_drogas' não encontrada diretamente nos resultados do GWR. Verifique os dados de entrada.")
  }

  # Definir as colunas de resultados do GWR que serão mantidas
  cols_gwr_a_manter <- c("id_celula_grade",
                        "Intercept", "Intercept_TV",
                        "coef_n_drogas", "n_drogas_TV",
                        "Local_R2", "y", "yhat", "residual")

  # Filtrar colunas para o join
  cols_existentes_no_join_df <- intersect(cols_gwr_a_manter, names(gwr_resultados_df_para_join))
  gwr_resultados_filtrados_df <- gwr_resultados_df_para_join %>%
    dplyr::select(dplyr::all_of(cols_existentes_no_join_df))

  # Realizar o join dos resultados do GWR com o objeto sf dos polígonos da grade
  resultados_gwr_poligonos_sf <- dplyr::left_join(dados_gwr_sf_validos,
                                                  gwr_resultados_filtrados_df,
                                                  by = "id_celula_grade")

  message("Resultados GWR combinados com os polígonos originais da grade usando 'id_celula_grade'.")

  # Verificação pós-join
  if (any(is.na(resultados_gwr_poligonos_sf$Local_R2))) {
    warning("NAs encontrados em 'Local_R2' após o join. Isso pode indicar problemas na correspondência entre os dados.")
  }
}

```

```

    }
} else {
  stop(paste("Número de linhas nos resultados GWR (", nrow(gwr_resultados_sdf),
            ") não corresponde aos dados de polígonos originais (", nrow(dados_gwr_sf_validos),
            "). Não é possível combinar os resultados de forma segura. Verifique a integridade dos dados.")
)
}

```

Coluna 'id_celula_grade' adicionada aos resultados do GWR a partir de 'dados_gwr_sf_validos'.

Warning: Coluna do coeficiente para 'n_drogas' não encontrada diretamente nos
resultados do GWR. Verifique os nomes das variáveis no modelo GWR e o output do
GWmodel.

Resultados GWR combinados com os polígonos originais da grade usando 'id_celula_grade'.

```

# --- Bloco 9: Combinar Resultados GWR aos Polígonos e Gerar Mapas Essenciais (SOMENTE RESULTADOS GWR)
# Combina os resultados tabulares do GWR (coeficientes, R2, etc.) de volta ao objeto espacial dos polígonos
# e gera os mapas essenciais para visualização e análise, FOCANDO APENAS NOS RESULTADOS DO MODELO GWR.
cat("\n\n--- BL. 9: COMBINANDO RESULTADOS GWR E GERANDO MAPAS ESSENCIAIS (SOMENTE RESULTADOS GWR) ---")

```

```

##
##
## --- BL. 9: COMBINANDO RESULTADOS GWR E GERANDO MAPAS ESSENCIAIS (SOMENTE RESULTADOS GWR) ---

```

```

cat("\n-----\n")

```

```

##
## -----

```

```

# --- 9.1. Verificar objetos necessários ---
# Verifica se os principais objetos gerados nos blocos anteriores existem, não são NULL e não estão vazios
message("--- 9.1. Verificando objetos necessários ---")

```

--- 9.1. Verificando objetos necessários ---

```

if (!exists("dados_gwr_sf_validos") || is.null(dados_gwr_sf_validos) || nrow(dados_gwr_sf_validos) == 0) {
  stop("ERRO CRÍTICO Bloco 9: O objeto 'dados_gwr_sf_validos' (polígonos da grade com dados originais) não foi encontrado.")
}
if (!exists("gwr_resultado_lista") || is.null(gwr_resultado_lista) || is.null(gwr_resultado_lista$SDF)) {
  stop("ERRO CRÍTICO Bloco 9: O objeto 'gwr_resultado_lista' (resultado do GWR) não foi encontrado, é necessário.")
}

```

```

# Verifica se o objeto da área de estudo (contorno para mapas) existe. Emite apenas aviso se não.
if (!exists("area_estudo_union") || is.null(area_estudo_union)) {
  warning("AVISO Bloco 9: Objeto 'area_estudo_union' (contorno da área de estudo) não encontrado. A área de estudo não foi definida.")
  area_estudo_union_mapa <- NULL # Define como NULL para o bloco de plotagem
} else {
  # Se existir, verifica se o CRS coincide com os resultados GWR antes de usá-lo nos mapas
  if (st_crs(area_estudo_union) != st_crs(dados_gwr_sf_validos)) { # Compara com dados_gwr_sf_validos
    warning("AVISO Bloco 9: O CRS do objeto 'area_estudo_union' não coincide com o CRS dos dados GWR.")
  }
}

```



```

    warning("AVISO Bloco 9: CRS da área de estudo difere do CRS dos resultados GWR. A área de estudo
    area_estudo_union_mapa <- NULL
  } else {
    area_estudo_union_mapa <- area_estudo_union # Usa o objeto se o CRS for compatível
  }
}

message("Objetos de dados necessários para o Bloco 9 encontrados. Prosseguindo com a combinação de resu.

```

Objetos de dados necessários para o Bloco 9 encontrados. Prosseguindo com a combinação de resultados

```

# --- 9.2. Preparar Resultados GWR para Join ---
# O SDF do GWR contém os resultados (coeficientes, R2, resíduos) nos centróides.
# Precisamos extrair estes dados (em formato data.frame) para juntá-los aos polígonos SF originais.
message("\n--- 9.2. Extraindo resultados do GWR (SDF) para data.frame ---")

```

##

--- 9.2. Extraindo resultados do GWR (SDF) para data.frame ---

```

gwr_resultados_df_para_join <- as.data.frame(gwr_resultado_lista$SDF)

# Adicionar a chave de join ('id_celula_grade') ao data.frame de resultados do GWR.
# Esta coluna DEVE existir em 'dados_gwr_sf_validos' (criada no Bloco 4/5).
# Assumimos que a ordem das linhas no SDF corresponde à ordem em dados_spdf_gwr,
# pois o SDF foi criado a partir de dados_gwr_sf_validos, que por sua vez veio diretamente de dados_gwr.
# Embora o join por ID seja mais seguro, garantir a ordem pode ser uma camada extra de verificação se n
# Aqui, confiamos no join por ID após adicionar a coluna.
if ("id_celula_grade" %in% names(dados_gwr_sf_validos)) {
  # Adiciona a coluna id_celula_grade ao dataframe de resultados do GWR
  gwr_resultados_df_para_join$id_celula_grade <- dados_gwr_sf_validos$id_celula_grade
  message("Coluna 'id_celula_grade' adicionada aos resultados do GWR (DF) para join.")
} else {
  stop("ERRO CRÍTICO Bloco 9: A coluna 'id_celula_grade' NÃO foi encontrada no objeto SF 'dados_gwr_
}

```

Coluna 'id_celula_grade' adicionada aos resultados do GWR (DF) para join.

```

# --- 9.3. Renomear Colunas de Resultados GWR para Clareza e Padronização (CORRIGIDO v5) ---
# Renomeia colunas do data.frame extraído do SDF para nomes mais descritivos antes do join.
# Isso evita conflitos de nomes e deixa claro que são resultados do GWR.
message("\n--- 9.3. Renomeando colunas de resultados GWR ---")

```

##

--- 9.3. Renomeando colunas de resultados GWR ---

```

# Nome da variável independente principal da fórmula original (e.g. "log1p_n_drogas")
# ESSA VARIÁVEL DEVE TER SIDO DEFINIDA NO SEU SCRIPT ANTES DESTES BLOCOS (e.g., no Bloco 5 ou 7)
# Ex: var_indep_na_formula <- all.vars(formula_gwr)[2]
if (!exists("var_indep_na_formula") || is.null(var_indep_na_formula)) {
  # Tenta definir aqui se não foi definida antes, baseando-se na formula_gwr

```



```

    if (exists("formula_gwr") && !is.null(formula_gwr) && length(all.vars(formula_gwr)) > 1) {
      var_indep_na_formula <- all.vars(formula_gwr)[2]
      message(paste0("Variável 'var_indep_na_formula' definida dentro do Bloco 9 como: '", var_indep_na_formula, "'"))
    } else {
      stop("ERRO CRÍTICO Bloco 9: Variável 'var_indep_na_formula' não definida e não pôde ser inferida")
    }
  } else {
    message(paste0("Variável 'var_indep_na_formula' encontrada (valor: '", var_indep_na_formula, "')."))
  }
}

```

Variável 'var_indep_na_formula' definida dentro do Bloco 9 como: 'log1p_n_drogas' baseada em formula_gwr

```

# Define os nomes originais das colunas de resultados no SDF do GWR (verificar output GWmodel se diferente)
# Estes são os nomes que esperamos encontrar NO DATA.FRAME gwr_resultados_df_para_join antes de renomear
nome_coef_original_sdf <- var_indep_na_formula # O nome do coeficiente é o nome da variável no modelo
nome_tval_original_sdf <- paste0(var_indep_na_formula, "_TV") # Nome padrão para o t-valor
nome_intercept_original_sdf <- "Intercept" # Nome padrão do intercepto
nome_intercept_tv_original_sdf <- "Intercept_TV" # Nome padrão para o t-valor do intercepto
nome_local_r2_original_sdf <- "Local_R2" # Nome padrão para o R2 Local
nome_yhat_original_sdf <- "yhat" # Nome padrão para o valor previsto
nome_residual_original_sdf <- "residual" # Nome padrão para o resíduo
nome_y_observado_original_sdf <- "y" # Nome padrão para a VD observada na escala transformada

# Define os NOVOS nomes padronizados desejados no data.frame para o join
# *** DEFINIÇÃO EXPLÍCITA DE TODAS AS VARIÁVEIS ANTES DE CRIAR O VETOR DE MAPEAMENTO ***
# Garante que estas variáveis existem no ambiente.
novo_nome_coef <- paste0("GWR_coef_", var_indep_na_formula) # Ex: "GWR_coef_log1p_n_drogas"
novo_nome_tval <- paste0("GWR_tval_", var_indep_na_formula) # Ex: "GWR_tval_log1p_n_drogas"
novo_nome_intercept <- "GWR_coef_Intercept" # Ex: "GWR_coef_Intercept"
novo_nome_intercept_tv <- "GWR_tval_Intercept" # Ex: "GWR_tval_Intercept"
novo_nome_r2_local <- "GWR_Local_R2" # Ex: "GWR_Local_R2"
novo_nome_yhat <- "GWR_yhat" # Ex: "GWR_yhat"
novo_nome_residual <- "GWR_residual" # Ex: "GWR_residual"
novo_nome_y_observado <- "GWR_y_observed_transf" # Nome para a coluna 'y' do SDF, que é a VD observada

# Cria o mapeamento correto para dplyr::rename: c(novo_nome = "nome_original")
# Usa setNames() para criar o vetor nomeado onde os nomes vêm das variáveis.
nomes_originais_esperados <- c(
  nome_coef_original_sdf,
  nome_tval_original_sdf,
  nome_intercept_original_sdf,
  nome_intercept_tv_original_sdf,
  nome_local_r2_original_sdf,
  nome_yhat_original_sdf,
  nome_residual_original_sdf,
  nome_y_observado_original_sdf
)

novos_nomes_desejados <- c(
  novo_nome_coef,
  novo_nome_tval,

```

```

    novo_nome_intercept,
    novo_nome_intercept_tv,
    novo_nome_r2_local,
    novo_nome_yhat,
    novo_nome_residual,
    novo_nome_y_observado
  )

# Cria o vetor de mapeamento onde nomes = novos_nomes, valores = nomes_originais_esperados
names_mapping_for_rename <- setNames(nomes_originais_esperados, novos_nomes_desejados)

# Filtra o mapeamento: mantém apenas as entradas onde o NOME ORIGINAL (o valor no vetor names_mapping_for_rename)
# realmente existe nos nomes das colunas do data.frame gwr_resultados_df_para_join.
# Isso previne o erro "Can't rename columns that don't exist".
names_to_check_in_df <- as.character(names_mapping_for_rename) # Extrai os nomes originais esperados
existing_original_names <- intersect(names_to_check_in_df, names(gwr_resultados_df_para_join)) # Verifica

# Cria o mapeamento filtrado: apenas entradas cujo nome original existe no DF
# names_mapping_for_rename é um vetor nomeado (nomes=novos nomes, valores=nomes originais)
# Precisamos filtrar baseado nos *valores* que existem em existing_original_names
names_mapping_for_rename_existing <- names_mapping_for_rename[names_mapping_for_rename %in% existing_original_names]

# Aplica a renomeação usando o mapeamento filtrado.
# A função rename espera c(novo_nome = "nome_original"). Nosso vetor names_mapping_for_rename_existing
# tem nomes = novo_nome e valores = nome_original. O !!! expande corretamente.
if (length(names_mapping_for_rename_existing) > 0) {
  # Renomeia o data.frame. O operador !!! expande o vetor nomeado para argumentos new_name = old_name
  gwr_resultados_df_para_join <- dplyr::rename(gwr_resultados_df_para_join, !!!names_mapping_for_rename_existing)

  # Mensagem de confirmação das colunas renomeadas (mostra "nome_original -> novo_nome")
  # Para mostrar "nome_original -> novo_nome": os VALUES do vetor são os nomes originais, os NAMES são os novos nomes
  rename_message_text <- paste(as.character(names_mapping_for_rename_existing), "->", names(names_mapping_for_rename_existing))
  message(paste0("Colunas de resultados GWR renomeadas no data.frame: ", rename_message_text))
} else {
  message("Nenhuma coluna de resultado GWR padrão encontrada (com os nomes originais esperados) que seja renomeada.")
}

## Colunas de resultados GWR renomeadas no data.frame: log1p_n_drogas -> GWR_coef_log1p_n_drogas, log1p_n_drogas_tv, log1p_n_drogas_r2_local, log1p_n_drogas_residual, log1p_n_drogas_yhat, log1p_n_drogas_intercept, log1p_n_drogas_intercept_tv, log1p_n_drogas_y_observado

# Verifica AGORA (após a tentativa de renomear) se as colunas com os NOVOS nomes esperados existem.
# Isso confirma quais colunas estarão disponíveis para o join e plotagem.
expected_cols_renamed <- c(novo_nome_coef, novo_nome_tval, novo_nome_r2_local, novo_nome_residual,
                           novo_nome_yhat, novo_nome_intercept, novo_nome_intercept_tv, novo_nome_y_observado)
missing_expected_cols_after_rename <- setdiff(expected_cols_renamed, names(gwr_resultados_df_para_join))

if (length(missing_expected_cols_after_rename) > 0) {
  warning(paste0("AVISO Bloco 9: As seguintes colunas de resultados GWR esperadas (APÓS renomeação) não foram encontradas: ", paste0(missing_expected_cols_after_rename, collapse = ", ")))
} else {
  message("Todas as colunas de resultados GWR esperadas encontradas (com os novos nomes) e prontas para o join.")
}

```

```

## Todas as colunas de resultados GWR esperadas encontradas (com os novos nomes) e prontas para o join.

```

```
message("Colunas de resultados GWR preparadas para join com nomes padronizados.")
```

```
## Colunas de resultados GWR preparadas para join com nomes padronizados.
```

```
# --- 9.4. Realizar o Join Final ao Objeto SF ---
```

```
# Junta o data.frame de resultados GWR (agora com nomes padronizados) ao objeto SF dos polígonos originais  
# O objeto SF base 'dados_gwr_sf_validos' já contém as geometrias e as variáveis originais/transformadas  
# Seleciona apenas as colunas de resultados GWR renomeadas (e o id_celula_grade) do data.frame para o join  
# para evitar duplicar colunas originais já presentes em 'dados_gwr_sf_validos'.
```

```
message("\n--- 9.4. Realizando o join dos resultados GWR ao objeto SF ---")
```

```
##
```

```
## --- 9.4. Realizando o join dos resultados GWR ao objeto SF ---
```

```
# Colunas do DF de resultados GWR a serem mantidas no join (id + colunas renomeadas que existem após o join)  
# Pega todos os nomes no DF de resultados que NÃO são id_celula_grade.
```

```
cols_gwr_data_only_to_keep <- setdiff(names(gwr_resultados_df_para_join), "id_celula_grade")
```

```
# Realiza o left_join
```

```
resultados_gwr_poligonos_sf <- dplyr::left_join(  
  dados_gwr_sf_validos, # Objeto SF base com polígonos originais e dados originais  
  gwr_resultados_df_para_join %>% dplyr::select(dplyr::all_of(c("id_celula_grade", cols_gwr_data_only_to_keep)),  
  by = "id_celula_grade" # Chave de join  
)
```

```
message("Resultados GWR combinados com sucesso aos polígonos originais da grade no objeto SF 'resultados_gwr_poligonos_sf'")
```

```
## Resultados GWR combinados com sucesso aos polígonos originais da grade no objeto SF 'resultados_gwr_poligonos_sf'
```

```
# Verificação rápida pós-join para NAs em uma coluna chave (usando o novo nome esperado)
```

```
# Verifica se a coluna existe antes de checar NAs ou emitir aviso.
```

```
if (novo_nome_r2_local %in% names(resultados_gwr_poligonos_sf) && any(is.na(resultados_gwr_poligonos_sf[, novo_nome_r2_local]))) {  
  warning(paste0("AVISO Bloco 9: Foram encontrados NAs na coluna '", novo_nome_r2_local, "' após o join"))  
} else if (!(novo_nome_r2_local %in% names(resultados_gwr_poligonos_sf))) {  
  # AVISO: A coluna R2 Local renomeada nem chegou no objeto final após o join.  
  warning(paste0("AVISO Bloco 9: A coluna de resultados GWR esperada '", novo_nome_r2_local, "' não foi encontrada"))  
}
```

```
# --- 9.5. Preparar a Área de Estudo para Plotagem (se existir) ---
```

```
# Se area_estudo_union foi carregado e tem CRS compatível, ele será usado como contorno nos mapas.
```

```
message("\n--- 9.5. Preparando contorno da área de estudo para mapas ---")
```

```
##
```

```
## --- 9.5. Preparando contorno da área de estudo para mapas ---
```

```
# area_estudo_union_mapa já foi definido e verificado no Bloco 9.1
```

```
# --- 9.6. Gerar e Salvar Mapas Essenciais (SOMENTE RESULTADOS GWR) ---
```

```
message("\n--- 9.6. Iniciando a geração dos mapas essenciais de resultados GWR ---")
```

```
##
## --- 9.6. Iniciando a geração dos mapas essenciais de resultados GWR ---

# Define o diretório para salvar os mapas. Sugestão: usar o mesmo diretório dos shapefiles de entrada.
# Você pode alterar 'path_area_estudo' para outra variável que contenha o caminho base desejado.
output_map_dir <- dirname(path_area_estudo) # Ex: pega o diretório do arquivo de área de estudo
if (!dir.exists(output_map_dir)) {
  warning(paste0("AVISO Bloco 9: Diretório de saída para mapas NÃO EXISTE: '", output_map_dir, "'. Os
  output_map_dir_valid <- FALSE # Flag para não tentar salvar
} else {
  message(paste0("Mapas serão salvos no diretório: '", output_map_dir, "'\n"))
  output_map_dir_valid <- TRUE # Flag para permitir salvar
}

## Mapas serão salvos no diretório: 'C:/Users/Rodrigo - H2R/OneDrive - Conhecimento e Ação em Marketing

# =====
# ADIÇÃO PARA DEBUG: Imprimir variáveis antes da lista map_configs
# Confirma se as variáveis 'novo_nome_...' estão definidas neste ponto
cat("\n--- Debug: Verificando variáveis 'novo_nome_...' antes da lista map_configs ---\n")

##
## --- Debug: Verificando variáveis 'novo_nome_...' antes da lista map_configs ---

print(paste0("Valor de novo_nome_coef: ", if(exists("novo_nome_coef")) novo_nome_coef else "NÃO DEFINIDO"))

## [1] "Valor de novo_nome_coef: GWR_coef_log1p_n_drogas"

print(paste0("Valor de novo_nome_tval: ", if(exists("novo_nome_tval")) novo_nome_tval else "NÃO DEFINIDO"))

## [1] "Valor de novo_nome_tval: GWR_tval_log1p_n_drogas"

print(paste0("Valor de novo_nome_intercept: ", if(exists("novo_nome_intercept")) novo_nome_intercept else "NÃO DEFINIDO"))

## [1] "Valor de novo_nome_intercept: GWR_coef_Intercept"

print(paste0("Valor de novo_nome_tval_intercept: ", if(exists("novo_nome_tval_intercept")) novo_nome_tval_intercept else "NÃO DEFINIDO"))

## [1] "Valor de novo_nome_tval_intercept: NÃO DEFINIDO"

print(paste0("Valor de novo_nome_r2_local: ", if(exists("novo_nome_r2_local")) novo_nome_r2_local else "NÃO DEFINIDO"))

## [1] "Valor de novo_nome_r2_local: GWR_Local_R2"

print(paste0("Valor de novo_nome_yhat: ", if(exists("novo_nome_yhat")) novo_nome_yhat else "NÃO DEFINIDO"))

## [1] "Valor de novo_nome_yhat: GWR_yhat"
```

```

print(paste0("Valor de novo_nome_residual: ", if(exists("novo_nome_residual")) novo_nome_residual else

## [1] "Valor de novo_nome_residual: GWR_residual"

print(paste0("Valor de novo_nome_y_observado: ", if(exists("novo_nome_y_observed")) novo_nome_y_observed

## [1] "Valor de novo_nome_y_observado: NÃO DEFINIDO"

cat("-----\n\n")

## -----

# =====

# Nomes das colunas a serem mapeadas e seus títulos/descrições para o loop de plotagem
# ESTA LISTA AGORA CONTÉM APENAS OS MAPAS DE RESULTADOS GWR CONFORME SOLICITADO
map_configs <- list(
  # --- 1. Mapas para Analisar a Relação Drogas-Crimes (Coeficientes e Significância): ---
  # c. Intercept
  # Descrição: Este é o intercepto local estimado para cada célula da grade no GWR.
  # Motivo para Mapear: Indica o valor esperado de log1p_n_roubos quando todas as variáveis independentes são zero.
  list(col = novo_nome_intercept, name = paste0("Coeficiente Local\nIntercepto"), title = paste0("GWR: Intercepto Local", var_indep_na_formula, " (log1p_n_roubos)"),
    desc = "Mostra o valor base estimado para os roubos (na escala log1p) em cada localidade quando todas as variáveis independentes são zero."),
  # Significância do Intercepto Local (Adicionado por completude dos resultados GWR, embora não listado no mapa)
  # É útil para saber onde o intercepto é estatisticamente diferente de zero.
  list(col = novo_nome_intercept_tv, name = paste0("Valor-t Local\nIntercepto"), title = paste0("GWR: Significância do Intercepto Local", var_indep_na_formula, " (log1p_n_roubos)"),
    desc = "Indica a significância estatística do Intercepto local. Valores |t| > ~1.96 sugerem significância estatística a 5%."),
  # a. coef_log1p_n_drogas
  # Descrição: Este é o coeficiente local estimado (b) para a relação entre log1p_n_drogas (indicador binário de presença de drogas) e log1p_n_roubos.
  # Motivo para Mapear: Mostra como a força da relação entre drogas e crimes varia no espaço. Permite identificar áreas com maior ou menor influência das drogas nos roubos.
  list(col = novo_nome_coef, name = paste0("Coeficiente Local\n(", var_indep_na_formula, ")"), title = paste0("GWR: Coeficiente Local", var_indep_na_formula, " (log1p_n_roubos)"),
    desc = paste0("Mede a força e direção da associação local entre '", var_indep_na_formula, "' e log1p_n_roubos.")),
  # b. log1p_n_drogas_TV
  # Descrição: Este é o valor-t local associado ao coeficiente coef_log1p_n_drogas.
  # Motivo para Mapear: Permite identificar onde o coeficiente local é estatisticamente significativo.
  # Saída esperada: Um mapa binário ou categorizado (a escala divergente ajuda a ver positivo/negativo).
  list(col = novo_nome_tval, name = paste0("Valor-t Local\n(", var_indep_na_formula, ")"), title = paste0("GWR: Significância do Coeficiente Local", var_indep_na_formula, " (log1p_n_roubos)"),
    desc = paste0("Indica onde o coeficiente local de '", var_indep_na_formula, "' é estatisticamente significativo a 5%.")),
  # --- 2. Mapas de Ajuste e Diagnóstico do Modelo: ---
  # a. Local_R2
  # Descrição: Este é o R² local, que informa quanto da variação local na variável dependente (log1p_n_roubos) é explicada pelo modelo.
  # Motivo para Mapear: Quão bem o modelo performa em cada área? Áreas com Local_R2 mais altos refletem melhor ajuste.
  list(col = novo_nome_r2_local, name = "R2 Local\n(Ajuste do Modelo)", title = "GWR: R2 Local (Poder de Explicação)",
    desc = "Mostra a proporção da variação local da VD explicada pelo modelo. Áreas com R2 alto = bom ajuste."),
  # c. yhat (Colocado antes de residual porque é o valor que gera o residual)

```

```

# Descrição: Este é o valor previsto do modelo para cada hexágono (loglp_n_roubos previsto com base
# Motivo para Mapear: Permite visualizar os valores previstos de crime diretamente. Útil para compa
list(col = novo_nome_yhat, name = paste0("VD Prevista\n(Escala Transf.)"), title = paste0("GWR: VD
desc = paste0("Valores de '", all.vars(formula_gwr)[1], "' previstos pelo modelo GWR local."))

# Variável Dependente Observada Transformada (Para comparação visual com yhat e residual)
# É crucial mapear a VD observada na mesma escala para entender yhat e residual.
# Descrição: A variável dependente observada na escala transformada (loglp_n_roubos).
# Motivo para Mapear: Comparação visual direta com os valores previstos (yhat) e para entender os r
list(col = novo_nome_y_observado, name = paste0("VD Observada\n(Escala Transf.)"), title = paste0("
desc = paste0("Valores de '", all.vars(formula_gwr)[1], "' observados (input para o GWR).")),

# b. residual
# Descrição: Este é o resíduo local, calculado como a diferença entre o valor observado (loglp_n_ro
# Motivo para Mapear: A análise dos resíduos pode revelar padrões espaciais não capturados pelo mod
list(col = novo_nome_residual, name = paste0("Resíduo Local"), title = paste0("GWR: Resíduos do Mod
desc = "Diferença entre valor observado e previsto (VD transformada). Mostra onde o modelo sub,

)

# Loop para gerar e salvar cada mapa definido em map_configs
for (map_cfg in map_configs) {
  col_name <- map_cfg$col # Nome da coluna no objeto SF final
  map_title <- map_cfg$title # Título principal do mapa
  legend_name <- map_cfg$name # Nome para a legenda da cor
  map_type <- map_cfg$type # Tipo de escala (sequential, diverging, sequential_0_1)
  file_suffix <- map_cfg$file_suffix # Sufixo para o nome do arquivo PNG
  # Descrição é útil nos comentários do código, mas não usada na plotagem direta aqui.

  # Verifica novamente se a coluna existe no objeto SF COMBINADO antes de tentar plotar
  # Usa [[col_name]] para acessar a coluna pelo nome da string de forma segura
  if (!(col_name %in% names(resultados_gwr_poligonos_sf))) {
    warning(paste0("AVISO Bloco 9: Coluna '", col_name, "' não encontrada no objeto 'resultados_gwr
    next # Pula para a próxima configuração de mapa no loop
  }

  message(paste0(" -> Gerando mapa para: '", legend_name, "' (coluna: '", col_name, "')..."))

  tryCatch({
    # --- Configura a escala de cor baseada no tipo ---
    if (map_type == "sequential") {
      # Escala sequencial padrão (ex: Viridis)
      color_scale <- scale_fill_viridis_c(name = legend_name, option = "viridis", na.value = "grey
    } else if (map_type == "diverging") {
      # Escala divergente (centralizada em 0)
      # Calcula o limite máximo absoluto para centralizar a escala de cor
      # Acessa a coluna de dados de forma segura com [[col_name]]
      max_abs_val <- max(abs(resultados_gwr_poligonos_sf[[col_name]]), na.rm = TRUE)
      # Define limites para a escala, garantindo que não sejam infinitos ou muito pequenos
      plot_limits <- c(-max_abs_val, max_abs_val)
      if (!is.finite(max_abs_val) || max_abs_val == 0) {
        plot_limits <- c(-1, 1) # Limite padrão seguro se valores são zero/infinito
      } else if (max_abs_val < 0.1) {
        plot_limits <- c(-0.1, 0.1) # Ajusta limite se valores forem muito pequenos
      }
    }
  }, error = function(e) {
    message("Erro ao gerar mapa: ", e$message)
  })
}

```



```

}

color_scale <- scale_fill_gradient2(
  name = legend_name,
  low = "blue", mid = "white", high = "red", # Azul (negativo) - Branco (zero) - Vermelho
  midpoint = 0, # Centraliza em zero
  limits = plot_limits, # Define os limites da escala
  space = "Lab",
  na.value = "grey80", # Cor para valores NA
  oob = scales::squish # Comprime valores fora do limite para o limite mais próximo
)
} else if (map_type == "sequential_0_1") {
  # Escala sequencial específica para valores entre 0 e 1 (como R2)
  # Trunca valores < 0 para 0 para visualização no mapa (R2 não deve ser negativo)
  plot_data_r2 <- resultados_gwr_poligonos_sf
  # Acessa a coluna de dados de forma segura com [[col_name]]
  plot_data_r2[[col_name]] <- ifelse(plot_data_r2[[col_name]] < 0, 0, plot_data_r2[[col_name]])
  # Define limite superior do R2 (máx entre 1 e o valor máximo observado >=0)
  lim_max_r2 <- max(1, max(plot_data_r2[[col_name]], na.rm = TRUE))
  color_scale <- scale_fill_viridis_c(
    name = legend_name,
    option = "plasma", # Outra opção de paleta sequencial
    limits = c(0, lim_max_r2), # Limita a escala de 0 até o valor máximo (ou 1)
    labels = scales::percent_format(accuracy = 1), # Formata legenda como porcentagem
    na.value = "grey80", # Cor para valores NA
    oob = scales::squish # Comprime valores fora do limite
  )
  # Usa os dados com R2 truncado para plotar, mas o objeto original permanece inalterado
  data_to_plot <- plot_data_r2
} else {
  # Tipo de mapa desconhecido, usa escala sequencial padrão
  warning(paste0("Tipo de mapa desconhecido: '", map_type, "'. Usando escala sequencial padrão"))
  color_scale <- scale_fill_viridis_c(name = legend_name, na.value = "grey80")
}

# Define os dados a serem plotados (usa plot_data_r2 se for tipo sequential_0_1, senão usa o obj
data_to_plot <- if (map_type == "sequential_0_1") plot_data_r2 else resultados_gwr_poligonos_sf

# --- Cria o objeto ggplot para o mapa atual ---
p <- ggplot() +
  # Camada dos polígonos com os resultados GWR ou dados originais
  # Usa .data[[col_name]] dentro do aes para acessar a coluna pela string col_name
  geom_sf(data = data_to_plot, aes(fill = .data[[col_name]]), color = "grey70", linewidth = 0.5)
  # Camada de contorno da área de estudo (se o objeto existir e for válido)
  {if(!is.null(area_estudo_union_mapa)) geom_sf(data = area_estudo_union_mapa, fill = NA, color = "black", linewidth = 1)}
  # Aplica a escala de cor configurada acima
  color_scale +
  # Define títulos e legendas para o mapa
  labs(
    title = map_title,
    subtitle = paste0("Modelo: ", deparse(formula_gwr), # Mostra a fórmula usada no GWR
                      "\nLargura de banda adaptativa: ", round(gwr_resultado_lista$GW.argument, 2),
    caption = paste("Data da Análise:", format(Sys.Date(), "%d/%m/%Y")) # Data atual da análise
  )

```

```

) +
# Aplica um tema minimalista para mapas
theme_minimal(base_size = 11) +
theme(
  plot.title = element_text(hjust = 0.5, face = "bold"), # Título centralizado e em negrito
  plot.subtitle = element_text(hjust = 0.5, size = 9, lineheight = 0.9), # Subtítulo centralizado
  plot.caption = element_text(hjust = 1, size = 7, color = "grey50"), # Legenda no canto inferior direito
  legend.position = "right", # Posição da legenda
  axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1, size = 7), # Rótulos do eixo X rotacionados 45 graus
  axis.text.y = element_text(size = 7) # Rótulos do eixo Y
) +
# Remove rótulos dos eixos (coordenadas) para um visual de mapa limpo
labs(x = NULL, y = NULL)

# Imprime o mapa (útil para visualização imediata no RStudio antes de salvar)
print(p)

# --- Salva o mapa em arquivo PNG ---
if (output_map_dir_valid) { # Verifica se o diretório de saída é válido antes de tentar salvar
  file_name <- file.path(output_map_dir, paste0(file_suffix, ".png")) # Usa o sufixo definido
  # Salva o plot p no caminho e nome especificados
  ggsave(file_name, plot = p, width = 8, height = 7, units = "in", dpi = 300) # Define tamanho em polegadas
  message(paste0("    Mapa salvo com sucesso em '", file_name, "'.\n"))
} else {
  message("    Diretório de saída não definido ou não encontrado/válido. O mapa não foi salvo")
}

}, error = function(e_plot) {
  # Captura e reporta erros específicos durante a plotagem ou salvamento de um mapa
  cat(paste0("ERRO ao gerar ou salvar o mapa para '", legend_name, "' (coluna '", col_name, "')):\n"),
  cat(paste("    Mensagem de erro:", e_plot$message, "\n\n"))
})
}

```

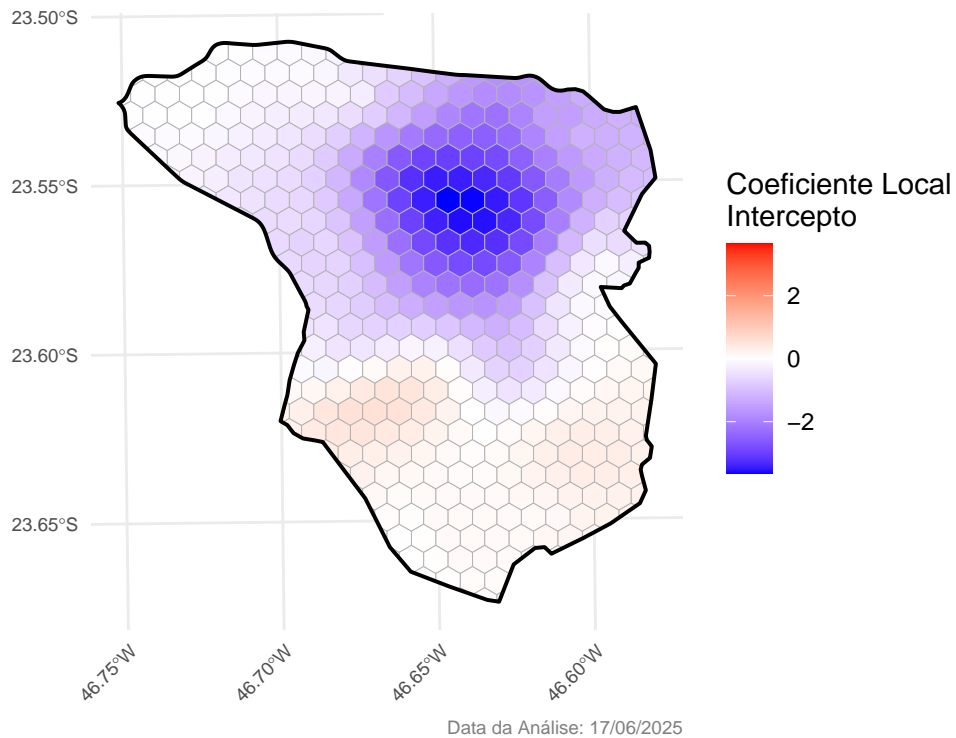
```

## -> Gerando mapa para: 'Coeficiente Local
## Intercepto' (coluna: 'GWR_coef_Intercept')...

```


GWR: Coeficiente Local do Intercepto

Modelo: $\log1p_n_roubos \sim \log1p_n_drogas$
Largura de banda adaptativa: 18 vizinhos; Kernel: gaussian

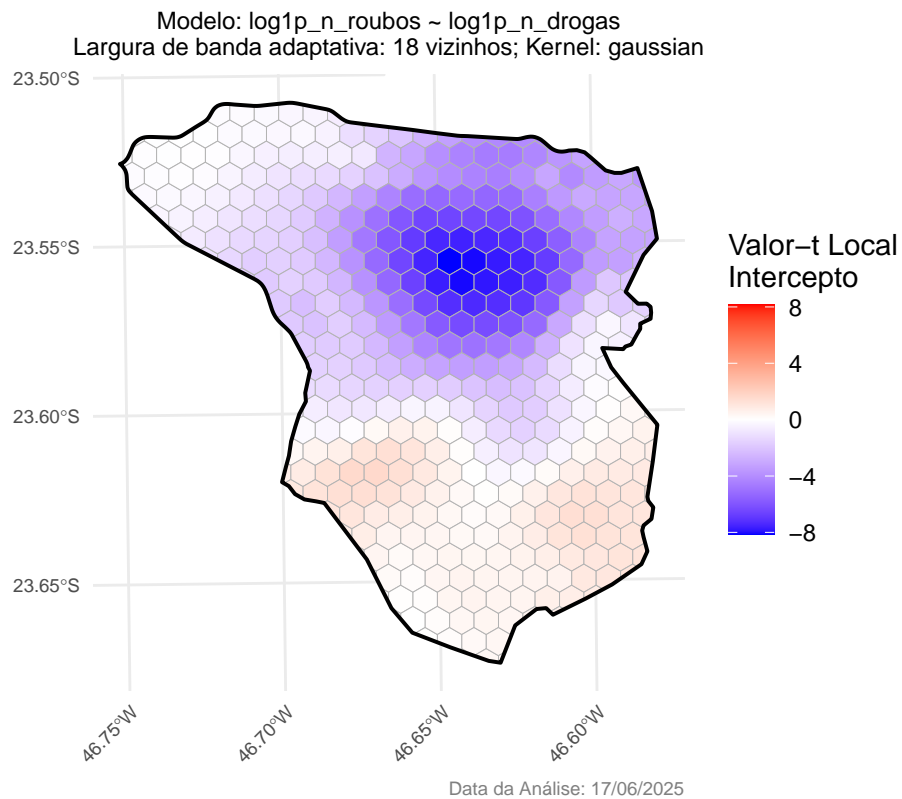


```
## Mapa salvo com sucesso em 'C:/Users/Rodrigo - H2R/OneDrive - Conhecimento e Ação em Marketing Ltda
```

```
## -> Gerando mapa para: 'Valor-t Local
```

```
## Intercepto' (coluna: 'GWR_tval_Intercept')...
```

GWR: Significância do Intercepto Local



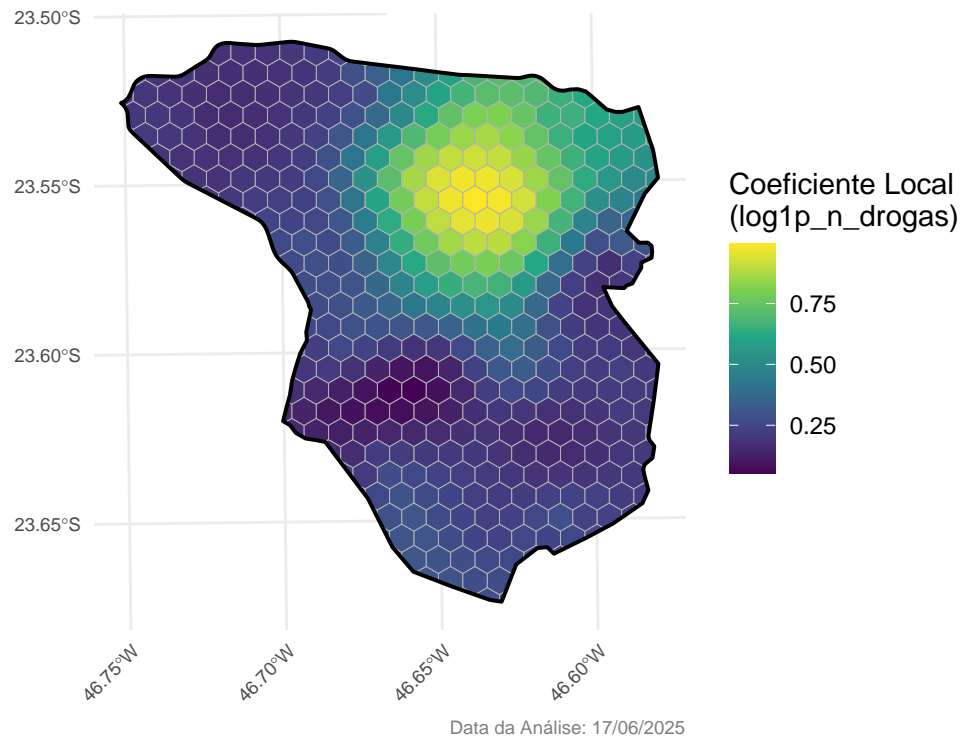
```
## Mapa salvo com sucesso em 'C:/Users/Rodrigo - H2R/OneDrive - Conhecimento e Ação em Marketing Ltda
```

```
## -> Gerando mapa para: 'Coeficiente Local
```

```
## (log1p_n_drogas)' (coluna: 'GWR_coef_log1p_n_drogas')...
```

GWR: Coeficientes Locais para log1p_n_drogas

Modelo: $\log1p_n_roubos \sim \log1p_n_drogas$
Largura de banda adaptativa: 18 vizinhos; Kernel: gaussian

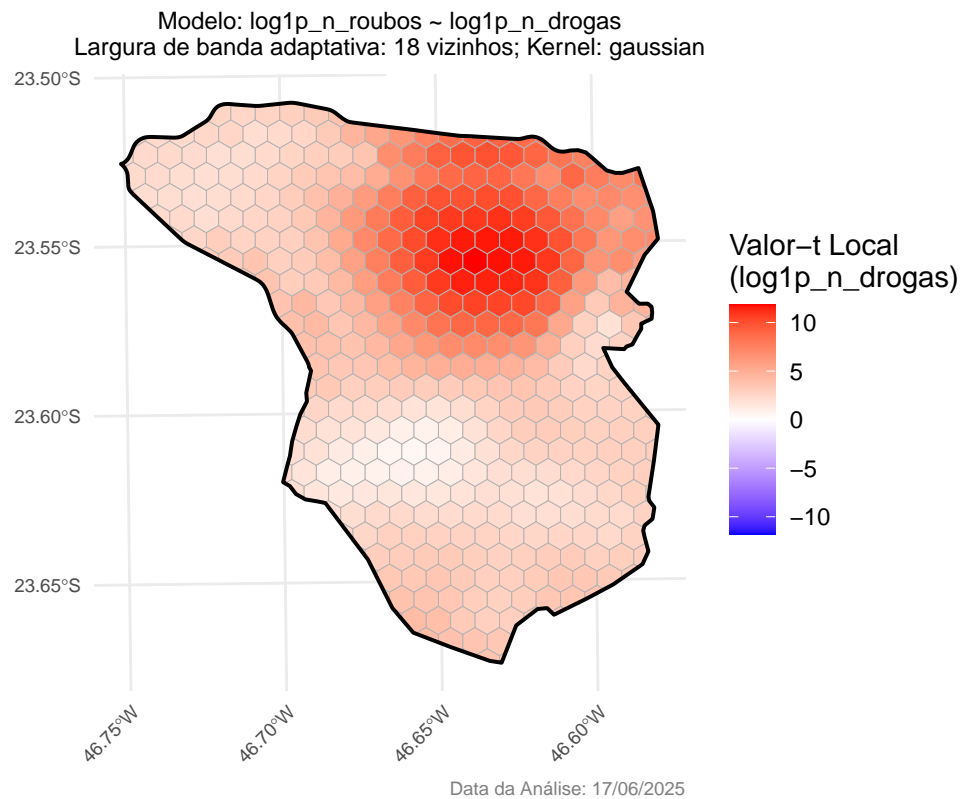


```
## Mapa salvo com sucesso em 'C:/Users/Rodrigo - H2R/OneDrive - Conhecimento e Ação em Marketing Ltda
```

```
## -> Gerando mapa para: 'Valor-t Local
```

```
## (log1p_n_drogas)' (coluna: 'GWR_tval_log1p_n_drogas')...
```

GWR: Significância do Coeficiente de log1p_n_drogas

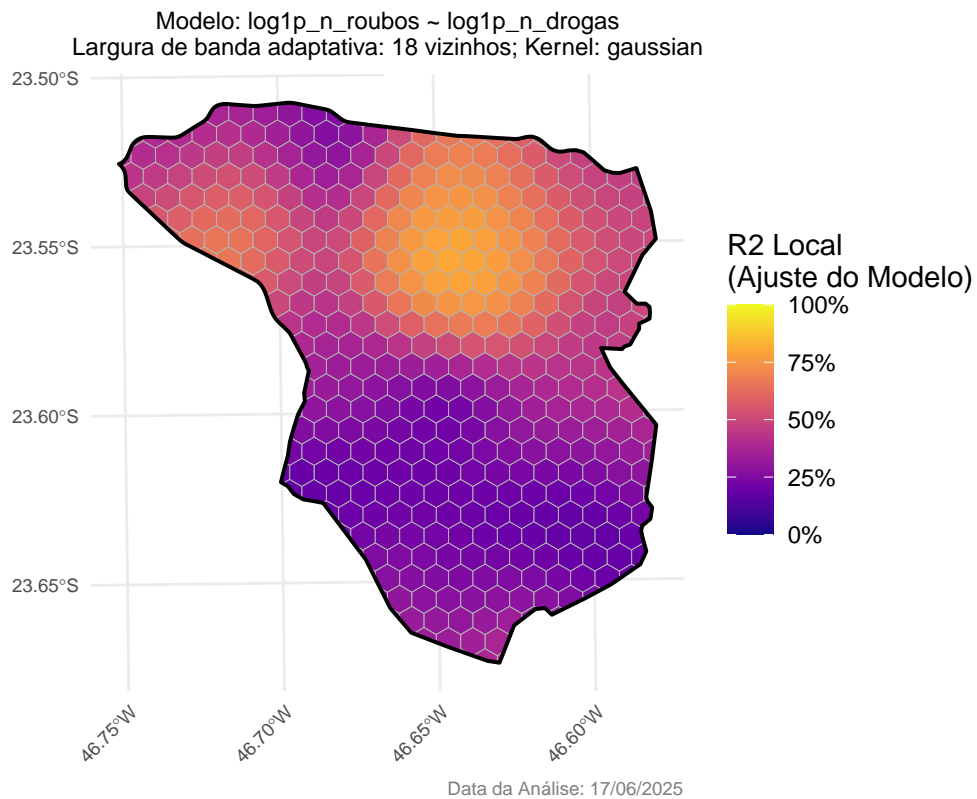


```
## Mapa salvo com sucesso em 'C:/Users/Rodrigo - H2R/OneDrive - Conhecimento e Ação em Marketing Ltda
```

```
## -> Gerando mapa para: 'R2 Local
```

```
## (Ajuste do Modelo)' (coluna: 'GWR_Local_R2')...
```

GWR: R2 Local (Poder Explicativo do Modelo)

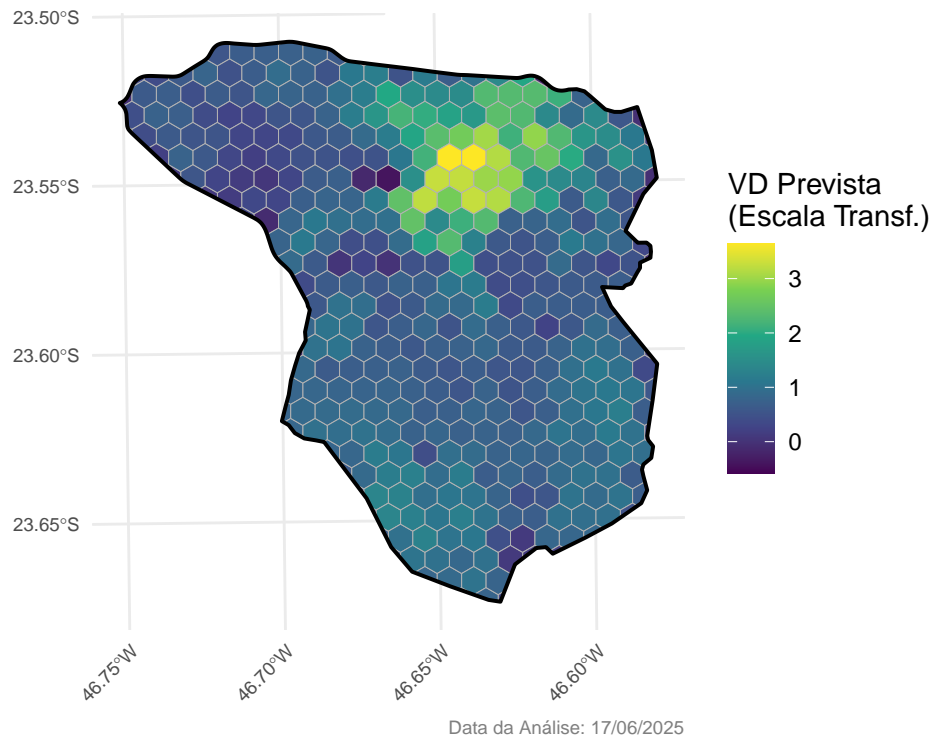


```
## Mapa salvo com sucesso em 'C:/Users/Rodrigo - H2R/OneDrive - Conhecimento e Ação em Marketing Ltda
```

```
## -> Gerando mapa para: 'VD Prevista  
## (Escala Transf.)' (coluna: 'GWR_yhat')...
```

GWR: VD Prevista (log1p_n_roubos)

Modelo: $\log1p_n_roubos \sim \log1p_n_drogas$
Largura de banda adaptativa: 18 vizinhos; Kernel: gaussian



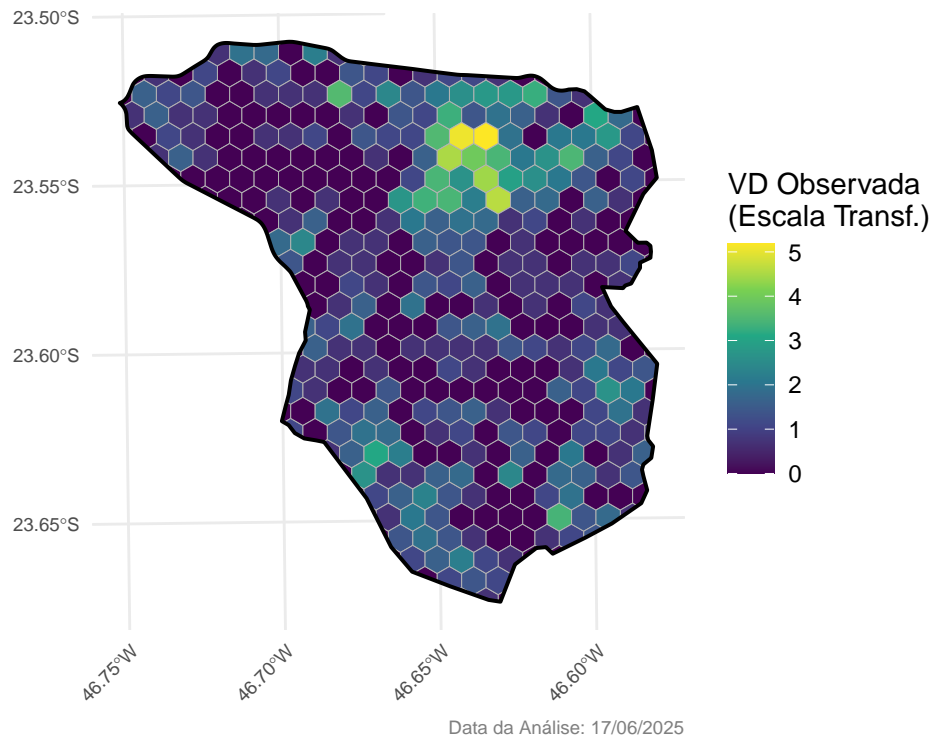
```
## Mapa salvo com sucesso em 'C:/Users/Rodrigo - H2R/OneDrive - Conhecimento e Ação em Marketing Ltda
```

```
## -> Gerando mapa para: 'VD Observada
```

```
## (Escala Transf.)' (coluna: 'GWR_y_observed_transf')...
```

GWR: VD Observada (log1p_n_roubos)

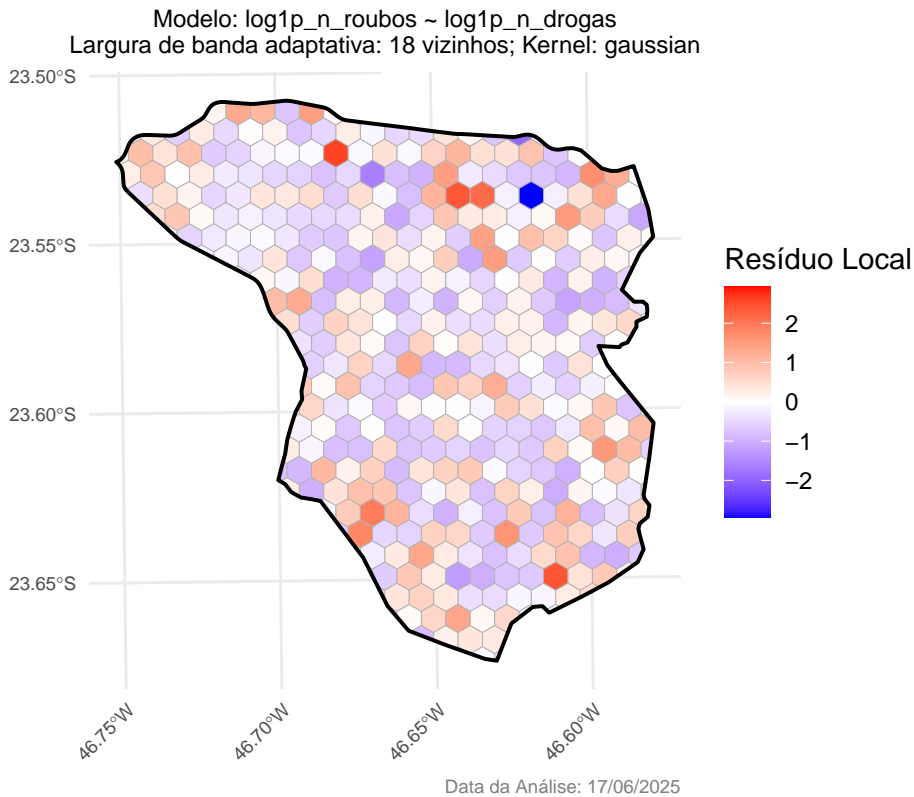
Modelo: $\log1p_n_roubos \sim \log1p_n_drogas$
Largura de banda adaptativa: 18 vizinhos; Kernel: gaussian



```
## Mapa salvo com sucesso em 'C:/Users/Rodrigo - H2R/OneDrive - Conhecimento e Ação em Marketing Ltda
```

```
## -> Gerando mapa para: 'Resíduo Local' (coluna: 'GWR_residual')...
```

GWR: Resíduos do Modelo (log1p_n_roubos)



```
## Mapa salvo com sucesso em 'C:/Users/Rodrigo - H2R/OneDrive - Conhecimento e Ação em Marketing Ltda
```

```
message("\n--- Geração de mapas de resultados GWR concluída. Todos os mapas definidos foram processados
```

```
##
```

```
## --- Geração de mapas de resultados GWR concluída. Todos os mapas definidos foram processados. ---
```

```
# --- Fim do Bloco 9 ---
```

```
cat("\n--- Fim do BL. 9 ---\n")
```

```
##
```

```
## --- Fim do BL. 9 ---
```

```
cat("-----\n")
```

```
## -----
```

```
#--- Bloco 9: Combinar Resultados GWR aos Polígonos e Visualizar ---
```

```
message("\n--- Iniciando Bloco 9: Combinando Resultados GWR aos Polígonos e Preparando Visualizações ---
```

```
##
```

```
## --- Iniciando Bloco 9: Combinando Resultados GWR aos Polígonos e Preparando Visualizações ---
```



```

# Verificar se os objetos necessários existem
if (!exists("dados_gwr_sf_validos") || is.null(dados_gwr_sf_validos)) {
  stop("ERRO CRÍTICO Bloco 9: 'dados_gwr_sf_validos' não encontrado ou é NULL.")
}
if (!exists("gwr_resultados_sdf") || is.null(gwr_resultados_sdf)) {
  stop("ERRO CRÍTICO Bloco 9: 'gwr_resultados_sdf' (output do GWR) não encontrado ou é NULL.")
}

# Combinar os resultados do GWR (que estão em formato SPDF, nos centróides)
# de volta aos polígonos originais (dados_gwr_sf_validos).
# É crucial garantir que a correspondência entre os resultados e os polígonos da grade seja correta.
# Como dados_spdf_gwr (entrada para gwr.basic) foi criado diretamente a partir de dados_gwr_sf_validos
# (na mesma ordem e com os mesmos pontos representativos), a ordem das linhas DEVE ser a mesma.
# No entanto, um join explícito por 'id_celula_grade' é mais robusto.

resultados_gwr_poligonos_sf <- NULL # Inicializar

if(nrow(dados_gwr_sf_validos) == nrow(gwr_resultados_sdf)) {
  message("Número de linhas corresponde entre polígonos originais e resultados GWR. Prosseguindo com a")

  # Extrair os dados (atributos) do SDF do GWR para um data.frame.
  gwr_resultados_df_para_join <- as.data.frame(gwr_resultados_sdf)

  # Adicionar 'id_celula_grade' de 'dados_gwr_sf_validos' aos resultados do GWR para um join robusto.
  # Assumimos que a ordem das linhas em dados_gwr_sf_validos corresponde à ordem em gwr_resultados_sdf,
  # porque gwr_resultados_sdf foi gerado a partir de dados_spdf_gwr, que por sua vez
  # foi gerado a partir de dados_gwr_sf_validos.
  if ("id_celula_grade" %in% names(dados_gwr_sf_validos)) {
    gwr_resultados_df_para_join$id_celula_grade <- dados_gwr_sf_validos$id_celula_grade
    message("Coluna 'id_celula_grade' adicionada aos resultados do GWR (gwr_resultados_df_para_join)")
  } else {
    stop("ERRO CRÍTICO Bloco 9: 'id_celula_grade' não encontrada em 'dados_gwr_sf_validos'. Impossível")
  }

  # --- INÍCIO DA MODIFICAÇÃO: Renomear coluna do coeficiente e valor-t da VI ---
  # A VI na fórmula é all.vars(formula_gwr)[2], que deve ser "log1p_n_drogas"
  var_indep_na_formula <- all.vars(formula_gwr)[2] # Ex: "log1p_n_drogas"

  nome_coef_original_no_sdf <- var_indep_na_formula
  novo_nome_coef_para_join <- paste0("coef_", var_indep_na_formula) # Ex: "coef_log1p_n_drogas"

  nome_tval_original_no_sdf <- paste0(var_indep_na_formula, "_TV") # Ex: "log1p_n_drogas_TV"
  # Não vamos renomear a coluna do valor-t, mas vamos referenciá-la pelo nome correto.

  if (nome_coef_original_no_sdf %in% names(gwr_resultados_df_para_join)) {
    names(gwr_resultados_df_para_join)[names(gwr_resultados_df_para_join) == nome_coef_original_no_sdf] <- novo_nome_coef_para_join
    message(paste0("Coluna do coeficiente para '", nome_coef_original_no_sdf, "' nos resultados GWR renomeada para '", novo_nome_coef_para_join, "'"))
  } else {
    warning(paste0("Coluna do coeficiente '", nome_coef_original_no_sdf, "' não encontrada diretamente nos resultados GWR"))
  }

  # --- FIM DA MODIFICAÇÃO ---

  # Definir as colunas de resultados do GWR que serão mantidas após o join.

```

```

# 'y' no SDF do GWR corresponde à variável dependente da fórmula (loglp_n_roubos).
cols_gwr_a_manter <- c("id_celula_grade",
  "Intercept", "Intercept_TV",
  novo_nome_coef_para_join, nome_tval_original_no_sdf, # Usando os nomes corre
  "Local_R2", "y", "yhat", "residual")

# Filtrar colunas para o join, selecionando apenas as relevantes.
# Usar `all_of` garante que apenas as colunas existentes e listadas sejam selecionadas,
# gerando um erro se alguma coluna essencial estiver faltando.
cols_existentes_no_join_df <- intersect(cols_gwr_a_manter, names(gwr_resultados_df_para_join))

# Checar se colunas essenciais para plotagem estão presentes
if (!(novo_nome_coef_para_join %in% cols_existentes_no_join_df)) {
  warning(paste0("AVISO Bloco 9: Coluna do coeficiente '", novo_nome_coef_para_join, "' não está p
})
if (!(nome_tval_original_no_sdf %in% cols_existentes_no_join_df)) {
  warning(paste0("AVISO Bloco 9: Coluna do valor-t '", nome_tval_original_no_sdf, "' não está pres
})
if (!("Local_R2" %in% cols_existentes_no_join_df)) {
  warning(paste0("AVISO Bloco 9: Coluna 'Local_R2' não está presente para o join. O mapa de R² Lo
})

gwr_resultados_filtrados_df <- gwr_resultados_df_para_join %>%
  dplyr::select(dplyr::all_of(cols_existentes_no_join_df))

# Realizar o join dos resultados do GWR com o objeto sf dos polígonos da grade.
# dados_gwr_sf_validos já contém as colunas originais e as transformadas loglp.
# Vamos selecionar explicitamente as colunas de dados_gwr_sf_validos para evitar duplicatas desneces
# mantendo as colunas originais de contagem (n_roubos, n_drogas) e as transformadas (loglp_n_roubos
# para referência e análise.

resultados_gwr_poligonos_sf <- dplyr::left_join(
  dados_gwr_sf_validos, # Contém id_celula_grade, geometry, n_roubos, n_drogas, loglp_n_roubos, l
  gwr_resultados_filtrados_df, # Contém id_celula_grade e resultados GWR selecionados
  by = "id_celula_grade"
)

message("Resultados GWR combinados com os polígonos originais da grade usando 'id_celula_grade'.")

# Verificação pós-join: NAs em colunas críticas podem indicar problemas de correspondência.
if (any(is.na(resultados_gwr_poligonos_sf$Local_R2))) {
  warning("NAs encontrados em 'Local_R2' após o join. Isso pode indicar problemas na correspondên
}

} else {
  stop(paste("Número de linhas nos resultados GWR (", nrow(gwr_resultados_sdf),
    ") não corresponde aos dados de polígonos originais (", nrow(dados_gwr_sf_validos),
    "). Não é possível combinar os resultados de forma segura. Verifique a integridade dos d
}

```

Número de linhas corresponde entre polígonos originais e resultados GWR. Prosseguindo com a combinaç

Coluna 'id_celula_grade' adicionada aos resultados do GWR (gwr_resultados_df_para_join) para join.

```

## Coluna do coeficiente para 'log1p_n_drogas' nos resultados GWR renomeada para 'coef_log1p_n_drogas'.

## Resultados GWR combinados com os polígonos originais da grade usando 'id_celula_grade'.

# --- Visualizar os resultados ---
message("\n--- Preparando visualizações dos resultados do GWR (modelo com variáveis log1p) ---")

##
## --- Preparando visualizações dos resultados do GWR (modelo com variáveis log1p) ---

if (!is.null(resultados_gwr_poligonos_sf) && nrow(resultados_gwr_poligonos_sf) > 0) {
  message("Iniciando a criação dos mapas de resultados GWR...")
  cat("Primeiras linhas dos resultados GWR combinados com os polígonos (atributos):\n")
  print(head(st_drop_geometry(resultados_gwr_poligonos_sf)))
  col_names_results <- names(resultados_gwr_poligonos_sf)
  message(paste("\nNomes das colunas nos resultados finais (polígonos):\n", paste(col_names_results,

  # --- INÍCIO DA MODIFICAÇÃO: Atualizar nomes de colunas e display para variáveis transformadas ---
  # var_indep_na_formula foi definido acima como all.vars(formula_gwr)[2] (ex: "log1p_n_drogas")
  coef_col_name_plot <- novo_nome_coef_para_join # Ex: "coef_log1p_n_drogas"
  t_val_col_name_plot <- nome_tval_original_no_sdf # Ex: "log1p_n_drogas_TV"

  var_independente_nome_amigavel <- paste0(var_indep_na_formula) # Ex: "log1p_n_drogas"
  formula_display <- deparse(formula_gwr) # Ex: "log1p_n_roubos ~ log1p_n_drogas"
  # --- FIM DA MODIFICAÇÃO ---

  # -- Mapa 1: Coeficientes Locais da variável transformada --
  if (coef_col_name_plot %in% col_names_results) {
    message(paste("Criando mapa para os coeficientes locais da variável '", var_independente_nome_amigavel, "'"))
    tryCatch({
      mapa_coef_drogas <- ggplot() +
        geom_sf(data = resultados_gwr_poligonos_sf, aes(fill = .data[[coef_col_name_plot]]), color = "black") +
        geom_sf(data = area_estudo_union, fill = NA, color = "black", linewidth = 0.7) +
        scale_fill_viridis_c(name = paste0("Coeficiente Local\nEstimado para\n'", var_independente_nome_amigavel, "'")) +
        labs(
          title = paste("GWR: Coeficientes Locais para", var_independente_nome_amigavel),
          subtitle = paste0("Modelo: ", formula_display,
            "\nLargura de banda adaptativa: ", bw_adaptativa, " vizinhos; Kernel: ", kernel)
          , caption = paste("Data da Análise:", format(Sys.Date(), "%d/%m/%Y"))
        ) +
        theme_minimal(base_size = 11) +
        theme(
          plot.title = element_text(hjust = 0.5, face = "bold"),
          plot.subtitle = element_text(hjust = 0.5, size = 9),
          plot.caption = element_text(hjust = 1, size = 7, lineheight = 1.1),
          legend.position = "right",
          axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1, size=7),
          axis.text.y = element_text(size=7)
        )
      print(mapa_coef_drogas)
      ggsave(paste0("mapa_coef_", var_indep_na_formula, "_gwr.png"), plot = mapa_coef_drogas, width = 10, height = 10)
      message(paste0("Mapa dos coeficientes locais de '", var_independente_nome_amigavel, "' salvo como ", paste0("mapa_coef_", var_indep_na_formula, "_gwr.png")))
    }, error = function(e) plot) {

```

```

    cat(paste("Erro ao gerar ou salvar o mapa dos coeficientes locais de '", var_independente_nome,
  })
} else {
  warning(paste0("Coluna do coeficiente '", coef_col_name_plot, "' não encontrada nos resultados. O
}

# -- Mapa 2: R² Local --
r2_col_name <- "Local_R2"
if (r2_col_name %in% col_names_results) {
  message(paste("Criando mapa para o R² Local (coluna '", r2_col_name, "')...", sep=""))
  tryCatch({
    resultados_gwr_poligonos_sf$Local_R2_plot <- ifelse(resultados_gwr_poligonos_sf[[r2_col_name]] >
    lim_max_r2 <- max(1, max(resultados_gwr_poligonos_sf$Local_R2_plot, na.rm = TRUE))

    mapa_r2_local <- ggplot() +
      geom_sf(data = resultados_gwr_poligonos_sf, aes(fill = Local_R2_plot), color = "grey70", linewidth = 0.7) +
      geom_sf(data = area_estudo_union, fill = NA, color = "black", linewidth = 0.7) +
      scale_fill_viridis_c(name = "R² Local\n(Ajuste do Modelo)", option = "plasma", limits = c(0, lim_max_r2),
        labels = scales::percent_format(accuracy = 1)) +
      labs(
        title = "GWR: R² Local (Poder Explicativo do Modelo)",
        subtitle = paste0("Modelo: ", formula_display,
          "\nLargura de banda adaptativa: ", bw_adaptativa, " vizinhos; Kernel: ", kernel),
        caption = paste("Valores de R² Local < 0 foram truncados para 0 na visualização.\nData da Amostragem: ", data_date),
      ) +
      theme_minimal(base_size = 11) +
      theme(
        plot.title = element_text(hjust = 0.5, face = "bold"),
        plot.subtitle = element_text(hjust = 0.5, size = 9),
        plot.caption = element_text(hjust = 1, size = 7, lineheight = 0.9),
        legend.position = "right",
        axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1, size=7),
        axis.text.y = element_text(size=7)
      )
    print(mapa_r2_local)
    ggsave(paste0("mapa_r2_local_gwr_", var_indep_na_formula, ".png"), plot = mapa_r2_local, width = 10, height = 10)
    message(paste0("Mapa do R² local salvo como mapa_r2_local_gwr_", var_indep_na_formula, ".png."))
  }, error = function(e_plot) {
    cat(paste("Erro ao gerar ou salvar o mapa do R² local:\n", e_plot$message, "\n"))
  })
} else {
  warning(paste0("Coluna '", r2_col_name, "' não encontrada nos resultados. O mapa de R² Local não foi gerado."))
}

# -- Mapa 3: Valores-t Locais do Coeficiente da variável transformada --
if (t_val_col_name_plot %in% col_names_results) {
  message(paste("Criando mapa para os valores-t locais do coeficiente de '", var_independente_nome,
  tryCatch({
    lim_max_abs_t <- max(abs(resultados_gwr_poligonos_sf[[t_val_col_name_plot]]), na.rm = TRUE)
    if (!is.finite(lim_max_abs_t) || is.na(lim_max_abs_t) || lim_max_abs_t == 0) {
      lim_max_abs_t <- 2
    }
  })
}

```

```

mapa_t_valor_drogas <- ggplot() +
  geom_sf(data = resultados_gwr_poligonos_sf, aes(fill = .data[[t_val_col_name_plot]]), color =
  geom_sf(data = area_estudo_union, fill = NA, color = "black", linewidth = 0.7) +
  scale_fill_gradient2(
    name = paste0("Valor-t Local\n(", var_independente_nome_amigavel, ")"),
    low = "blue", mid = "white", high = "red",
    midpoint = 0,
    limits = c(-lim_max_abs_t, lim_max_abs_t),
    oob = scales::squish
  ) +
  labs(
    title = paste("GWR: Significância do Coeficiente de", var_independente_nome_amigavel),
    subtitle = paste0("Valores-t locais. |t| > ~1.96 sugere significância a p < 0.05 (bilateral.
      "\nLargura de banda: ", bw_adaptativa, " vizinhos; Kernel: ", kernel_usado
      "\nModelo: ", formula_display),
    caption = paste("Data da Análise:", format(Sys.Date(), "%d/%m/%Y"))
  ) +
  theme_minimal(base_size = 11) +
  theme(
    plot.title = element_text(hjust = 0.5, face = "bold"),
    plot.subtitle = element_text(hjust = 0.5, size = 9, lineheight = 0.9),
    plot.caption = element_text(hjust = 1, size = 7),
    legend.position = "right",
    axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1, size=7),
    axis.text.y = element_text(size=7)
  )
print(mapa_t_valor_drogas)
ggsave(paste0("mapa_t_valor_", var_indep_na_formula, "_gwr.png"), plot = mapa_t_valor_drogas, width = 10, height = 10)
message(paste0("Mapa dos valores-t locais de '", var_independente_nome_amigavel, "' salvo como mapa_t_valor_drogas.png"))
}, error = function(e_plot) {
  cat(paste("Erro ao gerar ou salvar o mapa dos valores-t de '", var_independente_nome_amigavel, "'\n"))
}
} else {
  warning(paste0("Coluna do valor-t '", t_val_col_name_plot, "' não encontrada nos resultados. O mapa não será gerado."))
}

# Mapa de significância opcional (precisaria ser ajustado para usar t_val_col_name_plot e formula_display)
# ...

} else {
  message("Nenhum resultado GWR válido (resultados_gwr_poligonos_sf) para plotar. Verifique as etapas de preparação dos dados.")
}

```

Iniciando a criação dos mapas de resultados GWR...

```

## Primeiras linhas dos resultados GWR combinados com os polígonos (atributos):
##   id_celula_grade n_roubos n_drogas logip_n_roubos logip_n_drogas Intercept
## 1             1         0         0    0.0000000    0.0000000 -0.04735255
## 2             2         0         0    0.0000000    0.0000000 -0.02552189
## 3             3         1        10    0.6931472    2.397895  -0.03699986
## 4             4         0         5    0.0000000    1.791759  -0.01846921
## 5             5         0         9    0.0000000    2.302585  -0.06323534
## 6             6         4        26    1.6094379    3.295837  -0.02155795

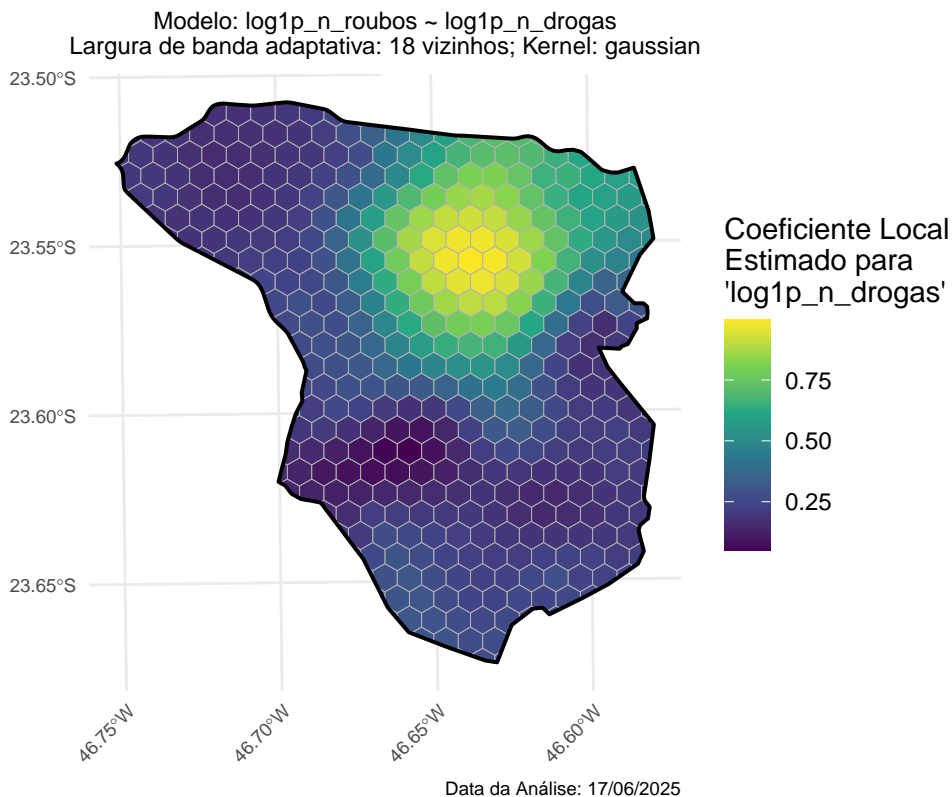
```

```
##      Intercept_TV coef_log1p_n_drogas log1p_n_drogas_TV Local_R2      y
## 1 -0.15952030      0.1944990      2.268392 0.4621949 0.0000000
## 2 -0.08860688      0.1937619      2.356343 0.4119160 0.0000000
## 3 -0.12338008      0.1972008      2.258865 0.4369848 0.6931472
## 4 -0.06663292      0.1902470      2.434022 0.3945564 0.0000000
## 5 -0.19811937      0.2045261      2.132905 0.4846298 0.0000000
## 6 -0.07466145      0.1936369      2.329266 0.4061033 1.6094379
##      yhat      residual
## 1 -0.04735255  0.04735255
## 2 -0.02552189  0.02552189
## 3  0.43586710  0.25728008
## 4  0.32240757 -0.32240757
## 5  0.40770352 -0.40770352
## 6  0.61663758  0.99280033

##
## Nomes das colunas nos resultados finais (polígonos):
## id_celula_grade, n_roubos, n_drogas, log1p_n_roubos, log1p_n_drogas, Intercept, Intercept_TV, coef_

## Criando mapa para os coeficientes locais da variável 'log1p_n_drogas' (coluna 'coef_log1p_n_drogas')
```

GWR: Coeficientes Locais para log1p_n_drogas

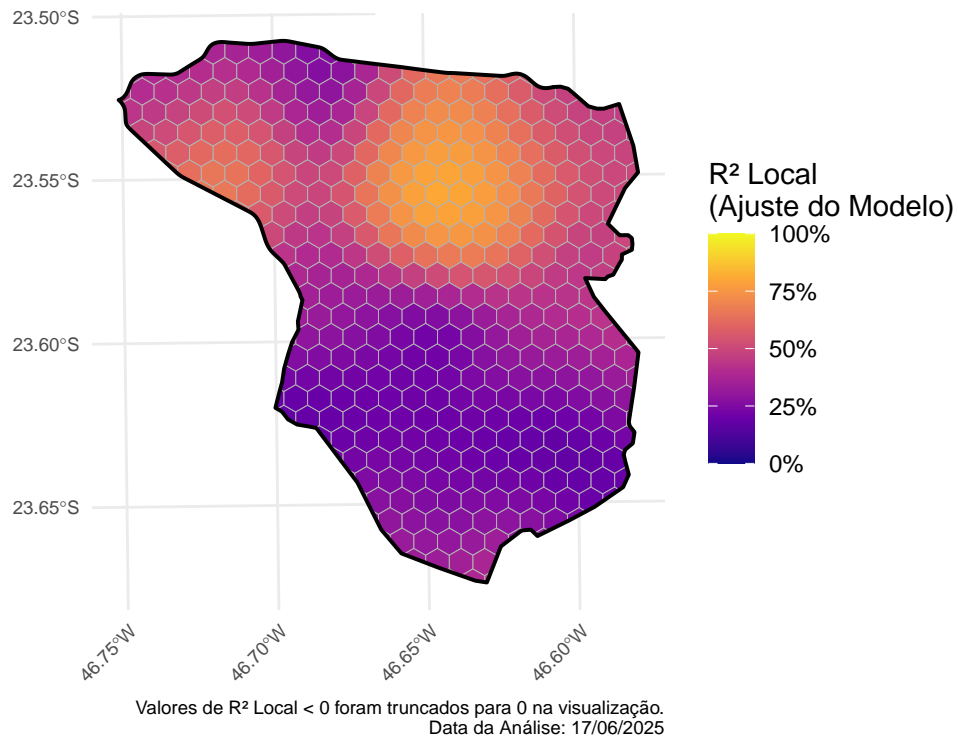


```
## Mapa dos coeficientes locais de 'log1p_n_drogas' salvo como mapa_coef_log1p_n_drogas_gwr.png.

## Criando mapa para o R² Local (coluna 'Local_R2')...
```

GWR: R² Local (Poder Explicativo do Modelo)

Modelo: $\log1p_n_roubos \sim \log1p_n_drogas$
Largura de banda adaptativa: 18 vizinhos; Kernel: gaussian



```
## Mapa do R2 local salvo como mapa_r2_local_gwr_log1p_n_drogas.png.
```

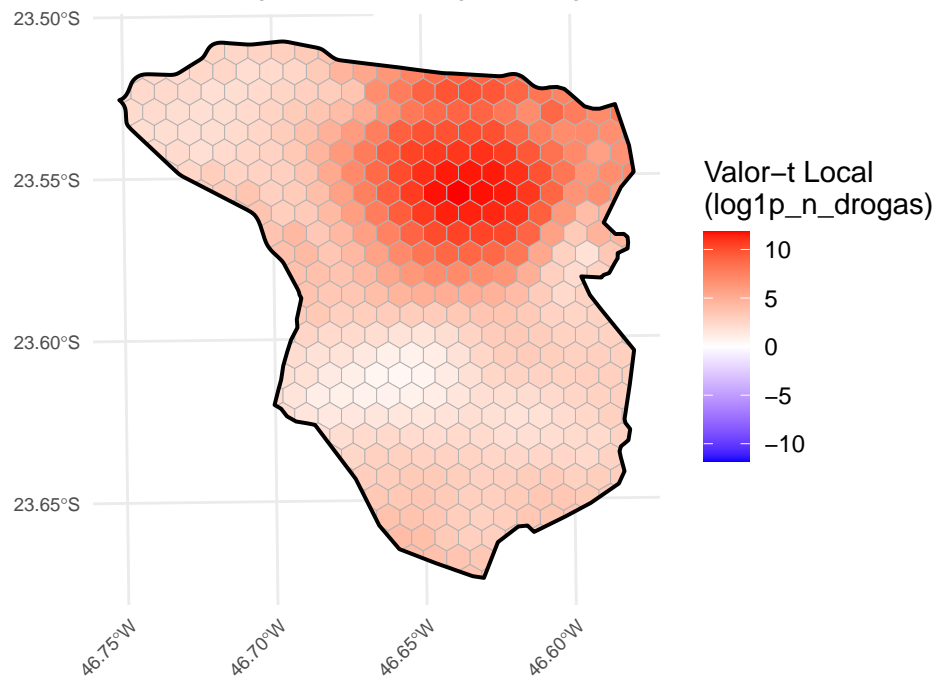
```
## Criando mapa para os valores-t locais do coeficiente de 'log1p_n_drogas' (coluna 'log1p_n_drogas_TV').
```

GWR: Significância do Coeficiente de log1p_n_drogas

Valores-t locais. $|t| > \sim 1.96$ sugere significância a $p < 0.05$ (bilateral).

Largura de banda: 18 vizinhos; Kernel: gaussian

Modelo: $\log1p_n_roubos \sim \log1p_n_drogas$



Data da Análise: 17/06/2025

Mapa dos valores-t locais de 'log1p_n_drogas' salvo como mapa_t_valor_log1p_n_drogas_gwr.png.

```
message("\n--- Análise GWR (modelo com variáveis log1p) com grade hexagonal e visualizações concluídas")
```

##

--- Análise GWR (modelo com variáveis log1p) com grade hexagonal e visualizações concluídas ---

```
# ...
```

```
# (O script continua com os Blocos 10 e 11)
```

```
# Bloco Final: Inspeção dos Nomes das Colunas Finais
```

```
if (!is.null(resultados_gwr_poligonos_sf) && nrow(resultados_gwr_poligonos_sf) > 0) {
  cat("\n\n--- Nomes Finais das Colunas no Objeto 'resultados_gwr_poligonos_sf' ---\n")
  print(names(resultados_gwr_poligonos_sf))
  cat("\n")
} else {
  cat("\n'resultados_gwr_poligonos_sf' é NULL ou vazio. Verifique as etapas anteriores.\n")
}
```

##

##

--- Nomes Finais das Colunas no Objeto 'resultados_gwr_poligonos_sf' ---

```
## [1] "id_celula_grade"      "n_roubos"             "n_drogas"
```



```
## [4] "log1p_n_roubos"      "log1p_n_drogas"      "Intercept"
## [7] "Intercept_TV"        "coef_log1p_n_drogas" "log1p_n_drogas_TV"
## [10] "Local_R2"            "y"                    "yhat"
## [13] "residual"            "geometry"             "Local_R2_plot"
```

```
# Bloco 10: Resumo dos Resultados GWR e Análise de Resíduos
```

```
cat("\n--- Bloco 10: Resumo dos Resultados GWR e Análise de Resíduos ---\n")
```

```
##
```

```
## --- Bloco 10: Resumo dos Resultados GWR e Análise de Resíduos ---
```

```
if (!is.null(resultados_gwr_poligonos_sf) && nrow(resultados_gwr_poligonos_sf) > 0) {

  # SEÇÃO 1: Resumo do R2 Local
  if ("Local_R2" %in% names(resultados_gwr_poligonos_sf)) {
    cat("\n--- SEÇÃO 1: Resumo do R2 Local ---\n")
    r2_summary <- summary(resultados_gwr_poligonos_sf$Local_R2)
    print(r2_summary)
    cat("\n")
  } else {
    cat("Coluna 'Local_R2' não encontrada. Verifique os resultados do GWR.\n")
  }

  # SEÇÃO 2: Resumo dos Coeficientes
  coef_col_name <- "coef_n_drogas"
  if (coef_col_name %in% names(resultados_gwr_poligonos_sf)) {
    cat(paste0("\n--- SEÇÃO 2: Resumo dos Coeficientes '", coef_col_name, "' ---\n"))
    coef_summary <- summary(resultados_gwr_poligonos_sf[[coef_col_name]])
    print(coef_summary)
    cat("\n")
  } else {
    cat(paste0("Coluna de coeficiente '", coef_col_name, "' não encontrada.\n"))
  }

  # SEÇÃO 3: Resumo dos Valores-t
  t_val_col_name <- "n_drogas_TV"
  if (t_val_col_name %in% names(resultados_gwr_poligonos_sf)) {
    cat(paste0("\n--- SEÇÃO 3: Resumo dos Valores-t '", t_val_col_name, "' ---\n"))
    t_val_summary <- summary(resultados_gwr_poligonos_sf[[t_val_col_name]])
    print(t_val_summary)
    cat("\n")
  } else {
    cat(paste0("Coluna de valor-t '", t_val_col_name, "' não encontrada.\n"))
  }

  # SEÇÃO 4: Análise de Resíduos
  if ("residual" %in% names(resultados_gwr_poligonos_sf)) {
    cat("\n--- SEÇÃO 4: Análise de Resíduos ---\n")
    residual_summary <- summary(resultados_gwr_poligonos_sf$residual)
    print(residual_summary)
    cat("\n")

    # Histograma dos resíduos
  }
}
```

```

hist(resultados_gwr_poligonos_sf$residual,
     main = "Distribuição dos Resíduos do GWR",
     xlab = "Resíduos",
     col = "lightblue",
     breaks = 30)

# Q-Q plot dos resíduos
qqnorm(resultados_gwr_poligonos_sf$residual,
       main = "Q-Q Plot dos Resíduos")
qqline(resultados_gwr_poligonos_sf$residual,
       col = "red")
} else {
  cat("Coluna 'residual' não encontrada. Análise de resíduos não pode ser realizada.\n")
}

# SEÇÃO 5: Teste de Autocorrelação Espacial dos Resíduos (I de Moran)
if ("residual" %in% names(resultados_gwr_poligonos_sf) && nrow(resultados_gwr_poligonos_sf) > 0) {
  cat("\n--- SEÇÃO 5: Teste de Autocorrelação Espacial dos Resíduos ---\n")

  tryCatch({
    # Criar matriz de pesos espaciais
    coords_residuos <- st_coordinates(st_centroid(resultados_gwr_poligonos_sf))
    nb_residuos <- knn2nb(knearneigh(coords_residuos, k = 8))
    listw_residuos <- nb2listw(nb_residuos, style = "W")

    # Teste I de Moran
    moran_test <- moran.test(resultados_gwr_poligonos_sf$residual, listw_residuos)
    cat("\nTeste I de Moran para os resíduos:\n")
    print(moran_test)

    if (moran_test$p.value < 0.05) {
      cat("\nAVISO: Autocorrelação espacial significativa detectada nos resíduos (p < 0.05).\n")
      cat("Isso pode indicar que o modelo GWR não capturou completamente a estrutura espacial.\n")
    } else {
      cat("\nNenhuma autocorrelação espacial significativa nos resíduos (p >= 0.05).\n")
      cat("O modelo GWR parece ter capturado adequadamente a estrutura espacial.\n")
    }
  }, error = function(e) {
    cat("\nErro ao calcular o I de Moran para os resíduos.\n")
  })
} else {
  cat("Coluna 'residual' não encontrada em 'resultados_gwr_poligonos_sf' ou o objeto está vazio.\n")
  cat("A análise de autocorrelação espacial dos resíduos não pode ser realizada.\n")
}
}

```

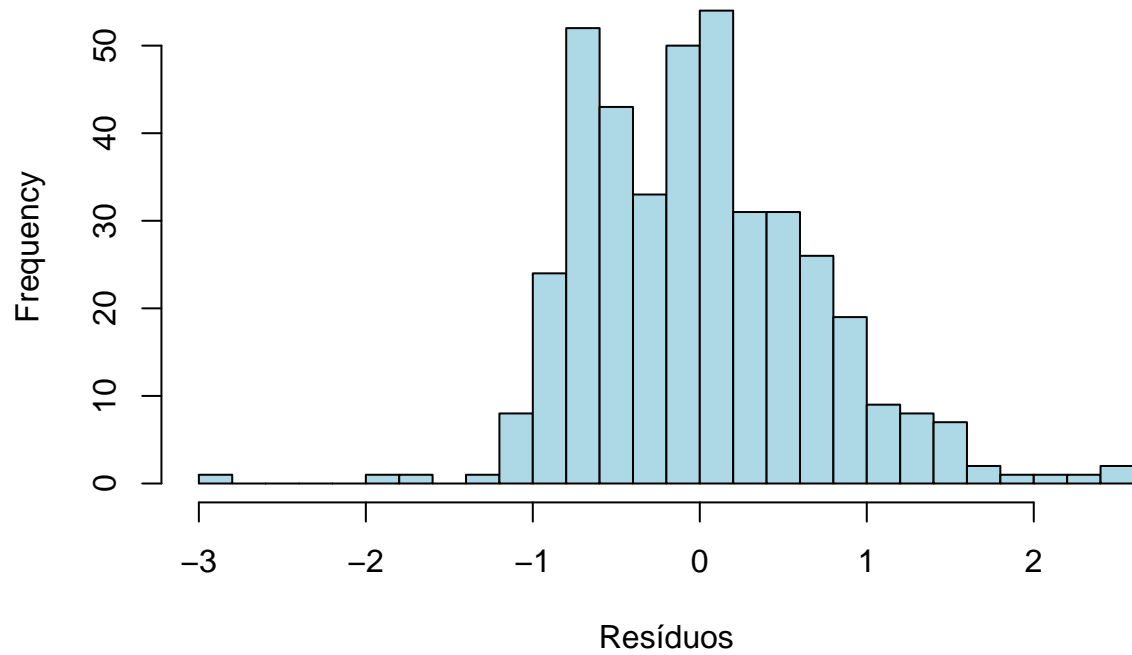
```

##
## --- SEÇÃO 1: Resumo do R² Local ---
##   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
## 0.1788 0.2551 0.3980 0.4171 0.5398 0.8013
##
## Coluna de coeficiente 'coef_n_drogas' não encontrada.

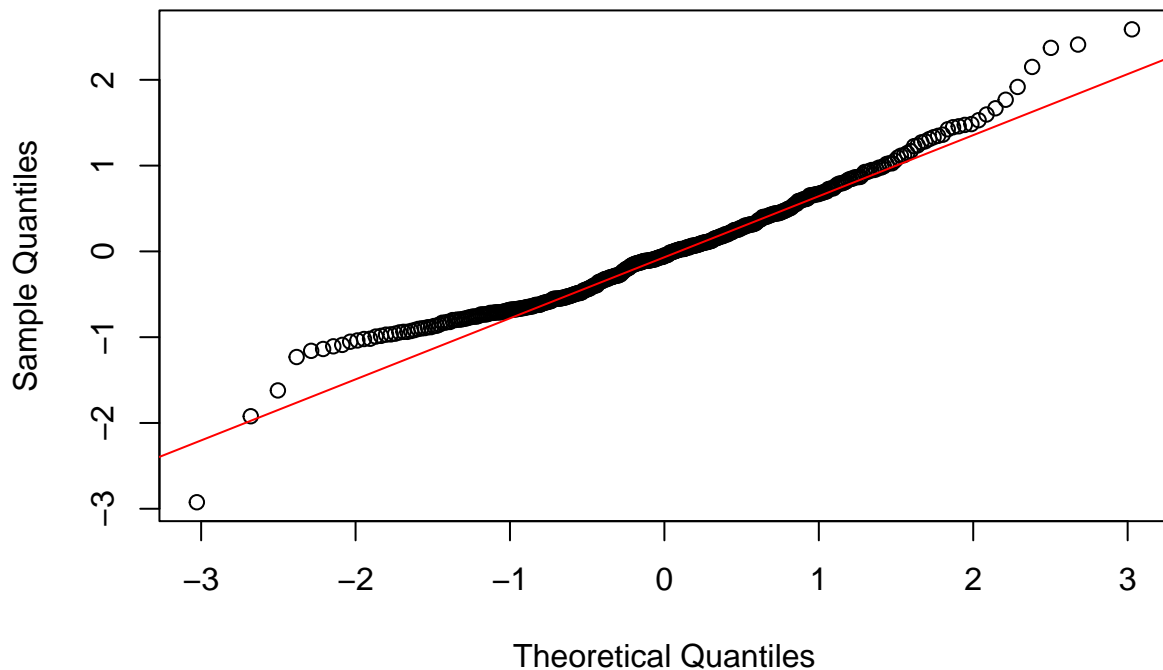
```

```
## Coluna de valor-t 'n_drogas_TV' não encontrada.
##
## --- SEÇÃO 4: Análise de Resíduos ---
##      Min.   1st Qu.   Median     Mean   3rd Qu.     Max.
## -2.924125 -0.548303 -0.048512 -0.004367  0.411694  2.588215
```

Distribuição dos Resíduos do GWR



Q-Q Plot dos Resíduos



```
##
## --- SEÇÃO 5: Teste de Autocorrelação Espacial dos Resíduos ---

## Warning: st_centroid assumes attributes are constant over geometries

##
## Teste I de Moran para os resíduos:
##
## Moran I test under randomisation
##
## data: resultados_gwr_poligonos_sf$residual
## weights: listw_residuos
##
## Moran I statistic standard deviate = 3.2095, p-value = 0.0006649
## alternative hypothesis: greater
## sample estimates:
## Moran I statistic      Expectation      Variance
##      0.074480965      -0.002469136      0.000574839
##
##
## AVISO: Autocorrelação espacial significativa detectada nos resíduos (p < 0.05).
## Isso pode indicar que o modelo GWR não capturou completamente a estrutura espacial.
```

```

cat("\n--- Fim do Bloco 10: Resumo GWR (com variáveis transformadas log1p e Análise de Resíduos) ---\n")

##
## --- Fim do Bloco 10: Resumo GWR (com variáveis transformadas log1p e Análise de Resíduos) ---

# --- Bloco 10 Final: Resumo Completo dos Resultados e Diagnósticos do Modelo GWR ---
# Consolida e refina a análise final, incluindo diagnósticos e interpretações aprofundadas.
cat("\n\n--- BL. 10: RESUMO COMPLETO DOS RESULTADOS E DIAGNÓSTICOS DO MODELO GWR ---")

##
##
## --- BL. 10: RESUMO COMPLETO DOS RESULTADOS E DIAGNÓSTICOS DO MODELO GWR ---

cat("\n-----\n")

##
## -----

# Verifica se os objetos necessários existem e não estão vazios antes de prosseguir
if (!exists("gwr_resultado_lista") || is.null(gwr_resultado_lista) ||
    !exists("resultados_gwr_poligonos_sf") || is.null(resultados_gwr_poligonos_sf) ||
    nrow(resultados_gwr_poligonos_sf) == 0) {

  cat("\nERRO: Os resultados do GWR ('gwr_resultado_lista' ou 'resultados_gwr_poligonos_sf') não foram carregados corretamente. Impossível gerar o relatório de análise final. Verifique se os blocos anteriores (carregamento de dados e transformação) foram executados corretamente.\n")
} else { # Se os objetos existem e não estão vazios, procede com a análise

  cat("\n## 1. Informações Gerais do Modelo GWR ##")
  cat("\n-----\n")
  # Usa a fórmula real do script (definida anteriormente, e.g., formula_gwr <- log1p_n_roubos ~ log1p_n_roubos)
  cat(paste0("Fórmula do modelo: ", deparse(formula_gwr), "\n"))
  cat(paste0("Tipo de kernel: ", gwr_resultado_lista$GW.arguments$kernel, "\n"))

  # Tenta extrair o método de seleção da largura de banda de forma segura
  bw_approach <- tryCatch({ gwr_resultado_lista$GW.arguments$approach }, error = function(e) "Não especificado")
  cat(paste0("Método de seleção de largura de banda: ", bw_approach, "\n"))

  cat(paste0("Largura de banda ótima (Adaptativa): ", round(gwr_resultado_lista$GW.arguments$bw, 2), "\n"))
  cat(paste0("Número de observações (pontos de regressão): ", nrow(gwr_resultado_lista$SDF), "\n"))

  # Tenta extrair o CRS final projetado de forma segura
  final_crs_epsg <- tryCatch({ st_crs(resultados_gwr_poligonos_sf)$epsg }, error = function(e) NA_integer_)
  final_crs_epsg_str <- if (is.na(final_crs_epsg)) "Não disponível" else paste0("EPSG:", final_crs_epsg)
  cat(paste0("CRS Final Projetado Utilizado: ", final_crs_epsg_str, "\n"))

  cat("\n## 2. Diagnósticos Globais do Modelo GWR ##")
  cat("\n-----\n")

  # Extrai os diagnósticos do objeto GWR
  diagnostics <- gwr_resultado_lista$GW.diagnostic

```

```

# Imprime diagnósticos essenciais usando a função robusta
print_diagnostic_robust(diagnostics$AIC, "AIC", "Métrica de qualidade de ajuste, penaliza complexidade")
print_diagnostic_robust(diagnostics$AICc, "AICc", "AIC corrigido para amostras pequenas. Mais confiável")
print_diagnostic_robust(diagnostics$BIC, "BIC", "Similar ao AIC/AICc, penaliza mais a complexidade")

# ENP (Effective Number of Parameters) - Tenta extrair de diferentes locais possíveis ou usa NULL se não encontrar
enp_val <- tryCatch({ diagnostics$ENP }, error = function(e) NULL) # Tenta do slot principal
if (is.null(enp_val) && !is.null(gwr_resultado_lista$GW.arguments$ENP)) { # Tenta se estiver nos argumentos
  enp_val <- gwr_resultado_lista$GW.arguments$ENP
}
print_diagnostic_robust(enp_val, "ENP (Effective Number of Parameters)", "Mede a complexidade 'efetiva'")

# EDF (Effective Degrees of Freedom) - Geralmente disponível em diagnostics
print_diagnostic_robust(diagnostics$edf, "EDF (Effective Degrees of Freedom)", "Graus de liberdade efetivos")

# Sigma (Residual standard error) - Tenta extrair de diferentes locais ou calcula do resíduo se não encontrar
sigma_val <- tryCatch({ diagnostics$sigma }, error = function(e) NULL) # Tenta do slot principal
if (is.null(sigma_val) || !is.finite(sigma_val)) { # Se não encontrou ou é inválido, tenta calcular
  sigma_val_alt <- tryCatch({ sd(resultados_gwr_poligonos_sf$residual, na.rm = TRUE) }, error = function(e) NULL)
  if (!is.null(sigma_val_alt) && is.finite(sigma_val_alt)) {
    sigma_val <- sigma_val_alt
    print_diagnostic_robust(sigma_val, "Sigma (Est. Desvio Padrão Resíduos - Calculado do SDF)", "Desvio padrão dos resíduos")
  } else {
    print_diagnostic_robust(NULL, "Sigma (Est. Desvio Padrão Resíduos)", "Dispersão típica dos resíduos")
  }
} else {
  print_diagnostic_robust(sigma_val, "Sigma (Est. Desvio Padrão Resíduos)", "Dispersão típica dos resíduos")
}

# RSS (Residual Sum of Squares) - Geralmente disponível em diagnostics
print_diagnostic_robust(diagnostics$RSS, "RSS (Residual Sum of Squares)", "Soma dos resíduos quadrados")

# R2 Global (Calculado manualmente na escala log1p, como feito no script original)
# Verifica se as colunas 'y' (observado) e 'yhat' (previsto) existem no SDF do GWR
if ("y" %in% names(gwr_resultado_lista$SDF) && "yhat" %in% names(gwr_resultado_lista$SDF)) {
  y_obs <- gwr_resultado_lista$SDF$y
  y_hat <- gwr_resultado_lista$SDF$yhat
  # Remove NAs para calcular TSS e RSS
  valid_indices <- !is.na(y_obs) & !is.na(y_hat)
  y_obs_valid <- y_obs[valid_indices]
  y_hat_valid <- y_hat[valid_indices]

  if (length(y_obs_valid) > 1) { # Certifica-se de que há dados suficientes após remover NAs
    tss <- sum((y_obs_valid - mean(y_obs_valid))^2)
    rss_calc <- sum((y_obs_valid - y_hat_valid)^2)

    # Evita divisão por zero se TSS for zero (ocorre se todos os y_obs forem iguais)
    if (tss > 1e-9) { # Usa uma pequena tolerância para zero
      r2_global_calc <- 1 - (rss_calc / tss)
      cat("\nR2 Global (Calculado - escala transformada):\n")
      print_diagnostic_robust(r2_global_calc, "R2 Global", "Proporção da variância da VD explicada")

      # Cálculo R2 Ajustado (requer EDF ou ENP válidos)
    }
  }
}

```

```

r2_ajustado_calc <- NA_real_ # Inicializa com NA
n_obs_valid <- length(y_obs_valid)
k_eff <- if (!is.null(diagnostics$edf) && is.finite(diagnostics$edf)) {
  diagnostics$edf
} else if (!is.null(enp_val) && is.finite(enp_val)) {
  enp_val
} else {
  NULL # Nenhum valor efetivo de parâmetros encontrado
}

if (!is.null(k_eff) && n_obs_valid > k_eff + 1) { # Certifica-se de que tem observações
  r2_ajustado_calc <- 1 - ((1 - r2_global_calc) * (n_obs_valid - 1) / (n_obs_valid - k_eff))
  print_diagnostic_robust(r2_ajustado_calc, "R2 Ajustado", "R2 global penalizado")
} else {
  cat("R2 Ajustado: Não calculado (EDF/ENP não disponível ou insuficiente observações)\n")
}
} else {
  cat("R2 Global: Não calculável (Todos os valores observados de 'y' são constantes).\n")
  cat("R2 Ajustado: Não calculável.\n")
}
} else {
  cat("R2 Global (Calculado): Dados insuficientes ou com muitos NAs após filtragem para cálculos.\n")
  cat("R2 Ajustado: Não calculável.\n")
}
} else {
  cat("R2 Global (Calculado): Colunas 'y' ou 'yhat' não encontradas no SDF do GWR.\n")
  cat("R2 Ajustado: Não calculável.\n")
}
}

cat("\n## 3. Resumo dos Coeficientes Locais e Significância (na escala loglp) ##")
cat("\n-----\n")

# Nomes das colunas de interesse (Ajustados para loglp - devem coincidir com os nomes criados no BL)
var_indep_formula <- all.vars(formula_gwr)[2] # Ex: "loglp_n_drogas"
coef_col_name <- paste0("coef_", var_indep_formula) # Ex: "coef_loglp_n_drogas"
t_val_col_name <- paste0(var_indep_formula, "_TV") # Ex: "loglp_n_drogas_TV"
intercept_col_name <- "Intercept" # Nome padrão para o intercepto
intercept_tv_col_name <- "Intercept_TV" # Nome padrão para o t-valor do intercepto

# Resumo do Intercepto Local
if (intercept_col_name %in% names(resultados_gwr_poligonos_sf)) {
  cat(paste0("Resumo Estatístico para ", intercept_col_name, " (Intercepto Local):\n"))
  print(summary(resultados_gwr_poligonos_sf[[intercept_col_name]]))
  cat(" -> Representa o valor esperado da variável dependente (loglp_n_roubos) quando todas as variáveis independentes são iguais a zero.\n")
} else {
  cat(paste0("Coluna de coeficiente ", intercept_col_name, " não encontrada nos resultados finais.\n"))
}

# Resumo do Valor-t do Intercepto
if (intercept_tv_col_name %in% names(resultados_gwr_poligonos_sf)) {
  cat(paste0("\nResumo Estatístico para ", intercept_tv_col_name, " (Valor-t Intercepto Local):\n"))
  print(summary(resultados_gwr_poligonos_sf[[intercept_tv_col_name]]))
  cat(" -> Indica a significância estatística do Intercepto local em cada ponto. |t| > ~1.96 sugere significância estatística.\n")
} else {
  cat("Valor-t do Intercepto não encontrado nos resultados finais.\n")
}

```

```

} else {
  cat(paste0("\nColuna de valor-t '", intercept_tv_col_name, "' não encontrada nos resultados finais (esp)
}

# Resumo do Coeficiente Local da Variável Independente Principal (loglp_n_drogas)
if (coef_col_name %in% names(resultados_gwr_poligonos_sf)) {
  cat(paste0("\nResumo Estatístico para '", coef_col_name, " (Coeficiente Local de ", var_indep_f
  print(summary(resultados_gwr_poligonos_sf[[coef_col_name]]))
  cat(paste0(" -> Mede a força e a direção da relação entre '", var_indep_formula, "' e 'loglp_n
  cat("      **A VARIAÇÃO NESTES VALORES (Min. a Max.) É A EVIDÊNCIA CHAVE DA NÃO ESTACIONARIEDADE
  cat("      Isso justifica o uso do GWR: o efeito da variável preditora não é o mesmo em toda a á

  # Interpretação detalhada dos Coeficientes
  mean_coef <- mean(resultados_gwr_poligonos_sf[[coef_col_name]], na.rm = TRUE)
  sd_coef <- sd(resultados_gwr_poligonos_sf[[coef_col_name]], na.rm = TRUE)
  cat(paste0("\n      - Média dos coeficientes locais: ", round(mean_coef, 4), "\n"))
  cat(paste0("      - Desvio Padrão dos coeficientes locais: ", round(sd_coef, 4), "\n"))
  total_valid_coef <- sum(!is.na(resultados_gwr_poligonos_sf[[coef_col_name]]))
  if (total_valid_coef > 0) {
    prop_positivo <- sum(resultados_gwr_poligonos_sf[[coef_col_name]] > 0, na.rm = TRUE) / tota
    prop_negativo <- sum(resultados_gwr_poligonos_sf[[coef_col_name]] < 0, na.rm = TRUE) / tota
    cat(paste0("      - Proporção de coeficientes positivos: ", round(prop_positivo, 1), "%\n"))
    cat(paste0("      - Proporção de coeficientes negativos: ", round(prop_negativo, 1), "%\n"))
  } else {
    cat("      Nenhum coeficiente válido para análise de proporção.\n")
  }
}

} else {
  cat(paste0("Coluna de coeficiente '", coef_col_name, "' não encontrada nos resultados finais (esp)
}

# Resumo dos Valores-t Locais da Variável Independente Principal (loglp_n_drogas_TV)
if (t_val_col_name %in% names(resultados_gwr_poligonos_sf)) {
  cat(paste0("\nResumo Estatístico para '", t_val_col_name, " (Valor-t Local de ", var_indep_formu
  print(summary(resultados_gwr_poligonos_sf[[t_val_col_name]]))
  cat(paste0(" -> Indica a significância estatística do coeficiente local de '", var_indep_formu
  cat("      Valores |t| maiores sugerem maior confiança de que o coeficiente local é diferente de
  cat("      |t| > ~1.96 sugere significância estatística a p < 0.05 (bicaudal, aproximação).\n")

  # Análise de Significância Detalhada baseada em limites de valor-t
  total_valid_t <- sum(!is.na(resultados_gwr_poligonos_sf[[t_val_col_name]]))
  if (total_valid_t > 0) {
    sig_5_count <- sum(abs(resultados_gwr_poligonos_sf[[t_val_col_name]]) > 1.96, na.rm = TRUE)
    sig_1_count <- sum(abs(resultados_gwr_poligonos_sf[[t_val_col_name]]) > 2.58, na.rm = TRUE)
    cat(paste0("\n      - Número de localidades significantes a 5% (|t| > 1.96): ", sig_5_count
    cat(paste0("      - Número de localidades significantes a 1% (|t| > 2.58): ", sig_1_count,
    cat(paste0("      - Número de localidades NÃO significantes a 5%: ", total_valid_t - sig_5_
  } else {
    cat("      Nenhum valor-t válido para análise de significância.\n")
  }
}

} else {
  cat(paste0("\nColuna de valor-t '", t_val_col_name, "' não encontrada nos resultados finais (esp)

```



```

}

# Resumo do R2 Local
r2_col_name <- "Local_R2"
if (r2_col_name %in% names(resultados_gwr_poligonos_sf)) {
  cat(paste0("\n## 4. Resumo do R2 Local (Poder Explicativo Variável) ##\n"))
  cat("-----\n")
  cat(paste0("Resumo Estatístico para '", r2_col_name, "':\n"))
  print(summary(resultados_gwr_poligonos_sf[[r2_col_name]]))
  cat("  -> Indica a proporção da variação local na variável dependente (log1p_n_roubos) que é exp")
  cat("    Uma alta variação (Min. a Max.) no R2 Local confirma que o poder explicativo do modelo")

  # Interpretação detalhada do R2 Local
  mean_r2 <- mean(resultados_gwr_poligonos_sf[[r2_col_name]], na.rm = TRUE)
  sd_r2 <- sd(resultados_gwr_poligonos_sf[[r2_col_name]], na.rm = TRUE)
  cat(paste0("\n    - Média do R2 Local: ", round(mean_r2, 3), "\n"))
  cat(paste0("\n    - Desvio Padrão do R2 Local: ", round(sd_r2, 3), "\n"))
  # Coeficiente de Variação do R2 Local (se a média > uma pequena tolerância para evitar divisão)
  if (mean_r2 > 1e-9) {
    cv_r2 <- (sd_r2 / mean_r2) * 100
    cat(paste0("\n    - Coeficiente de Variação do R2 Local: ", round(cv_r2, 1), " % (Um CV alto")
  } else {
    cat("\n    - Coeficiente de Variação do R2 Local: Não aplicável (Média do R2 é zero ou nega")
  }

  # Distribuição do R2 Local por classes predefinidas
  r2_classes <- cut(resultados_gwr_poligonos_sf[[r2_col_name]],
    breaks = c(-Inf, 0.1, 0.3, 0.5, 0.7, 1), # Classes: <0.1, 0.1-0.3, 0.3-0.5, 0.5-0.7, 0.7-1
    labels = c("<0.1 (Muito Baixo)", "0.1-0.3 (Baixo)", "0.3-0.5 (Moderado)",
      "0.5-0.7 (Alto)", ">0.7 (Muito Alto)"),
    include.lowest = TRUE, right = TRUE) # include.lowest=TRUE inclui o 0, right=TRUE inclui o 1
  cat("\n    Distribuição do R2 Local por classes:\n")
  print(table(r2_classes, useNA = "ifany")) # useNA = "ifany" para incluir contagem de NAs, se houver
  cat("\n")
} else {
  cat(paste0("Coluna '", r2_col_name, "' não encontrada nos resultados finais (esperado nome: ", r2_col_name, ")"))
}

cat("\n## 5. Análise de Resíduos ##")
cat("\n-----\n")

residual_col_name <- "residual"
if (residual_col_name %in% names(resultados_gwr_poligonos_sf)) {
  cat(paste0("Resumo Estatístico para '", residual_col_name, "':\n"))
  print(summary(resultados_gwr_poligonos_sf[[residual_col_name]]))
  cat("  -> As diferenças entre os valores observados (log1p_n_roubos) e os valores previstos (yhat) são os resíduos")
  cat("    Resíduos indicam a porção da variável dependente que não foi explicada pelo modelo.\n")

  # Estatísticas Adicionais dos Resíduos (Média, DP, Assimetria, Curtose)
  mean_res <- mean(resultados_gwr_poligonos_sf[[residual_col_name]], na.rm = TRUE)
  sd_res <- sd(resultados_gwr_poligonos_sf[[residual_col_name]], na.rm = TRUE)
  cat(paste0("\n    - Média dos resíduos: ", round(mean_res, 6), " (Idealmente próximo de zero)\n"))
}

```

```

cat(paste0("      - Desvio Padrão dos resíduos: ", round(sd_res, 4), "\n"))

# Verifica se o pacote e1071 está carregado para Assimetria e Curtose
if (requireNamespace("e1071", quietly = TRUE)) {
  skew_res <- e1071::skewness(resultados_gwr_poligonos_sf[[residual_col_name]], na.rm = TRUE)
  kurt_res <- e1071::kurtosis(resultados_gwr_poligonos_sf[[residual_col_name]], na.rm = TRUE)
  cat(paste0("      - Assimetria (Skewness): ", round(skew_res, 4), " (Mede a simetria da distri")
  cat(paste0("      - Curtose (Kurtosis): ", round(kurt_res, 4), " (Mede o 'achatamento'/'cauda")
} else {
  cat("      Instale o pacote 'e1071' para calcular Assimetria e Curtose: install.packages('e1071')")
}

# Teste de Normalidade dos Resíduos (Shapiro-Wilk)
# Testa apenas se houver dados residuais válidos
valid_residuals <- resultados_gwr_poligonos_sf[[residual_col_name]][!is.na(resultados_gwr_poligonos_sf[[residual_col_name]])]
if (length(valid_residuals) > 3) { # Shapiro-Wilk requer pelo menos 4 dados não NA
  shapiro_test <- tryCatch({
    # Shapiro-Wilk limitado a 5000 observações para performance. Amostra se necessário.
    res_sample <- if (length(valid_residuals) > 5000) {
      sample(valid_residuals, 5000, replace = FALSE)
    } else {
      valid_residuals
    }
    shapiro.test(res_sample)
  }, error = function(e) {
    cat("\n      Erro ao executar o Teste de Shapiro-Wilk: ", e$message, "\n")
    NULL # Retorna NULL em caso de erro
  })

  if (!is.null(shapiro_test)) {
    cat("\n      Teste de Normalidade dos Resíduos (Shapiro-Wilk):\n")
    cat(paste0("      - Estatística W: ", round(shapiro_test$statistic, 4), "\n"))
    cat(paste0("      - p-valor: ", format(shapiro_test$p.value, scientific = TRUE), "\n"))
    if (shapiro_test$p.value < 0.05) {
      cat("      - Conclusão: Resíduos NÃO seguem distribuição normal (p < 0.05).\n")
      cat("      -> **Implicação:** A não normalidade dos resíduos é uma violação de um dos pressupostos dos testes de significância baseados na normalidade.\n")
      cat("      -> Isso pode afetar a validade dos testes de significância baseados na normalidade.\n")
      cat("      -> **Sugestão:** Considere usar Generalized Geographically Weighted Regression (GGWR) em vez de GWR.\n")
    } else {
      cat("      - Conclusão: Não há evidência contra a normalidade dos resíduos (p >= 0.05).\n")
    }
  } else {
    cat("\n      Teste de Shapiro-Wilk não pôde ser realizado.\n")
  }
} else {
  cat("\n      Dados residuais insuficientes ou inválidos para realizar o Teste de Normalidade.\n")
}

# Plotagem de Resíduos (Histograma e Q-Q Plot) - GERA GRÁFICOS, NÃO TEXTO. Comentei a chamada para gerar os gráficos.
# Para ver os gráficos, remova o '#' das linhas abaixo no seu script R.
# cat("\n      -> Verifique o Histograma e o Q-Q Plot dos Resíduos (gerados separadamente) para verificar a normalidade dos resíduos.\n")
# hist(resultados_gwr_poligonos_sf[[residual_col_name]], main = "Distribuição dos Resíduos do GWR")
# qqnorm(resultados_gwr_poligonos_sf[[residual_col_name]], main = "Q-Q Plot dos Resíduos")

```

```

# qqline(resultados_gwr_poligonos_sf[[residual_col_name]], col = "red")

} else {
  cat(paste0("Coluna '", residual_col_name, "' não encontrada nos resultados finais. Análise de r
}

cat("\n## 6. Autocorrelação Espacial dos Resíduos (Teste I de Moran) ##")
cat("\n-----\n")

# Verifica se a coluna de resíduos existe e se há observações suficientes para o Moran
if (residual_col_name %in% names(resultados_gwr_poligonos_sf) && nrow(resultados_gwr_poligonos_sf) > 0) {
  tryCatch({
    # --- Criação da Matriz de Vizinhaça e Lista de Pesos ---
    # Utiliza vizinhaça por adjacência (rainha), mais apropriada para polígonos.
    # É CRUCIAL que resultados_gwr_poligonos_sf seja um objeto espacial (sf ou sp).
    if (!inherits(resultados_gwr_poligonos_sf, "sf") && !inherits(resultados_gwr_poligonos_sf, "sp")) {
      stop("O objeto de resultados ('resultados_gwr_poligonos_sf') não é um objeto espacial")
    }

    # Converte para objeto 'sp' se for 'sf', pois 'poly2nb' ainda pode preferir 'sp'
    resultados_sp <- as(resultados_gwr_poligonos_sf, "Spatial")

    # Cria a matriz de vizinhaça por adjacência (queen = TRUE considera cantos)
    nb_residuos <- poly2nb(resultados_sp, queen = TRUE)

    # Verifica se há polígonos isolados (sem vizinhos) e lida com eles (zero.policy=TRUE)
    # Uma contagem de vizinhos 0 indica um polígono isolado.
    isolated <- which(card(nb_residuos) == 0)
    if (length(isolated) > 0) {
      cat(paste0("      AVISO: Foram encontrados ", length(isolated), " polígono(s) isolado(s).\n"))
      cat("      Estes polígonos serão excluídos do cálculo da lista de pesos (zero.policy=TRUE)\n")
    }

    # Converte para lista de pesos espaciais (style="W" - row-standardized é padrão e comum)
    listw_residuos <- nb2listw(nb_residuos, style = "W", zero.policy = TRUE) # zero.policy=TRUE

    # --- Executa o Teste I de Moran ---
    # 'alternative = "greater"' testa autocorrelação espacial positiva (mais comum em resíduos)
    moran_test <- moran.test(resultados_gwr_poligonos_sf[[residual_col_name]], listw_residuos, alternative = "greater")

    cat("\n      Teste I de Moran para os resíduos (baseado em vizinhaça por adjacência):\n")
    cat(paste0("      - Estatística I de Moran: ", round(moran_test$estimate[1], 4), "\n"))
    cat(paste0("      - Expectativa sob H0 (aleatoriedade espacial): ", round(moran_test$estimate[2], 4), "\n"))
    cat(paste0("      - Variância: ", round(moran_test$estimate[3], 6), "\n"))
    cat(paste0("      - Desvio padrão: ", round(sqrt(moran_test$estimate[3]), 4), "\n"))
    cat(paste0("      - p-valor (alternativa: maior que a expectativa): ", format(moran_test$p.value, 4), "\n"))

    # --- Interpretação do Resultado do Teste de Moran ---
    if (moran_test$p.value < 0.05) {
      cat("\n      --> **AVISO CRÍTICO:** Foi detectada AUTOCORRELAÇÃO ESPACIAL POSITIVA e estatística significativa.\n")
      cat("      Isso é um indicador forte de que o modelo GWR atual NÃO capturou completamente a heterogeneidade espacial.\n")
      cat("      Resíduos em localidades próximas tendem a ser semelhantes (altos resíduos próximos a altos resíduos).\n")
      cat("      **Possíveis causas e soluções:**\n")
    }
  })
}

```

```

        cat("          - **Variáveis Omitidas:** Fatores espaciais importantes que influenciam o
        cat("          - **Forma Funcional:** A relação entre as variáveis pode ser mais complexa
        cat("          - **Necessidade de Modelagem de Erro Espacial:** Pode ser apropriado usar
    } else {
        cat("\n          --> Nenhuma autocorrelação espacial significativa detectada nos resíduos (p
        cat("          Isso sugere que o modelo GWR parece ter capturado a maior parte da estrutu
    }

    }, error = function(e) {
        # Reporta erros específicos que podem ocorrer no cálculo do Moran
        cat("\nERRO INESPERADO ao calcular ou reportar o Teste I de Moran para os resíduos:\n")
        cat(paste("      Mensagem de erro:", e$message, "\n"))
        cat("      Verifique se o objeto espacial final 'resultados_gwr_poligonos_sf' é válido, se o
    })
} else {
    # Informa por que o Moran não foi calculado
    cat("\nNão foi possível calcular o Teste I de Moran para os resíduos.\n")
    if (!(residual_col_name %in% names(resultados_gwr_poligonos_sf))) {
        cat(paste0(" - A coluna '", residual_col_name, "' (resíduos) não foi encontrada nos result
    }
    if (nrow(resultados_gwr_poligonos_sf) < 30) {
        cat(paste0(" - Número insuficiente de observações (", nrow(resultados_gwr_poligonos_sf),
    }
}

} # Fim do if(exists)

```

```

##
## ## 1. Informações Gerais do Modelo GWR ##
## -----
## Fórmula do modelo: log1p_n_roubos ~ log1p_n_drogas
## Tipo de kernel: gaussian
## Método de seleção de largura de banda:
## Largura de banda ótima (Adaptativa): 18 vizinhos
## Número de observações (pontos de regressão): 406
## CRS Final Projetado Utilizado: EPSG:31983
##
## ## 2. Diagnósticos Globais do Modelo GWR ##
## -----
## AIC: 881.229
## -> Métrica de qualidade de ajuste, penaliza complexidade. Menor é melhor.
## AICc: 911.9409
## -> AIC corrigido para amostras pequenas. Mais confiável em GWR.
## BIC: 600.4164
## -> Similar ao AIC/AICc, penaliza mais a complexidade. Favorece modelos mais simples.
## ENP (Effective Number of Parameters): Não disponível ou não numérico/finito (Valor: NULL).
## -> Mede a complexidade 'efetiva' do modelo GWR. (Não calculado/Reportado)
## EDF (Effective Degrees of Freedom): 370.3623
## -> Graus de liberdade efetivos. Relacionado ao ENP.
## Sigma (Est. Desvio Padrão Resíduos - Calculado do SDF): 0.6954

```

```

## -> Dispersão típica dos resíduos. Menor é melhor.
## RSS (Residual Sum of Squares): 195.8601
## -> Soma dos resíduos quadrados (na escala transformada). Menor é melhor.
##
## R2 Global (Calculado - escala transformada):
##   R2 Global: 0.5059
## -> Proporção da variância da VD (transformada) explicada pelo modelo.
##   R2 Ajustado: -4.7775
## -> R2 global penalizado pela complexidade (EDF/ENP).
##
## ## 3. Resumo dos Coeficientes Locais e Significância (na escala log1p) ##
## -----
## Resumo Estatístico para 'Intercept (Intercepto Local)':
##   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
## -3.64426 -1.21255 -0.26722 -0.67367  0.08167  0.57886
##   -> Representa o valor esperado da variável dependente (log1p_n_roubos) quando todas as variáveis in
##
## Resumo Estatístico para 'Intercept_TV (Valor-t Intercepto Local)':
##   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
## -8.1480 -3.2234 -0.8166 -1.6113  0.2879  1.6091
##   -> Indica a significância estatística do Intercepto local em cada ponto. |t| > ~1.96 sugere signif
##
## Resumo Estatístico para 'coef_log1p_n_drogas (Coeficiente Local de log1p_n_drogas)':
##   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
## 0.05208 0.19378 0.25260 0.35453 0.48359 0.99487
##   -> Mede a força e a direção da relação entre 'log1p_n_drogas' e 'log1p_n_roubos' em cada localidade
##   **A VARIAÇÃO NESTES VALORES (Min. a Max.) É A EVIDÊNCIA CHAVE DA NÃO ESTACIONARIEDADE ESPACIAL.
##   Isso justifica o uso do GWR: o efeito da variável preditora não é o mesmo em toda a área de estu
##
##   - Média dos coeficientes locais: 0.3545
##   - Desvio Padrão dos coeficientes locais: 0.2314
##   - Proporção de coeficientes positivos: 100 %
##   - Proporção de coeficientes negativos: 0 %
##
## Resumo Estatístico para 'log1p_n_drogas_TV (Valor-t Local de log1p_n_drogas)':
##   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
## 0.4926 2.4993 3.2024 4.4190 6.1797 11.8244
##   -> Indica a significância estatística do coeficiente local de 'log1p_n_drogas' em cada localidade.
##   Valores |t| maiores sugerem maior confiança de que o coeficiente local é diferente de zero.
##   |t| > ~1.96 sugere significância estatística a p < 0.05 (bicaudal, aproximação).
##
##   - Número de localidades significantes a 5% (|t| > 1.96): 368 (90.6 %)
##   - Número de localidades significantes a 1% (|t| > 2.58): 295 (72.7 %)
##   - Número de localidades NÃO significantes a 5%: 38 (9.4 %)
##
## ## 4. Resumo do R2 Local (Poder Explicativo Variável) ##
## -----
## Resumo Estatístico para 'Local_R2':
##   Min. 1st Qu.  Median    Mean 3rd Qu.    Max.
## 0.1788 0.2551 0.3980 0.4171 0.5398 0.8013
##   -> Indica a proporção da variação local na variável dependente (log1p_n_roubos) que é explicada pe
##   Uma alta variação (Min. a Max.) no R2 Local confirma que o poder explicativo do modelo difere n
##
##   - Média do R2 Local: 0.417

```

```

##      - Desvio Padrão do R2 Local: 0.173
##      - Coeficiente de Variação do R2 Local: 41.6 % (Um CV alto indica grande variabilidade na capacidade)
##
##      Distribuição do R2 Local por classes:
## r2_classes
## <0.1 (Muito Baixo)      0.1-0.3 (Baixo) 0.3-0.5 (Moderado)      0.5-0.7 (Alto)
##              0              138              141              97
## >0.7 (Muito Alto)
##              30
##
##
## ## 5. Análise de Resíduos ##
## -----
## Resumo Estatístico para 'residual':
##      Min.   1st Qu.   Median     Mean   3rd Qu.     Max.
## -2.924125 -0.548303 -0.048512 -0.004367  0.411694  2.588215
## -> As diferenças entre os valores observados (log1p_n_roubos) e os valores previstos (yhat) pelo modelo
##      Resíduos indicam a porção da variável dependente que não foi explicada pelo modelo.
##
##      - Média dos resíduos: -0.004367 (Idealmente próximo de zero)
##      - Desvio Padrão dos resíduos: 0.6954
##      - Assimetria (Skewness): 0.4607 (Mede a simetria da distribuição. 0 indica simetria)
##      - Curtose (Kurtosis): 1.1451 (Mede o 'achatamento'/'caudas' da distribuição. 0 para Normal (Fisher))
##
##      Teste de Normalidade dos Resíduos (Shapiro-Wilk):
##      - Estatística W: 0.9717
##      - p-valor: 4.326061e-07
##      - Conclusão: Resíduos NÃO seguem distribuição normal (p < 0.05).
##      -> **Implicação:** A não normalidade dos resíduos é uma violação de um pressuposto do modelo GWR
##      -> Isso pode afetar a validade dos testes de significância baseados no pressuposto de normalidade
##      -> **Sugestão:** Considere usar Generalized Geographically Weighted Regression (GGWR) com uma janela adaptativa
##
## ## 6. Autocorrelação Espacial dos Resíduos (Teste I de Moran) ##
## -----
##
##      Teste I de Moran para os resíduos (baseado em vizinhança por adjacência):
##      - Estatística I de Moran: 0.102
##      - Expectativa sob H0 (aleatoriedade espacial): -0.0025
##      - Variância: 0.000935
##      - Desvio padrão: 0.0306
##      - p-valor (alternativa: maior que a expectativa): 3.17255e-04
##
##      --> **AVISO CRÍTICO:** Foi detectada AUTOCORRELAÇÃO ESPACIAL POSITIVA e estatisticamente SIGNIFICANTE
##      Isso é um indicador forte de que o modelo GWR atual NÃO capturou completamente a estrutura espacial dos
##      Resíduos em localidades próximas tendem a ser semelhantes (altos resíduos perto de altos resíduos)
##      **Possíveis causas e soluções:**
##      - **Variáveis Omitidas:** Fatores espaciais importantes que influenciam os roubos e/ou a relação entre eles
##      - **Forma Funcional:** A relação entre as variáveis pode ser mais complexa do que a modelada pelo GWR
##      - **Necessidade de Modelagem de Erro Espacial:** Pode ser apropriado usar modelos que incluam termos de erro espacial

```

```

# --- Bloco 11: Salvar Resultados Finais em GeoPackage ---
cat("\n\n--- Bloco 11: Salvar Resultados Finais em GeoPackage ---\n")

```

```

##

```

```
##
## --- Bloco 11: Salvar Resultados Finais em GeoPackage ---

# Verificar se a biblioteca 'sf' está carregada, pois é necessária para st_write.
if (!requireNamespace("sf", quietly = TRUE)) {
  cat("AVISO: O pacote 'sf' não está instalado. Não é possível salvar em GeoPackage.\n")
  cat("Por favor, instale o pacote com: install.packages('sf')\n")
} else if (!exists("resultados_gwr_poligonos_sf") || is.null(resultados_gwr_poligonos_sf) || nrow(resultados_gwr_poligonos_sf) == 0) {
  cat("AVISO: O objeto 'resultados_gwr_poligonos_sf' não foi encontrado ou está vazio.\n")
  cat("Nenhum resultado para salvar em GeoPackage. Verifique as etapas anteriores do script.\n")
} else {
  # Definir o caminho completo e o nome do arquivo GeoPackage de saída
  caminho_diretorio_saida <- "C:/Users/Rodrigo - H2R/OneDrive - Conhecimento e Ação em Marketing Ltda/Resultados GWR/Resultados GWR Final/Resultados GWR Final.gpkg" # Você pode alterar o nome do arquivo se desejar
  nome_base_arquivo <- "resultados_analise_gwr_final.gpkg" # Você pode alterar o nome do arquivo se desejar
  nome_arquivo_gpkg_completo <- file.path(caminho_diretorio_saida, nome_base_arquivo)

  nome_camada_gpkg <- "gwr_coeficientes_locais" # Nome da camada dentro do GeoPackage

  cat(paste("Tentando salvar os resultados GWR no arquivo GeoPackage em:", nome_arquivo_gpkg_completo, "\n"))
  cat(paste("Nome da camada a ser criada:", nome_camada_gpkg, "\n"))

  # Opcional: Verificar se o diretório de saída existe.
  # Se não existir, você pode querer criá-lo com dir.create(caminho_diretorio_saida, recursive = TRUE)
  # ou simplesmente alertar o usuário. Por ora, vamos assumir que ele existe.
  if (!dir.exists(caminho_diretorio_saida)) {
    cat(paste("ALERTA: O diretório de saída especificado NÃO EXISTE:", caminho_diretorio_saida, "\n"))
    cat("Por favor, crie o diretório manualmente ou ajuste o caminho no script.\n")
    # Você pode optar por parar o script aqui se o diretório for crucial.
    # stop("Diretório de saída não encontrado.")
  }

  tryCatch({
    # Salvar o objeto sf (SpatialPolygonsDataFrame com resultados GWR) em um arquivo GeoPackage.
    sf::st_write(obj = resultados_gwr_poligonos_sf,
      dsn = nome_arquivo_gpkg_completo, # Usar o caminho completo
      layer = nome_camada_gpkg,
      driver = "GPKG", # Especifica o driver para GeoPackage
      delete_layer = TRUE, # Sobrescreve a camada se já existir
      # Use delete_dsn = TRUE para sobrescrever o arquivo inteiro
      quiet = FALSE) # Mostra mensagens do processo

    cat(paste("\nResultados GWR salvos com sucesso em:", nome_arquivo_gpkg_completo, "como camada:", nome_camada_gpkg, "\n"))
    cat("Você pode abrir este arquivo em um software GIS (QGIS, ArcGIS, etc.) para visualizar os mapas.\n")
  }, error = function(e) {
    cat("\nERRO AO SALVAR EM GEOPACKAGE:\n")
    cat(paste("Mensagem de erro:", e$message, "\n"))
    cat(paste("Verifique se o caminho do diretório está correto, se o diretório existe e se você tem permissão para escrever no diretório.\n"))
    cat("Certifique-se também de que o pacote 'sf' está funcionando corretamente.\n")
  })
}
```

```
## Tentando salvar os resultados GWR no arquivo GeoPackage em: C:/Users/Rodrigo - H2R/OneDrive - Conhecimento e Ação em Marketing Ltda/Resultados GWR/Resultados GWR Final/Resultados GWR Final.gpkg
## Nome da camada a ser criada: gwr_coeficientes_locais
```



```
## Deleting layer 'gwr_coeficientes_locais' using driver 'GPKG'
## Writing layer 'gwr_coeficientes_locais' to data source
## 'C:/Users/Rodrigo - H2R/OneDrive - Conhecimento e Ação em Marketing Ltda/Documentos/mba/mba_arruma
## Writing 406 features with 14 fields and geometry type Polygon.
##
## Resultados GWR salvos com sucesso em: C:/Users/Rodrigo - H2R/OneDrive - Conhecimento e Ação em Marke
## Você pode abrir este arquivo em um software GIS (QGIS, ArcGIS, etc.) para visualizar os mapas de coe

cat("\n--- Fim do Bloco 11: Salvar Resultados ---\n")
```

```
##
## --- Fim do Bloco 11: Salvar Resultados ---
```

```
# Dentro do Bloco 10, na seção "## 2. Diagnósticos Globais do Modelo GWR ##"

if (!is.null(gwr_resultado_lista$GW.diagnostic)) {
  diagnostics <- gwr_resultado_lista$GW.diagnostic

  # Função auxiliar para verificar e imprimir diagnósticos
  print_diagnostic <- function(value, name, description) {
    if (!is.null(value) && is.numeric(value) && is.finite(value)) { # is.finite() verifica NA, NaN,
      cat(paste0(name, ": ", round(value, 2), "\n"))
      cat(paste0(" -> ", description, "\n"))
    } else {
      cat(paste0(name, ": Não disponível ou não numérico (Valor: ", as.character(value), ").\n"))
    }
  }

  # AICc
  print_diagnostic(diagnostics$AICc, "AICc (Akaike Information Criterion Corrigido)", "O AICc é uma m

  # ENP
  print_diagnostic(diagnostics$ENP, "ENP (Effective Number of Parameters)", "O ENP reflete a complexi

  # EDF
  print_diagnostic(diagnostics$edf, "EDF (Effective Degrees of Freedom)", "Similar ao ENP, o EDF é us

  # Sigma
  print_diagnostic(diagnostics$sigma, "Sigma (Estimativa do Desvio Padrão dos Resíduos)", "O sigma rep

  # RSS
  print_diagnostic(diagnostics$RSS, "RSS (Residual Sum of Squares)", "O RSS mede a soma das diferenç

  # Cálculo do R² Global (manter como está, pois já tem uma verificação if)
  if ("y" %in% names(gwr_resultado_lista$SDF) && "yhat" %in% names(gwr_resultado_lista$SDF)) {
    # ... (código do R² global) ...
  } else {
    cat("R² Global (Calculado): Não foi possível calcular pois 'y' ou 'yhat' não estão presentes no
  }
} else {
  cat("Diagnósticos globais (gwr_resultado_lista$GW.diagnostic) não disponíveis ou a estrutura está v
}
```

```
## AICc (Akaike Information Criterion Corrigido): 911.94
```



```
## -> O AICc é uma métrica de qualidade de ajuste que penaliza modelos com mais parâmetros...
## ENP (Effective Number of Parameters): Não disponível ou não numérico (Valor: ).
## EDF (Effective Degrees of Freedom): 370.36
## -> Similar ao ENP, o EDF é usado em cálculos estatísticos e representa os graus de liberdade efetivos
## Sigma (Estimativa do Desvio Padrão dos Resíduos): Não disponível ou não numérico (Valor: ).
## RSS (Residual Sum of Squares): 195.86
## -> O RSS mede a soma das diferenças quadráticas entre os valores observados e previstos, indicando a qualidade do ajuste.

## NULL
```