

TUTORIAL PARA CONECTIVIDADE POPULACIONAL

Jeronymo Dalapicolla & Hilário Seibel Junior

I. DO QUE VOCÊ PRECISA:

1) ArcGIS 10.1 ou superior: com as *toolboxes Analysis Tools, Spatial Analyst Tools, Data Management Tools*. Apesar de não usar diretamente o programa para a análise, o pacote **arcpy** é necessário, ele usa as funções do ArcGIS em ambiente Python. Para ter acesso ao arcpy deve-se ter o ArcGIS instalado no computador e ter as licenças para as *toolboxes* citadas acima. **Lembre-se o ArcGIS só funciona no Windows!**

2) Python 2.7.11: ter uma versão do Python no computador, (o *script* foi desenvolvido com a versão 2.7.11 mas há versões superiores). Se você tem no computador o ArcGIS 10.1 ou superior, o Python já está instalado automaticamente.

3) Modelo de distribuição da espécie-alvo: O modelo de distribuição será transformado em um mapa de custo de dispersão, invertendo os valores de adequabilidade (multiplicar por -1). Áreas com alta adequabilidade serão mais fáceis para a espécie dispersar e áreas com baixa adequabilidade serão mais custosas. O modelo deve estar no formato *.ASC*, pode estar cortado pelo *threshold* ou pode ser o mapa *avg* que é fornecido pelo *output* do MaxEnt. O *script* também aceita o mapa no formato *.TIFF*.

3) Rede de haplótipos para a espécie-alvo: lista de haplótipos compartilhados entre as localidades com amostras genéticas. O arquivo tem que estar no formato *.csv*, com duas colunas, uma chamada “**municipio**” (seria a localidade, vou atualizar nas outras versões) e outra “**haplotype**”. A coluna *municipio* deve conter o nome das localidades das amostras genéticas, no caso dos municípios, sem espaços, acentos, símbolos gráficos e deve ter **no máximo 13 caracteres**. Na coluna *haplotype* deve conter quais são os haplótipos compartilhados, pode ser indicado por letras como no exemplo abaixo, números ou por uma mistura de ambos (H01). Só é necessário indicar os haplótipos compartilhados entre populações diferentes, haplótipos únicos são desnecessários e podem causar erro nas análises, na hora de formar os corredores.

	A	B	C
1	municipio	haplotype	
2	Conceicao	A	
3	NovaVicoso	A	
4	Cariacica	B	
5	Serra	B	
6	Viana	B	
7	Aiuruoca	C	
8	BaraodeCocais	C	
9	SantaTeresa	C	
10	SaoMateus	C	
11	Una	C	
12			
13			

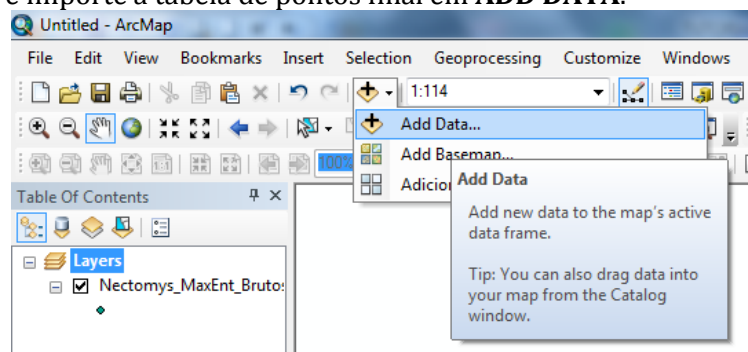
4) Shapefile das amostras genéticas: É necessário criar um *shapefile* no ArcGIS com todas as localidades usadas para criar o arquivo da rede de háplotipos. Para isso crie um arquivo

.csv com três colunas: “**long**”, “**lat**” e “**município**”, tudo com letras minúsculas como no exemplo abaixo. Os nomes dos municípios não devem ter espaços, acentos, símbolos gráficos e deve ter **no máximo 13 caracteres**. **AS LOCALIDADES DAS POPULAÇÕES DEVEM TER O MESMO NOME QUE O ARQUIVO DA REDE DE HAPLÓTIPO.**

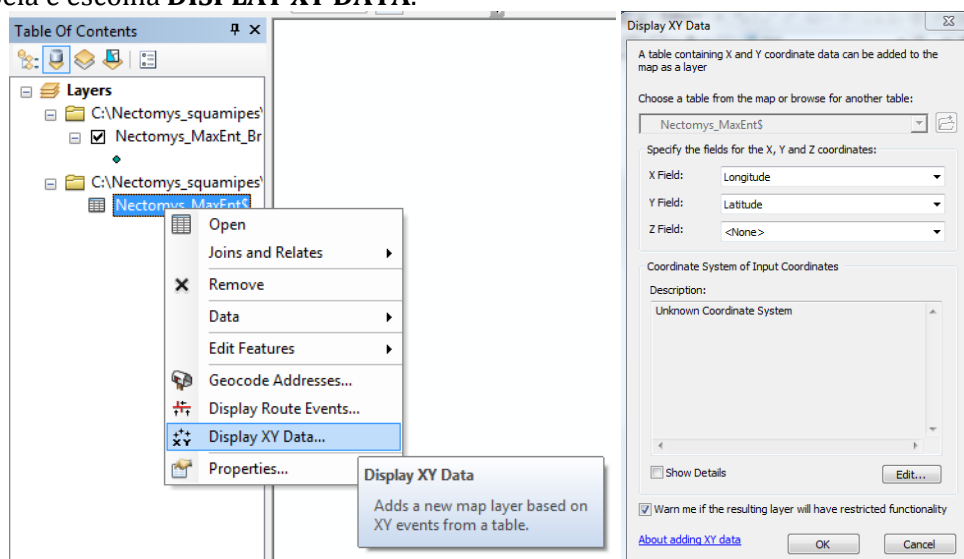
	A	B	C	D
1	long	lat	município	
2	-40.81389	-18.87472	AguiaBranca	
3	-44.6	-21.9167	Aiuruoca	
4	-40.64556	-20.80583	Anchieta	
5	-40.2733	-19.8203	Aracruz	
6	-43.48916	-19.95194	BaraodeCocais	
7	-43.77403	-21.22644	Barbacena	
8	-39.05	-13.5	Cairu	
9	-47.96667	-25.13333	Cananeia	
10	-40.52194	-20.28111	Cariacica	
11	-41.18472	-20.60361	Castelo	
12	-43.40181	-20.08798	CatasAltas	
13	-39.84417	-18.35528	Conceicao	
14	-44.87984	-18.73487	Felixlandia	
15	-41.6672	-20.5414	Ibitirama	
16	-45.32048	-23.84147	Ilhabela	
17	-39.5333	-17.0667	Itamaraju	
18	-39.5167	-13.7833	Itamaraju	

Para criar o *shapefile* no ArcGIS, siga os passos abaixo:

Abra o **ArcGIS** e importe a tabela de pontos final em **ADD DATA**.

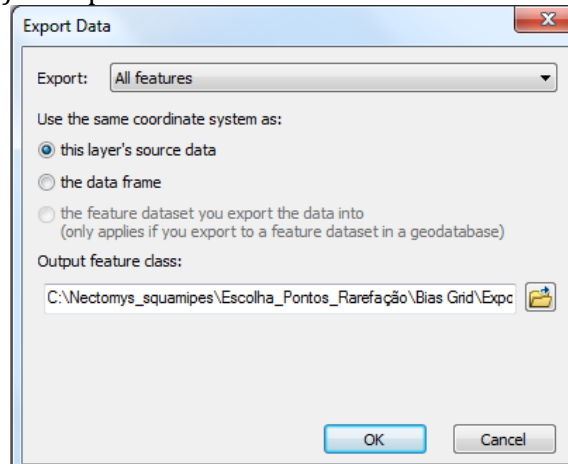


Carregue a tabela no **TABLE OF CONTENTS**, e depois clique com o botão direito do *mouse* na tabela e escolha **DISPLAY XY DATA**.



Escolha os campos de latitude em **Y FIELD** e longitude em **X FIELD** e clique em **EDIT** no campo de coordenada geográfica. Escolha a projeção em: **GEOGRAPHIC COORDINATE SYSTEMS >> WORLD >> WGS1984 >> OK >> OK**.

Salve o *shapefile* com a projeção em WGS84. Vá ao **TABLE OF CONTENTS >>** clique com o botão direito no *shapefile* de pontos e escolha **DATA >> EXPORT DATA**.



Em **EXPORT** deixe **ALL FEATURES**. Como **COORDINATE SYSTEM** pode deixar como **THIS LAYER'S SOURCE DATA**. Escolha o nome e onde salvar em **OUTPUT FEATURE CLASS** e escolha o formato *shapefile* (.shp), depois clique **OK**.

II. O QUE VOCÊ PRECISA FAZER:

- 1) Ao descompactar a pasta **“Conectividade Populacional”** do arquivo **Tutorial_ConectividadePopulacional.zip** há várias pastas. Em uma delas (**Tutorial**) você encontra esse arquivo e artigo original dessa análise (Chan *et al.* 2011) e o material suplementar do mesmo. Há outras três pastas: **MapaOriginal**, **Shapefile** e **TabelaCSV**; e vários arquivos Python
- 2) Coloque o modelo de distribuição da espécie na pasta **MapaOriginal** e renomeie como **“mapa.asc”**; o *shapefile* com os pontos das populações na pasta **Shapefile** (o *shapefile* é formado por 6 arquivos, todos eles precisam estar na pasta); e a tabela com os haplótipos compartilhados na pasta **TabelaCSV**;
- 3) Abra o arquivo **leastCostPath.py** com o **IDLE** ou outro programa que edite *scripts* do Python. Se você possui o ArcGIS 10.1 ou superior instalado o **IDLE** já vem instalado. Para acessar o *script* clique com botão direito no arquivo **leastCostPath.py** e escolha a opção **Edit with IDLE** o arquivo aberto será esse:

```
leastCostPath.py - C:\Users\Veronymo\Documents\Scripts\leastCostPath.py
File Edit Format Run Options Windows Help

import sys, os
import arcpy
import invertMapa, criaDistancias, criaCorredores, reclassify, calcSum

def main():

    arcpy.CheckOutExtension("Spatial")

    ##### ALTERAR PASTA COM MAPA ORIGINAL E NOME DO MAPA #####
    subDir = 'MapaOriginal'
    nome = 'mapa'
    ##### ALTERAR PASTA COM SHAPEFILE DAS LOCALIDADES #####
    subDirShape = 'Shapefile'
    nomeShape = 'distancias_muni.shp'
    ##### ALTERAR PASTA COM TABELA ORIGINAL E NOME DA TABELA #####
    subDirTabela = 'TabelaCSV'
    nomeTabela = 'citb_haplo.csv'
    #####

    ##### SCRIPT: INVETE_MAPA #####
    invertMapa.inverte(subDir, nome)

    ##### SCRIPT: CRIA_DISTANCIAS #####
    criaDistancias.criaDistancias(subDir, 'mapa_inv', subDirShape, nomeShape)

    ##### SCRIPT: CRIA_CORREDORES #####
    criaCorredores.criaCorredores(subDirTabela, nomeTabela)

    ##### SCRIPT: RECLASSIFICA #####
    subPastaCorredores = nomeTabela[:-4]
    reclassify.reclassifica(subPastaCorredores)

    ##### SCRIPT: SOMATORIO #####
```

4) É necessário alterar os nomes de alguns arquivos: em **nome** coloque o nome do modelo de distribuição **SEM A TERMINAÇÃO .ASC E ENTRE ASPAS SIMPLES**, aquele que você pôs na pasta **MapaOriginal**. Altere também o **nomeShape** com o nome do *shapefile* + terminação **.shp** e o nome da tabela com o compartilhamento de haplótipos + terminação **.csv**.

5) Depois das modificações salve o arquivo com um **Ctrl+S** e rode o *script*. Para rodar o arquivo há dois jeitos: (i) com o arquivo **leastCostPath.py** aberto com o **IDLE** aperte **F5** que o *script* rodará; (ii) depois de salvar, feche o arquivo **leastCostPath.py** e na pasta **Conectividade Populacional** dê um duplo clique para executar o arquivo **leastCostPath.py**.

III. OS OUTPUT DO PROGRAMA:

O programa criará três pastas (**Distancia**, **Corredores** e **Somatoria**) na pasta **Conectividade Populacional** e uma pasta **TEMP** dentro de **Shapefile**. O mapa de distribuição invertido usado como camada de fricção ficará salvo na pasta **MapaOriginal** como o nome **mapa_inv.asc**. O resultado final estará na pasta **Somatoria** em formato **GRID** para ser lido no ArcGIS com o nome da tabela dos haplótipos compartilhados.

Distancia: abriga os mapas de distância ambiental de todas as localidades inseridas no *Shapefile*. Equivale à etapa 5.a do passa-a-passo do material suplementar de Chan *et al.* 2011. Pode ser descartada depois da análise, ou usada para outras análises.

Corredores: contém os corredores entre as cidades que compartilham haplótipos. Equivale à etapa 5.b do passa-a-passo do material suplementar de Chan *et al.* 2011. Dentro dessa pasta há uma pasta da cidade de origem e dentro da cidade de origem, há um arquivo GRID da cidade de destino, todos em ordem alfabética. Dessa forma se você quiser achar o corredor entre duas localidades como **Viana** e **Cariacica**, você deve procurar a pasta Cariacica (por ordem alfabética é a primeira) e dentro da pasta Cariacica procurar o arquivo GRID chamado Viana. Dentro de cada pasta há uma pasta **Reclassificados** que contém os mesmos corredores, mas com pixels transformados em escala de 0 a 5, seria a etapa 5.c do passa-a-passo do material suplementar de Chan *et al.* 2011. Pode ser descartada depois da análise, ou usada para outras análises.

TEMP: pasta com arquivos shapefiles para todas as localidades usadas na análise. Esses shapefiles são feitos para a criação das distâncias ambientais das localidades. Pode ser descartada depois da análise, ou usada para outras análises.

Somatoria: Contém um arquivo GRID com o mapa de Conectividade Populacional para um gene/alelo. Esse é o resultado final.