

Programa de Pesquisa em Biodiversidade – PPBio

Relatório de Acompanhamento de Bolsa de Pós-doutorado



Relação entre Quantidade de Habitat, sua Configuração e o Risco de Zoonoses: Estudo de Caso Utilizando a Febre Amarela

Vitor Nelson Teixeira Borges Júnior

Bolsista de Pós-Doutorado

Carlos Eduardo de Vivieros Grelle

Coordenador da Rede BioMA

Geraldo Wilson Fernandes

Coordenador Geral

Novembro de 2023



Sumário

Resumo.....	3
1. Introdução.....	6
1.1. <i>Justificativa.....</i>	<i>6</i>
1.2. <i>Características da paisagem e o risco de zoonoses.....</i>	<i>9</i>
1.3. <i>Febre amarela: patógeno, hospedeiros e vetores.....</i>	<i>11</i>
1.4. <i>Objetivos geral e específicos.....</i>	<i>13</i>
2. Metodologia.....	14
2.1. <i>Área de estudo.....</i>	<i>14</i>
2.2. <i>Dados de epizootia.....</i>	<i>15</i>
2.3. <i>Métricas da paisagem.....</i>	<i>16</i>
2.4. <i>Análise dos dados.....</i>	<i>17</i>
3. Análises exploratórias.....	21
4. Resultados esperados.....	25
5. Produção.....	25
6. Referências.....	25

Resumo

A **perda de habitats naturais** e a consequente **intensificação do contato** de animais silvestres com animais domésticos e seres humanos elevam o risco de zoonoses. A conversão de habitats de floresta em plantações ou pastagens tendem a reduzir a biodiversidade, selecionando aquelas espécies que são capazes de sobreviver nos habitats alterados. Eventualmente, tais espécies que coexistem em áreas próximas a grandes adensamentos populacionais acabam por promover o **transbordamento** de uma zoonose (ex. *spillover*) se estiverem carregando patógenos capazes de infectar seres humanos. A manutenção de elevados níveis de diversidade biológica também pode reduzir o transbordamento e o risco de zoonoses a partir do chamado **efeito de diluição**, no qual as espécies de uma comunidade diversa diluem o impacto de espécies hospedeiras que prosperam após o declínio da diversidade. Processos importantes para os ciclos epidemiológicos, como o movimento de infectados, hospedeiros infectantes e vetores podem ser influenciados por múltiplos fatores da paisagem, incluindo fatores de uso da terra que facilitam ou dificultam a dispersão. O fluxo de organismos pode ser alterado, por exemplo, pelo **efeito da fragmentação** quando esta altera a conectividade funcional da paisagem, afetando o potencial de dispersão de um patógeno. Portanto, características da paisagem relacionadas ao efeito da fragmentação, como a **quantidade de habitat** e sua **configuração**, tem um papel determinante na dinâmica espacial de uma doença e compreender o seu grau de influência pode auxiliar na prevenção de zoonoses, além de ser uma ferramenta útil

para o planejamento de medidas de manejo e restauração de habitats visando a manutenção do efeito de diluição. Apesar da relevância à prevenção de zoonoses e do seu transbordamento, o papel da variação de características da paisagem geradas pelo homem, como a quantidade e configuração do habitat sobre a ocorrência de zoonoses como a febre amarela, esse ainda é um aspecto pouco explorado. O **objetivo geral** do projeto consiste em **modelar a relação entre a quantidade de habitat, sua configuração e a ocorrência de FA nas comunidades de PNH**. Os **objetivos específicos** são: **i) compreender a influência relativa da quantidade de habitat e sua configuração sobre a probabilidade de ocorrência da FA em PNH; ii) compreender a influência relativa da quantidade de habitat e sua configuração sobre o número de espécies de PNH; e iii) compreender a relação entre a riqueza de PNH e a probabilidade de ocorrência da FA**, para **inferir** sobre quais características da paisagem promovem ou reduzem **i) a ocorrência da FA; ii) elevados níveis de diversidade de PNH; e iii) se uma elevada diversidade de PNH pode mediar o efeito de diluição e reduzir a ocorrência de FA**. As análises serão conduzidas para todo o gradiente de quantidade de habitat. Os modelos receberão duas métricas de fragmentação do habitat (número de manchas e densidade de borda), cada uma ligada a diferentes processos ecológicos. A área do estudo consiste em **30 municípios do estado de São Paulo** cujo sistema de vigilância ativa coletou dados sobre eventos de epizootia entre os anos de **2016 e 2018**. Para acessar os efeitos

diretos e indiretos (via fragmentação do habitat) da perda de habitat, um **modelo de equação estrutural** será formulado a partir da combinação de três modelos lineares generalizados (GLM's). As principais **expectativas** são de que **i) a fragmentação do habitat afete positivamente a ocorrência da FA, ii) negativamente o número de espécies de PNH, especialmente em paisagens com níveis baixos ou intermediários de quantidade de habitat** e **iii) que menores probabilidades de ocorrência da FA estarão associadas a uma elevada diversidade de PNH.**

Palavras-chave: ecologia de doenças, ecologia da paisagem, zoonoses emergentes, transbordamento flavovírus, primatas não-humanos, efeito diluição, uso e cobertura do solo

1. Introdução

1.1. Justificativa

O risco de zoonoses está diretamente relacionado a **perda de habitats naturais** e a consequente **intensificação do contato** de animais silvestres com animais domésticos e seres humanos. Mudanças de uso do solo, como a conversão de habitats de floresta em plantações ou pastagens tendem a reduzir a biodiversidade, selecionando aquelas espécies que são capazes de sobreviver nos habitats alterados (Watt 2020). Eventualmente, tais espécies que coexistem em áreas próximas a grandes adensamentos populacionais ou que entram em contato com humanos através do comércio ou consumo de sua carne acabam por promover o **transbordamento** de uma zoonose (ex. *spillover*) se estiverem carregando patógenos capazes de infectar seres humanos Napolitano Ferreira et al. (2021).

Há em todo o mundo exemplos de situações onde as chances de transbordamento aumentam em decorrência da degradação de habitats naturais. Em Bangladesh morcegos que carregam o vírus Nipah – que pode matar de 40-75% das pessoas infectadas – agora são encontrados em áreas com alta densidade populacional porque seus habitats de floresta foram completamente removidos (Gabra, Ghaith, & Ebada 2022). Na Amazônia brasileira, áreas com baixa diversidade de espécies endêmicas e elevada atividade humana são aquelas que apresentam o maior risco para infecções por malária (Daza et al. 2023), uma doença prevalente na região. Mesmo a pandemia

de SARS-CoV-2 poderia ter sido prevenida se a barreira de contato entre o patógeno, antes escondido e isolado no sudeste da Ásia, e seres humanos não tivesse sido rompida pela intensificação do contato de morcegos com outras espécies de mamíferos (Hoberg et al. 2022). Eliminar o risco de novas zoonoses envolve necessariamente interromper o processo de *spillover*, o qual se intensifica em cenários de perda de habitat naturais e biodiversidade (Vora et al. 2022).

A manutenção de elevados níveis de diversidade biológica pode reduzir o transbordamento e o risco de zoonoses a partir do chamado **efeito de diluição**, no qual as espécies de uma comunidade diversa diluem o impacto de espécies hospedeiras que prosperam após o declínio da diversidade (Ostfeld & Keesing 2000). Esses efeitos podem ser alcançados artificialmente pela alteração da diversidade intra ou interespecífica para reduzir a transmissão de parasitas e patógenos. Por exemplo, uma estratégia comum em plantações é adicionar uma variedade resistente ao patógeno em questão, os chamados **super diluidores** (Keesing & Ostfeld 2021). Esses indivíduos impactam negativamente o potencial de transbordamento do patógeno por promoverem uma variedade de caminhos potenciais, reduzindo assim a sua transmissão (Burdon et al. 2006). A diversidade interespecífica também pode ser usada para interferir sobre a taxa de transmissão de doenças mediada por vetores em humanos. A Organização Mundial de Saúde e outros reconhecem o potencial de uso de animais domésticos para evitar ataque por mosquitos a humanos como uma

medida de manejo contra malária e outras doenças transmissíveis por vetores (Ault 1994; Kloter 1983). Nesse caso, os animais domésticos funcionam como hospedeiros super diluidores, ou seja, de baixa qualidade em termos de transmissão do patógeno ou parasita, e que desviam atração dos vetores por representarem um fonte de alimento adicional (Saul 2003).

Processos importantes para os ciclos epidemiológicos, como o movimento de infectados, hospedeiros infectantes e vetores podem ser influenciados por múltiplos fatores da paisagem, incluindo fatores de uso da terra que facilitam ou dificultam a dispersão (ex. conectividade) (Russell, Real, & Smith 2006). O fluxo de organismos pode ser alterado, por exemplo, pelo **efeito da fragmentação** quando esta altera a conectividade funcional da paisagem (Crooks & Sanjayan 2006), afetando o potencial de dispersão de um patógeno (McCallum & Dobson 2002). No Brasil, o risco de malária na região Amazônica é influenciado por uma complexa interação entre características de uso e cobertura da terra como presença de florestas, de áreas antropizadas ou o grau de biodiversidade (Daza et al. 2023). Na Mata Atlântica do sudeste brasileiro, o estudo de Prist et al. (2021) demonstrou que o vírus da febre amarela dispersa principalmente por estradas adjacentes a áreas de florestas, e ao longo da borda da floresta com interfaces adjacentes a áreas de agricultura, copos d'água e áreas de floresta. A paisagem tem um papel determinante na dinâmica espaço-

temporal de uma doença e compreender o seu grau de influência pode auxiliar na prevenção de zoonoses.

1.2. Características da paisagem e o risco de zoonoses

Elevados níveis de diversidade biológica tem maior chance de serem observados dado que características específicas da paisagem, como a quantidade de habitat e sua configuração, variem dentro de amplitudes específicas. A quantidade de habitat em uma paisagem é definida pela área de habitat presente em paisagens de tamanho fixo, independente do grau de fragmentação e constitui uma hipótese postulada e defendida por Fahrig (2013), a **“hipótese da quantidade de habitat”** (HQH). Segundo esta hipótese, as áreas das manchas de habitat e o grau isolamento entre elas, antes características da paisagem apontadas como determinantes da diversidade, são substituídas por uma única determinante, a quantidade de habitat (Fahrig 2013). Muitos estudos corroboram a HQH demonstrando que a quantidade de habitat é mais importante que sua configuração para prever o número de espécies em uma paisagem. Um estudo teórico, desenvolvido a partir da aplicação de simulações de modelos baseado no indivíduo, conduzido por Jackson & Fahrig (2016), demonstraram que a quantidade do habitat foi relativamente mais importante que a sua configuração para regular os tamanhos populacionais e sua estrutura genética. Para pequenos mamíferos de uma região de Savana do Brasil, a quantidade de habitat afetou

fortemente o número de espécies, enquanto não houve efeito de área da mancha e isolamento quando a quantidade de habitat foi mantida constante (Melo et al. 2017).

Além de substituir a área da mancha e o grau de isolamento como determinantes importantes da biodiversidade, a HQT também assume que para prever a relação entre a distribuição do habitat e o número de espécies é desnecessário levar em consideração a configuração do habitat independente da quantidade de habitat (Fahrig 2013). A **configuração do habitat** independente da sua quantidade, portanto se refere ao arranjo espacial das manchas de habitat (Fahrig 2003). Contudo, há estudos que apontam que o seu papel pode ser determinante do número de espécies na paisagem, com sua relevância variando diferentemente de acordo com as condições de variação da quantidade de habitat (Villard & Metzger 2014). Por exemplo, a **“hipótese do limiar de fragmentação”** (HLF) afirma que a configuração do habitat é mais importante em paisagens que possuem uma quantidade de habitat relativamente menor (ex. $< 20\text{--}30\%$), onde a conectividade entre manchas de habitat é reduzida (Andrén 1994). Fahrig (1998) encontrou que a configuração do habitat foi importante para a sobrevivência das espécies quando a quantidade de habitat era inferior a 20%. Püttker et al. (2020) registrou que a configuração do habitat foi mais importante a valores intermediários de quantidade de habitat, entre 30–60%, e mesmo a níveis superiores a 60%, a depender do grupo taxonômico em questão. Portanto, compreender a influência relativa da quantidade de habitat e de sua configuração

sobre a biodiversidade em paisagens fragmentadas constitui uma ferramenta importante para o planejamento de medidas de manejo e restauração de habitats visando manutenção do efeito de diluição promovidos por elevados graus de biodiversidade. Apesar da relevância à prevenção de zoonoses e do transbordamento, o papel da variação de características da paisagem geradas pelo homem, como a quantidade e configuração do habitat sobre a ocorrência de zoonoses como a febre amarela, esse ainda é um aspecto pouco explorado.

1.3. Febre amarela: patógeno, hospedeiros e vetores

O vírus da febre amarela (FA) é um **flavovírus** transmitido por mosquitos que causa febre hemorrágica em aproximadamente 200 mil pessoas e 30 mil mortes anualmente (Garske et al. 2014). No Brasil, o vírus circula em um ciclo de transmissão silvestre entre primatas não humanos e mosquitos diurnos dos gêneros *Haemagogus* spp. e *Sabethes* spp., e o transbordamento ocorre quando esses mosquitos transmitem o vírus a humanos (Thoisy et al. 2020). A doença apresenta um padrão sazonal, com a maior frequência da doença em seres humanos ocorrendo entre os meses de dezembro a maio (Ministério da Saúde do Brasil 2023). Uma expansão geográfica da doença à região sudeste do país vem sendo observada (Ministério da Saúde do Brasil 2017), a qual pode estar ligada ao surgimento de condições na paisagem favoráveis à dispersão, estabelecimento e

proliferação dos vetores e do patógeno.

Primatas não-humanos (PNH's) são os principais **hospedeiros** da FA (Monath 2001), com os macacos bugio (*Alouatta* spp.) sendo a espécie mais suscetível a infecção (Azevedo Fernandes et al. 2021). A morte de macacos bugio pode indicar a circulação do vírus em uma localidade, apontando para a necessidade de vacinação da população humana se a presença do vírus for confirmada a partir de um diagnóstico adequado. A notificação de casos de FA em PNH são chamadas de **eventos epizooticos** (ex. a ocorrência de um evento positivo para doença numa população animal; Almeida et al. (2014)) e, no Brasil, sua ocorrência requer a comunicação imediata às autoridades da saúde (Brazil 2006).

Os **vetores** da FA incluem espécies de mosquitos de hábitos arboreais pertencentes aos gêneros *Haemagogus* e *Sabethes*. A sua presença e abundância estão positivamente relacionadas a presença de recursos alimentares (Pittendrigh 1950), altas temperaturas e baixa umidade (Pinto, Confalonieri, & Mascarenhas 2009). Essas condições são mais comuns em paisagens com baixas proporções de cobertura florestal (Alencar et al. 2018) e próximas a áreas de criação de gado. Os mosquitos fêmeas tornam-se infectados durante a mordida em um hospedeiro durante a viremia ou por transmissão transovarial (Mondet et al. 2002).

1.4. *Objetivos geral e específicos*

Um melhor entendimento da relação entre a ocorrência da FA em comunidades naturais de PNH e a quantidade de habitat e sua configuração pode ser utilizado para a elaboração de estratégias de manejo e restauração de paisagens naturais que atinjam um maior compromisso entre a manutenção de elevados níveis de diversidade e a prevenção da FA e, potencialmente, de outras zoonoses. O **objetivo geral** do presente projeto consiste em **modelar a relação entre a quantidade de habitat, sua configuração e a ocorrência de FA nas comunidades de PNH numa paisagem fragmentada** do estado de São Paulo, o mais populoso do país. O procedimento de modelagem será baseado em dados empíricos, na HQH e na HLF. Os **objetivos específicos** são: **i) compreender a influência relativa da quantidade de habitat e sua configuração sobre a probabilidade de ocorrência da FA em PNH; ii) compreender a influência relativa da quantidade de habitat e sua configuração sobre o número de espécies de PNH; e iii) compreender a relação entre a riqueza de PNH e a probabilidade de ocorrência da FA**, para **inferir** sobre quais características da paisagem promovem ou reduzem **i) a ocorrência da FA; ii) elevados níveis de diversidade de PNH; e iii) se uma elevada diversidade de PNH pode mediar o efeito de diluição e reduzir a ocorrência de FA**. As análises serão conduzidas para todo o gradiente de quantidade de habitat. Os modelos receberão duas métricas de fragmentação do habitat (número de manchas e densidade de borda)

comumente utilizadas para avaliar os efeitos da configuração do habitat, cada uma ligada a diferentes processos ecológicos (Wang, Blanchet, & Koper 2014).

2. Metodologia

2.1. Área de estudo

O estudo compreenderá **30 municípios do estado de São Paulo**, localizado no bioma da **Mata Atlântica** (Figura 1). Os municípios foram escolhidos por possuírem um sistema de monitoramento da FA a época do período de surto entre **2016 e 2018**. A coleta de dados de epizootias foi conduzida sistemática e intensivamente durante o período de surto, utilizando métodos de monitoramento ativo e passivo para a detecção de PNH doentes ou mortos.

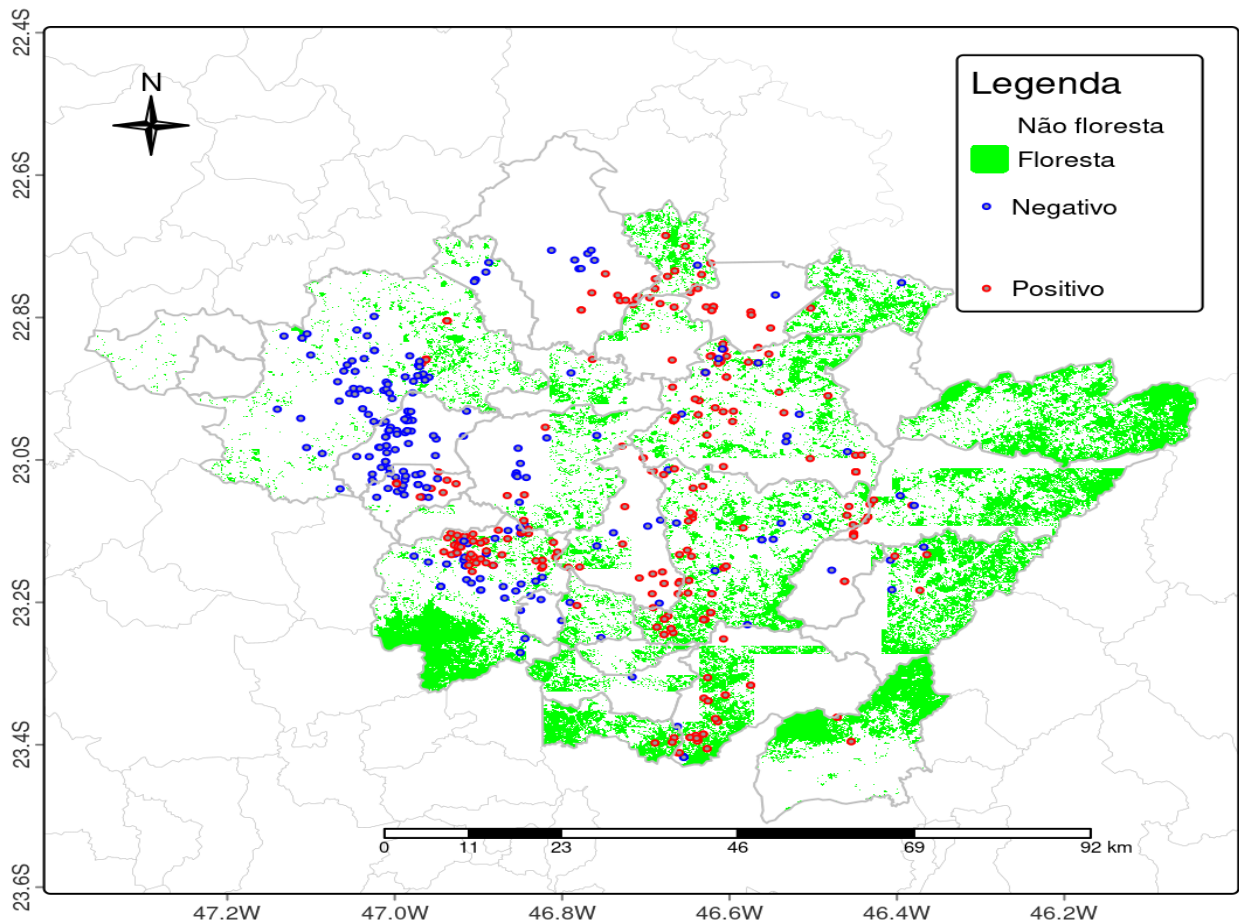


Figura 1 - Área de estudo compreendendo 30 municípios do estado de São Paulo e a distribuição dos eventos de epizootias.

2.2. Dados de epizootia

Os dados de epizootia foram obtidos a partir da base de dados fornecida por Prist et al. (2021). De outubro de 2016 a janeiro de 2018, **551 PNH mortos** foram reportados às autoridades locais e tiveram material biológico coletado na área de estudo, dos quais **222** foram **negativos** (151 *Calithrix*, 30 *Alouatta*, 5 *Sapajus* e 36 espécies não identificadas) e **328** foram **positivos** para **FA** (243 *Alouatta*, 20 *Calithrix*, 9 *Callicebus*, 2 *Sapajus* e 54 espécies não identificadas).

Casos positivos para FA foram determinados no **Instituto Adolfo Lutz** (o laboratório referência) por análises moleculares e testes padronizados como determinado no guia da FA do Ministério da Saúde (Ministério da Saúde do Brasil 2017) e os resultados foram validados pelo **Centro de Monitoramento Epidemiológico** do estado de São Paulo (CVE).

2.3. Métricas da paisagem

Para avaliar o efeito da perda de habitat e da fragmentação, será adotado o conceito de **paisagem local** proposto por Fahrig (2013) que consiste em uma paisagem circular centrada ao redor de cada evento de epizootia. Para todas as epizootias serão definidas paisagens locais com diferentes extensões para definir a **escala do efeito**. Em cada paisagem local serão calculadas **três métricas da paisagem**: 1) a **porcentagem de cobertura florestal**, 2) o **número de manchas de floresta** e 3) a **densidade de borda**, calculada a partir da razão entre a extensão total de borda de floresta e o tamanho da paisagem. O número de manchas será utilizado porque essa métrica está diretamente relacionada a definição de fragmentação do habitat (Fahrig 2019), ou seja, quanto maior o número de manchas maior é o grau de fragmentação do habitat. Como o aumento na fragmentação do habitat leva a mais bordas seus efeitos também podem ser relacionados ao efeito de borda, o qual pode ser estimado pela densidade de borda na paisagem (Wang, Blanchet, & Koper 2014; Fahrig 2017).

O número de manchas e a densidade de borda também são as métricas mais comumente utilizadas para para quantificar a fragmentação do habitat (Fahrig 2017). Elas são de simples interpretação e estão claramente ligadas a diferentes processos ecológicos associados a fragmentação do habitat, tanto a sua subdivisão quanto aos efeitos de borda. Métricas de isolamento do habitat estão associadas a quantidade de habitat ao redor das manchas (Fahrig 2013) e por isso não serão utilizadas para acessar a fragmentação do habitat no nível da paisagem (ex. Fahrig 2017). Outras variáveis que podem potencialmente afetar a ocorrência da FA e a riqueza de PNH não serão consideradas porque o foco do estudo será quantificar a magnitude e direção dos efeitos da perda e da fragmentação do habitat.

As métricas da paisagem serão medidas com base no mapa de resolução intermediária (30m) da Mata Atlântica obtido na base do [MapBiomias](#). A definição do habitat será baseada nos tipos de formação de floresta nativa (ex. floresta ombrófila densa, aberta e mista, floresta semidecídua e sazonal semidecídua e formação pioneira). As demais categorias de uso serão classificadas como matriz.

2.4. *Análise dos dados*

A extensão da paisagem que melhor prevê a ocorrência da FA é desconhecida *a priori* (ex. **escala do efeito**; Jackson & Fahrig 2015). Assim, para determinar a escala da paisagem em que a ocorrência de FA melhor responde as características da

paisagem, as métricas serão calculadas em diferentes extensões da paisagem. As extensões da paisagem serão definidas por seis áreas circulares concêntricas (*buffers*) de diferentes raios (40, 100, 200, 400, 1.000, 2.000 e 5.000m) traçados em torno de cada ponto dentro dos quais as métricas da paisagem serão calculadas (ex. análises de sensibilidade - Figura 2). Para definir o tamanho da paisagem na qual as métricas da paisagem serão utilizadas nas análises, será conduzida uma **seleção de modelos** baseada no **critério de informação de Akaike** para amostras pequenas, **AICc**. A extensão espacial (raio do *buffer*) do modelo mais plausível será então utilizada em todas as etapas subsequentes das análises. Para permitir a comparabilidade dos resultados, as métricas da paisagem serão transformadas para que todas possuam média 0 e variância 1 (*z-transformation*). Todas as métricas da paisagem serão obtidas utilizando o pacote *landscapemetrics* (Hesselbarth et al. 2019).

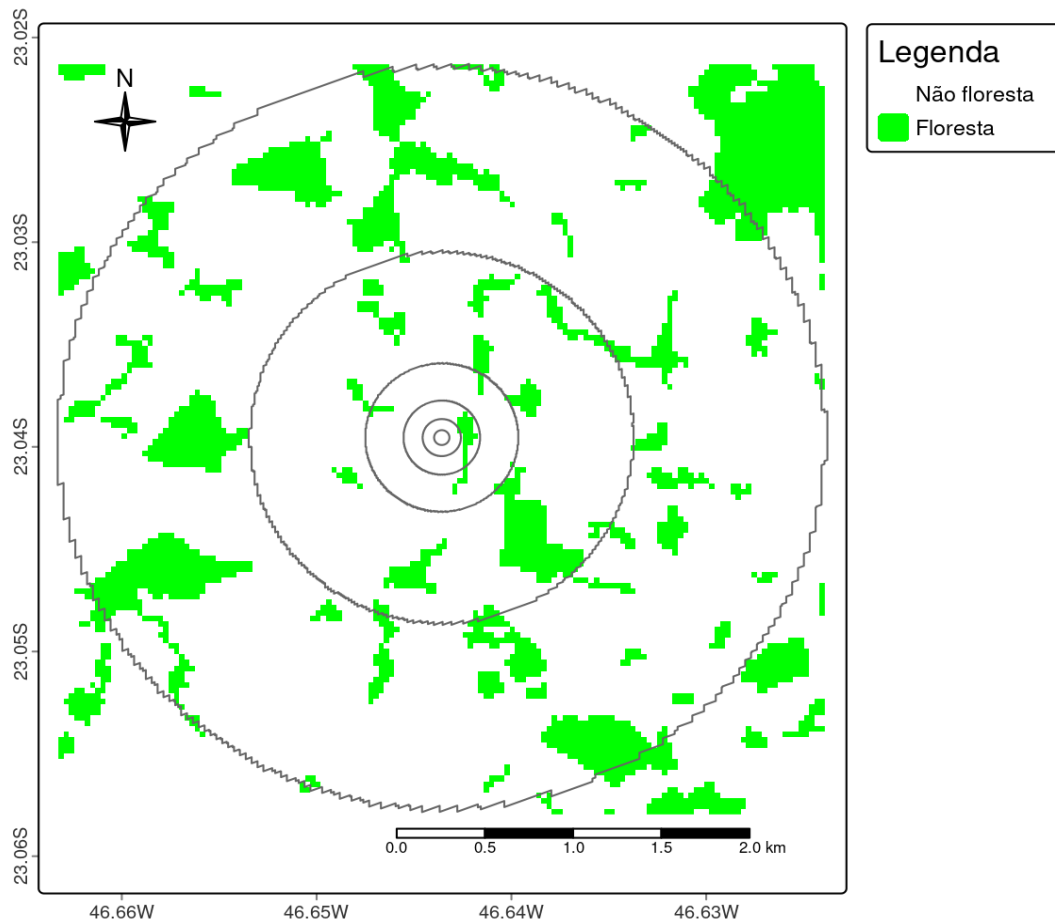


Figura 2 - *Buffers* de 40, 100, 200, 400, 1.000, 2.000 e 5.000 metros representando as áreas onde as métricas da paisagem serão calculadas.

A próxima etapa consistirá, se necessário, na definição da **função de autocorrelação espacial** mais verossímil para lidar com a autocorrelação espacial entre os eventos de epizootia. Assim, um conjunto de seis modelos concorrentes serão ajustados a cada um dos dois GLM's incluídos no modelos de equação estrutural, usando as métricas da paisagem medidas na extensão espacial definida na etapa anterior. Um dos modelos não incluirá estrutura de autocorrelação espacial, enquanto os demais modelos incluirão uma das cinco estruturas de correlação possíveis:

esférica, linear, quadrática, gaussiana e exponencial (Zuur et al. 2009). A estrutura de autocorrelação espacial mais plausível, se houver alguma, será então utilizada nos GLM's nas análises subsequentes. Para investigar por possíveis **pseudoreplicações** causadas pela sobreposição entre paisagens adjacentes, também será calculada a **distância** entre todos os pares de eventos de epizootia (Figura 3).

Para acessar os efeitos diretos e indiretos (via fragmentação do habitat) da perda de habitat, um **modelo de equação estrutural** será formulado a partir da combinação de três **modelos lineares generalizados** (GLM's): um para prever a ocorrência dos eventos de epizootia, outro para prever a fragmentação do habitat e outro para prever a riqueza de PNH. Os GLM's para prever a ocorrência de FA incluirá a quantidade de habitat, uma das duas métricas de fragmentação, em caso de haver correlação entre eles, ou as duas em caso de não serem correlacionadas, e a riqueza de PNH como variáveis explanatórias. Ao incluir as métricas de quantidade e fragmentação de habitat no modelo será possível estimar os efeitos independentes de cada variável (Smith et al. 2009). O GLM para prever a fragmentação do habitat incluirá a quantidade de habitat e o GLM para prever a riqueza de espécies de PNH incluirá a quantidade de habitat e uma das métricas de fragmentação, em caso de haver correlação entre eles, ou as duas em caso de não serem correlacionadas. O modelo de equação estrutural será aplicado a todo o gradiente de quantidade de habitat.

O ajuste global do modelos de equação estrutural será avaliado aplicando a estatística **C de Fisher**, a qual é adequada para modelos mistos (Shipley 2000; Shipley 2009). O coeficiente de cada modelo de caminho serão extraídos para estimar os **coeficientes dos caminhos**, os quais indicam os **efeitos diretos** e **indiretos** das métricas de quantidade e da fragmentação do habitat e da riqueza de espécies de PNH sobre a ocorrência da FA, Grace 2006). Todas as análises serão conduzidas utilizando o **ambiente R de programação** estatística (R Core Team 2023).

3. Análises exploratórias

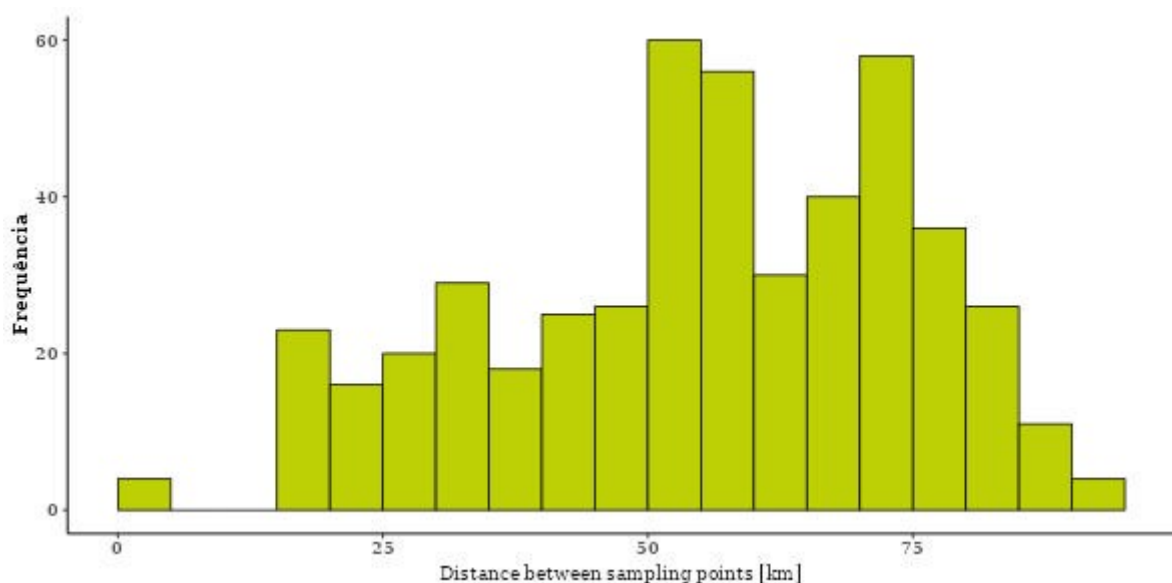


Figura 3 - Histograma da distância média entre pares de eventos de epizootia.

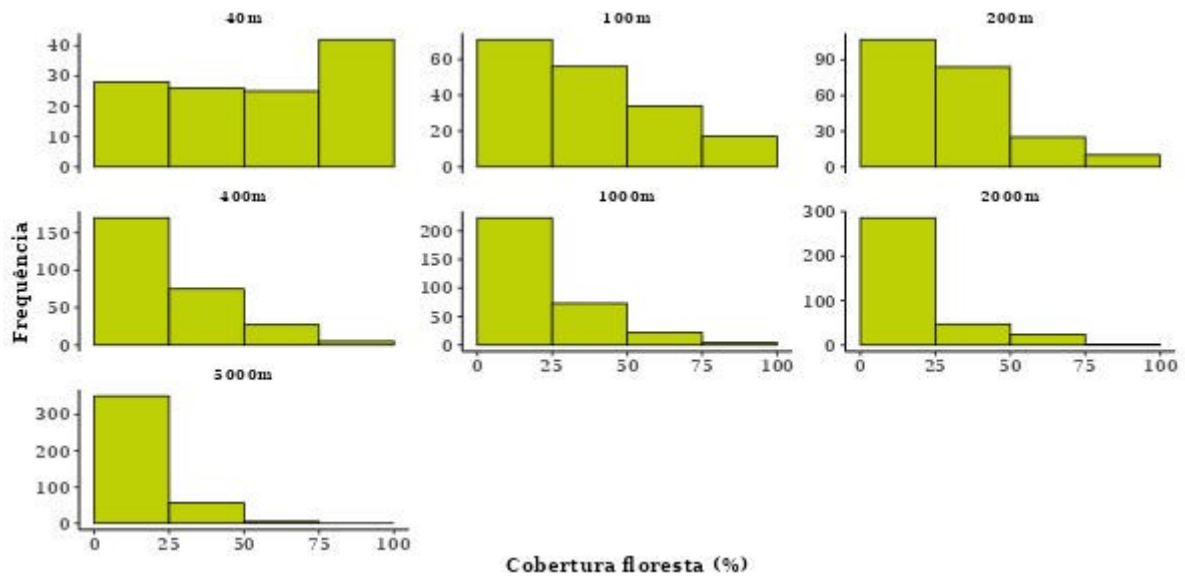


Figura 4 - Distribuição da porcentagem de cobertura florestal na extensão da paisagem definida por círculos concêntricos (*buffers*) de raios de 40, 100, 200, 400, 1.000, 2.000 e 5.000 metros.

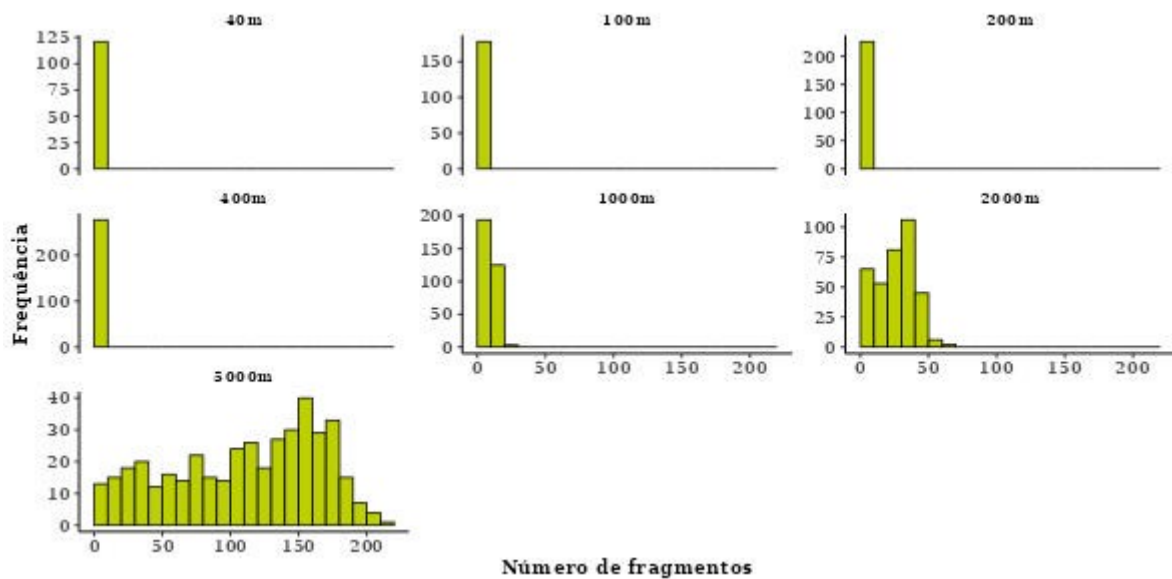


Figura 5 - Distribuição do número de fragmentos na extensão da paisagem definida por círculos concêntricos (*buffers*) de raios de 40, 100, 200, 400, 1.000, 2.000 e 5.000 metros.

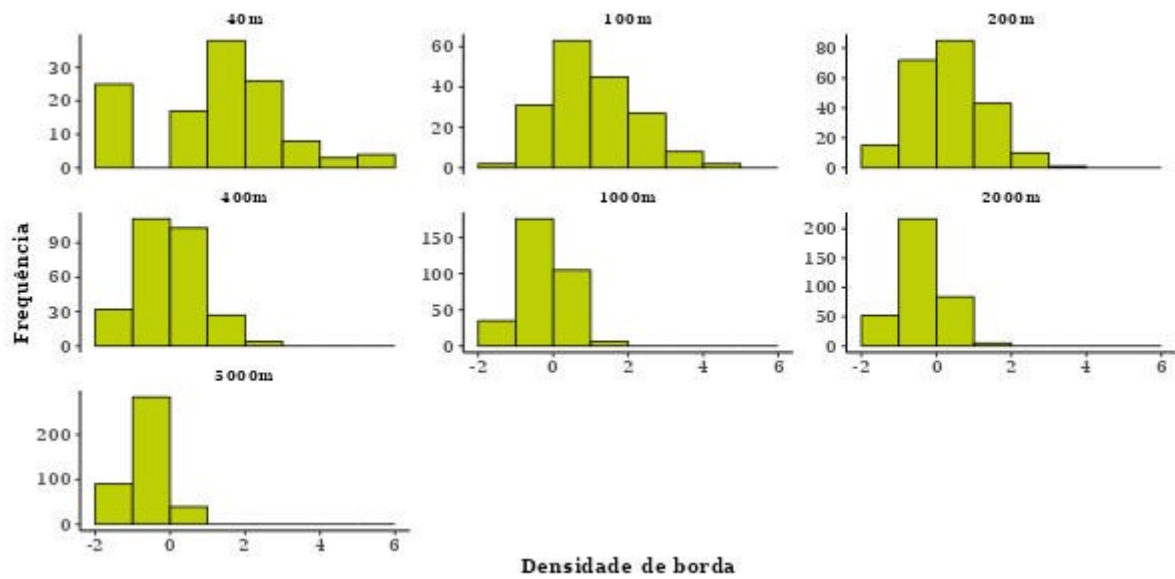


Figura 6 - Distribuição da densidade de borda na extensão da paisagem definida por círculos concêntricos (*buffers*) de raios de 40, 100, 200, 400, 1.000, 2.000 e 5.000 metros.

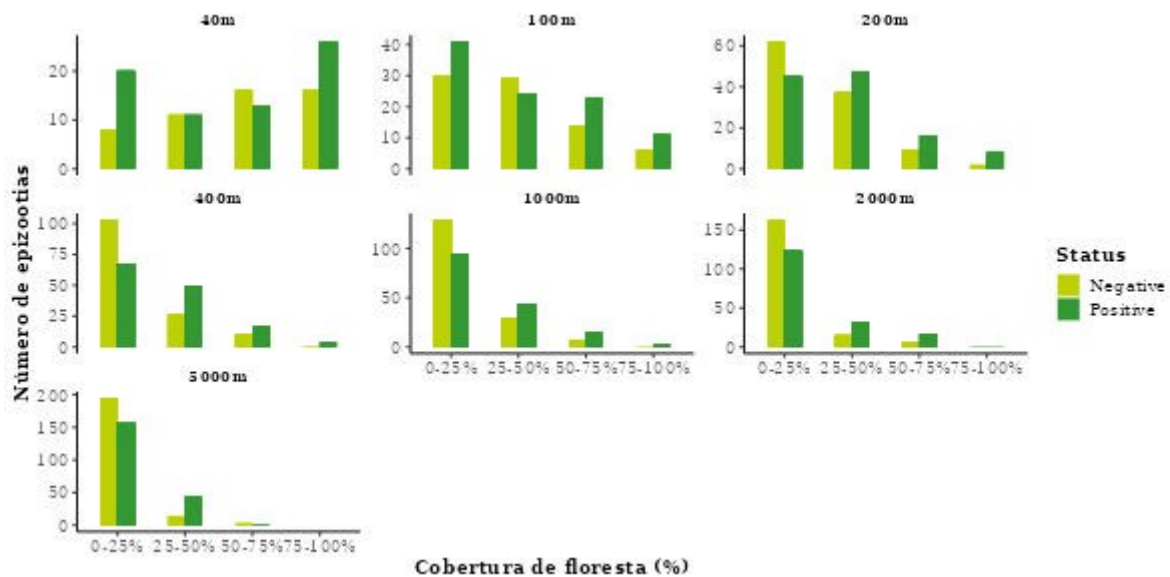


Figura 7 - Distribuição dos eventos de epizootia em relação a intensidade de cobertura florestal na extensão da paisagem definida por círculos concêntricos (*buffers*) de raios de 40, 100, 200, 400, 1.000, 2.000 e 5.000 metros.

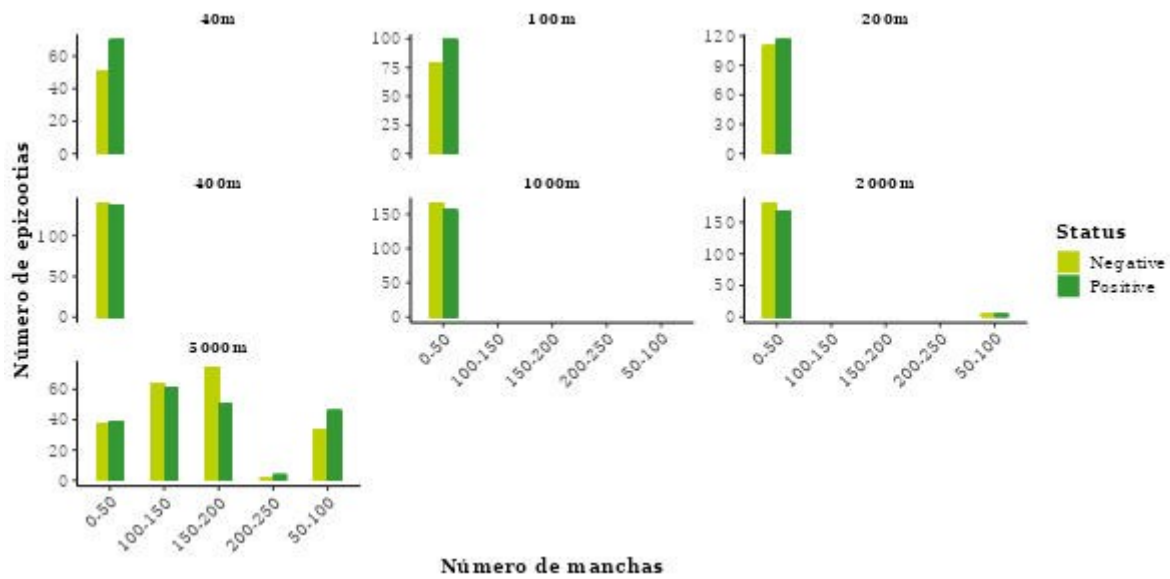


Figura 8 - Distribuição dos eventos de epizootia em relação ao número de fragmentos na extensão da paisagem definida por círculos concêntricos (*buffers*) de raios de 40, 100, 200, 400, 1.000, 2.000 e 5.000 metros.

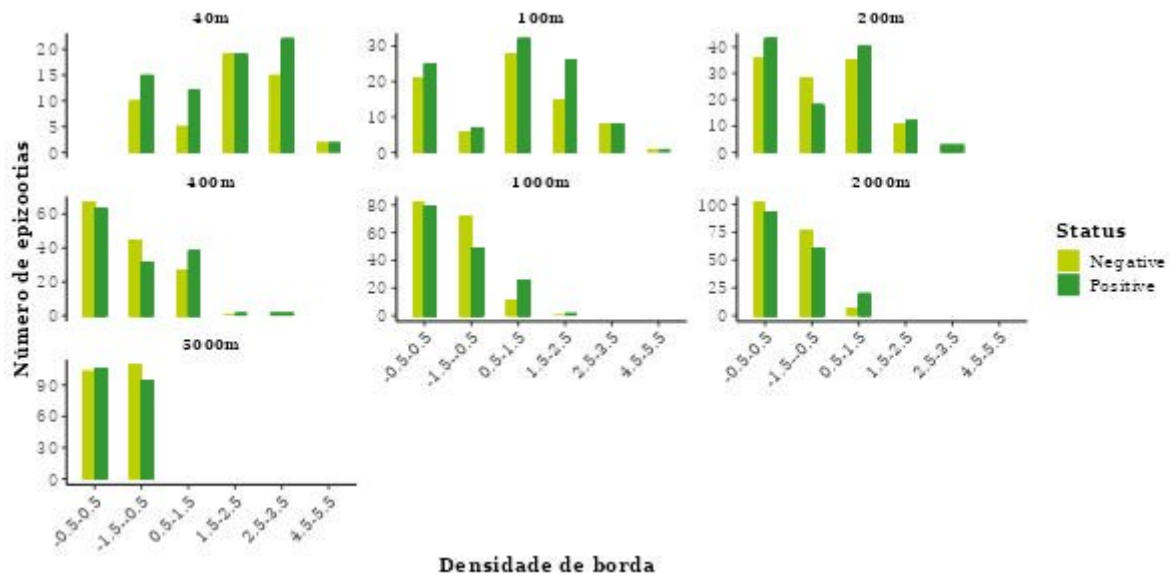


Figura 9 - Distribuição dos eventos de epizootia em relação a densidade de borda (*z-transformed*) na extensão da paisagem definida por círculos concêntricos (*buffers*) de raios de 40, 100, 200, 400, 1.000, 2.000 e 5.000 metros.

4. Resultados esperados

As principais **expectativas** são de que **i)** a fragmentação do habitat afete positivamente a ocorrência da FA, **ii)** negativamente o número de espécies de PNH, especialmente em paisagens com níveis baixos ou intermediários de quantidade de habitat e **iii)** que menores probabilidades de ocorrência da FA estarão associadas a uma elevada diversidade de PNH.

5. Produção

Borges-Júnior, V.N.T., Grelle, C.E.V. 2023. Qual a relação entre conservação da natureza e as doenças tropicais? OEco, <https://oeco.org.br/analises/qual-a-relacao-entre-conservacao-da-natureza-e-as-doencas-tropicais/>

Borges-Júnior, V.N.T., Luz, J.L, Fusinatto, L.A.. 2023. distanceMonitoraflorestal: um pacote R para estimativa de densidade de aves e mamíferos do Programa Monitora Componente Florestal - ICMBIO. <https://vntborgesjr.github.io/distanceMonitoraflorestal/>

6. Referências

Alencar, Jeronimo, Cecilia Ferreira de Mello, Fernanda Morone, Hermano Gomes Albuquerque, Nicolau Maués Serra-Freire, Raquel M. Gleiser, Shayenne Olsson Freitas Silva, and Anthony Érico Guimarães. 2018. “Distribution of Haemagogus and

Sabethes Species in Relation to Forest Cover and Climatic Factors in the Chapada Dos Guimarães National Park, State of Mato Grosso, Brazil.” *Journal of the American Mosquito Control Association* 34 (2): 85–92. <https://doi.org/10.2987/18-6739.1>.

Almeida, Marco A. B., Jader da C. Cardoso, Edmilson dos Santos, Daltro F. da Fonseca, Laura L. Cruz, Fernando J. C. Faraco, Marilina A. Bercini, et al. 2014. “Surveillance for Yellow Fever Virus in Non-Human Primates in Southern Brazil, 2001–2011: A Tool for Prioritizing Human Populations for Vaccination.” *PLOS Neglected Tropical Diseases* 8 (3): e2741. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0002741>.

Andrén, Henrik. 1994. “Effects of Habitat Fragmentation on Birds and Mammals in Landscapes with Different Proportions of Suitable Habitat: A Review.” *Oikos* 71 (3): 355–66. <https://doi.org/10.2307/3545823>.

Ault, S. K. 1994. “Environmental Management: A Re-Emerging Vector Control Strategy.” *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 50 (6 Suppl): 35–49. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1994.50.35>.

Azevedo Fernandes, Natália C. C. de, Juliana M. Guerra, Josué Díaz-Delgado, Mariana S. Cunha, Leila delC. Saad, Silvia D. Iglesias, Rodrigo A. Ressio, et al. 2021. “Differential Yellow Fever Susceptibility in New World Nonhuman Primates,

Comparison with Humans, and Implications for Surveillance.” *Emerging Infectious Diseases* 27 (1): 47–56. <https://doi.org/10.3201/eid2701.191220>.

Burdon, Jeremy J., Peter H. Thrall, Ericson, and Lars. 2006. “The Current and Future Dynamics of Disease in Plant Communities.” *Annual Review of Phytopathology* 44 (1): 19–39. <https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.43.040204.140238>.

Crooks, Kevin R., and M. Sanjayan, eds. 2006. *Connectivity Conservation*. Conservation Biology. Cambridge: Cambridge University Press. <https://doi.org/10.1017/CBO9780511754821>.

Daza, William Gonzalez, Renata L. Muylaert, Thadeu Sobral-Souza, and Victor Lemes Landeiro. 2023. “Malaria Risk Drivers in the Brazilian Amazon: Land Use—Land Cover Interactions and Biological Diversity.” *International Journal of Environmental Research and Public Health* 20 (15): 6497. <https://doi.org/10.3390/ijerph20156497>.

Fahrig, Lenore. 1998. “When Does Fragmentation of Breeding Habitat Affect Population Survival?” *Ecological Modelling* 105 (2): 273–92. [https://doi.org/10.1016/S0304-3800\(97\)00163-4](https://doi.org/10.1016/S0304-3800(97)00163-4).

———. 2003. “Effects of Habitat Fragmentation on Biodiversity.” *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 34 (1): 487–515. <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.34.011802.132419>.

———. 2013. “Rethinking Patch Size and Isolation Effects: The Habitat Amount Hypothesis.” *Journal of Biogeography* 40 (9): 1649–63. <https://doi.org/10.1111/jbi.12130>.

———. 2017. “Ecological Responses to Habitat Fragmentation Per Se.” *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 48 (1): 1–23. <https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-110316-022612>.

———. 2019. “Habitat Fragmentation: A Long and Tangled Tale.” *Global Ecology and Biogeography* 28 (1): 33–41. <https://doi.org/10.1111/geb.12839>.

Gabra, Mohamed Diaa, Hazem S. Ghaith, and Mahmoud Ahmed Ebada. 2022. “Nipah Virus: An Updated Review and Emerging Challenges.” *Infectious Disorders Drug Targets* 22 (4): e170122200296. <https://doi.org/10.2174/1871526522666220117120859>.

Garske, Tini, Maria D. Van Kerkhove, Sergio Yactayo, Olivier Ronveaux, Rosamund F. Lewis, J. Erin Staples, William Perea, Neil M. Ferguson, and for the Yellow Fever Expert Committee. 2014. “Yellow Fever in Africa: Estimating the Burden of Disease and Impact of Mass Vaccination from Outbreak and Serological Data.” *PLOS Medicine* 11 (5): e1001638. <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.1001638>.

Hesselbarth, M. H., M. Sciani, K. A. With, K. Wiegand, and J. Nowosad. 2019. “LandscapeMetrics: An Open-source R Tool to Calculate Landscape Metrics.” <https://doi.org/10.1111/ecog.04617>.

Hoberg, Eric, Walter Boeger, Daniel Brooks, Valeria Trivellone, and Salvatore Agosta. 2022. “Stepping-Stones and Mediators of Pandemic Expansion: A Context for Humans as Ecological Super-Spreaders.” *MANTER: Journal of Parasite Biodiversity*, March. <https://digitalcommons.unl.edu/manter/19>.

Jackson, Heather Bird, and Lenore Fahrig. 2015. “Are Ecologists Conducting Research at the Optimal Scale?” *Global Ecology and Biogeography* 24 (1): 52–63. <https://doi.org/10.1111/geb.12233>.

Jackson, Nathan D., and Lenore Fahrig. 2016. “Habitat Amount, Not Habitat Configuration, Best Predicts Population Genetic Structure in Fragmented Landscapes.” *Landscape Ecology* 31 (5): 951–68. <https://doi.org/10.1007/s10980-015-0313-2>.

Keesing, Felicia, and Richard S. Ostfeld. 2021. “Dilution Effects in Disease Ecology.” *Ecology Letters* 24 (11): 2490–2505. <https://doi.org/10.1111/ele.13875>.

Kloter, Kirby O. 1983. “Manual on Environmental Management for Mosquito Control With Special Emphasis on Malaria Vectors: 283 Pages. World Health Organization, Geneva (WHO Offset Publication No. 66). 1982. Sw. Fr. 22.-.” *The*

American Journal of Tropical Medicine and Hygiene 32 (3): 635–36.
<https://doi.org/10.4269/ajtmh.1983.32.635>.

Loh, Elizabeth H., Carlos Zambrana-Torrel, Kevin J. Olival, Tiffany L. Bogich, Christine K. Johnson, Jonna A. K. Mazet, William Karesh, and Peter Daszak. 2015. “Targeting Transmission Pathways for Emerging Zoonotic Disease Surveillance and Control.” *Vector Borne and Zoonotic Diseases* (Larchmont, N.Y.) 15 (7): 432–37.
<https://doi.org/10.1089/vbz.2013.1563>.

McCallum, Hamish, and Andy Dobson. 2002. “Disease, Habitat Fragmentation and Conservation.” *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences* 269 (1504): 2041–49. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2079>.

Melo, Geruza Leal, Jonas Sponchiado, Nilton Carlos Cáceres, and Lenore Fahrig. 2017. “Testing the Habitat Amount Hypothesis for South American Small Mammals.” *Biological Conservation* 209 (May): 304–14.
<https://doi.org/10.1016/j.biocon.2017.02.031>.

“Ministério Da Saúde.” n.d. Accessed September 14, 2023.
https://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/svs/2006/prt0005_21_02_2006.html.

Monath, Thomas P. 2001. “Yellow Fever: An Update.” *The Lancet Infectious Diseases* 1 (1): 11–20. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(01\)00016-0](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(01)00016-0).

Mondet, B., P. F. C. Vasconcelos, A. P. A. Travassos da Rosa, E. S. Travassos da Rosa, S. G. Rodrigues, J. F. S. Travassos Rosa, and D. J. Bicout. 2002. “Isolation of Yellow Fever Virus from Nulliparous *Haemagogus* (*Haemagogus*) *Janthinomys* in Eastern Amazonia.” *Vector Borne and Zoonotic Diseases* (Larchmont, N.Y.) 2 (1): 47–50. <https://doi.org/10.1089/153036602760260779>.

Napolitano Ferreira, Mariana, Wendy Ellio, Rachel Golden Kroner, Margaret F. Kinnaird, Paula R. Prist, Paula Valdujo, and Mariana M. Vale. 2021. “Drivers and Causes of Zoonotic Diseases: An Overview.” *PARKS*, no. 27 (March): 15–24. <https://doi.org/10.2305/IUCN.CH.2021.PARKS-27-SIMNF.en>.

Ostfeld, Richard S, and Felicia Keesing. 2000. “Biodiversity Series: The Function of Biodiversity in the Ecology of Vector-Borne Zoonotic Diseases.” *Canadian Journal of Zoology* 78 (12): 2061–78. <https://doi.org/10.1139/z00-172>.

Pinto, Claudeth S., Ulisses EC Confalonieri, and Bento M. Mascarenhas. 2009. “Ecology of *Haemagogus* Sp. And *Sabethes* Sp. (Diptera: Culicidae) in Relation to the Microclimates of the Caxiuanã National Forest, Pará, Brazil.” *Memórias Do Instituto Oswaldo Cruz* 104 (July): 592–98. <https://doi.org/10.1590/S0074-02762009000400010>.

Pittendrigh, Colin S. 1950. “The Ecoclimatic Divergence of *Anopheles Bellator* and *A. Homunculus*.” *Evolution* 4 (1): 43–63. <https://doi.org/10.2307/2405533>.

Prist, Paula Ribeiro, Leandro Reverberi Tambosi, Luís Filipe Mucci, Adriano Pinter, Renato Pereira de Souza, Renata de Lara Muylaert, Jonathan Roger Rhodes, et al. 2021. “Roads and Forest Edges Facilitate Yellow Fever Virus Dispersion.” *Journal of Applied Ecology* 59 (1): 4–17. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.14031>.

Püttker, Thomas, Renato Crouzeilles, Mauricio Almeida-Gomes, Marina Schmoeller, Daniel Maurenza, Helena Alves-Pinto, Renata Pardini, et al. 2020. “Indirect Effects of Habitat Loss via Habitat Fragmentation: A Cross-Taxa Analysis of Forest-Dependent Species.” *Biological Conservation* 241 (January): 108368. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2019.108368>.

Russell, Colin A, Leslie A Real, and David L Smith. 2006. “Spatial Control of Rabies on Heterogeneous Landscapes.” *PLoS ONE*, no. 1.

Saul, Allan. 2003. “Zooprophylaxis or Zoopotential: The Outcome of Introducing Animals on Vector Transmission Is Highly Dependent on the Mosquito Mortality While Searching.” *Malaria Journal* 2 (September): 32. <https://doi.org/10.1186/1475-2875-2-32>.

Thoisy, Benoit de, Natalia Ingrid Oliveira Silva, Livia Sacchetto, Giliane de Souza Trindade, and Betânia Paiva Drumond. 2020. “Spatial Epidemiology of Yellow Fever: Identification of Determinants of the 2016-2018 Epidemics and at-Risk Areas in Brazil.” *PLOS Neglected Tropical Diseases* 14 (10): e0008691. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0008691>.

Villard, Marc-André, and Jean Paul Metzger. 2014. “REVIEW: Beyond the Fragmentation Debate: A Conceptual Model to Predict When Habitat Configuration Really Matters.” *Journal of Applied Ecology* 51 (2): 309–18. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.12190>.

Vora, Neil M., Lee Hannah, Susan Lieberman, Mariana M. Vale, Raina K. Plowright, and Aaron S. Bernstein. 2022. “Want to Prevent Pandemics? Stop Spillovers.” *Nature* 605 (7910): 419–22. <https://doi.org/10.1038/d41586-022-01312-y>.

Wang, Xianli, F. Guillaume Blanchet, and Nicola Koper. 2014. “Measuring Habitat Fragmentation: An Evaluation of Landscape Pattern Metrics.” *Methods in Ecology and Evolution* 5 (7): 634–46. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12198>.

Watt, Allan. 2020. “Land-Use Intensity and Land-Use Change: Impacts on Biodiversity.” In *Life on Land*, edited by Walter Leal Filho, Anabela Marisa Azul, Luciana Brandli, Amanda Lange Salvia, and Tony Wall, 1–13. Encyclopedia of the UN Sustainable Development Goals. Cham: Springer International Publishing.

https://doi.org/10.1007/978-3-319-71065-5_87-1.

Zuur, Alain F., Elena N. Ieno, Neil Walker, Anatoly A. Saveliev, and Graham M. Smith. 2009. *Mixed Effects Models and Extensions in Ecology with R*. Statistics for Biology and Health. New York, NY: Springer. <https://doi.org/10.1007/978-0-387-87458-6>.