**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”
Centro de Energia Nuclear na Agricultura**

**Combinando informações ambientais e estrutura da paisagem para explicar
padrões de biodiversidade: busca por alternativas eficientes para
planejamento ambiental**

Juliana Costa Coelho

Dissertação apresentada para obtenção do título de
Mestra em Ciências. Área de concentração: Ecologia
Aplicada

**Piracicaba
2016**

Juliana Costa Coelho
Bióloga da Conservação

Combinando informações ambientais e estrutura da paisagem para explicar padrões de biodiversidade: busca por alternativas eficientes para planejamento ambiental

versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011

Orientador:
Prof. Dr. **HILTON THADEU ZARATE DO COUTO**

Dissertação apresentada para obtenção do título de
Mestra em Ciências. Área de concentração: Ecologia
Aplicada

Piracicaba
2016

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA - DIBD/ESALQ/USP**

Coelho, Juliana Costa

Combinando informações ambientais e estrutura da paisagem para explicar padrões de biodiversidade: busca por alternativas eficientes para planejamento ambiental / Juliana Costa Coelho. - - versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011. - - Piracicaba, 2016.
155 p. : il.

Dissertação (Mestrado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". Centro de Energia Nuclear na Agricultura.

1. Variáveis ambientais 2. Métricas da paisagem 3. Indicadores ambientais 4. Padrões de biodiversidade 5. Estado de São Paulo 6. Escalas I. Título

CDD 574.5
C672c

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

DEDICATÓRIA

Esta dissertação não tem como ter outra dedicatória a não ser para mim Avó. Vó a senhora nos deixou ontem mesmo, fico aliviada pela sua dor ter acabado, apesar da nossa ficar conosco para sempre representada pela tristeza e saudades por não ter você mais entre a gente. Você sempre foi de poucas palavras, passos silenciosos, mas atitudes doces e gentis. A senhora não merecia ter sofrido tanto no final. Gostaria de ter podido fazer essa dedicatória com você entre nós, mas pelo menos sei que não está mais sofrendo. Muito obrigada por ser minha avó e madrinha, por me ensinar a ser amada e querida por todos, por ser carinhosa e preocupada comigo, por todos os doces de banana e virada de batata. Saiba que você fará falta.

AGRADECIMENTOS

Desde a definição do projeto até os apontamentos conclusivos, esta dissertação incluiu a contribuição de muitas pessoas nas mais diversas formas. Neste momento, tento agradecer a todos que, de alguma forma, auxiliaram no alcance deste resultado final. De coração, agradeço imensamente:

à minha família, por ser meu porto seguro, e por sempre me apoiar em todas as minhas escolhas e em todos os momentos da minha vida, em especial durante os anos que trilhei essa aventura tortuosa e engrandecedora que foi o mestrado;

Aos meus irmãos Ângela e Chico; e ao meu pai, que apesar de termos passado por alguns momentos difíceis sempre foi uma pessoa que admirei muito, na qual me inspirei e que vejo ter muito dele em mim;

aos meus novos amigos da UNESP e de Piracicaba que tive o prazer de conhecer durante esses anos de mestrado, e também aos de longa data da faculdade e de Santo André pelos momentos de descontração, pelas conversas, pelas saídas, em fim, pela amizade e pelo apoio.

aos integrantes do grupo LEEC em especial, por terem me ajudado inúmeras vezes durante o desenvolvimento deste trabalho, tanto em caráter técnico como pessoal. Em especial gostaria de citar algumas pessoas que foram fundamentais nesse processo. John, Pavel e Renata sempre dispostos a me ajudarem com problemas técnicos, que foram muitos! A Flávia e Felipe por tudo: teto para dormir, apoio emocional, descontração, conselhos, dicas com plots e ArcGIS. Vocês dois são grandes amigos que fizeram todo esse processo menos penoso. Muito obrigada por tudo, quero leva-los para a vida toda comigo.

ao meu namorado Luiz por ser o melhor companheiro que alguém pode ter. Sempre estando do meu lado, me apoiando e disponível para ajudar, por sua amizade e carinho, e, principalmente, por ter me aguentado por todos os momentos estressantes, nos quais, com seu seu temperamento calmo e inseparável bom humor, tentou acalmar minha mente e coração. Você me conheceu nessa fase difícil da minha vida e mesmo assim conseguimos construir uma relação forte com suporte e amor, tenho certeza que quero você ao meu lado e que continuaremos construindo uma relação admirável com momentos maravilhosos daqui para sempre.

ao Hilton Thadeu Zarate do Couto pela orientação neste projeto, feita sempre com paciência, conhecimento, atenção e carinho. Muito Obrigada. Sinto por não ter aproveitado o tempo que tivemos para poder aprender mais com o senhor;

à Milton Cezar Ribeiro, que acompanhou o desenvolvimento deste projeto desde o seu início até as análises finais, sempre ajudando com minhas dúvidas de forma atenciosa, e oferecendo apoio técnico e teórico fundamental para este resultado final;

à CAPES pela bolsa de iniciação científica e apoio financeiro, fundamentais para a realização deste projeto;

E por fim gostaria de agradecer a duas pessoas muito importante na minha vida:

Minha mãe pois sem dúvida nenhuma percebi que é a pessoa que mais me ama e na qual, independente da situação, sempre estará do meu lado, lutando por mim e querendo o melhor para mim. Muito obrigada! Você é a pessoa que mais confio. Força nessa fase difícil;

E para o meu irmão Guilherme. Sei que os últimos anos tiveram muitos altos e baixos, mais baixos talvez. Momentos muito difíceis, que eu não consigo entender e nem ajudar. Sinto muito por você estar passando por isso, você não merece. É uma pessoa pura, boa e inocente. Eu te amo e desejo força para os momentos ruins. Se eu consegui, você também consegue. Pode contar comigo sempre.

EPÍGRAFE

FILOSOFIA DE VIDA

"A VIDA É COMO UM SORVETE DE CÁSQUINHA...
VOCÊ PRECISA APRENDER A EQUILIBRÁ-LA!"

Charlie Brown

SUMÁRIO

RESUMO.....	11
ABSTRACT	13
LISTA DE FIGURAS	15
LISTA DE TABELAS	18
LISTA DE TABELAS	18
1 INTRODUÇÃO	20
2 DESENVOLVIMENTO.....	21
2.1 Fundamentação Teórica.....	21
2.1.1 Cenário da crise ambiental: breve resumo histórico e econômico.....	21
2.1.2 Crise ambiental e importância dos recursos naturais	23
2.1.3 Perda de habitat, fragmentação e biodiversidade.....	25
2.1.4 O que é biodiversidade?	27
2.1.5 Porque utilizar variáveis como substitutos para biodiversidade?	29
2.1.6 O ambiente e a paisagem como indicadores de biodiversidade.....	31
2.1.7 Requisitos e fontes de dados.....	32
2.1.8 Parte Histórica - caso Biota/FAPESP	34
Capítulo 1. Variáveis ambientais e métricas paisagem como substitutos de biodiversidade: efeito de escala e bioregião sobre padrões de riqueza de espécies	37
3 HIPÓTESES E OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	37
4 MÉTODOS	38
4.1 Área de Estudo.....	38
4.2 Banco de dados.....	39
4.3 Variável resposta.....	40
4.4 Variáveis Preditoras	42
4.5 Unidade de Paisagem	46
4.6 Análises.....	47
4.6.1 Multicolinearidade entre variáveis preditoras (correlação).....	47
4.6.2 Poder explicativo das variáveis preditoras sobre a riqueza (regressão)	48
4.6.3 Seleção de Variáveis preditoras (modelo – multivariada).....	48
4.6.4 Comparação entre escalas e entre regiões	48
4.7 Multicolinearidade entre variáveis (correlação)	50
5 RESULTADOS	52
5.1 Análise de sensibilidade	52
5.1.1 Riqueza de espécies	52

5.1.2	Riqueza de espécies Ameaçadas	53
5.1.3	Riqueza de espécies Endêmicas	54
5.2	Seleção de Variáveis preditoras (modelo)	55
5.2.1	Riqueza de espécies	55
5.2.2	Endêmicas	56
5.2.3	Ameaçadas	57
5.3	Comparação entre escalas	62
5.3.1	Riqueza	62
5.3.2	Endêmicas	63
5.3.3	Ameaçadas	64
5.4	Comparação entre regiões.....	65
5.4.1	Riqueza	65
5.4.2	Endêmicas	66
5.4.3	Ameaçadas	67
5.5	Padrões de biodiversidade.....	69
5.5.1	Riqueza de espécies.....	70
5.5.2	Endêmicas	74
5.5.3	Ameaçadas	75
6	Discussão	80
7	CONCLUSÕES/CONSIDERAÇÕES FINAIS	86
	REFERÊNCIAS	90
	APÊNDICES	99
	ANEXOS.....	143

RESUMO

Combinando informações ambientais e estrutura da paisagem para explicar padrões de biodiversidade: busca por alternativas eficientes para planejamento ambiental

A biodiversidade, as interações entre organismos e o meio físico são componentes do Sistema de Suporte da Vida no planeta, mantendo possível a vida do homem na Terra; entretanto, tem-se observado uma crescente e preocupante perda da biodiversidade, principalmente em função da perda de *habitat* e fragmentação, fogo, exploração excessiva dos recursos naturais e introdução de espécies exóticas e invasoras, entre outros. O Estado de São Paulo abriga dois grandes biomas brasileiros: a Mata Atlântica e o Cerrado, ambos reconhecidos como *hotspots* de biodiversidade, devido a grande biodiversidade e elevado grau de ameaças a que esses estão submetidos. Neste sentido, esta pesquisa propôs-se verificar a relação entre dados de riqueza de espécies (aves) e preditoras ambientais e de paisagem em diferentes regiões e escalas. Embora o Estado já conte com mapas de áreas prioritárias frutos do Biota/FAPESP de 2008, até o momento o componente de paisagem foi explorado muito superficialmente, da mesma forma que os dados biológicos não foram explorados em sua totalidade. Neste sentido, este projeto busca ir de encontro com as linhas diagnosticadas como necessárias para um maior direcionamento da ciência à conservação da biodiversidade. Foram utilizados dados pré-existent de registros de aves no Estado de São Paulo (Brasil) compilados do banco de dado do Biota/FAPESP e do Livro vermelho de espécies ameaçadas do Estado de São Paulo. Para a análise dos dados utilizou-se de modelos aditivos generalizados (GAM), AKAIKE e análise de sensibilidade (SRC). Como principais apontamentos conclusivos escala é um fator extremamente importante e deve ser considerado ao buscar a compreensão de padrões biológicos, uma vez que, se ignorado pode resultar em relações não reais, e em decorrência disso uma má prática de conservação. Características da região de estudo, como tipo de bioma, também podem gerar diferentes relações entre variáveis ambientais e biológicas, e não devem ser subestimados; barreiras políticas não respeitam barreiras biológicas, e deve-se entender como isso pode influenciar as respostas obtidas. De todas as preditoras apenas porcentagem de floresta, altitude, precipitação e temperatura pareceram explicar todas as variáveis biológicas analisadas. Por fim, ainda observamos uma má gestão e padronização dos dados que irá ocasionar problemas na utilização e aplicação desses dados. Aqui se percebe que este viés pode ter influenciado na ausência de algumas relações ou na observação de padrões fracos. Apesar de extremamente importante trabalhos com agrupamento de informações para buscar entender padrões de biodiversidade estes devem ser padronizados.

Palavras-chave: Variáveis ambientais; Métricas da paisagem; Indicadores ambientais; Padrões de biodiversidade; Estado de São Paulo; Escalas

ABSTRACT

Combining environmental information and landscape structure to explain biodiversity patterns: search for environmental planning efficient alternatives

Biodiversity, the interactions between organisms and the environment are components of the Life Support System on the planet, keeping possible the man's life on the Earth; however, we are witnessing a growth and alarming loss of biodiversity, mainly due to habitat loss and fragmentation, fire, over-exploitation of natural resources and the introduction of exotic and invasive species, among others. The State of São Paulo is home to two major Brazilian biomes, the Atlantic Forest and Cerrado, both recognized as biodiversity hotspots, due to its high biodiversity and high level of threat to which these are subject. In this sense, this research proposed to investigate the relationship between species richness data (birds) and environmental and landscape predictors at different regions and scales. Although the state already counts with priority areas maps product of the Biota/FAPESP project (2008), the landscape component has been explored very superficially in the same way that biological data has not been fully explored. Thus, this project seeks to meet with the lines diagnosed as necessary for further direction of science to the conservation of biodiversity. Preexisting bird records data of the São Paulo's State (Brazil) were compiled from the databases of Biota/FAPESP and of the Red Book of endangered species of the São Paulo's State. For data analysis we used generalized additive models (GAM), Akaike and sensitivity analysis (SRC). The main conclusive notes were that scale is an extremely important factor and should be considered when seeking to understand biological patterns, given that if ignored may result in misleading relationships, and as result a bad conservation practice. Characteristics of the study area, such as biome, can also generate different relationships between environmental and biological variables, and should not be underestimated; political barriers do not respect biological barriers, and we should understand how this can influence the findings. Of all the predictors only forest percentage, altitude, rainfall and temperature seemed to explain all biological variables. Finally, we also observed that poor management and standardization of data will lead to problems in the use and application of such data. This bias may have influenced the absence of some relationships or the observation of weak standards. Despite been extremely important the gathering of information to try understand biodiversity patterns, these information should always be standardized.

Keywords: Environmental variables; Landscape metrics; Environmental indicators; Biodiversity patterns; State of São Paulo; Scales

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Area de Estudo: Estado de São Paulo.....	41
Figura 2 -.Registros do grupo de Aves no Estado de São Paulo.....	42
Figura 3 - Mapa central: Grid de hexágonos de 1 km por toda extensão do Estado de São Paulo.....	45
Figura 4 - Escalas nas quais as variáveis preditoras foram calculadas.....	47
Figura 5 - Distribuição de frequência de registros no Estado de São Paulo como um todo e separadamente nas três regiões (biomas) estudadas.....	49
Figura 6 – Resultado da Análise de sensibilidade para riqueza de espécies de aves no Estado de São Paulo.....	45
Figura 7 - Resultado da Análise de sensibilidade para riqueza de espécies de aves ameaçadas no Estado de São Paulo.....	49
Figura 8 - Resultado da Análise de sensibilidade para riqueza de espécies de aves endêmicas no Estado de São Paulo.....	50
Figura 9 - Comparação do poder de resposta dos fatores para riqueza de espécies por escala. Peso do aic referente a seleção de modelos Akaike.....	57
Figura 10 - Comparação do poder de resposta dos fatores para riqueza de espécies endêmicas por escala. Peso do aic referente a seleção de modelos Akaike.....	58
Figura 11 - Comparação do poder de resposta dos fatores para riqueza de espécies ameaçadas por escala. Peso do aic referente a seleção de modelos Akaike.....	59
Figura 12 - Comparação do poder de resposta dos fatores para riqueza de espécies de aves por escala e por região. Peso do aic referente a seleção de modelos Akaike.....	61
Figura 13 - Comparação do poder de resposta dos fatores para riqueza de espécies de aves endêmicas por escala e por região. Peso do aic referente a seleção de modelos Akaike.....	62
Figura 14 - Comparação do poder de resposta dos fatores para riqueza de espécies de aves ameaçadas por escala e por região. Peso do aic referente a seleção de modelos Akaike.....	63
Figura 15. Frequência de paisagens (Hexágonos) com riqueza igual a um. Lado esquerdo mostra com todos os dados incluídos. Lado direito mostra com um corte, deixando de fora os locais com registros menores de um.....	64
Figura 16- Relação Espécie-Altitude. (a) Registros de aves para Estado de São Paulo em paisagens de 1 km de raio. (b) Registros de aves para Estado de São Paulo em paisagens de 2 km de raio. (c) Registros de aves para Mata Atlântica região do Litoral em paisagens de 1 km	

de raio. (d) Registros de aves para Mata Atlântica região do Litoral em paisagens de 2 km de raio.....65

Figura 17 - Relação Espécie-Temperatura. (a) Registros de aves para Estado de São Paulo em paisagens de 5 km de raio. (b) Registros de aves para Estado de São Paulo em paisagens de 10 km de raio.....66

Figura 18 - Relação Espécie-Temperatura para Mata Atlântica região do Litoral do Estado de São Paulo. (a) Registros de aves em paisagens de 5 km de raio. (b) Registros de aves em paisagens de 10 km de raio.....67

Figura 19 - Relação Espécie-Temperatura para Mata Atlântica região do Interior do Estado de São Paulo. (a) Registros de aves em paisagens de 1 km de raio. (b) Registros de aves em paisagens de 2 km de raio. (c) Registros de aves em paisagens de 10 km de raio.....67

Figura 20 - Relação Espécie-Tamanho do Fragmento (Coeficiente de Variação do Tamanho do Fragmento – PSCoV) para região de Cerrado do Estado de São Paulo. (a) Registros de aves em paisagens de 1 km de raio. (b) Registros de aves em paisagens de 5 km de raio. (c) Registros de aves em paisagens de 10 km de raio.....68

Figura 21 – (a) Relação Espécie-Forma ponderada pela área (Índice da forma do fragmento ponderado pela área – AWMSI). Registros de aves em paisagens de 2 km de raio para região de Cerrado do Estado de São Paulo. (b) Relação Espécie-Distância de rodovias. Registros de aves em paisagens de 5 km de raio para Mata Atlântica região do Interior do Estado de São Paulo. 69

Figura 22- Relação Espécie-Temperatura para Mata Atlântica região do Litoral do Estado de São Paulo. (a) Registros de aves em paisagens de 1 km de raio. (b) Registros de aves em paisagens de 2 km de raio. (c) Registros de aves em paisagens de 5 km de raio. (d) Registros de aves em paisagens de 10 km de raio.....70

Figura 23- (a, b, c) Relação Espécie-Tamanho de Fragmento/ (d) Relação Espécie-Número de Fragmentos. (a) Registros de aves em paisagens de 1 km de raio. (b) Registros de aves em paisagens de 2 km de raio. (c) Registros de aves em paisagens de 5 km de raio. (d) Registros de aves em paisagens de 10 km de raio.....71

Figura 24- (a,e,f) Relação Espécie-Número de Fragmentos / (b,c) Relação Espécie-Tamanho de Fragmento/ (d) Relação Espécie-Precipitação.(a) Registros de aves em paisagens de 1 km de raio. (b) Registros de aves em paisagens de 1 km de raio.(c) Registros de aves em paisagens de 2 km de raio. (d) Registros de aves em paisagens de 5 km de raio. (e) Registros de aves em paisagens de 5 km de raio. (f) Registros de aves em paisagens de 10 km de raio.72

Figura 25- (a, c, d) Relação Espécie- Tamanho de Fragmento / (b) Relação Espécie- Declividade. Região do Cerrado do Estado de São Paulo. (a) Registros de aves em paisagens de 1 km de raio. (b) Registros de aves em paisagens de 2 km de raio. (c) Registros de aves em paisagens de 5 km de raio. (d) Registros de aves em paisagens de 10 km de raio.....73

Figura 26- (a, b, c) Relação Espécie- Sazonalidade da Temperatura / (d) Relação Espécie- Distância de Corpos. Mata Atlântica região do Interior do Estado de São Paulo. d'água. (a) Registros de aves em paisagens de 1 km de raio. (b) Registros de aves em paisagens de 2 km de raio. (c) Registros de aves em paisagens de 5 km de raio. (d) Registros de aves em paisagens de 10 km de raio.....74

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 -Legenda de variáveis biológicas.....	43
Tabela 2 -Legenda de variáveis ambientais.....	44
Tabela 3 - Legendas métricas.....	46
Tabela 4 - Variáveis selecionadas. Variáveis preditoras e respostas não correlacionadas que serão utilizadas nas análises estatísticas.....	52
Tabela 5 - Resultado da seleção de modelos (Akaike) para riqueza de espécies de aves para o Estado de São Paulo.....	54
Tabela 6 - Resultado da seleção de modelos (Akaike) para riqueza de espécies de aves endêmicas para o Estado de São Paulo.....	55
Tabela 7 - Resultado da seleção de modelos (Akaike) para riqueza de espécies de aves ameaçadas para o Estado de São Paulo.....	54
Tabela 8 - Resultado da seleção de modelos (Akaike) para riqueza de espécies de aves por região do Estado de São Paulo.....	55
Tabela 9 - Resultado da seleção de modelos (Akaike) para riqueza de espécies de aves endêmicas por região do Estado de São Paulo.....	55
Tabela 10 - Resultado da seleção de modelos (Akaike) para riqueza de espécies de aves ameaçadas por região do Estado de São Paulo.....	56

1 INTRODUÇÃO

A biodiversidade, as interações entre organismos e o meio físico são componentes do Sistema de Suporte da Vida no planeta, mantendo possível a vida do homem na Terra (Arroyo et al., 2009). Entretanto, o que se tem observado é uma crescente e preocupante perda da diversidade biológica (Butchart et al. 2010), principalmente em função da perda de *habitat* e fragmentação (Fahrig, 2003; Henle et al., 2004), do fogo, da exploração excessiva dos recursos naturais e da introdução de espécies exóticas e invasoras, entre outros (Primack; Rodrigues, 2001). O Estado de São Paulo não se apresenta em situação diferente, com apenas 14% de sua cobertura original (FAPESP, 2008), porém com uma biodiversidade expressiva.

A perda de *habitat* e fragmentação são dois dos fatores que historicamente tem mais impactado a biodiversidade (Fahrig, 2003; Henle et al., 2004), sendo impulsionados principalmente pela dinâmica de ações antrópicas na mudança do uso e ocupação do solo (Tabarelli; Gascon, 2005). Tendo em vista que num futuro próximo o padrão será uma paisagem inteiramente fragmentada, faz-se necessário uma aliança entre pesquisadores e tomadores de decisão para que esse cenário seja revertido e ações de manejo e gestão ambiental sejam empregadas visando conservar os fragmentos remanescentes e evitar a extinção da biodiversidade e de seus benefícios (Anhaia et al., 2012).

O irreparável detrimento desse patrimônio, antes mesmo de ser conhecido, têm feito pesquisadores buscarem formas de planejamento e manejo dos recursos naturais que minimizem essa questão (FAPESP, 2008). Este trabalho traz uma tentativa de lidar com o problema da representação da biodiversidade visando à priorização das áreas. Biodiversidade é um conceito muito complexo, e além de ser praticamente impossível de se medir (substitutos diretos) efetivamente, esse processo é sempre caro e demorado. Com esse objetivo, devem-se elencar indicadores (substitutos indiretos) com potencial para serem utilizados no planejamento conservacionista, sendo importante manter a praticidade e focar na viabilidade do processo. Para tanto, as variáveis devem ser simples, amplas, rapidamente alcançáveis e de baixo custo.

Objetivo: Esta dissertação vem, portanto avaliar a relação de variáveis ambientais com biodiversidade.

2 DESENVOLVIMENTO

2.1 Fundamentação Teórica

2.1.1 Cenário da crise ambiental: breve resumo histórico e econômico

Durante o último século os ecossistemas da Terra têm sofrido drásticas alterações provocadas pelo homem, refletindo uma rápida perda de biodiversidade nunca antes vista (Houghton, 1994; Ojima et al., 1994; Pimm et al., 1995; Vitousek et al., 1997; Dobson et al., 1997; Pimm & Lawton, 1998; Chapin III et al., 2000; Sala et al., 2000; Sanderson et al., 2002). Essas alterações podem ser associadas à alta taxa de crescimento populacional humano, intensificação do uso da terra e perda de habitat natural (Houghton, 1994; Dobson et al., 1997; Lambin et al., 2003; Lepers et al., 2005). Ainda que, muitas vezes, busquem melhorar ou aumentar um determinado serviço ecossistêmico (como agricultura e/ou pecuária) essas alterações provocam a degradação de outros serviços ecossistêmicos, como regulação da erosão e do clima, qualidade do ar, ciclagem natural da água, entre outros (Tilman, 2001; Geist and Lambin 2002).

Esses serviços ecossistêmicos fazem parte do Sistema de Suporte da Vida no planeta, responsáveis pela manutenção da vida (Joly et al, 2011). A degradação dos ecossistemas, entretanto afeta as pessoas de formas diferentes, em particular, as classes baixas de países em desenvolvimento por dependerem diretamente de biodiversidade e dos serviços ecossistêmicos (TEEB, 2010).

Logo após a 2ª Guerra Mundial, houve a necessidade de grande investimento em infraestrutura resultando em um período de crescimento econômico e populacional expressivos em muitos países. A forte industrialização e o adensamento populacional provocaram degradação dos sistemas naturais e, conseqüentemente, a redução drástica das condições de vida da população. Nos anos 60, os debates sobre a valorização da natureza e o fracionamento do conhecimento se acaloram marcados pelo logocentrismo da ciência moderna. (Leff, 2001). A “internalização” de uma “dimensão ambiental” ao sistema econômico também vem a ser discutida através de um “método interdisciplinar”, capaz de reintegrar o conhecimento para apreender a realidade complexa (Almeida Jr. et al., 2011).

Com a Primavera Silenciosa de Rachel Carson na década de 60, surge a consciência ambiental que se expande nos anos 70, depois da Conferência das Nações Unidas sobre o

Meio Ambiente Humano, celebrada em Estocolmo, em 1972. Essa conferência lança uma cruzada em favor do meio ambiente (Almeida Jr. et al., 2011).

Nos anos 80, o mundo encontrou no acidente da usina nuclear de Chernobyl um grande divisor no que diz respeito à avaliação ambiental. No campo científico, sabia-se da interação global dos efeitos, mas a opinião pública deparava-se pela primeira vez com a forte integração do ambiente, ultrapassando as fronteiras geográficas e justificando o termo “aldeia global” não como apenas um termo da mídia, mas uma realidade preocupante. Os anos 90 foram marcados pela ideia do desenvolvimento sustentável que busca o equilíbrio entre o investimento no crescimento dos países e a conservação ambiental (Almeida Jr. et al., 2011).

Paulatinamente passou-se da noção de ambiente que considera essencialmente os aspectos biológicos e físicos, a uma concepção mais ampla, que dá lugar às questões econômicas e socioculturais. Um longo caminho deve ser seguido pela sociedade quanto ao entendimento de todos os processos para a melhor tomada de decisão e ao melhor entendimento do comportamento dos processos e dos impactos antrópicos sobre o meio ambiente (Almeida Jr. et al., 2011).

O aumento de modificações dos ecossistemas ocorrido nas últimas décadas pode ser correlacionado com a Revolução Verde: transformação das práticas agropecuárias logo após a Segunda Guerra Mundial. Com a Revolução verde houve um aumento da dependência tecnológica e econômica, o que veio a prejudicar de forma intensiva o meio ambiente. Pode-se perceber então uma ligação entre tecnologia e a conservação do meio ambiente. Devemos ser realistas e buscar por soluções e não somente as causas de nossos problemas. Neste sentido, a tecnologia deve ser encarada como uma aliada ao enfrentamento desses problemas socioambientais, já que possui um enorme potencial não explorado na proteção e conservação dos recursos naturais (Almeida Jr. et al., 2011).

Assim, a ciência e a tecnologia, caminhando como parceiros na direção do sustentável descobrem a complexidade do meio ambiente e se dão conta de que precisam estar cada vez mais equipadas. A pergunta que deve ser feita é: como a tecnologia pode ser utilizada em benefício do meio ambiente e, por conseguinte, na diminuição da degradação dos serviços ecossistêmicos?

Quando de fato, tecnologia é o conjunto de técnicas, métodos e ferramentas que permitem o aproveitamento prático do conhecimento científico, com vistas a satisfazer as necessidades humanas. Neste sentido, a tecnologia não é boa nem má, podendo ser relacionada também a vários impactos positivos.

De acordo com Global Footprint Network (2012), atualmente, a população humana está poluindo e consumindo recursos em uma taxa 40% mais alta que o planeta é capaz de absorver ou restabelecer anualmente. Basta observarmos o manejo insustentável da pesca, das florestas, da produção de alimentos e energia e o aumento das emissões de gases estufa na atmosfera. Com base nestes dados, fica claro que não estamos utilizando os recursos naturais de forma eficiente e se não tomarmos nenhuma iniciativa esses problemas irão aumentar ao ponto que nenhum esforço ou recurso será suficiente para reverter essa situação.

Neste cenário, a tecnologia, ou melhor, as práticas baseadas na ciência para as resoluções de problemas, podem ser úteis na transição para um planeta sustentável que ofereça bem-estar e uma vida de qualidade para todos de forma igualitária, permitindo a coexistência com o meio ambiente, sua biodiversidade e seus serviços ecossistêmicos. Para tanto podemos utilizar da tecnologia como uma ferramenta na busca por métodos mais eficazes de manejo dos recursos ambientais, desenvolvimento e transição para uma economia verde, utilização de energias 100% renováveis e de acesso assegurado a toda população mundial, segurança alimentar para todos e conservação do ambiente natural.

2.1.2 Crise ambiental e importância dos recursos naturais

A crescente competição por terra, água, e energia, em adição a superexploração da pesca, irão afetar nossa habilidade de produzir alimento, assim como a urgente necessidade em reduzir o impacto do sistema alimentar sobre o meio ambiente e a biodiversidade. Os efeitos das mudanças climáticas e das medidas de mitigação e adaptação sobre o sistema alimentar são outra ameaça (Godfray et al., 2010).

Com relação à conservação do meio físico, as áreas naturais protegem as encostas, regiões sensíveis ao processo de erosão do solo, evitando enchentes e deslizamentos, uma vez que as raízes da vegetação promovem a estabilidade do solo, o que garante a manutenção das partes mais baixas do terreno, como as estradas e os cursos d'água (SOS Floresta, 2011; Skorupa, 2003). Dessa forma, a vegetação nas margens de cursos d'água ou represamento realiza a função de impedir o carreamento direto de sedimentos, nutrientes e produtos químicos provenientes das áreas mais altas do terreno, que podem afetar a qualidade da água e diminuir a vida útil dos reservatórios (Skorupa, 2003). O transporte de uma grande concentração de sedimentos pode causar sérios problemas aos cursos d'água, pois se acumulam nos canais de drenagem gerando perda da profundidade e um extravasamento dos leitos (Nowatzk, *et al.*, 2009).

Para as nascentes, a vegetação é essencial na minimização dos efeitos diretos das chuvas sobre o solo evitando sua compactação e perda da nascente. Dessa maneira, o solo permanece poroso e com alta capacidade de absorver a água das chuvas devido à massa de raízes das plantas, permitindo a manutenção dos lençóis freáticos e o controle hidrológico da bacia hidrográfica (Skorupa, 2003).

Para a proteção legal e manutenção dessa vegetação natural foram criadas as áreas de proteção legal e reservas legais, que contribuem para a manutenção dos serviços ecológicos, pois possibilitam refúgio e fornecimento de alimento para a fauna terrestre e aquática devido à geração de *microhabitats* que garantem a diversidade de recursos. Além disso, a diversificação da flora permite o estabelecimento de inimigos naturais de pragas, pela disponibilidade de uma maior variedade de alimentos, sítios de reprodução e proteção. Dessa maneira, tais áreas naturais contribuem com o controle de pragas do solo, com a ciclagem de nutrientes e a fixação de carbono. As raízes das plantas apresentam associação com microfauna que realiza a desintoxicação do solo contaminado por atividades agrícolas, o que pode auxiliar na redução de gastos para agricultores. Além disso, a conexão dessas áreas permite a migração de espécies que não se deslocam pela matriz agrícola nem urbana, o que possibilita o fluxo gênico e diminui os riscos de extinção das espécies (Skorupa, 2003).

Desse modo, essas áreas naturais realizam um papel fundamental no equilíbrio ecossistema contribuindo com a preservação e a manutenção do meio ambiente (Riceto, 2010; SOS Floresta, 2011). As áreas de APPs e RL nem sempre são respeitadas pela sociedade, que tem a ilusão de estar perdendo área produtiva sem o real conhecimento dos benefícios provenientes dessas áreas naturais, que vão desde o aumento da qualidade de vida até a minimização as consequências nocivas à sociedade, regulando o microclima e o sistema hidrográfico (Riceto, 2010; Nowatzk, *et al.*, 2009).

Recurso. Está é a palavra chave para a importância da preservação do meio ambiente para o homem. O ser humano, como qualquer outro organismo, precisa de recursos para se manter vivo. Para cada organismo os recursos são diferentes, mas de forma sucinta, os mais importantes seriam fonte de energia e local de abrigo. Neste contexto, o que é importante para a biodiversidade também seria igualmente e indiscutivelmente importante para o homem já que os recursos dos quais depende: ar, água, matérias primas, alimento, medicamentos entre muitos outros itens e serviços são provenientes do ambiente natural. E nunca, na história do planeta, em um período tão curto essa quantidade de espécies esteve sobre ameaça de extinção (Houghton, 1994).

Como já explorado nos itens textuais acima, atividades humanas tem sido causa direta e indireta dessa crescente ameaça à diversidade biológica (Dobson et al., 1997; Chapin III et al., 2000; Cincotta et al., 2000). Sendo a fragmentação e destruição de *habitat* natural a primária e principal causa do declínio global da biodiversidade (Fahrig, 2003; Henle et al., 2004; Matthews; Cottee-Jones; Whittaker, 2014).

Todos os esforços investidos hoje para conservação da biodiversidade irão determinar o *pool* de espécies que serão extintas e quais serão preservadas amanhã (Primack; Rodrigues, 2001).

2.1.3 Perda de habitat, fragmentação e biodiversidade

Fragmentação e perda de habitat são dois processos diferentes com efeitos distintos, porém com a mesma origem - a contínua substituição, degradação ou destruição de elementos naturais/indígenas da paisagem por meio de ações antrópicas (Boscolo, 2007).

A fragmentação de *habitats* é um processo que envolve tanto a perda de *habitat* como a fragmentação *per se*. Estudos indicam que perda de *habitat* apresenta um impacto negativo maior sobre a biodiversidade, enquanto que os efeitos da fragmentação *per se* além de mais fracos tem possibilidade de serem tanto positivos quanto negativos. Neste sentido, para avaliar o efeito correto da fragmentação de *habitats* na biodiversidade é necessário que os efeitos desses dois componentes sejam medidos independentemente (Fahrig, 2003).

Fahrig (2003) trás o conceito de Wilcove et al. (1986) no qual fragmentação de *habitat* é quando uma mancha extensa de vegetação é convertida em dispersas manchas menores, também chamadas de ilhas de *habitat*, fragmentos ou remanescentes, isoladas por uma vegetação diferente da original e ocupando área total menor da inicial.

Com base neste conceito, fragmentação implica quatro efeitos no padrão do *habitat*, os quais compreendem as formas mais simples de se medir fragmentação, sendo eles: (a) redução na quantidade de *habitat*, (b) aumentos do número de manchas, (c) diminuição do tamanho das manchas, (d) aumento do isolamento das manchas. Porém, a questão aqui é se esses efeitos apresentam o mesmo efeito sobre biodiversidade (Fahrig, 2003). Entretanto existem várias outras formas de se medir fragmentação.

Para cada situação os efeitos e conseqüências serão diferentes, por exemplo: para espécies com dinâmicas de metapopulação o tamanho e isolamento dos fragmentos são fatores importantes para sua sobrevivência (Hanski 1994); para paisagens com grande quantidade de habitat a diminuição de sua área total deve ser responsável pelas principais

conseqüências da fragmentação (Andrén, 1994); para paisagens possuindo menos de 30-40% de habitat o tamanho dos fragmentos e seu isolamento que são determinantes (Andrén, 1994; Metzger; Décamps, 1997).

O isolamento e a conectividade são também aspectos importantes (Boscolo, 2007); enquanto que o isolamento refere-se à distância entre os fragmentos, a conectividade refere-se ao grau que uma paisagem facilita ou impede o movimento de indivíduos entre os fragmentos (Taylor et al., 1993; Boscolo, 2007). A conectividade pode ser subdividida em conectividade estrutural e funcional. A conectividade estrutural refere-se à disposição espacial e à continuidade física do habitat enquanto que conectividade funcional leva em conta as características biológicas de uma espécie para estimar a facilidade de movimentação pela paisagem (Tischendorf; Fahrig, 2000). Apesar de distintos, os conceitos de conectividade e isolamento são bastante correlacionados, já que mudanças da paisagem com aumentos nas distâncias entre remanescentes de habitat levam à conseqüente diminuição de sua conectividade estrutural (Goodwin; Fahrig 2002).

Dentre os quatro grandes efeitos citados acima, o efeito mais obvio é a diminuição de *habitat*, o que tem levado muitos pesquisadores a utilizar como medida de fragmentação simplesmente a quantidade de remanescente de *habitat* na paisagem. Porém, Fahrig (2003) trás um questionamento muito interessante sobre isto: “Se nós podemos medir o nível de fragmentação como a quantidade de *habitat*, porque nós continuamos chamando isto de fragmentação e não simplesmente perda de *habitat*?”.

Analizando em conjunto os outros três efeitos citados da fragmentação: aumento do número de manchas, diminuição do tamanho das manchas e aumento do isolamento das manchas surge outro fator importante, a configuração da paisagem. Porém muitos autores em suas análises não separam perda de *habitat* com outros efeitos da fragmentação, como configuração da paisagem pós-fragmentação, o que dificulta a compreensão dos efeitos da configuração de *habitat* na biodiversidade (Fahrig, 2003).

Analizando separadamente o tamanho da mancha nos deparamos com mais algumas dificuldades. Tanto perda de *habitat* como fragmentação *per se* levará a paisagem a apresentar manchas menores. Além disso, deve-se tomar cuidado ao utilizar tamanho de mancha para medir fragmentação *per se*, uma vez que, geralmente paisagens com uma área total maior de *habitat* apresentará manchas maiores, e ao se ignorar essa relação de quantidade de *habitat* com tamanho de mancha poderá levar a interpretações incorretas (Fahrig, 2003).

Isolamento de manchas é considerado como uma métrica de configuração de *habitat*, contudo, de acordo com Fahrig (2003), essa é uma métrica mais coerente para indicar a falta

de *habitat* no entorno da mancha analisada. Isso é bastante intuitivo: quanto mais isolada uma mancha menos *habitat* há em sua volta. Assim sendo, quando a escala é a paisagem, isolamento pode ser considerado como uma medida de quantidade de *habitat* na paisagem, e não da sua configuração somente.

Tendo em vista que estamos discutindo fragmentação na esfera da biodiversidade, os diferentes padrões e efeitos da fragmentação só deveriam ser relevantes quanto as suas implicações e conseqüências sobre a biodiversidade. Existindo diferenças nos efeitos da fragmentação sobre a biodiversidade (devido a diferentes padrões de *habitat* causado pela fragmentação), a discussão sobre conceitos de fragmentação e perda de *habitat* deveria ser guiada a luz de diferenças das conseqüências e intensidades de impacto dos efeitos da fragmentação sobre a biodiversidade (Fahrig, 2003).

Na maioria das vezes, no mundo real, os processos citados ocorrem de forma simultânea, transformando conjuntamente a paisagem e comprometendo persistência das espécies (Saunders et al., 1991; Jaeger, 2000).

2.1.4 O que é biodiversidade?

A vida na Terra é diversa em vários níveis, começando com genes e estendendo-se para a riqueza e a complexidade de espécies, formas de vida, e os papéis funcionais, organizado em padrões espaciais de comunidades biológicas para os ecossistemas, regiões, e mais além. O estudo da biodiversidade abrange a descoberta, a descrição e análise dos elementos que estão na base destes padrões, bem como os próprios padrões. (Colwell, 2009).

Biodiversidade está distribuída heterogeneamente ao longo da Terra. Determinar porque essas diferenças ocorrem tem sido o objetivo central de ecólogos e biogeógrafos. Constitui um contínuo, importante, e muitas vezes envolvente, desafio. Nas últimas décadas temos visto uma verdadeira explosão de estudos sobre padrões globais de biodiversidade buscando explicar a biodiversidade e explorar suas implicações (Gaston, 2010).

O reconhecimento da importância da biodiversidade na manutenção na vida humana promoveu a criação da Convenção sobre a Diversidade Biológica (CBD) em 1992, um tratado global, que teve o Brasil como o primeiro país a assiná-lo (Ministério do Meio Ambiente, 2011). Mais recentemente o CDB (2010) reforça as preocupações com os crescentes impactos sobre a biodiversidade, e inércia na redução da perda de espécies e comprometimento dos recursos naturais (Secretariat of the Convention on Biological Diversity, 2010).

O conceito de diversidade biológica tem sido usado desde o século 19, entretanto somente em 1988 que o termo “biodiversidade” foi primeiramente utilizado por E. O. Wilson (Colwell, 2009).

Biodiversidade tem sido intensamente utilizada pela comunidade científica nas últimas décadas. Sendo quase impossível discutir degradação ambiental ou conservação da natureza sem mencionar biodiversidade. Apesar ou devido a isso, biodiversidade adquiriu um significado muito geral, que ironicamente, torna mais difícil de usá-la de forma eficiente para ações de conservação (Sarkar; Margules, 2002).

Buscando conceituar biodiversidade vamos encontrar muitas definições, que incluem termos que vão de moléculas aos ecossistemas, alelos aos reinos, todas as classes taxonômicas e seus membros e também todas as interações e processos desses níveis; mas em essência e superficialmente podemos chamá-la como a variedade da vida (Sarkar; Margules, 2002). A biodiversidade engloba a variedade da vida, em todos os níveis de organização, classificadas tanto por critérios evolutivos (filogenéticos) e ecológicos (funcionais) (Colwell, 2009).

Para biologia da conservação o termo biodiversidade é mais frequentemente aplicada no nível de espécie. A riqueza de espécies nada mais é que o número de espécies de um determinado taxon. Essa riqueza é quantificada por dados retirados de uma comunidade, ecossistema ou *habitat*, porém nem sempre essas informações estão disponíveis nestas escalas sendo que, em muitos casos, unidades políticas são utilizadas como base de declarações sobre a riqueza de espécies (Colwell, 2009).

Contudo esta definição generalizada faz da biodiversidade um termo vago e sua medição inconstante (Sarkar; Margules, 2002). O que é lamentável levando em conta seu papel na ecologia moderna e biologia da conservação. Na verdade, o termo biodiversidade e a biologia da conservação vêm crescendo paralelamente no decorrer dos anos, tornando impossível de se discutir uma sem a inclusão da outra. Ainda que os problemas conceituais do termo sejam bem conhecidos quase nada tem sido feito (Sarkar; Margules, 2002).

Esta amplitude e até inconsistência de definições, que torna o termo biodiversidade nebulosa afeta a aplicabilidade deste fazendo todo o processo prático como políticas públicas, proteção da biodiversidade, ordenamento do território e estratégias de gestão muito mais complexa e trabalhosa (Sarkar; Margules, 2002).

Pode ser intimidante trabalhar com um termo que se refere a todas as entidades biológicas, uma vez que é algo que parece impossível operacionalizar. Mas para fins de conservação precisamos de um alvo bem definido, uma intenção prévia, um objetivo, os quais não sejam triviais. Frente a tal complexidade, convenções surgem com o objetivo de

simplificar e permitir a sua operacionalização. Como regra geral, podemos trabalhar com genes, espécies e ecossistemas (Sarkar; Margules, 2002).

Depois de chegar à conclusão de que, em exceção a um conceito amplo, uma definição precisa provavelmente jamais será alcançada, muito menos uma classificação única e ideal. No entanto, Sarkar e Margules (2002) explicam que a precisão não é realmente necessária quando se trata de planejamento e conservação, considerando a conotação de variação intrínseca da biodiversidade é possível formular uma definição que seja aplicável e significativa.

2.1.5 Porque utilizar variáveis como substitutos para biodiversidade?

Mesmo com um objetivo bem marcado, um local de interesse, e uma definição de biodiversidade estabelecida, ainda será impossível medir toda biodiversidade (Margules; Pressey; Willians, 2002). Sendo assim, vamos sentir a necessidade de utilizar indicadores de biodiversidade.

Daqui em diante o conceito substituto de biodiversidade - "indicadores" de biodiversidade - será útil. O substituto deverá funcionar como representante de uma variável específica. Existem dois tipos de substitutos:

- a. os substitutos diretos (verdadeiro): representam a biodiversidade;
- b. substitutos indiretos (estimadores de substitutos): representam um substituto verdadeiro (Sarkar; Margules, 2002).

Normalmente riqueza (número de espécies) é o substituto mais comum para a diversidade de espécies, mas em muitos casos esta medida não é eficiente. O termo carrega uma conotação de "diferença" e "variação", algo muito mais qualitativo, que riqueza não abraça. Como Sarkar e Margules (2002) perceberam tudo isso é insolúvel sem invocar considerações pragmáticas.

Considerando que uma solução não-convencional para o problema do substituto verdadeiro não exista, não há nenhuma medida perfeita para a biodiversidade. Apesar disso, esta falta de medida ideal não deve ser considerada um grande problema na busca da conservação da biodiversidade. O que é necessário é o conceito relativo de biodiversidade. No entanto, isto não denota a arbitrariedade, apenas dá suporte para as escolhas feitas (Sarkar; Margules, 2002).

Como a biodiversidade é o foco principal do planejamento ambiental, e na maioria das vezes o processo do planejamento é realizado repetidamente e deve ser obtido de forma

rápida, o uso de variáveis indiretas são importantes (Garson; Aggarwal; Sarkar, 2002). Infelizmente, a maioria das vezes o acesso a essas variáveis em campo é pouco prático, caro e demorado (Garson; Aggarwal; Sarkar, 2002).

Como não é econômico nem sociopoliticamente viável proteger todos os lugares restantes que mantêm biodiversidade, a tarefa de conservação da biodiversidade requer que estes locais sejam priorizados para a execução de ações conservacionistas (Sarkar e Margules, 2002). A priorização é geralmente baseada em um índice de biodiversidade por local. Esta avaliação da biodiversidade é problemática, começando com o consenso geral sobre o significado de "biodiversidade" como a variedade de vida (Garson, Aggarwal e Sarkar, 2002).

O primeiro passo quando se discute a criação de áreas protegidas é a medição e o mapeamento da biodiversidade. Como já discutido, a medição da biodiversidade não é uma tarefa fácil, ocasionando várias dificuldades sem fases ainda muito precoces. O conceito de biodiversidade já é extremamente difícil de ser definido; a procura por medidas para representar toda a biodiversidade é ainda mais complexa. Neste caso, vamos trabalhar a biodiversidade como uma ferramenta para a conservação; portanto, devemos buscar uma medida que enquadra esta meta tão bem quanto possível, levando em conta todas as limitações do conhecimento e as complexidades da biodiversidade (Sarkar e Margules, 2002).

Outro ponto de consideração quando se trata de biodiversidade é que nenhuma ordenação (classificação) é ideal ao ponto que todas as classes construídas sejam tão bem definidas que permitam que todas as entidades biológicas caibam perfeitamente nelas; além do fato de que em cada tipo de classe abrange um diferente tipo de diversidade (Sarkar e Margules, 2002).

Para Sarkar e Margules (2002), nestas circunstâncias, a biodiversidade deve ser considerada num contexto de comparação. Com base em um conjunto de locais específicos, uma lista de características pode ser considerada como representante de biodiversidade. Características quaisquer que possam trazer significado para o termo biodiversidade, por exemplo, espécies, sexo, tipo de *habitat*, variáveis ambientais, etc.

A este respeito, um aspecto importante é a separação entre diversidade e integridade biológica. Integridade diz à persistência de processos ecológicos, o que obviamente está ligado em algum nível com a conservação da biodiversidade. Esta ligação pode ser associada à relação complexidade-estabilidade implicando na relação biodiversidade-integridade com base na ideia de que uma vez difundida a complexidade leva a estabilidade que, por sua vez, leva à integridade (MacArthur, 1955, McCann, 2000; e Margules e Sarkar, 2002).

Quaisquer processos de priorização da biodiversidade têm como difícil decisão quais as áreas a serem incluídas e quais recursos a serem utilizados para descrever essas áreas. Para alcançar com sucesso essas questões, devemos ter uma descrição precisa da meta de conservação, como já levantado anteriormente. A questão do recurso inevitavelmente será restringida pela qualidade e quantidade dos dados existentes, os recursos disponíveis, a avaliação e análise desses dados. Ainda temos o problema da escala da área selecionada, no qual podemos ter como direcionamento todo o globo, regiões do globo, nações, regiões ou biomas espalhados em todas nações, partes de países, estados, regiões e assim por diante (Williams, Margules and Hilbert, 2002).

Temos que aceitar que para o processo de conservação da biodiversidade não haverá um julgamento quantitativo, mas um sentimento que nós alcançamos o objetivo definido. Uma vez isto alcançado, a utilização de um conceito relativo da biodiversidade é mais confortável, desde que seja operacional e com uma precisão suficiente para priorizar lugares.

2.1.6 O ambiente e a paisagem como indicadores de biodiversidade

Tanto o esforço para se registrar atributos no campo (levantamento de espécies); como a compilação de dados pré-existentes e todos os procedimentos necessários para avaliar e diminuir seu viés, são processos extremamente demorados e muito trabalhosos. Além dos custos e planejamento que levantamentos de campo exigem; a obtenção de dados de coleções nem sempre é de pronto acesso. A custódia dos dados está sob inúmeras restrições de acesso podendo ainda haver cobrança pelo uso do dado (Williams et al., 2002).

Já dados ambientais são amplamente mais disponíveis e acessíveis, além de geralmente possuírem um formato mais consistente; e podem isoladamente ser utilizados como substitutos para biodiversidade. Mapas, por exemplo, são um jeito popular e eficiente de resumir e informar dados (Williams et al., 2002).

A relação de padrões ambientais com a composição e distribuição de espécies é debate estabelecido para ecologia e suas disciplinas (Buckley; Jetz, 2008). O estudo dessa relação para os trópicos possui importância acentuada tendo em vista a relevância dessa região para a conservação da biodiversidade global e a ausência de padrões gerais que sejam bem estabelecidos e estáveis (Rahbek; Graves, 2001).

Tipo de solo (Pomara et al., 2012), topografia, altitude (Lomolino, 2001; Goerck, 1999), temperatura (Currie et al., 2004), heterogeneidade de *habitats* (Rahbek; Graves, 2001)

são algumas das variáveis que já demonstraram influenciar a distribuição espacial de biomassa, e mais especificamente de riqueza e composição de espécies.

Neste cenário, pode ser discutida também a importância da ecologia da paisagem que vem estudar questões da ecologia de populações à ecologia de ecossistemas, entretanto, com uma perspectiva espacial (Metzger, 2001), baseando-se não apenas nas dimensões biológicas e físicas de um ambiente, mas também nos aspectos históricos, culturais e sócio-econômicos. Essa visão holística da paisagem, analisando em dimensão temporal e espacial as interações entre unidades naturais e culturais posiciona a ecologia da paisagem na perspectiva certa para sugerir soluções de ordem prática aos problemas ambientais (Metzger, 2001).

A estrutura da paisagem influencia a ocorrência de espécies e consequentemente a conservação da biodiversidade (Lindenmayer, 2008). Neste sentido, pode ser utilizada como indicador de biodiversidade, desenvolvendo papel no planejamento ambiental e na priorização de áreas para conservação (Lindenmayer, 2008). A utilização de parâmetros da estrutura da paisagem, como distribuição espacial de fragmentos, efeito de borda, conectividade, grau de isolamento em conjunto com informações de diversidade biológica, áreas protegidas e indicadores sociais são essenciais para um bom planejamento para a conservação (Ribeiro, 2010). Para a análise da estrutura da paisagem são utilizadas métricas que avaliam a composição e configuração de elementos da paisagem (Anhaia et al., 2012).

Uma porção considerada da variação de riqueza de espécies pode ser explicada estatisticamente por algumas poucas variáveis ambientais. Porém ainda estamos longe de uma teoria de previsão de riqueza de espécies. É a necessidade de identificar as eventualidade nos padrões de biodiversidade e saber o peso da sua significância que é o desafio real. Porém não somente o padrão atual dessas variáveis que são importantes, mas também a sua dinâmica histórica. Devemos lembrar que nenhum padrão está salvo de variações e exceções (Gaston, 2010).

Assim sendo, indicadores ambientais e de paisagem podem ser utilizados por pesquisadores ou tomadores de decisão no estabelecimento de estratégias de conservação ou restauração de paisagens fragmentadas, além de indicar quais estratégias podem aumentar o valor desses locais, como no caso do aumento da conectividade (Banks-leite et al., 2011).

2.1.7 Requisitos e fontes de dados

Claro que a aquisição de novos dados sempre é desejável, mas nem sempre factíveis sendo o tempo e custo fatores limitantes; assim dados pré-existentes são amplamente

utilizados. Para a identificação de áreas prioritárias para conservação da biodiversidade a compilação de dados de distribuição e abundância dos fatores foco da conservação (os *substitutos* da biodiversidade) é um dos primeiros e principais processos a serem executados. Esses dados ou características são utilizados para distinguir e individualizar cada área (Williams et al., 2002).

Substitutos de biodiversidade podem ser espécies, vegetação, tipo de *habitat*, domínios ambientais, ou a combinação desses e suas informações podem ser adquiridas por meio da compilação de dados pré-existentes ou da coleta de novos dados (Williams et al., 2002). Felizmente, muitas dessas informações estão digitalmente disponíveis e podem ser encontradas inclusive na Internet (Groves et al., 2002).

Todos esses são substitutos no sentido que representam a biodiversidade. Em escalas mais finas amostragem de táxons é mais viável, porém em escalas amplas, substitutos remotos como tipo de vegetação, diversidade ambiental, ou alguma combinação entre variável biótica e ambiental é a solução mais prática (Margules; Pressey, 2000; Nix *et al.*, 2001; Mickleburgh et al., 1992).

Após esse processo de seleção e levantamento de dados deve-se desenvolver procedimentos para a utilização adequada dessas informações, de modo à criticamente avaliar o viés neles embutidos, o que dirá muito a respeito da eficácia desse substituto de biodiversidade na priorização de áreas (Williams et al., 2002).

Dados de geralmente são resultados de compilações de diferentes pesquisas e levantamentos de campo, sendo que os detalhes dos métodos de amostragem muitas vezes são irrecuperáveis e cada um possui seu próprio viés. Além disso, registros de campo são muitas vezes adquiridos de lugares onde o pesquisador esperada encontrar o organismo que ele estava procurando, ou ainda por coleta oportunística (Williams et al., 2002). Este método não é de todo problema dependendo do objetivo da pesquisa, porém para a priorização de áreas esse tipo de coleta é altamente prejudicial, tendo em vista que priorizar áreas para conservação utilizando o conceito complementaridade depende da comparação entre áreas o viés espacial é significativa (Margules *et al.*, 2002).

Diante das freqüentes tomadas de decisões fazem-se necessária a utilização de todo dado existente; contudo, o reconhecimento das suas limitações e o estabelecimento dos requerimentos básicos e ideais para tais dados pode situar o caminho para se seguir e ajudar na utilização dos dados existentes na melhor forma possível (Williams et al., 2002).

Tratamento para entender a acurácia dos dados é um processo essencial, porém demorado, trabalhoso e tedioso. Erros podem ter várias origens e formas. Um dos problemas

mais comuns em dados pré-existent são erros de identificação. Entre os erros de identificação: espécies ou áreas podem ser erroneamente identificadas; o mesmo nome pode ser compartilhado por mais de uma região; espécies diferentes ou os nomes podem ser mudados ao longo do tempo; entre outros. Esses erros podem ser minimizados checando-os com listagem de espécies e implementando rotinas de detecção de outliers (Williams et al., 2002).

De acordo com Rich (1997), o esforço de levantamento de campo varia entre diferentes coleções e é a maior fonte de viés. A relação entre o número de espécies registradas e o esforço amostral, a curva de acumulação de espécies, geralmente aumenta rápido no começo e diminui progressivamente, porém esses novos registros muitas vezes são de espécies raras (Magurran, 1988; Colwell; Coddington, 1994).

Registros de campo de expedições são fotos instantâneas do tempo e no espaço; porém as espécies e populações não são estáticas, e a área de vida pode mudar continuamente assim como sua detectabilidade pode mudar sazonalmente. Logo, toda levantamento deve ser avaliado relativamente ao esforço amostral. Idealmente, o esforço amostral deveria ser uniforme para que a variação nos registros não um artifício resultante da amostragem (Williams et al., 2002).

A uniformidade do esforço amostral quase nunca é possível, sendo que na prática, as fontes de variação não podem ser controladas de forma completa nas amostragens. Neste sentido, correções e ajustes são sempre desejáveis com dados já existentes (Williams et al., 2002).

Grades regulares padronizadas tornam a comparação entre dados mais significativa e menos sujeita a influência de barreiras políticas. As análises podem ser repetidas progressivamente em escalas espaciais mais finas; assim áreas podem ser analisadas em escalas mais amplas, usando áreas administrativas sem o objetivo de identificar locais específicos para conservação. Uma vez que uma região tenha sido identificada, análises geograficamente mais restrita, com alta resolução podem ser conduzidas para auxiliar um planejamento realista e detalhado (Williams et al., 2002).

2.1.8 Parte Histórica - caso Biota/FAPESP

Diante da contínua degradação ambiental, o estudo e a conservação desses biomas tornaram-se essenciais. Com isso, vários projetos de pesquisa tomaram foco em assuntos relacionados à biodiversidade e sua conservação. Entretanto, na maioria dos casos, as

informações geradas encontravam-se fragmentadas e dispersas em trabalhos e publicações muitas vezes de difícil acesso, dificultando o trabalho de pesquisadores e tomadores de decisão (Joly; Speglich, 2003). Neste cenário, a Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), uma das principais agências brasileiras de financiamento à pesquisa científica e tecnológica, criou o programa Biota-SP (Joly; Speglich, 2003), uma das maiores iniciativas desenvolvidas no Brasil no estudo e conservação da biodiversidade (Metzger; Casatti, 2006).

O programa Biota-SP teve a iniciativa de desenvolver um sistema de informação ambiental de amplo acesso do Estado de São Paulo, além disso, estava dentre os seus objetivos não apenas aumentar o conhecimento e mapear a diversidade biológica, como também elaborar estratégias para utilização sustentável desse patrimônio, e balizar políticas de conservação da biodiversidade no Estado de São Paulo (Rodrigues, 2008; Joly; Speglich, 2003).

Neste sentido, após mais de uma década do programa Biota-FAPESP, grandes avanços foram alcançados. Houve o desenvolvimento de uma ficha padrão de coleta e um modelo de lista de espécies, que foram essenciais para a construção do Sistema de Informação Ambiental (SinBiota), que mantém um banco de dados padronizado com todas as informações geradas pelo Biota; além do Atlas Biota-FAPESP, uma mapa digital do Estado de São Paulo que possui várias informações detalhadas, o qual permite, por meio das coordenadas geográficas, conectar o banco de dados com o mapa digital (Rodrigues, 2008; Joly; Speglich, 2003).

Assim sendo, é nítido o grande esforço empenhado e a importância da criação de um banco de dados de fácil acesso, com informações de biodiversidade padronizadas, permitindo comparações e diversas análises que possibilitem gerar subsídios que balizem e auxiliem tomadas de ações e políticas públicas para a conservação e manutenção da biodiversidade à curto e longo prazo no Estado de São Paulo.

Contudo, apesar do esforço em criar uma ficha padrão e diretrizes de coleta, como o programa inclui diversos táxons e pesquisadores, com perguntas diferentes, a amostragem não foi padronizada, sendo que as coletas muitas vezes tinham como foco uma única espécie ou uma área específica, o que compromete o banco de dados gerado.

Todos os conjuntos de dados biológicos são amostras do espaço geográfico do qual foram retirados e inevitavelmente tem algum grau de viés incorporado. Porém nem sempre a relação entre amostra e a realidade é verdadeira, e para priorização de áreas para conservação, planejamento ambiental e tomada de decisão essa relação é essencial e a informação resultando cara de se obter (Williams et al., 2002).

Muitas vezes registros são obtidos de forma oportunística. O grupo ou espécie registrado é foco de interesse do coletor/pesquisados e os locais de coleta não são aleatórios e sim lugares convenientes e acessíveis onde já se espera encontrar esses indivíduos específicos. Além disso, normalmente os registros feitos são dos locais onde o indivíduo foi encontrado e quase nunca há registros dos locais onde o mesmo foi procurado, porém não encontrado (Margules; Austin, 1994).

Após mais de uma década do início do programa começam a surgir propostas de possíveis caminhos a serem seguidos no futuro. Essas novas propostas vem de forma a direcionar a utilização dos dados do BIOTA na prática da conservação da biodiversidade (Metzger; Casatti, 2006). É sugerido o desenvolvimento de projetos com ações aplicadas, que aliem pesquisa e ação, como no caso da restauração ecológica, em adição aos projetos que procuram viabilizar a conservação (Metzger; Casatti, 2006).

Esforços durante duas décadas geraram um banco de dados para 8 táxons (aves, mamíferos, fanerógamas, criptógamas, peixes etc), o qual em 2008 apresentava mais de 200 mil registros de ocorrência de espécies. Entretanto, apenas o grupo de anfíbios (Becker et al.; 2010) explorou com maior profundidade as informações, sendo os demais táxons, e mesmo o componente paisagem explorados muito superficialmente em escala estadual.

Este trabalho de dissertação busca a utilização desses dados para a produção de soluções aos problemas ambientais, um caminho de grande importância nos estudos da biodiversidade, algo com sua relevância já discutida por Metzger; Casatti (2006).

Por meio das análises de métricas da paisagem, espera-se avaliar como a ocorrência de táxon aves está correlacionada com a estrutura da paisagem, na busca por explicar os padrões de biodiversidade que já foram observados em escalas regionais, mas não em escalas maiores. Neste ponto, também deve ser considerado o desenvolvimento de indicadores da paisagem e indicadores ambientais, aliando ciência com prática.

Segundo Garson, Aggarwal e Sarkar (2002), alguns problemas centrais que devem ser avaliados na temática de priorização de áreas: (1) o lugar priorizado; (2) os indicadores; e (3) a viabilidade. O problema de indicadores (surrogates) consiste em escolher e estabelecer um conjunto de estimadores de biodiversidade que pode ser avaliado em campo rapidamente e com precisão e confiável para a priorização de áreas. Este trabalho tem foco na segunda questão abordando o problema de indicadores.

Capítulo 1. Variáveis ambientais e métricas paisagem como substitutos de biodiversidade: efeito de escala e bioregião sobre padrões de riqueza de espécies

3 HIPÓTESES E OBJETIVOS ESPECÍFICOS

A hipótese geral do trabalho é que fatores ambientais são bons substitutos para a biodiversidade, nesse sentido, é possível inferir a biodiversidade a partir de métricas da paisagem e variáveis abióticas.

Para verificar essa hipótese geral, os objectivos específicos foram estabelecidos:

- a. Avaliar a relação entre a biodiversidade com as variáveis ambientais
- b. Avaliar se há diferenças na relação entre variáveis ambientais e da biodiversidade para escalas diferentes
- c. Avaliar o poder explicativo das variáveis ambientais ea sua interacção com a biodiversidade, utilizando análise de sensibilidade e seleção do modelo por várias hipóteses concorrentes, com base na informação de Akaike (AIC) e.
- d. Avaliar se há diferenças na relação entre variáveis ambientais e da biodiversidade para diferentes regiões do Estado de São Paulo.

4 MÉTODOS

4.1 Área de Estudo

O Estado de São Paulo está localizado na região Sudeste do Brasil, entre as regiões tropical e subtropical, possui uma área total de 248.808,8 km² dividido em 645 municípios (Rodrigues et al., 2008), e abriga cerca de 22% da população brasileira (IBGE, 2010). Ele é considerado como o estado mais industrializado do país (São Paulo, 2007), em consequência disso, apresenta altos índices de degradação ambiental. Esse alto índice de degradação ambiental é decorrente do processo de desenvolvimento econômico, associado, especialmente, ao avanço da agropecuária. Atualmente restam apenas cerca de 14% da cobertura vegetal original, sendo que, apenas 25% desses remanescentes encontram-se protegidos por Unidades de Conservação (Rodrigues et al., 2008).

O seu relevo e sua posição geográfica lhe proporcionou uma enorme riqueza biológica, contidas dentro dos Biomas Mata Atlântica, Cerrado e seu ecótono (Rodrigues et al., 2008).

O Brasil é o país com a maior diversidade de espécies no mundo, abrigando entre 15-20% do número total de espécies do planeta em seis biomas, dois deles reconhecidos como hotspots de biodiversidade - a Mata Atlântica e o Cerrado (Myers et al., 2000; Ministério do Meio Ambiente, 2011). De acordo com as listas oficiais de espécies brasileiras ameaçadas, em 2003 o Brasil possuía 395 espécies ameaçadas, sendo que mais de 50% dessas espécies era da Mata Atlântica (Ministério do Meio Ambiente, 2011).

A Mata Atlântica é a segunda maior floresta tropical do continente americano (Tabarelli et al., 2005) e o bioma terrestre mais alterado restando apenas cerca de 12% da cobertura vegetal original (Ribeiro et al. 2009; Joly; Speglich, 2003). Apesar de todos os impactos sofridos, abriga mais de 8000 espécies endêmicas de plantas vasculares, anfíbios, répteis, aves e mamíferos (Myers, 2000).

Além da perda de *habitat*, a exploração madeireira, a caça e a invasão por espécies exóticas ameaçam a Mata Atlântica (Tabarelli et al., 2005). Mais de Apesar do aumento das iniciativas conservacionistas nas últimas décadas, elas ainda são insuficientes para garantir a conservação da sua biodiversidade (Tabarelli et al., 2005).

O Cerrado brasileiro é a savana mais rica do mundo, com mais de 7000 espécies de flora e os maiores níveis de endemismo (Klink, 2005); e é o segundo maior bioma no Brasil, cobrindo cerca de 22% do território nacional, entretanto, também é o segundo bioma mais degradado devido a ocupação humana, superado somente pela Mata Atlântica (Ministério do

Meio Ambiente, 2011). Entretanto nas últimas décadas, mais da metade do Cerrado tem sido transformado em pastagens e produção de culturas agrícolas e apenas 2,2% dos fragmentos remanescentes encontram-se sob proteção legal (Klink, 2005). Uma vez que, a expansão agrícola é uma ameaça real e com expectativas de crescimento, a preocupação com sua conservação tem sido renovada, buscando, principalmente, o aumento de áreas sob proteção legal e a melhoria das práticas agrícolas (Klink, 2005).

Figura1 - Área de Estudo: Estado de São Paulo

4.2 Banco de dados

As informações biológicas utilizadas neste trabalho foram obtidas: (a) em grande parte pelos resultados do projeto Biota / FAPESP, (b) por meio do livro vermelho "fauna ameaçadas de extinção do Estado de São Paulo (vertebrados)", cedido pelo pesquisador Luis Fabio Silveira e (c) pela "Comissão de Registros Brasileira de Ornitologia (CBRO)". Em vários locais informações sobre a biodiversidade ainda são escassas e dispersas e inclusive má conhecida, porém este agrupamento de dados a partir de diferentes origens

pode trazer importantes informações, ainda que fragmentadas e isoladas, sobre os dados de biodiversidade.

Para este trabalho o indicador de biodiversidade escolhido foi o táxon aves por ser melhor representado no banco de dados e um dos grupos de organismos terrestres mais bem estudados (TEWS *et al.*, 2004). As variáveis incluídas na análise foram: grupos taxonômicos (espécie, gênero e família), classes de ameaça, endemismo e raridade.

Os registros do Biota e do livro vermelho foram agrupados e informações a respeito de níveis de ameaça, endemismo, taxonomia, assim como a verificação dos nomes científicos, foram realizadas com base no CBRO, livro vermelho e IUCN. Depois de uma pré-selecção de dados onde os dados cuja informação estava listada como “em dúvida” e a precisão das coordenadas não eram a localização real, como, por exemplo, pontos na estrada e municípios foram excluídos. Após essa limpeza somente 9.883 de 19.193 registros de aves foram utilizados.

4.3 Variável resposta

A forma mais comum de quantificar a biodiversidade é usar o número de espécies ou índice de diversidade (Pavione *et al.*, 2004). No entanto, eles são criticados porque também consideram todas as organizações comunitárias como iguais, ignorando as diferenças interespecíficas (Pavione *et al.*, 2004). Estas diferenças interferem sobre a diversidade de funções que cada uma das espécies desempenham nos processos ecológicos (Tilman, 2001), que, para o escopo da conservação são muito importantes. Assim, o desenvolvimento e a utilização de informações que consideram outras características dos organismos oferecem vantagem sobre as medidas tradicionais de diversidade (McGill *et al.*, 2006). Para nos ajudar a alcançar o nosso segundo objetivo nós vamos considerar a riqueza de espécies assim como outras variáveis biológicas como representação da biodiversidade que queremos proteger.

Tendo em mente a importância das funções e das características dos organismos para a conservação da biodiversidade, além da inclusão de categorias de taxonomia, para complementar a riqueza de espécie também foram calculadas as riquezas de níveis de ameaça e endemismo que trazem a nossa análise informações qualitativas.

Figura 2 - Registros do grupo de Aves no Estado de São Paulo

Tabela 1 - Legenda de variáveis biológicas

SIGLA	LEGENDA
HEXID	ID de Hexágonos
RIQ	Riqueza de Espécies
RIQFAMILIA	Riqueza de Família
RIQGENERO	Riqueza de Gênero
(RIQ)CAT	Riqueza de Espécies com algum grau de ameaçada
(RIQ)END	Riqueza de Espécies Endêmicas
RIQCATVU	Riqueza de Espécies classificadas como vulneráveis
RIQCATCR	Riqueza de Espécies classificadas como críticas
RIQCATNT	Riqueza de Espécies classificadas como quase ameaçado
RIQCATEN	Riqueza de Espécies classificadas como em perigo
RIQCATRE	Riqueza de Espécies classificadas como regionalmente extinto
RIQCATNAO	Riqueza de Espécies não ameaçadas

4.4 Variáveis Preditoras

Variáveis ambientais:

- a) Relevo: (1) Altitude, (2) Declividade, (3) Fluxo acumulado calculado pelo modelo terreno digital SRTM (Topodata/INPE, scale 1:50.000);
- b) Variáveis Climáticas: Temperatura média anual (bio 1), Variação diurna média (bio 2), Isotermalidade $(\text{BIO2/BIO7})(*100)$ (bio 3), Sazonalidade de temperatura (standard deviation $*100$) (bio 4), Temperatura máxima do mês mais quente (bio5), Temperatura mínima do Mês mais frio (bio 6), Variação de temperatura anual (BIO5-BIO6) (bio 7), Temperatura média no trimestre mais úmido (bio 8), Temperatura média no trimestre mais seco, Temperatura média no trimestre mais quente, Temperatura média no trimestre mais frio (bio 9), Precipitação anual (bio 12), Precipitação do mês mais úmido (bio 13), Precipitação do mês mais seco (bio 14), Sazonalidade da precipitação (bio 15), Precipitação no trimestre mais úmido (bio 16), Precipitação no trimestre mais seco (bio 17), Precipitação no trimestre mais quente (bio 18), Precipitação no trimestre mais frio (bio 19) da base de dados do Worldclim.

Distância de rodovias, hidrovias e unidades de conservação acabaram sendo primariamente trabalhadas com as variáveis ambientais, apesar de poderem ser consideradas como variáveis da paisagem, assim como as variáveis Declividade e Fluxo Acumulado.

Tabela 2 - legendas de variáveis ambientais

Sigla	Nome	Descrição
ALT	Altitude	Altitude (metros)
B01	Bio 01	Temperatura média anual
B02	Bio 02	Variação diurna média
B03	Bio 03	Isotermalidade (BIO2/BIO7) (* 100)
B04	Bio 04	Sazonalidade de temperatura(standard deviation *100)
B05	Bio 05	Temperatura máxima do mês mais quente
B06	Bio 06	Temperatura mínima do Mês mais frio
B07	Bio 07	Variação de temperatura anual(BIO5-BIO6)
B08	Bio 08	Temperatura média no trimestre mais úmido
B09	Bio 09	Temperatura média no trimestre mais seco
B10	Bio 10	Temperatura média no trimestre mais quente
B11	Bio 11	Temperatura média no trimestre mais frio
B12	Bio 12	Precipitação anual
B13	Bio 13	Precipitação do mês mais úmido
B14	Bio 14	Precipitação do mês mais seco
B15	Bio 15	Sazonalidade da precipitação
B16	Bio 16	Precipitação no trimestre mais úmido
B17	Bio 17	Precipitação no trimestre mais seco
B18	Bio 18	Precipitação no trimestre mais quente
B19	Bio 19	Precipitação no trimestre mais frio
FLWAC	Flow accumulated	Fluxo acumulado médio por hexágono
MDE	Modelo de elevação	Representação contínua da topografia do terreno
SLPD	Slope em Graus (0 a 9°)	Inclinação da superfície do terreno em relação a horizontal
SLPP	Slope em Porcentagem	Inclinação da superfície do terreno em relação a horizontal
RODO	Rodovias	Distância em metros de cada pixel dentro do hexágono até a rodovia mais próxima
HIDRO	Hidrografia	Distância em metros de cada pixel dentro do hexágono até corpo d'água mais próximo
UCS	Unidades de conservação	Distância em metros de cada pixel dentro do hexágono até a unidade de conservação mais próxima

Variáveis da paisagem:

a) Calculado pelo usuário: Identificador do Hexágono, Soma da área dos fragmentos, Área do maior fragmento, Número de Fragmentos, Área de não Mata, Área de Borda (50m), Área de Interior de Mata, Porcentagem da Borda, Porcentagem de Vegetação, Área da Borda/Área de Mata, Área de Mata (Borda + Interior), Área de Mata (AMATA)/Número de Fragmentos, Área total (SUM)/Número de Fragmentos, Distância mínima do fragmento fonte (>50ha), Distância máxima do fragmento fonte (>50ha), Variação da Distância do fragmento fonte (>50ha), Média das Distâncias do fragmento fonte (>50ha), Desvio Padrão das Distâncias do fragmento fonte (>50ha);

B) Calculado pelo pacht Analyst: Class Area, Total Landscape Area, Number of Patches, Mean Patch Size, Median Patch Size, Pacht Size coefficient of Variance, Pacht Size Standard Deviation Total Edge, Edge Density, Mean Pacht Edge, Mean Shape Index, Area Weighted Mean Shape Index, Mean Perimeter-Area Ratio, Mean Pacht Fractal Dimension.

As métricas foram calculados com o uso do software ArcGIS 10.1, software GRASS 6,4 e software R (scripts podem ser encontrados nos anexos). As variáveis ambientais climáticas e altitude foram recortadas e tiveram seus dados exportados e calculados para o tamanho de hexágono escolhido (a ser explicado nos próximos itens). As variáveis de fluxo acumulado foram calculados com auxílio da ferramenta Hydrology no arqToolbox Spatial Analyst. E as distâncias de rodovias, corpos d'água e unidades de conservação foram calculados a partir da geração de rasters de distância euclidiana.

Por falta de um mapa de uso e cobertura das terras completo para todo o Estado de São Paulo, o mapa utilizado nas análises foi baseado na união de dois mapas de classificação de vegetação: remanescentes de vegetação nativa no Estado de São Paulo de IF (2011) e Silveira et al. (2014) (em prep).

Figura 3 - Mapa central: Grid de hexágonos de 1 km por toda extensão do Estado de São Paulo.
 Legenda Variáveis preditoras: a. Fragmentos conectados (100m de busca); b. Bio04; c. Rodovias; d. Unidades de Conservação; e. Fragmentos fonte; f. Altitude; g. Hidrografia; h. Bio12.

Tabela 3 - Legendas métricas

Sigla	Legenda	Unidade	Descartadas
HEXID	Identificador do Hexágono	-	-
SUM	Soma da área dos fragmentos	ha	X
MAX	Área do maior fragmento	ha	
NFRAG	Número de Fragmentos	-	
ANAOMATA	Área de não Mata	m2	X
ABORDA	Área de Borda (50m)	m2	X
AINT	Área de Interior de Mata	m2	
PCTEDGE	Porcentagem da Borda	%	X
PCTVEG	Porcentagem de Vegetação	%	
EDGETAM	Área da Borda/Área de Mata	m2	
AMATA	Área de Mata (Borda + Interior)	m2	X
ADNFRAG	Área de Mata (AMATA)/Número de Fragmentos	m2	
ATNFRAG	Área total (SUM)/Número de Fragmentos	ha	
MINM50	Distância mínima do fragmento fonte (>50ha)	m	
MAXM50	Distância máxima do fragmento fonte (>50ha)	m	X
RANGEM50	Variação da Distância do fragmento fonte (>50ha)	m	X
MEANM50	Média das Distâncias do fragmento fonte (>50ha)	m	
STDM50	Desvio Padrão das Distâncias do fragmento fonte (>50ha)	m	X
CA	Class Area		
TLA	Total Landscape Area		X
NumP	Number of Patches		X
MPS	Mean Patch Size		
MedPS	Median Patch Size		X
PSCoV	Pacht Size coefficient of Variance		
PSSD	Pacht Size Standard Deviation		
TE	Total Edge		X
ED	Edge Density		X
MPE	Mean Pacht Edge		X
MSI	Mean Shape Index		
AWMSI	Area Weighted Mean Shape Index		
MPAR	Mean Perimeter-Area Ratio		X
MPFD	Mean Pacht Fractal Dimension		X

4.5 Unidade de Paisagem

Um grid hexagonal foi usado para dividir igualmente a área de estudo. Todas estas características foram calculadas para cada célula hexagonal. Com base no táxon de aves quatro tamanhos de hexágonos foram construídos: um raio de um quilómetro e buffers de dois, cinco e dez quilómetros baseados nos hexágonos de 1 quilómetro. Essas diferentes escalas

iram adicionar uma outra variável relevante para a nossa análise, a escala da resposta biológica e influência para os arredores.

Para tentar resolver o problema da distribuição e da agregação das aves registradas a área de estudo foi dividida em três regiões.

Figura 4 - Escalas nas quais as variáveis preditoras foram calculadas

4.6 Análises

4.6.1 Multicolinearidade entre variáveis preditoras (correlação)

Primeiramente para fazermos a seleção das variáveis não correlacionadas utilizou-se o software *r!* para a realização da análise de componentes principais (PCA) e da análise de correlação de pearson foi feita. Para a selecionar as variáveis também foi calculada o coeficiente de variação (CV) para todas as variáveis com auxílio do software SAM.

4.6.2 Poder explicativo das variáveis preditoras sobre a riqueza (regressão)

Primeiramente, como forma de análise exploratória dos dados modelos de regressão (LMs) foram construídos para relacionar os dados de presença biológicos com variáveis explicativas, com o objetivo de encontrar recursos com capacidade de previsão de padrões de distribuição espacial mais amplas

Após essa análise exploratória decidiu-se utilizar do método de modelos aditivos generalizados (GAM). Escolheu este método de análise, pois percebeu-se que muitas das possíveis relações não seriam lineares e o GAM produz uma curva alisada (smoothed) que permite descrever a forma dos dados e revelar possíveis não linearidades nas relações estudadas, uma vez que não apresenta a estrutura rígida de uma função paramétrica, como nos modelos lineares generalizados (GLMs) (Zuur et al, 2009).

4.6.3 Seleção de Variáveis preditoras (modelo – multivariada)

Finalmente uma técnica de seleção de modelos será aplicada para selecionar o melhor modelo. Para esta etapa serão utilizados critérios de informação de um Akaike (AIC).

Para a seleção dos modelos foi utilizado um corte de 7,5 para o dAIC e as variáveis abaixo desse corte foram ranqueadas pelo valor do peso (weight do AIC), do maior para o menor.

4.6.4 Comparação entre escalas e entre regiões

Para comparação entre escalas e regiões dois métodos foram escolhidos. O primeiro foi plotar em gráficos o valor de dAIC por escalas e para cada bioma diferentes podendo comparar de forma visual o resultado estatístico.

Para complementar também foi realizado uma análise de sensibilidade utilizando o pacote *Sensitivity* do R! Essa análise de sensibilidade escolhida chama SRC - regressão de coeficiente padronizado. Estes coeficientes são as estimativas resultantes de uma análise de regressão que normalizada para que as variâncias de variáveis dependentes e independentes seja igual a um. Assim esses coeficientes representam quantos desvios padrão de uma variável dependente vai mudar, por norma aumento desvio na variável preditora. Isso é feito para responder saber qual das variáveis preditoras têm um maior efeito sobre a variável dependente em uma análise de regressão múltipla, quando as variáveis são medidas em diferentes unidades de medida.

Figura 5 - Distribuição de frequência de registros no Estado de São Paulo como um todo e separadamente nas três regiões (biomas) estudadas

4.7 Multicolinearidade entre variáveis (correlação)

A multicolinearidade das variáveis biológicas assim como as variáveis preditoras foram calculadas para todo o Estado e também de forma separada para cada região (Bioma).

Das 11 variáveis biológicas foram selecionadas três para continuar nas fases seguintes: riqueza de espécies (RIQ), riqueza de espécies ameaçadas (CAT), e riqueza de espécies endêmicas (END) (Tabela 1).

De forma geral, riqueza de espécies, de família e de gênero apresentaram um índice de correlação superior a 0.7 então escolheu-se a variável riqueza de espécies já que essa variável possui uma carga de informação maior que as outras duas.

Todas as categorias de ameaça estavam correlacionadas acima de 0.5, e decidiu-se excluir as categorias específicas de ameaça, e manter a mais geral pelo menos motivo da escolha da variável anterior.

Endemismo estava correlacionada (>0.7) somente com riqueza de famílias e ela foi mantida na análise, pois acredita-se que ela complementa a informação das outras duas variáveis.

Os mesmo resultados foram encontrados quando analisou-se os dados para a região da Mata Atlântica no Litoral. Entretanto, tanto para Cerrado como para Mata Atlântica do Interior as variáveis encontravam-se altamente correlacionadas de uma forma geral, somente endemismo que se manteve não correlacionado com nenhuma outra variável. Apesar desse resultado, mas teve a escolha das três variáveis mencionadas acima, pois acredita-se que elas apresentam informações complementares, e também porque a variável endemismo possui em seu pool muitos zeros, o que pode comprometer algumas análises posteriores.

As variáveis biológicas foram calculadas somente para a escala de 1 km, neste caso o teste de correlação foi realizado somente para uma escala. Já a multicolinearidade das variáveis preditoras foram analisadas por bioma e por escala. Primeiramente foi analisado de forma separada a correlação entre as variáveis de paisagem e as ambientais.

Para as variáveis de paisagem, o processo foi um pouco diferente. As variáveis de paisagem foram geradas por dois meios diferentes: a) manualmente pelo usuário e b) por software específicos em análises de paisagem. Algumas das variáveis de cada um dos métodos representavam a mesma informação, assim, previamente a análise de correlação foi feita uma exclusão de variáveis repetidas. Essa exclusão foi feita com o critério de sempre dar preferência a variável calculada pelo usuário (Tabela 3). Para a segunda fase da seleção das

variáveis seguiram: Número de Fragmentos, Área de Interior de Mata, Porcentagem de Vegetação, Área da Borda/Área de Mata, Área de Mata (AMATA)/Número de Fragmentos, Área total (SUM)/Número de Fragmentos, Distância mínima do fragmento fonte (>50ha), Class Area, Mean Patch Size, Pacht Size coefficient of Variance, Pacht Size Standard Deviation, Mean Shape Index, Area Weighted Mean Shape Index.

Foi primeiramente gerada uma análise de PCA para estas 13 variáveis e a ordem de contribuição das mesmas no primeiro componente foi respeitada durante a análise de correlação, dando preferências das primeiras sobre as últimas. Após o PCA e o teste de correlação de pearson, para todas as escalas em todos os biomas as mesmas quatro variáveis foram escolhidas seguidamente: número de fragmentos, distância mínima do fragmento fonte (>50ha), Pacht Size coefficient of Variance e Area Weighted Mean Shape Index. Porcentagem de vegetação e Conectividade foram se alternando entre as escalas e biomas com contribuições concorrentes. Então ambas foram matidas.

As variáveis climáticas também passaram por um corte previamente a análise de correlação, uma vez que, quando elas foram calculadas gerou-se 12 diferentes estatísticas para cada uma (média, moda do valor mais alto, máximo, mediana, mínimo, moda do valor mais baixo, variância, desvio padrão, soma e variaty). Por fim decidiu-se manter somente as médias e excluir as demais. Também foi excluída a variável Slope em Graus e manteve-se Slope em porcentagem. Assim foi realizado para as 26 variáveis ambientais o mesmo processo que para as de paisagem. Primeiramente elas foram ranqueadas pelo primeiro componente do PCA e então feita a análise de correlação de pearson. Como também foram feitos testes de correlação por bioma e por escala no final as variáveis foram agrupadas em blocos de variáveis correlacionadas, e com ajuda do resultado do PCA e do coeficiente de variação calculado para cada uma, foram escolhidas oito variáveis ambientais: Altitude, Bio 04, Bio 12, Fluxo acumulado, Slope (%), Distância de Rodovias, Distância de corpos d'água e Distância de Unidades de Conservação.

Por fim, foi feita uma última análise de correlação com todas as variáveis preditoras escolhidas. Somente a variável Distância de Unidades de Conservação foi excluída por estar fortemente correlacionada (>90) com a variável de paisagem Distância de fragmento Fonte (Tabela 4).

Tabela 4 - Variáveis selecionadas. Variáveis preditoras e respostas não correlacionadas que serão utilizadas nas análises estatísticas.

Nome	Descrição	Tipo
RIQ	Riqueza de Espécies	Biológica
RIQCAT	Riqueza de Espécies ameaçadas	Biológica
RIQEND	Riqueza de Espécies endêmicas	Biológica
Altitude	Altitude (metros)	Ambiental
Bio 04	Sazonalidade de temperatura(standard deviation *100)	Ambiental
Bio 12	Precipitação anual	Ambiental
Flow accumulated	Fluxo acumulado médio por hexagono	Ambiental
Modelo de elevação	Representação contínua da topografia do terreno	Ambiental
Hidrografia	Distância em metros de cada pixel dentro do hexágono até corpo d'água mais próximo	Ambiental
Slope em Porcentagem	Inclinação da superfície do terreno em relação a horizontal	Ambiental
Rodovias	Distância em metros de cada pixel dentro do hexágono até a rodovia mais próxima	Ambiental
NFRAG	Número de Fragmentos	Paisagem
M50	distância mínima do fragmento fonte (>50ha)	Paisagem
PSCoV	Pacht Size coefficient of Variance	Paisagem
AWMSI	Area Weighted Mean Shape Index	Paisagem
PCTVEG	Porcentagem de vegetação	Paisagem
CONNECT	Conectividade	Paisagem

5 RESULTADOS

5.1 Análise de sensibilidade

5.1.1 Riqueza de espécies

A análise de sensibilidade também mostra claramente que a influência da variável preditora na variável resposta é diferente para cada região, e que, dependendo da variável preditora em questão, essa influência pode ser alterada pela escala também (Figura 6).

As preditoras com poder de influência diferente de zero para (a) Mata Atlântica do Litoral foram Altitude, Temperatura, Conectividade, número de fragmentos, distância de rodovias e slope; para (b) Mata Atlântica do Interior foram Altitude e temperatura; e (c) para Cerrado foram Slope e PSCoV.

Para região da M. A. Litoral as preditoras de Temperatura, conectividade e numero de fragmentos mantiveram o índice $\neq$ zero em todas as escalas; sendo conectividade relação positiva e temperatura e número de fragmentos negativa. Slope teve índice $\neq$ 0 para escalas de

2, 5 e 10 km com um sinal negativo, porém na escala de 10 km apresentou um índice mais distante de zero indicando maior influência. Altitude apresentou índice $\neq 0$ e positivo para escalas de 1, 2 e 10 km; distância de rodovias para escalas de 1, 2 e 5 km; e PSCoV para 2 km.

Para Cerrado SLOPE nas escala de 1, 2 e 5 km e PSCoV na de 10 km apresentaram influência negativa; Porcentagem de floresta apresentou relação positiva em todas as escalas. Para região M. A. Interior temperatura e altitude tiveram índice $\neq 0$ em todas as escalas com relação negativa; a variável de precipitação apresentou relação positiva para escalas de 2 e 5 km; e AWMSI também relação positiva para escalas de 5 e 10 km.

Figura 6 – Resultado da Análise de sensibilidade para riqueza de espécies de aves no Estado de São Paulo.

5.1.2 Riqueza de espécies Ameaçadas

Para riqueza de espécies ameaçadas as variáveis que apresentaram influência foram porcentagem de floresta, Slope e PSCov (Figura 7).

Na região da M. A. Litoral porcentagem de florestal teve relação positiva para as escalas mais grosseiras (5 e 10 km).

Para região do Cerrado porcentagem de floresta apresentou relação positiva para escala de 1 km. Slope apresentou uma relação negativa para escalas mais finas (1, 2 e 5 km). PSCoV apresentou uma relação negativa para escala de 10 km.

Figura 7 - Resultado da Análise de sensibilidade para riqueza de espécies de aves ameaçadas no Estado de São Paulo.

5.1.3 Riqueza de espécies Endêmicas

A análise de sensibilidade para riqueza de espécies endêmicas foi realizada apenas para a região da M. T. Litoral devido ao número de registros ser insuficiente para as demais regiões (Figura 8).

Para riqueza de espécies endêmicas as preditoras que apresentaram alguma influência foram Porcentagem de floresta, Altitude, precipitação, temperatura e distância de rodovias.

Porcentagem de florestal teve relação positiva e Precipitação teve uma relação negativa somente para escala de 10 km. Altitude teve relação positiva para as escalas de 1 e 10 km. Temperatura teve uma relação positiva somente para a escala de 1 km. Distância de rodovias apresentou uma relação positiva para todas as escalas analisadas.

Figura 8 - Resultado da Análise de sensibilidade para riqueza de espécies de aves endêmicas no Estado de São Paulo.

5.2 Seleção de Variáveis preditoras (modelo)

5.2.1 Riqueza de espécies

Para o Estado de São Paulo todas as variáveis preditoras explicaram a riqueza melhor que o modelo aleatório. Altitude apareceu como melhor modelo para escalas mais finas (100%) e Temperatura para as mais grosseiras (100%) (Tabela 5).

Quando concorremos os modelos por biomas um maior número de variáveis passam a ter poder explicativo (Tabela 8). Junto com Altitude e Temperatura as variáveis PSCov, AWMSI, Slope, Precipitação e Road apresentam-se como os modelos com maior poder explicativo.

Para Mata Atlântica região do Litoral, Altitude e Temperatura são as variáveis mais explicativas, apresentando o mesmo padrão do observado para o Estado como um todo.

Para Mata Atlântica região do Interior Temperatura aparece em todas as escalas com alto poder explicativo, sendo o único modelo (com 100% de explicação) para quase todas as escalas; para 5 km somente que divide o poder explicativo e perde a primeira colocação para

o modelo de distância de estradas (68%), mas apresenta 32% de explicação na segunda colocação.

Para Cerrado as variáveis PSCoV AWMSI, Slope e Precipitação são os modelos com as melhores colocações. PSCoV e AWMSI dividem os maiores poderes explicativos, sendo que PSCoV aparece em quase as escalas como primeiro modelo (81-99%), excetuando para 2 km onde AWMSI com 81% é o modelo mais explicativo. Slope (2 km - 8% e 5 km - 3%) e Precipitação (2 km - 3%) dividem colocação de segundo e terceiro melhores modelos para escalas intermediárias, porém com poder explicativo menor que 10%.

Tabela 5 - Resultado da seleção de modelos (Akaike) para riqueza de espécies de aves para o Estado de São Paulo.

	AICc	dAICc	df	weight
1 KM				
ALT	5655.2	0.0	3	1
ALEAT	6547.8	892.5	2	<0.001
2 KM				
ALT	5744.5	0.0	3	1
ALEAT	6609.5	865.0	2	<0.001
5 KM				
B4	4922.9	0.0	3	1
ALEAT	5588.9	666.0	2	<0.001
10 KM				
B4	4818.0	0.0	3	1
ALEAT	5588.9	770.9	2	<0.001

5.2.2 Endêmicas

Para o Estado de São Paulo todas as variáveis preditoras também explicaram a riqueza de espécies endêmicas melhor que o modelo aleatório. Nesse caso Temperatura foi a única variável com $dAIC < 7$, representando um poder explicativo de 100% para todas as escalas (Tabela 6).

Quando concorremos os modelos por biomas para Mata Atlântica região do Litoral o mesmo padrão é observado, porém para Cerrado mais de 10 variáveis apresentam um $dAIC < 7$ em cada escala e dividem o poder explicativo quase que igualmente sendo que nenhuma variável apresentou um peso > 10 . Precipitação foi o melhor modelo para 1, 2 e 5 km (9.1 - 10%), e Fluxo acumulado para 10 km (10%). As demais variáveis NP, Temperatura, Slope,

Conectividade, PSCoV, AWMSI, distância de corpos d'água, distância de estradas, porcentagem de floresta e altitude com pesos de 7.8 – 9.8% dividem o resto da explicação (Tabela 9).

Tabela 6 - Resultado da seleção de modelos (Akaike) para riqueza de espécies de aves endêmicas para o Estado de São Paulo.

	AICc	dAICc	df	weight
1 KM				
B4	68.1	0.0	4	1
ALEAT	139.6	71.5	2	<0.001
2 KM				
B4	69.5	0.0	4	1
ALEAT	139.6	70.1	2	<0.001
5 KM				
B4	38.3	0.0	4	1
ALEAT	139.6	101.3	2	<0.001
10 KM				
B4	36.5	0.0	4	1
ALEAT	139.6	103.2	2	<0.001

5.2.3 Ameaçadas

Para o Estado de São Paulo todas as variáveis preditoras também explicaram a riqueza de espécies ameaçadas melhor que o modelo aleatório. PSCoV e NFRAG ganham destaque como melhores modelos explicativos (Tabela 7). PSCoV é o melhor modelo para 1 km (99%), 2 km (55%) e 5 km (35%) e NFRAG para 10 km (100%). Para escala de 2 km NFRAG vem como segundo modelo com 45 % disputando com PSCoV. Já para 5 km 12 variáveis além da PSCoV apresentaram $dAICc < 7$. PSCoV (35%), Precipitação (27%), Distância de corpos d'água (16%), Slope (6%) e NFRAG (4%) somam 88 % da explicação. Porcentagem de floresta, temperatura, distância de estradas, altitude, conectividade, fluxo acumulado, AWMSI representam juntos os demais 12%.

Quando concorremos os modelos por biomas além de NFRAG e PSCoV; Slope, Distância de corpos d'água e Temperatura também aparecem na colocação de melhor modelo dependendo da região e da escala (Tabela 10).

Para Mata Atlântica região do Litoral NFRAG e PSCoV dividem a primeira colocação nas diferentes escalas, Para 1 km NFRAG e PSCoV dividem a primeira colocação com 50% cada, para 2 km PSCov ganha com 81% enquanto NFRAG apresenta 19%. Para 5 km

NFRAG é o melhor modelo com 35 %, porém outras 10 variáveis apresentaram um $dAICc < 7$, sendo que B12 (32%) e Hidro (9%) ganham destaque, juntos com NFRAG representam 77%. Os outros 23 % estão divididos entre Distância de rodovias, slope, porcentagem de floresta, temperatura, PSCoV, altitude, fluxo acumulado e AWMSI.

Para Mata Atlântica região do Interior as variáveis Temperatura e distância de corpos d'água são os modelos mais explicativos. Para 1 , 2 e 5 km Temperatura foi o modelo mais explicativo com 74 – 94%; para 10 km distância de corpos d'água foi o modelo mais explicativo com 62 %, sendo que Temperatura ficou como segundo modelo com 35%. Altitude ficou como segundo modelo mais explicativo para as escalas de 1, 2 e 5 km com 2 – 10%. Para 2 km distância de corpos d'água (3%) e PSCoV (2.5%) também aparecem com $dAICc < 7$.

Para Cerrado PSCoV e Slope são os melhores modelos, PSCoV para escalas de 1, 2 e 10 km (59 – 74%) e Slope para 2 km (86%). Slope também aparece em todas as outras escalas, porém com menor poder explicativo. Para 1 km Slope junto com AWMSI, porcentagem de floresta, Conectividade somam 25%, para 5 km Slope representa 24% sozinho e para 10 km 27%. Para 2 km Hidro (4%) e porcentagem de floresta (4%) e para 10 km NGRAG (6%) e Altitude (3%) também possuem um $dAIC < 7$, porém apresentam poderem explicativos baixos.

Tabela 7 - Resultado da seleção de modelos (Akaike) para riqueza de espécies de aves ameaçadas para o Estado de São Paulo.

	AICc	dAICc	df	weight
1 KM				
PSCoV	326.8	0.0	4	0.9966
ALEAT	741.1	414.3	2	<0.001
2 KM				
PSCoV	309.5	0.0	4	0.55
NFRAG	309.9	0.4	4	0.45
ALEAT	741.1	431.6	2	<0.001
5 KM				
PSCoV	280.7	0.0	4	0.350
B12	281.2	0.5	4	0.269
HIDRO	282.2	1.5	4	0.164
SLOPE	284.2	3.4	4	0.062
NFRAG	285.0	4.3	4	0.042
%F	285.9	5.2	4	0.026
B4	286.4	5.7	4	0.020
ROAD	287.2	6.5	4	0.014
ALT	287.2	6.5	4	0.014
CONNECT	287.3	6.5	4	0.013
FLWAC	287.3	6.6	4	0.013
AWMSI	287.4	6.6	4	0.013
ALEAT	741.1	460.4	2	<0.001
10 KM				
NFRAG	231.7	0.0	4	1
ALEAT	741.1	509.4	2	<0.001

Tabela 8 - Resultado da seleção de modelos (Akaike) para riqueza de espécies de aves por região do Estado de São Paulo.

Bioma	1 km				2 km				5 km				10 km							
A.F. Coast	AICc	dAICc	df	weight	AICc	dAICc	df	weight	AICc	dAICc	df	weight	AICc	dAICc	df	weight				
	ALT	2997.3	0.0	3	1	ALT	2907.1	0.0	3	1	B4	2568.6	0.0	3	1	B4	2203.4	0.0	3	1
Cerrado	PSCoV	629.5	0.0	3	0.9981	AWMSI	643.2	0.0	3	0.8140	PSCoV	605.2	0.0	3	0.9644	PSCoV	590.8	0.0	3	0.9811
						SLOPE	647.7	4.5	3	0.0862	SLOPE	611.9	6.7	3	0.0332					
						B12	649.0	5.7	3	0.0467										
						PSCoV	649.4	6.1	3	0.0382										
A. F. Countryside	B4	332.6	0.0	3	1	B4	330.8	0.0	3	1	ROAD	331.3	0.0	3	0.68	B4	350.7	0.0	3	1
											B4	332.8	1.5	3	0.32					

Tabela 9 - Resultado da seleção de modelos (Akaike) para riqueza de espécies de aves endêmicas por região do Estado de São Paulo

Bioma	1 km				2 km				5 km				10 km							
	AICc	dAICc	df	weight	AICc	dAICc	df	weight	AICc	dAICc	df	weight	AICc	dAICc	df	weight				
A. F. Coast	B4	50.6	0.0	3	1	B4	51.3	0.0	3	1	B4	30.2	0.0	3	1	B4	26.5	0.0	3	0.9923
Cerrado	B12	21.6	0.0	3	0.092	B12	21.6	0.0	3	0.101	B12	19.7	0.0	3	0.091	FLWAC	17.7	0.0	3	0.108
	%F	21.7	0.1	3	0.088	SLOPE	21.7	0.1	3	0.098	NP	19.7	0.0	3	0.090	B12	17.9	0.2	3	0.098
	ALT	21.7	0.1	3	0.087	%F	21.8	0.2	3	0.093	FLWAC	19.9	0.1	3	0.085	ROAD	18.0	0.3	3	0.093
	B4	21.8	0.2	3	0.085	B4	21.8	0.2	3	0.092	HIDRO	19.9	0.1	3	0.085	NP	18.0	0.3	3	0.092
	HIDRO	21.8	0.2	3	0.084	ALT	21.8	0.2	3	0.089	AWMSI	19.9	0.1	3	0.084	B4	18.1	0.4	3	0.089
	SLOPE	21.9	0.2	3	0.082	NP	21.8	0.2	3	0.089	PSCOV	19.9	0.2	3	0.084	SLOPE	18.1	0.4	3	0.089
	FLWAC	21.9	0.2	3	0.081	PSCOV	21.9	0.3	3	0.088	B4	19.9	0.2	3	0.083	CONECT	18.1	0.4	3	0.087
	ROAD	21.9	0.3	3	0.081	ROAD	21.9	0.3	3	0.088	SLOPE	19.9	0.2	3	0.082	PSCOV	18.1	0.4	3	0.087
	CONECT	21.9	0.3	3	0.081	HIDRO	21.9	0.3	3	0.087	%F	20.0	0.3	3	0.080	AWMSI	18.2	0.5	3	0.086
	PSCOV	21.9	0.3	3	0.080	AWMSI	21.9	0.3	3	0.087	ALT	20.0	0.3	3	0.079	HIDRO	18.2	0.5	3	0.086
	AWMSI	21.9	0.3	3	0.080	FLWAC	21.9	0.3	3	0.087	CONECT	20.0	0.3	3	0.079	ALT	18.2	0.5	3	0.086
	NP	21.9	0.3	3	0.080						ROAD	20.0	0.3	3	0.078					

5.3 Comparação entre escalas

Pode-se perceber que dependendo da escala onde suas variáveis são analisadas as relações entre biodiversidade e suas preditoras são alteradas.

5.3.1 Riqueza

Quando comparamos graficamente o peso da análise de AICc vemos que dependendo da escala as variáveis altitude e temperatura tem resposta claramente diferente. Enquanto que o peso para a variável altitude vai caindo com o aumento da escala (escala mais grosseira), o peso para a temperatura vai aumentando com a escala. Ou seja, dentro das variáveis estudadas altitude tem um potencial para ser uma boa indicadora para escalas mais finas enquanto que temperatura tem esse potencial para escalas mais grosseiras (Figura 9).

Figura 9 - Comparação do poder de resposta dos fatores para riqueza de espécies por escala. Peso do aic referente a seleção de modelos Akaike

5.3.2 Endêmicas

Apesar da variável temperatura apresentar um valor de peso alto, demonstrando que esta variável tem um alto poder explicativo para riqueza de espécies endêmicas, não percebemos variação nas diferentes escalas estudadas, demonstrando que, para espécies endêmicas não foi encontrado que escala influência no padrão de resposta de cada variável, quando analisamos o Estado de São Paulo como um todo (Figura 10).

Figura 10 - Comparação do poder de resposta dos fatores para riqueza de espécies endêmicas por escala. Peso do aic referente a seleção de modelos Akaike

5.3.3 Ameaçadas

Já para riqueza de espécies ameaçadas podemos perceber que a escala teve influência. Para PSCov quanto mais grosseira a escala menor o peso. NFRAG apresentou uma oscilação entre as escalas, enquanto que para as escalas de 1 e 5 km o valor do peso foi zero, para 2 e 10 km os valores foram mais elevados, mas claramente 10 km é a escala onde NFRAG teve a maior importância (Figura 11).

Figura 11 - Comparação do poder de resposta dos fatores para riqueza de espécies ameaçadas por escala. Peso do aic referente a seleção de modelos Akaike

5.4 Comparação entre regiões

Quando fazemos a mesma análise separadamente para as três regiões vemos que as variáveis podem ter um comportamento diferente tanto entre biomas e escalas.

5.4.1 Riqueza

Para a Mata Atlântica região do Litoral vemos que o padrão antes observado para todo o Estado de São Paulo se manteve, onde altitude apresenta altos valores de peso para as escalas mais finas e temperaturas para escalas mais grosseiras (Figura 12).

Este resultado faz sentido uma vez que a maior parte dos registros do banco de dados é referente ao bioma Mata Atlântica, mais especificamente para a região do Litoral. Então este resultado mostra que esses dados estão fazendo com que o padrão para todo o Estado seja guiado pelos padrões encontrados na Mata Atlântica do Litoral.

Para Mata Atlântica região do Interior muitas variáveis não apresentaram grandes variações no valor de peso para as diferentes escalas. Distância de rodovias apresentou um peso > 0 somente para a escala de 5 km enquanto que temperatura apresentou um peso > 0 para todas as escalas exceto para 5 km (Figura 12).

Para Cerrado PSCoV mostrou-se como a variável com os menores valores de dAICc, mantendo-se com valor < 7 para todas as escalas, sendo que para 1, 5 e 10 km apresentou pesos próximos a 1. Outra variável de destaque é AWMSI para escala de 2 km (Figura 12).

Species Richness

Figura 12 - Comparação do poder de resposta dos fatores para riqueza de espécies de aves por escala e por região. Peso do aic referente a seleção de modelos Akaike

5.4.2 Endêmicas

Como já observado para espécies endêmicas não observamos grandes influências para diferentes escalas (Figura 13), entretanto percebemos que o padrão observado para todo o Estado de São Paulo se manteve para a Mata Atlântica região do Litoral, onde temperatura apresenta altos valores de peso para todas as escalas indiferentemente.

Figura 13 - Comparação do poder de resposta dos fatores para riqueza de espécies de aves endêmicas por escala e por região. Peso do aic referente a seleção de modelos Akaike.

5.4.3 Ameaçadas

Para riqueza de espécies ameaçadas, assim como para riqueza geral de espécies podemos perceber a influência de diferentes escalas (Figura 14).

Para Mata Atlântica região do Litoral temos NFRAG que apesar de apresentar um $dAIC < 7$ e um peso, quando comparado com as demais preditoras, relativamente alto para todas as escalas, quando analisado sozinho ganha destaque, respectivamente, com valores mais altos

para escalas de 10 km ($w=1$) e 1 km ($w=0.5$). Precipitação tem destaque para escala de 5 km e PSCoV para escalas mais finas.

Para Mata Atlântica região do Interior a variável Temperatura apresenta um decréscimo no peso à medida que a escala fica mais grosseira. Distância de corpos d'água tem um peso menor para 10 km e ltitude apresenta uma resposta levemente melhor para escala de 5 km com peso = 0.22.

Para Cerrado as variaveis Slope e PSCov ganham destaque. De forma complementar, PSCoV tem uma resposta alta para escalas e 1, 5 e 10 km enquanto SLOPE para 2 km.

Figura 14 - Comparação do poder de resposta dos fatores para riqueza de espécies de aves ameaçadas por escala e por região. Peso do aic referente a seleção de modelos Akaike

5.5 Padrões de biodiversidade

Para buscar os padrões da relação entre as variáveis de paisagem e ambientais e riqueza utilizou de modelos aditivos generalizados (GAM). Escolheu este método de análise, pois durante a exploração dos dados percebeu-se que muitas das possíveis relações não seriam lineares e o GAM produz uma curva alisada (smoothed) que permite descrever a forma dos dados e revelar possíveis não linearidades nas relações estudadas, uma vez que não apresenta a estrutura rígida de uma função paramétrica, como nos modelos lineares generalizados (GLMs) (Zuur et al, 2009).

Explorando mais a fundo os dados de riqueza aqui analisados algumas das suas características foram diagnosticadas e com isso surgiu a demanda por trazer mais alguns pontos para a discussão.

Como os dados obtidos para a realização deste trabalho tem origem de um banco de dados com várias fontes diferentes, sem uma padronização nem organização clara dos mesmos percebeu-se que em várias paisagens (hexágonos) estudadas existe a riqueza de uma espécie (Figura 15). Isso pode impedir a observação de padrões claros para as relações entre nossas variáveis respostas e as preditoras.

Figura 15. Frequência de paisagens (Hexágonos) com riqueza igual a um. Lado esquerdo mostra com todos os dados incluídos. Lado direito mostra com um corte, deixando de fora os locais com registros menores de um.

Os gráficos abaixo são referentes aos melhores modelos escolhidos pela análise de Akaike.

5.5.1 Riqueza de espécies

Altitude foi selecionada como o melhor modelo nas escalas de 1 e 2 km, para o Estado de São Paulo. Quando observamos o padrão gerado podemos perceber uma alta sobreposição da distribuição das espécies em elevações intermediárias de 700 a 1000 m (Figura 16). Esse padrão foi sugerido por Rahbek em 1995. Esse pico de riqueza em altitudes intermediárias é chamado de efeito do domínio médio (*mid-domain effect*) (Colwell et al., 2004). Quando concorremos os modelos separadamente para as três regiões observamos esse padrão se repete para região da Mata Atlântica do Litoral mas não para as outras regiões.

Figura 16- Relação Espécie-Altitude. (a) Registros de aves para Estado de São Paulo em paisagens de 1 km de raio. (b) Registros de aves para Estado de São Paulo em paisagens de 2 km de raio. (c) Registros de aves para Mata Atlântica região do Litoral em paisagens de 1 km de raio. (d) Registros de aves para Mata Atlântica região do Litoral em paisagens de 2 km de raio.

Quando concorremos os modelos para o estado de São Paulo, Sazonalidade de temperatura foi selecionado como o melhor modelo nas escalas de 5 e 10 km. Quando observamos a relação vemos um padrão semelhante ao gerado para altitude (Figura 17). Há uma concentração da riqueza de espécies em valores intermediários de sazonalidade de temperatura, mais precisamente na variação de 21 e 24 graus celsius.

Figura 17 - Relação Espécie-Temperatura. (a) Registros de aves para Estado de São Paulo em paisagens de 5 km de raio. (b) Registros de aves para Estado de São Paulo em paisagens de 10 km de raio.

Quando concorremos os modelos separadamente para os biomas temperatura de sazonalidade continua como o melhor modelo nas escalas de 5 e 10 km para região da Mata Atlântica do Litoral apresentando o mesmo padrão que observado para todo o estado de São Paulo (Figura 18). Para região da Mata Atlântica do Interior temperatura é selecionada como o melhor modelo para as escalas de 1, 2 e 10 km (Figura 19). O padrão gerado apesar de apresentar um tímido pico de riqueza nos valores intermediários, este padrão não é claro.

Figura 18 - Relação Espécie-Temperatura para Mata Atlântica região do Litoral do Estado de São Paulo. (a) Registros de aves em paisagens de 5 km de raio. (b) Registros de aves em paisagens de 10 km de raio.

Figura 19 - Relação Espécie-Temperatura para Mata Atlântica região do Interior do Estado de São Paulo. (a) Registros de aves em paisagens de 1 km de raio. (b) Registros de aves em paisagens de 2 km de raio. (c) Registros de aves em paisagens de 10 km de raio.

A métrica de tamanho do fragmento foi selecionada como melhor modelo para a região de Cerrado do Estado de São paulo para as escalas de 1, 5 e 10 km (Figura 20). Quando olhamos os padrões gerados vemos dois picos de riqueza para as escalas de 1 e 5 km, um pico para valores de baixa variação de tamanho de fragmento e outro em valores de um variação mais alta, porém esse padrão não está claro. Para escala de 10 km, observamos um decrescimo da riqueza com aumento da variação do tamanho do fragmento, porém novamente não podemos afirmar que é um padrão claro.

Figura 20 - Relação Espécie-Tamanho do Fragmento (Coeficiente de Variação do Tamanho do Fragmento – PSCoV) para região de Cerrado do Estado de São Paulo. (a) Registros de aves em paisagens de 1 km de raio. (b) Registros de aves em paisagens de 5 km de raio. (c) Registros de aves em paisagens de 10 km de raio.

Para escala de 2 km na região de Cerrado do Estado de São Paulo o melhor modelo selecionado foi de Forma ponderada pela área do fragmento (AWMSI) (Figura 21a). E para escala de 5 km para Mata Atlântica região do Interior do Estado de São Paulo o melhor modelo foi distância de rodovias (Figura 21b). Nenhum dos modelos apresentaram padrões claros.

Figura 21 – (a) Relação Espécie-Forma ponderada pela área (Índice da forma do fragmento ponderado pela área – AWMSI). Registros de aves em paisagens de 2 km de raio para região de Cerrado do Estado de São Paulo. (b) Relação Espécie-Distância de rodovias. Registros de aves em paisagens de 5 km de raio para Mata Atlântica região do Interior do Estado de São Paulo.

5.5.2 Endêmicas

Para variável resposta de riqueza de espécies endêmicas o melhor modelo para todas as escalas e biomas foi o de sazonalidade de temperatura (Figura 22). Entretanto nenhum padrão claro foi observado.

Figura 22- Relação Espécie-Temperatura para Mata Atlântica região do Litoral do Estado de São Paulo. (a) Registros de aves em paisagens de 1 km de raio. (b) Registros de aves em paisagens de 2 km de raio. (c) Registros de aves em paisagens de 5 km de raio. (d) Registros de aves em paisagens de 10 km de raio.

5.5.3 Ameaçadas

A variável Tamanho de Fragmento (PSCoV) foi o melhor modelo nas escalas de 1, 2 e 5 km e Numero de Fragmentos na escala de 10 km (Figura 23) quando analisados para todo o Estado de São Paulo. Nenhum dos padrões encontrado apresentaram padrões claros.

Figura 23- (a, b, c) Relação Espécie-Tamanho de Fragmento/ (d) Relação Espécie-Número de Fragmentos. (a) Registros de aves em paisagens de 1 km de raio. (b) Registros de aves em paisagens de 2 km de raio. (c) Registros de aves em paisagens de 5 km de raio. (d) Registros de aves em paisagens de 10 km de raio.

Quando concorremos os modelos separadamente para cada região outras variáveis são escolhidas como melhores modelos, variando de acordo com a escala e região.

Para Mata Atlântica região do Litoral a variável Número de Fragmentos foi selecionada como melhor modelo para as escalas de 1, 5 e 10 km (Figura 24a,c,b). Porém para as escala de 1 e 5 km o segundo modelo obteve o mesmo peso ou com diferença mínima. Tamanho de fragmento foi selecionado como melhor modelo para a escala de 2 km, e para escala de 1 km empatou com Número de Fragmentos com 0,5 de peso (Figura 24b,c). Precipitação dividiu a explicação com Número de Fragmentos para escala de 5 km (Figura 29). Nenhum padrão claro foi observado.

Figura 24- (a, e, f) Relação Espécie-Número de Fragmentos / (b, c) Relação Espécie-Tamanho de Fragmento/ (d) Relação Espécie-Precipitação. (a) Registros de aves em paisagens de 1 km de raio. (b) Registros de aves em paisagens de 1 km de raio. (c) Registros de aves em paisagens de 2 km de raio. (d) Registros de aves em paisagens de 5 km de raio. (e) Registros de aves em paisagens de 5 km de raio. (f) Registros de aves em paisagens de 10 km de raio.

Para região do Cerrado do Estado de São Paulo Tamanho de fragmento foi o melhor modelo para as escalas de 1, 5 e 10 km enquanto que declividade foi o melhor modelo para escala de 2 km (Figura 25). Podemos observar que para declividade existe uma relação, mesmo que suave, de negativa. Com o aumento da declividade há uma queda no número de espécies ameaçadas (Figura 25b).

Figura 25- (a, c, d) Relação Espécie- Tamanho de Fragmento / (b) Relação Espécie-Declividade. Região do Cerrado do Estado de São Paulo. (a) Registros de aves em paisagens de 1 km de raio. (b) Registros de aves em paisagens de 2 km de raio. (c) Registros de aves em paisagens de 5 km de raio. (d) Registros de aves em paisagens de 10 km de raio.

Para Mata Atlântica região do Interior do Estado de São Paulo, Temperatura foi o melhor modelo para as escalas de 1, 2 e 5 km, enquanto que distância de corpos d'água foi o melhor modelo para 10 km (Figura 26). Para distância de corpos d'água observamos um concentração da distribuição das espécies entre 700 e 1500 metros de distância dos corpos d'água (Figura 26d).

Figura 26- (a, b, c) Relação Espécie- Sazonalidade da Temperatura / (d) Relação Espécie-Distância de Corpos. d'água. (a) Registros de aves em paisagens de 1 km de raio. (b) Registros de aves em paisagens de 2 km de raio. (c) Registros de aves em paisagens de 5 km de raio. (d) Registros de aves em paisagens de 10 km de raio.

6 DISCUSSÃO

De forma geral, a combinação entre fatores bióticos e abióticos tem influência inquestionável sobre a variação no número de espécies. Porém encontramos rigorosos obstáculos quando elencamos as diversas hipóteses que buscam explicar esse padrão biológico (Rahbek e Graves, 2001).

De acordo com Rahbek e Graves (2001) liderando os motivos potenciais para a fraqueza dessas hipóteses esta a falta de qualidade nos dados e delineamento metodológico, incluindo: problemas na identificação de espécies, fontes secundárias de dados biológicos, resolução espacial grosseira, ausência de trabalhos que testem hipóteses em diferentes escalas espaciais e que abordar diferentes hipóteses para o mesmo conjunto de dados.

Para a região do Cerrado as métricas da paisagem constituíram as variáveis mais importantes para explicar a biodiversidade, independente de escala, variável resposta e análise estatística. Observou-se que as variáveis Porcentagem de floresta, Coeficiente de variação do tamanho do fragmento e Forma ponderada pelo área do fragmento foram às melhores preditoras de biodiversidade na região do Cerrado. Da mesma forma, Declividade também foi uma preditora importante para o Cerrado. Esse resultado indica que a estrutura da paisagem é um importante fator para biodiversidade.

Relevo é descrito como variável influente em escalas regionais, porém seus efeitos normalmente são considerados secundários e independente dos de energia (Rahbek e Graves, 2001). A declividade foi o melhor modelo para a escala de 2 km e apresentou um padrão negativo, onde com o aumento da declividade observamos um decréscimo da riqueza de espécies ameaçadas.

Tamanho de manchas e quantidade de *habitat* geralmente tem efeitos sobre o requerimento de cada espécie, sendo que paisagens com menor porcentagem de *habitat* ou manchas menores teriam apenas uma parcela das espécies contidas em manchas maiores ou em paisagem com mais *habitat*, já que estariam excluindo espécies com maior requerimento de *habitat*. Entretanto, temos que ter cuidado ao trabalhar com escala do fragmento e da paisagem, uma vez que, quando analisamos a paisagem o contexto da paisagem pesa tanto quando o tamanho da mancha, uma vez que, o efeito negativo sobre a biodiversidade pode ser parte decorrente do tamanho da mancha, mas parte decorrente a efeitos da matriz, quantidade de *habitat*, isolamento entre outros (Fahrig, 2003).

Para Porcentagem de floresta a relação encontrada foi positiva, sendo que quanto maior a cobertura de vegetação na paisagem analisada maior o número de espécies. Enquanto

que para declividade e variação do tamanho do fragmento ela foi negativa. Variação do tamanho do fragmento pode ser uma métrica difícil de entender e ainda mais ver a ligação biológica, uma vez que somente com essa informação não sabemos como esses fragmentos estão distribuídos no espaço. Porém podemos entender que, no cenário atual, para a região estudada não existem mais fragmentos grandes, assim, uma paisagem com uma menor variação do tamanho do fragmentos seria uma paisagem mais igualmente fragmentada, vários fragmentos pequenos espaçados pela paisagem seria uma situação melhor do que um fragmento médio e alguns pequenos.

Esse resultado tem duas implicações importantes. A primeira é que esse resultado pode corroborar e dar força para medidas conservacionistas para o Bioma Cerrado. O cerrado tem sofrido enorme pressão para supressão de vegetação, visando à transformação e ocupação da terra por pastagens plantadas e culturas anuais; e a destruição dos seus ecossistemas continua de forma acelerada. Klink e Machado (2005) trazem a informação que 55% do Cerrado já foi desmatado ou transformado pela ação humana, o que equivale a uma área quase três vezes a área desmatada na Amazônia brasileira. Isso deixa claro que a sombra da floresta Amazônica e da Mata Atlântica as políticas públicas tem negligenciado a conservação do Cerrado. Segundo que esse resultado também vem defender os pequenos e médios fragmentos. Uma luta extremamente importante no cenário de paisagem extremamente fragmentada que estamos vivendo.

Já para Mata Atlântica região do Interior as preditoras são do grupo das variáveis ambientais. Entre as preditoras encontradas para explicar biodiversidade na região da Mata Atlântica do Interior estão Sazonalidade da temperatura e Precipitação. Para escalas mais amplas também encontramos distância de rodovias e de corpos d'água como preditoras. Temperatura apresentou uma relação negativa, sendo que a riqueza decresce com o aumento delas. Precipitação apresentou uma relação positiva.

De acordo com Rahbek e Graves (2001), é amplamente reconhecido que clima é um determinante importante de padrões globais de riqueza de espécies.

Relação positiva entre temperatura de riqueza de espécies já foi amplamente comprovada para padrões de larga escala (Hawkins et al., 2003, Evans et al., 2005). Mas a teoria metabólica da ecologia prevê que a relação entre temperatura e riqueza de espécies apresenta uma resposta bem específica onde a relação é linear e negativa com uma inclinação de -0,65. Assim McCain traz que a relação positiva entre temperatura e diversidade não é necessariamente o padrão mais comum. Este trabalho traz dois padrões. Um de relação

negativo, indo de encontro com o exposto por McCain. O outro com um pico em valores intermediários, porém sem um padrão muito claro.

Devido à dificuldade de se obter valores de precipitação ao longe de gradientes altitudinais não se sabe quão bem e como precipitação relaciona-se com riqueza de espécies (McCain, 2009). Uma relação positiva entre precipitação e riqueza de espécies tem sido encontrada para escalas locais e regionais (Hawkins et al., 2003, Evans et al., 2005). Nossos resultados apresentaram também uma relação positiva entre precipitação e riqueza de espécies para escala de 2 e 5 km e de espécies ameaçadas para escala de 5 km.

Distância de corpos d'água apresentou um padrão onde um maior número de espécie estava concentrado numa faixa de 1000 a 1500 metros de distância dos corpos d'água para escalas de 10 km para riqueza de espécies ameaçadas, enquanto que para escalas mais finas de 1, 2 e 5 km a concentração estava abaixo dos 1000m.

Para Mata Atlântica região do Litoral as respostas das preditoras não variaram tanto entre escalas como variou nas suas relações com as variáveis respostas e entre as análises estatísticas.

Para riqueza de espécies as melhores preditoras foram Altitude e temperatura; para ameaçadas foram Número de fragmentos, Variação do tamanho do fragmento, precipitação e Porcentagem de floresta; e para endêmicas foi Sazonalidade de temperatura, Porcentagem de floresta e distância de rodovias.

Altitude e temperatura foram algumas das poucas variáveis que apresentaram um padrão claro na relação espécie-preditora. Pudemos observar que para ambas houve uma concentração da riqueza numa faixa intermediária de valores.

O padrão descrito por Terborgh (1977), e amplamente replicado por pesquisadores por muitos anos, onde a riqueza apresenta uma diminuição linear e uniforme com o aumento da altitude foi refutado por Rahbek (1995). Rahbek mostrou que essa relação sofria de uma amostragem não padronizada e quando tratado o observado era um pico nas altitudes intermediárias. Atualmente riqueza de espécies pode ser explicada pela riqueza por quatro padrões: (a) Decrescente, onde a riqueza de espécies diminui linear e uniformemente com o aumento da altitude; (b) um platô em altitudes baixas, onde há a porção com altitudes menores de 300 m apresentam alta riqueza e acima desse limiar a riqueza diminui; (c) um platô em altitudes intermediárias, onde baixas altitudes apresentam alta riqueza com o máximo de riqueza sendo encontrado acima de 300m; e (d) um pico em altitudes intermediárias, onde uma relação unimodal apresenta seu pico em altitudes intermediárias (McCain, 2009).

Porém esse padrão varia de acordo com a taxonomia do grupo estudado (McCain, 2009), como por exemplo (a) mamíferos não voadores apresentam o padrão de elevação intermediária (McCain, 2005); (b) morcegos padrões decrescentes ou de elevação intermediária (McCain, 2007); (c) aves e répteis podem apresentar os quatro padrões, sendo que répteis tem uma predominância pelo decrescente (McCain, 2009).

Entre os vertebrados o padrão de elevação intermediária representa 45% dos casos (McCain, 2010).

Para espécies ameaçadas, excetuando precipitação, todas as demais preditoras são métricas da paisagem: Número de fragmentos, Variação do tamanho do fragmento e Porcentagem de floresta. Porcentagem de floresta apresentou uma relação positiva, variação do tamanho do fragmento uma relação negativa e número de fragmentos apresentou padrão onde menor número de fragmentos estaria relacionado com uma riqueza mais elevada, apesar desse padrão não estar claro.

Assim como perda de *habitat*, muitos estudos têm mostrado os efeitos negativos de isolamento de manchas sobre riqueza de espécies, o que é um indicador do seu efeito negativo sobre a biodiversidade (Fahrig, 2003).

Área de fragmento e número de espécies é uma relação já bem estabelecida e amplamente utilizada na biologia da conservação. Distintas relações espécie-área podem ser encontradas na literatura para diversos táxons e escalas (Drakare et al., 2006; Whittaker & Fernandez-Palacios, 2007; Dengler, 2009). Esta relação tornasse então uma ferramenta extremamente importante para a ciência da conservação uma vez que permite prever o provável número de espécies perdidas, ou a serem perdidas, resultante à perda de *habitat*.

Sazonalidade de temperatura, Porcentagem de floresta e distância de rodovias melhor explicaram a riqueza de endêmicas. Porcentagem de floresta e temperatura já tiveram suas relações e implicações abordadas, além de serem preditoras clássicas na literatura. Já distância de rodovias não. Essa preditora apresentou uma relação constante com riqueza de endêmica independente da escala e sua relação foi positiva, inferindo que mais próximo de rodovias um maior número de espécies endêmicas. Esse resultado pode estar relacionado com problemas na amostragem, uma vez que, muitas das coletas são realizadas em pontos de fácil acesso por um motivo de viabilidade de campo. Infelizmente, devido ao número de amostras só conseguimos avaliar essa relação para Mata Atlântica do Litoral, região que o banco de dados possuía mais registros, além do fato conhecido que a Mata atlântica comporta um número alto de espécies endêmicas.

Também na Mata Atlântica, diversos outros trabalhos demonstraram que as espécies endêmicas são mais afetadas negativamente pelos efeitos adversos da fragmentação florestal, como perda de *habitat* e maior isolamento dos fragmentos, do que as espécies de distribuição geográfica mais ampla (Antunes, 2007). Espécies endêmicas da Mata Atlântica não tendem a apresentar populações menores do que espécies de distribuição geográfica mais ampla (Marsden *et al.*, 2001). Neste sentido, a sensibilidade das espécies endêmicas deve estar relacionada a características ecológicas intrínsecas a cada espécie (Antunes, 2007).

De todas as preditoras apenas quatro pareceram explicar todas as variáveis biológicas analisadas sendo elas porcentagem de floresta, altitude, precipitação e temperatura.

Darwin, Wallace e von Humboldt foram os primeiros naturalistas a relatarem as mudanças que a natureza sofre com a altitude. Em suas viagens eles observaram que com a mudança de altitude e latitude os tipos de *habitats* e o número de espécies mudavam previsivelmente (Lomolino, 2001). Com isso deu-se início a diversos estudos sobre padrões de biodiversidade globais sendo explicadas por essas variáveis.

A relação altitude-riqueza descrita pode ser explicada por vários fatores, entre eles os principais são climáticos, biológicos, geográficos e/ou históricos (Rahbek, 1995, Lomolino, 2001).

Em geral, com o aumento da altitude podemos observar uma diminuição da temperatura, da produtividade primária e da área disponível para ocupação; mudanças na complexidade do *habitat*, na quantidade de recursos alimentares, nas interações interespecíficas, na umidade e na pressão ar, e um aumento da radiação solar. Sendo que todos estes fatores podem influenciar na distribuição espécies de acordo com a altitude, e por fim, gerando um padrão de riqueza (Naniwadekar & Vasudevan 2007, Siquera; Rocha, 2013).

Vários fatores mudam previsivelmente com o aumento da altitude, sendo talvez o mais óbvio a diminuição da temperatura (McCain, Grynes; 2010). De acordo com Barry (2008), dependendo da latitude, tamanho forma e padrões de clima da montanha cada aumento de 100m em altitude é responsável pela variação entre 0.4 e 0.7°C. Porém em área tropicais, como as temperaturas são mais elevadas, a montanha precisa ser muito mais alta para atingir temperaturas frias extremas (McCain, Grynes; 2010).

Além da temperatura outros fatores que variam previsivelmente com a altitude são a pressão do ar, com relação negativa com a variação da altitude, e a radiação solar, com relação positiva (Barry, 2008).

Diversos outros fatores mudam com a variação da altitude, porém apresentam uma relação um pouco mais complexa dos citados acima. Precipitação tende a apresentar uma

relação padrões de clima, declividade e proximidade a oceanos (Barry, 2008). De forma geral, precipitação tende a ter uma relação positiva com mudanças na altitude, porém em regiões tropicais essa relação fica nebulosa. A resposta dessa relação tem certa variação apresentando padrões unimodais e bimodais com precipitação atingindo valores mais elevados em pontos com altitude intermediária, sendo que muitas montanhas nos trópicos não apresentam variação de precipitação com mudança da altitude (McCain, Grynes; 2010).

Condições climáticas como ventos, temperatura e regimes de precipitação podem ter sua relação com altitude dependendo da distância ao oceano, e esses fatores ambientais fortemente influenciam a distribuição de espécies (McCain, Grynes; 2010).

Área e qualidade de solo também são fatores importante na determinação de riqueza de espécies e podem variar de acordo com a altitude (McCain, Grynes; 2010).

Gradientes de altitude continuam sendo estudados até hoje e são importantes para a compreensão de padrões de biodiversidade em larga escala, mudanças ambientais globais e conservação da natureza (McCain, Grynes; 2010).

De forma geral, para Mata Atlântica região do Interior os resultados foram parecidos para riqueza de espécies e riqueza de espécies ameaçadas; o padrão das respostas das variáveis para as escalas foi mantido entre as regiões, principalmente entre cerrado e Mata Atlântica do Interior; Riqueza de espécies na região da Mata Atlântica do Litoral apresentou alguns padrões mais claros, porém muitas variáveis como preditoras válidas. Muitos dos padrões não ficaram claros devido ao própria natureza do banco de dados.

7 CONCLUSÕES/CONSIDERAÇÕES FINAIS

A ausência de algumas relações ou a observação de padrões fracos provavelmente é devido ao banco de dados utilizado. Apesar de extremamente importante trabalhar com agrupamento de informações para buscar entender padrões de biodiversidade; e o esforço que o Biot - Fapesp teve em criar esse banco de dados para biodiversidade do Estado de São Paulo ser não somente louvável, mas também imprescindível, a má gestão e padronização dos dados devam ser atentados.

Muitos dos conjuntos de dados existentes são inadequados para a modelagem de dados uma vez que a falta de um registro não necessariamente significa uma ausência verdadeira. Assim sendo, o viés de amostragem deve sempre ser examinado (Williams; Margules; Hilbert, 2002).

Durante o desenvolvimento desse trabalho, organização do banco de dados e análise dos resultados, alguns pontos importantes foram levantados: (1) trabalhar com banco de dados secundários não é fácil e deve ser feito com muito zelo e empenho; (2) é possível trabalhar com dados secundários para alcançar bons resultados, porém o empenho na organização do banco de dados é praticamente igual ao que seria investido na coleta dos dados, sendo que existem sérios limites do quanto é possível fazer com dados pré-existentes; (3) padronizar amostragem é de extrema importância; (4) observou-se em vários gráficos de relação espécie-preditoras possíveis outliers que podem ter influenciado a ausência de padrões claros; (5) o banco de dados, por sua origem, apresentou muitas paisagens com riqueza de apenas uma espécie, considerando que a menor escala trabalhada foi hexágonos com lado de 1 km e nossa variável resposta é o grupo aves, pode-se concluir que esses registros não representam a realidade e podem ter influenciado negativamente na observação de padrões.

Como principais apontamentos conclusivos este trabalho traz que escala é um fator extremamente importante e deve ser considerado ao buscar a compreensão de padrões biológicos, uma vez que, se ignorado pode resultar em relações não reais e enganosas, e, em decorrência disso, uma má prática de conservação.

Características da região de estudo, como tipo de bioma, também podem gerar diferentes relações entre variáveis ambientais e biológicas, e não devem ser subestimados. Quando a pergunta não é local (paisagem específica e muito fina), global ou por tipo de ambiente (como parte de um bioma, região com características físicas e ambientais semelhantes), e sim respeitando barreiras políticas deve-se ter em mente que barreiras políticas não respeitam barreiras biológicas, e é recomendado entender como isso pode influenciar nas suas respostas.

Devemos tomar cuidado ao descrever padrões, evitando ferir a conservação da biodiversidade. A atual situação de degradação ambiental e perda contínua de *habitat* e biodiversidade nos leva a tirar conclusões para salvar uma espécie, um fragmento, um bioma. No sentido que a equação da conservação, em que se deve conservar o máximo com o mínimo, pode nos levar a escolher um em detrimento a outro. No entanto, devemos sempre ter o cuidado ao dizer que uma área, comunidade, espécie, ou qualquer outro nível-alvo, é redundante. Isso pode ser facilmente distorcido ao ponto de se afirmar que esta ou aquela não ser necessária. Infelizmente, a conservação, na maioria das vezes, não foca-se sobre o ganho, mas na prevenção da perda (Sarkar; Margules, 2002).

A magnitude e nebulosidade que o conceito de biodiversidade agrega impedem que qualquer parâmetro seja capaz de capturar com sucesso todas as características biológicas que podem ser de interesse. E para este problema podemos usar substitutos como indicadores de biodiversidade. Mas este conceito também tem as suas próprias limitações e problemas conceituais (Sarkar; Margules, 2002).

A respeito dos substitutos de biodiversidade, variáveis cujas medições podem ser utilizadas como indicadores de biodiversidade, há alguns pontos a serem refletidos. Qual substituto deve-se usar? Como medi-los? Como discutido exaustivamente, se o termo biodiversidade já é complexo por si só, qualquer tentativa de quantificar-la irá encontrar várias limitações, mas o objetivo aqui é para torná-los empregáveis na prática. Não podemos ficar perdido no meio de todos os problemas e as limitações de um mundo ideal. Devemos levar em consideração estes aspectos, ter consciência das fraquezas e construir uma linha de ação da melhor maneira possível, para que todas as considerações teóricas sejam usadas para possibilitar e dar incentivo às ações de conservação (Sarkar; Margules, 2002).

Um substituto real, deve representar a biodiversidade de uma forma que ele deve ser suficiente para permitir a ordenação de sites baseados na definição previamente escolhido de biodiversidade. Há vários candidatos a substitutos reais: (a) traços ou características; (B) a diversidade de espécies: na maioria das vezes este é o escolhido, no entanto, já é bem conhecido que há muito mais biodiversidade do que a variedade de espécies é capaz de atingir; (C) grupos funcionais, métricas da paisagem: o que importa aqui é como a biota muda associada a padrões de variáveis preditoras. Mas existe o problema de medição. Então, para escolher entre estes substitutos, precisamos usar critérios pragmáticos e a adoção de alguma convenção, o que não é necessariamente um problema, mas deve ser feita com alto nível de consciência e poder de decisão criterioso (Sarkar; Margules, 2002).

Este trabalho tem alguns caminhos claros para serem seguidos: (1) Revisitar os dados: de forma a trabalhar todos os pontos fracos dos dados; (2) amostragem dos dados: trabalhar com o banco de dados focando em padronizar a amostragem. O Biota – Fapesp tem continuado a desenvolver levantamento de campo, além de existirem diversas outras iniciativas para organização e compilação de bons bancos de dados sendo feitas. Reorganizar os dados, porém, como citado anteriormente, com zelo e empenho, entendendo o dado e excluindo informações vazias ou incoerentes; (3) replicar para outros táxons: Este trabalho foi desenvolvido baseado no conceito de replicabilidade com o intuito de após todos os passos feitos e todos os scripts prontos, ser facilmente re-analizados com outro táxon e avaliar como os padrões mudam para diferentes táxons. Com todo o conhecimento e prática de processamento alcançado, construir um banco de dados, levando em consideração os pontos levantamentos nos itens anteriores de amostragem, e replicar as análises, permitiria testar essas mesmas perguntas de regiões, escalas e padrões para multi-taxons; (4) incluir diversidade Funcional. Tendo em vista todos os pontos fracos que a literatura traz ao trabalhar com riqueza, incluir diversidade funcional como uma variável resposta seria extremamente interessante para observar os padrões e até compará-los com os de riqueza; (5) trabalhar com fitofisionomias: este trabalho já trouxe a importância de entender onde você está para poder encontrar padrões reais e não sombras da realidade; (6) extrapolar para hexágonos sem amostragem; (7) gerar mapas de riqueza de espécies, espécies ameaçadas e endêmicas: como resultado do Biota-Fapesp primeira fase mapas de conservação e conectividade foram produzidos, porém após trabalhar com os dados do Biota podemos perceber todos os problemas e falhas dele, após trabalhar em cima os dados gerar novos mapas e compará-los com os gerados há um década atrás que vem sendo utilizado incansavelmente como base ações de conservação seria ideal; (8) validar o resultado: por fim, depois de extrapolado e gerado os mapas, visitar pontos de predição e verificar os resultados obtidos.

Assim como traz Gaston (2010), este trabalho e trabalhos futuros mostram as melhorias na compilação de banco de dados de biodiversidade disponíveis, avanços nas tecnologias de sensoriamento remoto e das ferramentas para sua análise, podendo gerar mapas de distribuição; além de reproduzir a preocupação com o futuro da biodiversidade. Para podermos indentificar as melhores ações para conservação precisamos determinar o estado da biodiversidade comtemporanea.

A compreensão dos fatores determinantes da biodiversidade terá aplicação em questões de grande preocupação para a humanidade , como o papel da biodiversidade nos

processos dos ecossistemas e os efeitos prováveis da mudança ambiental global na manutenção da biodiversidade (Gaston, 2010).

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA J. R.; MOLINA, S. M. G.; MARTIRANI, L. A.; BALLESTER, M. V. R.; GARAVELLO, M. E. P. E.; VERDADE, L. M.; VICTORIA, R. L. Interação interdisciplinar: a experiência da Pós-Graduação em Ecologia Aplicada da USP. In: PHILIPPI Jr, A.; NETO, A. J. S.(Org.). Interdisciplinaridade em Ciência, Tecnologia & Inovação. **Manole**, Barueri, p. 298-324, 2011.
- ANDREN, H. Effects of habitat fragmentation on birds and mammals in landscapes with different proportions of suitable habitat: a review. **Oikos**, p. 355-366, 1994.
- ANHAIA, T. R. S.; LUIZ, A. M. E.; LEITAO, K.; MORO, R. S. A paisagem do Rio Pitangui em seu curso superior, no 1º Planalto Paranaense. **Ra'ega** (UFPR), Curitiba, v. 24, p. 134-148, 2012
- ANTUNES, A. Z. Riqueza e dinâmica de aves endêmicas da Mata Atlântica em um fragmento de floresta estacional semidecidual no sudeste do Brasil. **Revista Brasileira de Ornitologia**, v. 15, n. 1, p. 61-68, 2007.
- ARROYO, M.T.K.; DIRZO, R.; JOLY, C.A.; CASTILLAS, J.C.; CEJAS, F. Biodiversity knowledge, research scope and priority areas: an assessment for Latin America and the Caribbean. In: ICSU-LAC. **Science for a better life: Developing regional scientific programs in priority areas for Latin America and the Caribbean**. v.1. Rio de Janeiro and Mexico City: ICSU Regional Office for Latin America and the Caribbean, 2009. p. 1-232.
- BANKS-LEITE, C.; EWERS, R. M.; KAPOV, V.; MARTENSEN, A. C.; METZGER, J. P. Comparing species and measures of landscape structure as indicators of conservation importance. **Journal of Applied Ecology**, Oxford, v. 48, p. 706-714, 2011.
- BARRY, R. G. Mountain Weather and Climate. **Cambridge University Press**, Cambridge, UK, 2008.
- BECKER, C. G.; LOYOLA, R. D.; HADDAD, C. F. B.; ZAMUDIO, K. R. Integrating Species Life-History Traits and Patterns of Deforestation in Amphibian Conservation Planning. **Diversity and Distributions**, London, v.16, p. 10-19, 2010.
- BOSCOLO, D. **Influência da estrutura da paisagem sobre a persistência de três espécies de aves em paisagens fragmentadas da Mata Atlântica**. 2007. 237p. Tese (Doutorado em Ciências) - Universidade de São Paulo, São Paulo, 2007.
- BRESSAN, P.M.; KIERULFF, M.C.M.; SUGIEDA, A.M. **Fauna ameaçada de extinção no Estado de São Paulo: vertebrados**. São Paulo: Fundação, Parque Zoológico de São Paulo; Secretaria do Meio Ambiente, 2009. 648p.
- BUCKLEY, L. B.; JETZ, W. Linking global turnover of species and environments. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 105, n. 46, p. 17836-17841, 2008.
- BUTCHART1, S. H. M.; WALPOLE1, M.; COLLEN, B.; STRIEN, A. V.; SCHARLEMANN, J. O. W.; ALMOND, R. E. A.; BAILLIE, J. E. M.; BOMHARD, B.;

BROWN, C.; BRUNO, J.; CARPENTER, K. E.; CARR, G. M.; CHANSON, J.; CHENERY, A. M.; CSIRKE, J.; DAVIDSON, N. C.; DENTENER, F.; FOSTER, M.; GALLI, A.; GALLOWAY, J. N.; GENOVES, PIERO.; GREGORY, R. D.; HOCKINGS, MARC.; KAPOS, V.; LAMARQUE, J.; LEVERINGTON, F.; LOH, J.; MCGEOCH, M. A.; MCRAE, L.; MINASYAN, A.; MORCILLO, M. H.; OLDFIELD, T. E. E.; PAULY, D.; QUADER, S.; REVENGA, C.; SAUER, J. R.; SKOLNIK, B.; SPEAR, D.; STANWELL-SMITH, D.; STUART, S. N.; SYMES, A.; TIERNEY, M.; TYRRELL, T. D.; VIÉ, J.; WATSON, R.

CHAPIN III, F. S.; ZAVALA, E. S.; EVINER, V. T.; NAYLOR, R. L.; VITOUSEK, P. M.; REYNOLDS, H. L.; HOOPER, D. U.; LAVOREL, S.; SALA, O. E.; HOBBIÉ, S. E.; MACK, M. C.; DÍAZ, S. Consequences of changing biodiversity. **Nature**, v. 405, n. 6783, p. 234-242, 2000.

CINCOTTA, R. P.; WISNEWSKI, J.; ENGELMAN, R. Human population in the biodiversity hotspots. **Nature**, v. 404, n. 6781, p. 990-992, 2000.

COLWELL, R. K.; CODDINGTON, J. A. Estimating terrestrial biodiversity through extrapolation. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London B: Biological Sciences**, v. 345, n. 1311, p. 101-118, 1994.

COLWELL, R. K.; RAHBEK, C.; GOTELLI, N. J. The Mid-Domain Effect and Species Richness Patterns: What Have We Learned So Far?. **The American Naturalist**, v. 163, n. 3, p. E1-E23, 2004.

COLWELL R. K. Biodiversity: Concepts, Patterns, and Measurement. The Princeton Guide to Ecology. **Princeton University Press**, Princeton, p. 257–263, 2009.

COMITÊ BRASILEIRO DE REGISTROS ORNITOLÓGICOS (CBRO). Disponível em: <<http://www.cbro.org.br/cbro/index.htm>>. Acesso em: out 2014.

CURRIE, D. J.; Mittelbach, G. G.; Cornell, H. V.; Field, R.; Guégan, J. F.; Hawkins, B. A.; Kaufman, D. M.; Kerr, J. T.; Oberdorff, T.; O'Brien, E.; Turner, J. R. G. Predictions and tests of climate-based hypotheses of broad-scale variation in taxonomic richness. **Ecology letters**, v. 7, n. 12, p. 1121-1134, 2004.

DENGLER, J. Which function describes the species–area relationship best? A review and empirical evaluation. **Journal of Biogeography**, v. 36, n. 4, p. 728-744, 2009.

DOBSON, A. P.; BRADSHAW, A. D.; BAKER, A. J. M. Hopes for the future: restoration ecology and conservation biology. **Science**, v. 277, p. 515–522, 1997.

DRAKARE, S.; LENNON, J.; HILLEBRAND, H. The imprint of the geographical, evolutionary and ecological context on species–area relationships. **Ecology letters**, v. 9, n. 2, p. 215-227, 2006.

EVANS, K. L.; WARREN, P. H.; GASTON, K. J. Species–energy relationships at the macroecological scale: a review of the mechanisms. **Biological Reviews**, v. 80, p. 1–25, 2005.

FAHRIG, L. Effects of *habitat* fragmentation on biodiversity. **Annual Review of Ecology and Systematics**, Ottawa, v. 34, p. 487-515, 2003.

FOSTER, D.; SWANSON, F.; ABER, J.; BURKE, I.; BROKAW, N.; TILMAN, D.; KNAPP, A. The importance of land-use legacies to ecology and conservation. **BioScience**, v. 53, p.77–88, 2003.

FUNDAÇÃO DE AMPARO À PESQUISA DO ESTADO DE SÃO PAULO (FAPESP). **Conhecimento e uso sustentável da biodiversidade brasileira: o programa Biota-FAPESP**. São Paulo, 2008.126p.

GARSON, J.; AGGARWAL, A.; SARKAR, S. Birds as surrogates for biodiversity: an analysis of a data set from southern québec. **Jornal of Bioscience**. Austin, ,v. 27, p. 347–360, suppl.2, 2002.

GASTON, K. J. Global patterns in biodiversity. **Nature**, v. 405, p. 220–227, 2000.

GEIST, H. J.; LAMBIN, E. F. Proximate causes and underlying driving forces of tropical deforestation. **BioScience**, v. 52, p. 143–150, 2002.

Global biodiversity: indicators of recent declines. **Science**, Ottawa, v. 328, p. 1164-1168, 2010.

GODFRAY, H. C. J.; BEDDINGTON, J. R.; CRUTE, I. R.; HADDAD, L.; LAWRENCE, D.; MUIR, J. F.; PRETTY, J.; ROBINSON, S.; THOMAS, S. M.; TOULMIN, C. Food security: the challenge of feeding 9 billion people. **Science**, v. 327, n. 5967, p. 812-818, 2010.

GOERCK, J. M. Distribution of birds along an elevational gradient in the Atlantic forest of Brazil: implications for the conservation of endemic and endangered species. **Bird Conservation International**, v. 9, n. 03, p. 235-253, 1999.

GOODWIN, B. J.; FAHRIG, L. How does landscape structure influence landscape connectivity?. **Oikos**, v. 99, n. 3, p. 552-570, 2002.

GROVES, C. R.; JENSEN, D. B.; VALUTIS, L. L.; REDFORD, K. H.; SHAFFER, M. L.; SCOTT, J. M.; BAUMGARTNER, J. V.; HIGGINS, J.V.; BECK, M. W.; ANDERSON, M. G. Planning for Biodiversity Conservation: Putting Conservation Science into Practice A seven-step framework for developing regional plans to conserve biological diversity, based upon principles of conservation biology and ecology, is being used extensively by the nature conservancy to identify priority areas for conservation. **BioScience**, v. 52, n. 6, p. 499-512, 2002.

GOVERNO DO ESTADO DE SÃO PAULO. Biblioteca Virtual do Estado de São Paulo. **Geografia do Estado de São Paulo**. São Paulo, 2007. 18p.

GRYTNES, J. A.; HEEGAARD, E.; IHLEN, P. G. Species richness of vascular plants, bryophytes, and lichens along an altitudinal gradient in western Norway. **Acta Oecologica**, v. 29, p. 241–246, 2006.

HANSKI, I. A practical model of metapopulation dynamics. **Journal of animal ecology**, p. 151-162, 1994.

HAWKINS, B. A.; FIELD, R.; CORNELL, H. V. Energy, water, and broad-scale geographic patterns of species richness. **Ecology**, v. 84, p. 3105–3117, 2003.

- HENLE, K.; DAVIES, K. F.; KLEYER, M.; MARGULES, C.; SETTELE, J. Predictors of species sensitivity to fragmentation. **Biodiversity & Conservation**, v. 13, n. 1, p. 207–251, 2004.
- HOUGHTON, R. A. The worldwide extent of land-use change. **Bioscience**, v. 44, p.305–309, 1994.
- JAEGGER, J. A. G. Landscape division, splitting index, and effective mesh size: new measures of landscape fragmentation. **Landscape Ecology**, v. 15, p. 115-130, 2000.
- JOLY, C. A.; HADDAD, C. F.; VERDADE, L. M.; OLIVEIRA, M. C. D.; BOLZANI, V. D. S.; BERLINCK, R. G. Diagnóstico da pesquisa em biodiversidade no Brasil. **Revista USP**, n. 89, p. 114-133, 2011.
- JOLY, C.A; SPEGLICH, E. Programa biota/fapesp: um novo paradigma no estudo da conservação e do uso sustentável da biodiversidade. **Ciência e Cultura**, São Paulo, v.55, n.3, p. 41-43, 2003.
- JUSTUS, J.; SARKAR, S. The principle of complementarity in the design of reserve networks to conserve biodiversity: a preliminary history. **Jornal of Biosciencie**, Austin, v. 27, v.421–435, Suppl. 2, 2002.
- KESSLER, M.; HERZOG, S.K.; FJELDSA, J. Species richness and endemism of plant and bird communities along two gradients of elevation, humidity and land use in the Bolivian Andes. **Diversity and Distributions**, v. 7, p. 61–77, 2001.
- KLINK, C.A.; MACHADO, R.B. Conservation of the Brazilian Cerrado. **Conservation Biology**, São Paulo, v. 19, n. 3, p. 707–713, 2005.
- LAMBIN, E.F.; GEIST, H. J.; LEPEERS, E. Dynamics of land-use and land-cover change in tropical regions. **Annu Rev Environ Res**, v. 28, p. 205–241, 2003.
- LEFF, Enrique. Saber ambiental: sustentabilidade, racionalidade, complexidade e poder. 2001.
- LEPERS, E.; LAMBIN, E. F.; JANETOS, A. C.; DEFRIES, R.; ACHARD, F.; RAMANKUTTY, N.; SCHOLES, R. J. A synthesis of information on rapid land-cover change for the period 1981–2000. **BioScience**, v. 55, p.115–124, 2005.
- LINDENMAYER, D.; HOBBS, R. J.; MONTAGUE-DRAKE, R.; ALEXANDRA, J.; BENNETT, A.; BURGMAN, M.; CALE, P.; CALHOUN, A.; CRAMER, V.; CULLEN, P.; DRISCOLL, D.; FAHRIG, L.; FISCHER, J.; FRANKLIN, J.; HAILA, Y.; HUNTER, M.; GIBBONS, P.; LAKE, S.; LUCK, G.; MACGREGOR, C.; MCINTYRE, S.; NALLY, R. M.; MANNING, A.; MILLER, J.; MOONEY, H.; NOSS, R.; POSSINGHAM, H.; SAUNDERS, D.; SCHMIEGELOW, F.; SCOTT, M.; SIMBERLOFF, D.; SISK, T.; TABOR, G.; WALKER, B.; WIENS, J.; WOINARSKI, J.; ZAVALA, E. A checklist for ecological management of landscapes for conservation. **Ecology Letters**, Oxford, v.11, p. 78–91, 2008.
- LOMOLINO, M. V. Elevation gradients of species–density: historical and prospective views. **Global Ecology and Biogeography**, v.10, p. 3–13, 2001.

MACARTHUR, R.H. Fluctuations of animal populations and a measure of community stability. **Ecology**, London ,v. 36, p. 533–536, 1955.

MAGURRAN, A. E. Why diversity?. In: **Ecological diversity and its measurement**. Springer Netherlands, p. 1-5, 1988.

MARGULES, C. R.; PRESSEY, R. L. Systematic conservation planning. **Nature**, London, v. 405, p. 243–253, 2000.

MARGULES, C. R.; PRESSEY, R. L.; WILLIAMS, P. H. Representing biodiversity: data and procedures for identifying priority areas for conservation. **Journal of biosciences**, v. 27, n. 4, p. 309-326, 2002.

MARGULES, C. R.; AUSTIN, M. P.; MOLLISON, D.; SMITH, F. Biological models for monitoring species decline: The construction and use of data bases [and discussion]. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London B: Biological Sciences**, v. 344, n. 1307, p. 69-75, 1994.

MARSDEN, S. J.; WHIFFIN, M.; GALETTI, M. Bird diversity and abundance in forest fragments and Eucalyptus plantations around an Atlantic forest reserve, Brazil. **Biodiversity & Conservation**, v. 10, n. 5, p. 737-751, 2001.

MATTHEWS, T. J.; COTTEE-JONES, H. E.; WHITTAKER, R. J. Habitat fragmentation and the species–area relationship: a focus on total species richness obscures the impact of habitat loss on habitat specialists. **Diversity and Distributions**, v. 20, n. 10, p. 1136-1146, 2014.

MCCAIN, C .M. Area and mammalian elevational diversity. **Ecology**, v. 88, p. 76–86, 2007.

MCCANN, K. The diversity–stability debate. **Nature**, v. 405, n. 6783, p. 228-233, 2000.

MCCAIN, C. M. Elevational gradients in diversity of small mammals. **Ecology**, v.86, p. 366–372, 2005.

MCCAIN, C. M. Global analysis of reptile elevational diversity. **Global Ecology and Biogeography**, v.19, p. 541–553, 2010.

MCCAIN, C.; GRYTNES, J. Elevational Gradients in Species Richness. In: Encyclopedia of Life Sciences (ELS). **John Wiley & Sons**, Chichester, 2010.

MCCAIN, C. M. The mid-domain effect applied to elevational gradients: species richness of small mammals in Costa Rica. **Journal of Biogeography**, v. 31, p. 19–31, 2004.

MCCAIN, C. M.; SANDERS, N. J. Metabolic theory and elevational diversity of vertebrate ectotherms. **Ecology**, v. 91, p. 601–609, 2010.

MCGILL, B.J.; ENQUIST, B.J.; WEIHER, E.; WESTOBY, M. Rebuilding community ecology from functional traits. **Trends in Ecology & Evolution**, Cambridge ,v. 21, n. 4, p. 178–185, 2006.

METZGER, J.; DÉCAMPS, H. The structural connectivity threshold: an hypothesis in conservation biology at the landscape scale. **Acta Oecologica**, v. 18, n. 1, p. 1-12, 1997.

METZGER, J.P. O que é ecologia de paisagens? **Biota Neotropica**, Campinas, SP, v. 1, n.1/2, p. 1-9, 2001.

METZGER, J.P.; CASATTI, L. Do diagnóstico à conservação da Biodiversidade: o estado da arte do programa BIOTA/FAPESP. **Biota Neotropica**, Campinas, SP, v. 6, n.2, p. 1-14, 2006.

MICKLEBURGH, S. P.; HUTSON, A. M.; RACEY, P. A. Old World fruit bats. **An action plan for their conservation**. Gland, Switzerland: IUCN, 1992.

MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE. **Quarto relatório nacional para a convenção sobre diversidade biológica: brasil**. Brasília: MMA, 2011. 248p.

MYERS, N.; MITTERMEIER R. A.; MITTERMEIER C. G.; FONSECA G. A. B.; KENT, J. Biodiversity hotspots for conservation priorities. **Nature**, London, v. 403, p.853–845, 2000.

NANIWADEKAR, R. & VASUDEVAN, K. Patterns in diversity of anurans along an elevational gradient in the Western Ghats, South India. **Journal of Biogeography**, v. 34, p.842-853, 2007.

NIX, H. A.; FAITH, D. P.; HUTCHINSON, M. F.; MARGULES, C. R.; WEST, J.; ALLISON, A.; KESTEVEN, J. L.; NATERA, G.; SLATER, W.; STEIN, J. L.; WALKER, P. The BioRap toolbox: a national study of biodiversity assessment and planning for Papua New Guinea. **Pacific conservation biology**, Sydney, v.6, p. 279-88, 2001.

NOWATZKI, A.; PAULA, E. V.; SANTOS, L. J. C. Delimitação das Áreas de Proteção Permanente e avaliação do seu grau de conservação na bacia Hidrográfica do Rio Sagrado (Morretes/PR). In: **XIII Simpósio Brasileiro de Geografia Física Aplicada**, Viçosa, 2009.

OJIMA, D. S.; GALVIN, K. A.; TURNER II, B. L. The global impact of land-use change. **Bioscience**, v. 44, p. 300–305, 1994.

PAIVONE, S.; OLLIER, S.; PONTIER, D. Measuring diversity from dissimilarities with Rao's quadratic entropy: are any dissimilarity indices suitable? **Theoretical Population Biology**, New York, v.67, p. 231-239, 2004.

PIANKA, E. R. Latitudinal gradients in species diversity: a review of concepts. **American Naturalist**, v.100, p. 33–46, 1966.

PIMM, S. L.; LAWTON, J. H. Planning for biodiversity. **Science**, v. 279, p. 2068–2069, 1998.

PIMM, S. L.; RUSSELL, G. J.; GITTLEMAN, J. L.; BROOKS, T. M. The future of biodiversity. **Science**, v. 269, p. 347–350, 1995.

Pomara, L. Y.; Ruokolainen, K.; Tuomisto, H.; Young, K. R. Avian Composition Co-varies with Floristic Composition and Soil Nutrient Concentration in Amazonian Upland Forests. **Biotropica**, v. 44, n. 4, p. 545-553, 2012.

PRESSEY, R.L.; NICHOLLS, A.O. Efficiency in conservation evaluation: scoring versus iterative approaches; **Biology Conservation**, São Paulo, v.50, p. 199–218, 1989.

PRIMACK, R.B.; RODRIGUES, E.R.P. **Biologia da Conservação**. Londrina: Editora planta, 2001. 327p.

RAHBEEK, C. The elevational gradient of species richness: a uniform pattern? **Ecography**, v.18, p. 200–205, 1995.

RAHBEEK, C. The relationship among area, elevation, and regional species richness in Neotropical birds. **American Naturalist**, v. 149, p. 875–902, 1997.

RAHBEEK, C. The relationship among area, elevation, and regional species richness in Neotropical birds. **American Naturalist**, v. 149, p.875–902, 1997.

RAHBEEK, C. The role of spatial scale and the perception of large-scale species-richness patterns. **Ecology Letters**, v.8, p.224–239, 2005.

RIBEIRO, M. C.; METZGER, J.P.; MARTENSEN, A. C.; PONZONI, F. J.; HIROTA, M. M. The brazilian Atlantic Forest: How much is left, and how is the remaining forest distributed? Implications for conservation. **Biological Conservation**, São Paulo ,v. 142, p. 1141-1153, 2009.

RIBEIRO, M.C. **Modelos de simulação aplicados à conservação de paisagens fragmentadas da Mata Atlântica brasileira**. 2010. 251p. Tese (Doutorado em Ciências, na área de Ecologia) – Departamento de Ecologia, Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo, São Paulo, 2010.

RICETO, A. AS ÁREAS DE PRESERVAÇÃO PERMANENTE (APP) URBANAS: sua importância para a qualidade ambiental nas cidades e suas regulamentações. **Revista da Católica**, v. 2, n.4, p. 01-10, 2010.

RICH, T. C. G. Is ad hoc good enough. **Transactions of the Suffolk Naturalists' Society**, v. 33, p. 14-21, 1997.

RODRIGUES, R.R.; JOLY, C.A.; BRITO, M.C.W.; PAESE, A.; METZGER, J.O.; CASATTI, L.; NALON, M.A.; MENEZES, N.A.; BOLZANI, V.S.; BONONI, V.L.R. **Diretrizes para a conservação e restauração da biodiversidade no estado de São Paulo**. Programa BIOTA/FAPESP; FAPESP; Secretaria do Meio Ambiente, 2008. 245p.

SALA, O. E., CHAPIN, F. S., ARMESTO, J. J., BERLOW, E., BLOOMFIELD, J., DIRZO, R., HUBER-SANWALD, E.; HUENNEKE, L. F.; JACKSON, R. B.; KINZIG, A.; LEEMANS, R.; LODGE, D.M.; MOONEY, H. A.; OESTERHELD, M.; POFF, L.; SYKES, M. T.; WALKER, B. H.; WALKER, M.; WALL, D. H. Global biodiversity scenarios for the year 2100. **Science**, v. 287, n. 5459, p. 1770-1774, 2000.

SANDERSON, E. W.; JAITEH, M.; LEVY, M. A.; REDFORD, K. H.; WANNEBO, A. V.; WOOLMER, G. The human footprint and the last of the wild. **BioScience**, v. 52, p.891–904, 2002.

SANTOS, J.S. **Indicadores remotos de biodiversidade como ferramentas para novas metodologias de priorização de áreas:** focando na prática e viabilidade de políticas públicas. 2014. 82p. Tese (Doutorado em Sensoriamento Remoto) – Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais, São José dos Campos, 2014.

SARKAR, S.; AGGARWAL, A.; GARSON, J.; MARGULES, C. R.; ZEIDLER, J. Place prioritization for biodiversity content. **Jornal of Bioscience**. Bengluru, v. 27, p.339–346, Suppl.2, 2002.

SARKAR, S.; MARGULES, C. Operationalizing biodiversity for conservation planning; **Jornal of Bioscience**, cidade, v. 27, p. 299–308, Supl. 2, 2002.

SAUNDERS, D. A.; HOBBS, R. J.; MARGULES, C. R. Biological consequences of ecosystem fragmentation: a review. **Conservation Biology**, v. 5, p. 18-32, 1991.

SECRETARIAT OF THE CONVENTION ON BIOLOGICAL DIVERSITY. **Global Biodiversity Outlook 3**, Montréal 2010.94 p.

SIQUEIRA, C. C.; ROCHA, C. F. D. Gradientes altitudinais: conceitos e implicações sobre a biologia, a distribuição e a conservação dos anfíbios anuros. **Oecologia Australis**, v. 17, p. 282-302, 2013.

SKORUPA, L. A. Áreas de Preservação Permanente e desenvolvimento sustentável. **Projeto Biosfera**, 26 set. 2003.

SOS FLORESTAS. Código Florestal: entenda o que está em jogo com a reforma da legislação ambiental. 2011. Disponível em:< http://www.wwf.org.br/natureza_brasileira/reducao_de_impactos2/temas_nacionais/?27443/Codigo-Florestal-Entenda-o-que-esta-em-jogo-com-a-reforma-de-nossa-legislacao-ambiental>. Acesso em: mar 2016.

TABARELLI, M.; GASCON, C. Lições da pesquisa sobre fragmentação: aperfeiçoando políticas e diretrizes de manejo para a conservação da biodiversidade. **Megadiversidade**, Belo Horizonte, v. 1, n.1, p. 181-188, 2005.

TABARELLI, M.;PINTO, L.P.; SILVA, J.M.C.; HIROTA, M.; BEDÊ, L. Challenges and Opportunities for Biodiversity Conservation in the Brazilian Atlantic Forest. **Conservation Biology**, São Paulo, v. 19, n. 3, p. 695–700, 2005.

TAYLOR, P. D.; FAHRIG, L.; HENEIN, K.; MERRIAM, G. Connectivity is a vital element of landscape structure. **Oikos**, v. 68, p. 571-573, 1993.

TERBORGH, J. Bird species diversity on an Andean elevation gradient. **Ecology**, v. 58, p.1007-1019, 1977.

TEWS, J.; BROSE, U.; GRIMM, V.; TIELBÖRGER, K.; WICHMANN, M. C.; SCHWAGER, M.; JELTSCH, F. Animal species diversity driven by habitat heterogeneity/diversity: the importance of keystone structures. **Journal of biogeography**, v. 31, n. 1, p. 79-92, 2004.

THE ECONOMICS OF ECOSYSTEMS AND BIODIVERSITY – TEEB. A Economia dos Ecossistemas e da Biodiversidade para Formuladores de Políticas Locais e Regionais, 2010.

TILMAN, D. Functional Diversity. In LEVIN, S.A. (Ed). **Encyclopedia of Biodiversity**, San Diego, Academic Press's. 3, 2001.p. 109-120.

TILMAN, D.; FARGIONE, J.; WOLFF, B.; D'ANTONIO, C.; DOBSON, A.; HOWARTH, R.; SCHINDLER, D.; SCHLESINGER, W. H.; SIMBERLOFF, D.; SWACKHAMER, D. Forecasting agriculturally driven global environmental change. **Science**, v. 292, p. 281–284, 2001.

TISCHENDORF, L.; FAHRIG, L. How should we measure landscape connectivity? **Landscape ecology**, v. 15, n. 7, p. 633-641, 2000.

VITOUSEK, P. M.; MOONEY, H. A.; LUBCHENCO, J.; MELILLO, J. M. Human domination of earth's ecosystems. **Science**, v. 277, p. 494–499, 1997.

WHITTAKER, R. J.; FERNÁNDEZ-PALACIOS, J. M. **Island biogeography: ecology, evolution, and conservation**. Oxford University Press, 2007.

WILLIAMS, P.H.; MARGULES, C.R.; HILBERT, D.W. Data requirements and data sources for biodiversity priority area selection. **Jornal of Bioscience**. Bengaluru, v. 27, p. 327–338, Suppl. 2, 2002.

ZUUR, A.F.; IENO, E.N.; WALKER, N.J.; SABELIEV, A.A.; SMITH, G.M. **Mixed effects models and extensions in ecology with R**. New York: Springer Verlag, 2009.574p.

APENDICE

APÊNDICE A. SCRIPTS

1 VARIÁVEIS AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS – R!

1.1 Dados Biológicas

```

setwd("C:\\Users\\Juliana\\Dropbox\\Mestrado\\Tables")
library(foreign)
listdbf<-list.files(pattern=".dbf$")

##-----ESPECIES

ptosaves = read.dbf("hex1km_cPtosaves.dbf",as.is = FALSE)
tail(ptosaves)

x<-ptosaves
#crie um data.frame chamado a e fa?a um tabela de conting?ncia com as colunas hex e especie do objeto x
a<-data.frame(table(HEXID=x$HEXID, ESPECIE=x$ESPECIE))
#selecione somente as informa??es que tiverem valores maiores que 0 na coluna de Freq e salve no objeto a
a<-subset(a, Freq>0)
#crie um data.frame chamado b e fa?a uma tabela de conting?ncia com os valores de hex
b<-data.frame(table(HEXID=a$HEXID))
#d? o nome de RIQ para a segunda coluna do objeto b
names(b)[2]<-("RIQ")

###-----FAMILIA

familia = read.dbf("juncao_ptosaves_familia.dbf",as.is = FALSE)
tail(familia)

fam<-familia
#crie um data.frame chamado a e fa?a um tabela de conting?ncia com as colunas hex e especie do objeto x
fama<-data.frame(table(HEXID=fam$HEXID, FAMILIA=fam$FAMILIA))
#selecione somente as informa??es que tiverem valores maiores que 0 na coluna de Freq e salve no objeto a
fama<-subset(fama, Freq>0)
#crie um data.frame chamado b e fa?a uma tabela de conting?ncia com os valores de hex
famb<-data.frame(table(HEXID=fama$HEXID))
#d? o nome de RIQ para a segunda coluna do objeto b
names(famb)[2]<-("RIQFAMILIA")

##-----GENERO

genero = read.dbf("juncao_ptosaves_familia.dbf",as.is = T)
head(genero)

gen<-genero
#crie um data.frame chamado a e fa?a um tabela de conting?ncia com as colunas hex e especie do objeto x
gena<-data.frame(table(HEXID=gen$HEXID, GENERO=gen$GENERO))
#selecione somente as informa??es que tiverem valores maiores que 0 na coluna de Freq e salve no objeto a
gena<-subset(gena, Freq>0)
#crie um data.frame chamado b e fa?a uma tabela de conting?ncia com os valores de hex
genb<-data.frame(table(HEXID=gena$HEXID))
#d? o nome de RIQ para a segunda coluna do objeto b
names(genb)[2]<-("RIQGENERO")

##-----AMEACA2013

ameaca = read.dbf("juncao_familia_ameaca2013.dbf",as.is = T)

```

```

cat1<-ameaca
#crie um data.frame chamado a e fa?a uma tabela de conting?ncia com as colunas hex e especie do objeto x
cat1a<-data.frame(table(HEXID=cat1$HEXID, CAT2013=cat1$CAT2013))
#crie um data.frame chamado b e fa?a uma tabela de conting?ncia com os valores de hex
cat1b<-aggregate(cat1a$Freq,by=list(cat1a$HEXID),sum)
#d? o nome de RIQ para a segunda coluna do objeto b
names(cat1b)[2]<-("RIQCATEGORIA2013")
names(cat1b)[1]<-("HEXID")

##-----Endemismos FAZENDO...

end<-read.csv("juncao_familia_ameaca2013_end.csv", header=T, sep=";", as.is=T)

#crie um data.frame chamado a e fa?a uma tabela de conting?ncia com as colunas hex e especie do objeto x
enda<-data.frame(table(HEXID=end$HEXID, ENDEMISMO=end$ENDEMISMO))
#crie um data.frame chamado b e fa?a uma tabela de conting?ncia com os valores de hex
endb<-aggregate(enda$Freq,by=list(enda$HEXID),sum)
#d? o nome de RIQ para a segunda coluna do objeto b
names(endb)[2]<-("RIQCENDEMICA")
names(endb)[1]<-("HEXID")

##-----ameaca FAZENDO...

tipocat<-read.csv("tipocat2.csv",header=T, sep=";", as.is=T)
head(tipocat)
##VU
VUb<-aggregate(tipocat$CAT_VU,by=list(tipocat$HEXID),sum)
names(VUb)[2]<-("RIQCATVU")
names(VUb)[1]<-("HEXID")

##CR
CRb<-aggregate(tipocat$CAT_CR,by=list(tipocat$HEXID),sum)
names(CRb)[2]<-("RIQCATCR")
names(CRb)[1]<-("HEXID")

##NT
NTb<-aggregate(tipocat$CAT_NT,by=list(tipocat$HEXID),sum)
names(NTb)[2]<-("RIQCATNT")
names(NTb)[1]<-("HEXID")

##EN
ENb<-aggregate(tipocat$CAT_EN,by=list(tipocat$HEXID),sum)
names(ENb)[2]<-("RIQCATEN")
names(ENb)[1]<-("HEXID")

##RE
REb<-aggregate(tipocat$CAT_RE,by=list(tipocat$HEXID),sum)
names(REb)[2]<-("RIQCATRE")
names(REb)[1]<-("HEXID")

##NAO
NAOb<-aggregate(tipocat$CAT_NAO,by=list(tipocat$HEXID),sum)
names(NAOb)[2]<-("RIQCATNAO")
names(NAOb)[1]<-("HEXID")

riqtot<-data.frame(RIQ=b, RIQFAMILIA=famb$RIQFAMILIA,RIQGENERO=genb$RIQGENERO,
RIQCATEGORIA2013=cat1b$RIQCATEGORIA2013,
RIQCENDEMICA=endb$RIQCENDEMICA,RIQCATVU=VUb$RIQCATVU,
RIQCATCR=CRb$RIQCATCR, RIQCATNT=NTb$RIQCATNT,

```

```

      RIQCATEN=ENb$RIQCATEN, RIQCATRE=REb$RIQCATRE,
      RIQCATNAO=NAOb$RIQCATNAO)
names(riqttotal)
write.table(riqttotal,"Riquezahex1km.csv", sep=";", col.names=T, row.names=F,append=F,quote=F)
write.dbf(riqttotal,"Riquezahex1km.dbf")

##-----
setwd("C:\\Users\\Juliana\\Dropbox\\Mestrado\\Tables")

library(foreign)
listdbf<-list.files(pattern=".dbf$")

DADOS = data.frame(read.dbf("juncao_ptoaves_familia.dbf", as.is = FALSE))
tail(DADOS)

##-----CATEGORIA 2013
CAT2013 = data.frame(read.dbf("Ameaca_SP_2013_Ju.dbf", as.is=FALSE))
tail(CAT2013)

CAT2013[is.na(CAT2013)]<-0
head(unique(CAT2013$ESPECIE))
CAT2013$ESPECIE<-sub(" +$", "", CAT2013$ESPECIE)
CAT2013$ESPECIE<-gsub(" ", " ", CAT2013$ESPECIE)
head(unique(CAT2013$ESPECIE))

sort(setdiff(DADOS$ESPECIE, CAT2013$ESPECIE))

## juntar as duas tabelas, usando nome de colunas em comum

colunas_comum<-intersect(names(DADOS), names(CAT2013))
juncao13<-merge(DADOS, CAT2013, by=colunas_comum, all.x=T)
colnames(juncao13)[15]<-"CAT2013"
write.dbf(juncao13, "juncao_familia_ameaca2013.dbf")

##-----
ameaca = read.dbf("juncao_familia_ameaca2013.dbf",as.is = T)
x<-data.frame(HEXID=ameaca$HEXID,CAT2013=ameaca$CAT2013)
ameaca[c(grep("385",ameaca$HEXID)),]

ameaca = read.dbf("juncao_familia_ameaca2013.dbf",as.is = T)
tail(ameaca)

cat1<-ameaca
#crie um data.frame chamado a e fa? a um tabela de conting?ncia com as colunas hex e especie do objeto x
cat1a<-data.frame(table(HEXID=cat1$HEXID, CAT2013=cat1$CAT2013))
#selecione somente as informa??es que tiverem valores maiores que 0 na coluna de Freq e salve no objeto a
cat1a<-subset(cat1a, Freq>0)
#crie um data.frame chamado b e fa? a uma tabela de conting?ncia com os valores de hex
cat1b<-data.frame(table(HEXID=cat1a$HEXID))
#d? o nome de RIQ para a segunda coluna do objeto b
names(cat1b)[2]<-"RIQCATEGORIA2013")

x$CAT2013[is.na(x$CAT2013)]<-0
head(unique(x$CAT2013))
x$CAT2013<-sub(" +$", "", x$CAT2013)
x$CAT2013<-gsub(" ", " ", x$CAT2013)
head(unique(x$CAT2013))
x$CAT_VU<-0
x$CAT_CR<-0
x$CAT_NT<-0

```



```

x$CAT_EN<-0
x$CAT_RE<-0
x$CAT_NAO<-0

x$CAT_VU[grepl("VU",x$CAT2013)]<-"1"
x$CAT_CR[grepl("CR",x$CAT2013)]<-"1"
x$CAT_NT[grepl("NT",x$CAT2013)]<-"1"
x$CAT_EN[grepl("EN",x$CAT2013)]<-"1"
x$CAT_RE[grepl("RE",x$CAT2013)]<-"1"
x$CAT_NAO[grepl("0",x$CAT2013)]<-"1"

write.dbf(x,"tipocat2.dbf",factor2char = F)
write.table(x,"tipocat2.csv", sep=";", col.names=T, row.names=F,append=F,quote=F)

```

5.2 Variáveis ambientais

```

##-----MERGE AMBIENTAL

setwd("C:\\Users\\Juliana\\Dropbox\\Mestrado\\zonalstatistics")

library(foreign)
list <- data.frame(list.files(pattern="\\.dbf$"))
nrow(list)
list[1] = data.frame(read.dbf("list[1]", as.is = T))
list[1] = data.frame(read.dbf("list[1]", as.is = T))

ptosaves = data.frame(read.dbf("hex1km_cPtosaves.dbf", as.is = T))
tail(ptosaves)
colunas_comum<-intersect(names(ptosaves), names(familia))
colunas_comum

juncao<-merge(ptosaves, familia, by=colunas_comum, all.x=T)
tail(juncao)
juncao<-juncao[-6]
write.dbf(juncao,"juncao_ptosaves_familia.dbf")

##-----MERGE RIQ BIOMA

biomas<-read.dbf("Biomas_SP.dbf")
head(biomas)
riq = data.frame(read.csv("Riquezahex1km.csv", header=T, sep=";", as.is=T))
head(riq)
colunas_comum<-intersect(names(riq), names(biomas))
colunas_comum

tempmerge<-merge(riq, biomas, by=colunas_comum, all.x=T)

tail(tempmerge)

write.dbf(tempmerge, "Riquezahex1km_Cbiomas.dbf")

##-----MERGE TAXONOMIA POR SPP

setwd("C:\\Users\\jucoelho\\Dropbox\\Mestrado\\Tables")
library(foreign)

familia = data.frame(read.csv("TAXONOMIA_PARA_MERGE.csv", header=T, sep=";", as.is=T))
tail(familia)
ptosaves = data.frame(read.dbf("hex1km_cPtosaves.dbf", as.is = T))
tail(ptosaves)

```

```

###passo 1
### voce tem que resolver o problema de nomes de especies com espa?o no final no statusp$taxon
### e tambem remover espa?os duplos do statusp$taxon e ptosaves$ESPECIE

familia[is.na(familia)]<-0
head(unique(familia$ESPECIE))
familia$ESPECIE<-sub(" +$", "", familia$ESPECIE)
familia$ESPECIE<-gsub(" ", " ", familia$ESPECIE)
tail(unique(familia$ESPECIE))

ptosaves[is.na(ptosaves)]<-0
head(unique(ptosaves$ESPECIE))
ptosaves$ESPECIE<-sub(" +$", "", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-gsub(" ", " ", ptosaves$ESPECIE)
tail(unique(ptosaves$ESPECIE))

ptosaves$ESPECIE<-sub("Thraupis", "Tangara", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Myrmotherula gularis", "Rhopias gularis", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Parula pitiayumi", "Setophaga pitiayumi", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Trichothraupis melanops", "Lanio melanops", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Carduelis magellanica", "Sporagra magellanica", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Aramides cajanea", "Aramides cajaneus", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Aratinga leucophthalma", "Psittacara leucophthalmus", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Basileuterus flaveolus", "Myiothlypis flaveola", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Trichothraupis melanops", "Lanio melanops", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Basileuterus leucoblepharus", "Myiothlypis leucoblephara", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Basileuterus leucophrys", "Myiothlypis leucophrys", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Trichothraupis melanops", "Lanio melanops", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Caprimulgus sericocaudatus", "Antrostomus sericocaudatus", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Claravis godefrida", "Claravis geoffroyi", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Coryphospingus cucullatus", "Lanio cucullatus", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Eleothreptus anomalus", "Hydropsalis anomala", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Eleothreptus candicans", "Hydropsalis candicans", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Formicivora aff. acutirostris", "Stymphalornis acutirostris", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Gallinula chloropus", "Gallinula galeata", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Leucopternis lacernulatus", "Amadonastur lacernulatus", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Leucopternis polionotus", "Pseudastur polionotus", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Myrmeciza loricata", "Myrmoderus loricatus", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Myrmeciza squamosa", "Myrmoderus squamosus", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Nyctidromus albicollis", "Hydropsalis albicollis", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Oreophylax moreirae", "Asthenes moreirae", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Orthopsittaca manilata", "Orthopsittaca manilatus", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Phaeothlypis rivularis", "Myiothlypis rivularis", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Philydor lichtensteini", "Anabacerthia lichtensteini", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Rhinoptynx clamator", "Asio clamator", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Sclerurus mexicanus", "Sclerurus macconnelli", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Scytalopus indigoticus", "Eleoscytalopus indigoticus", ptosaves$ESPECIE)
ptosaves$ESPECIE<-sub("Tachyphonus cristatus", "Lanio cristatus", ptosaves$ESPECIE)

sort(setdiff(ptosaves$ESPECIE, familia$ESPECIE))

## juntar as duas tabelas, usando nome de colunas em comum
names(ptosaves)
ptosaves<-ptosaves[-6]
colunas_comum<-intersect(names(ptosaves), names(familia))
colunas_comum

juncao<-merge(ptosaves, familia, by=colunas_comum, all.x=T)
tail(juncao)
juncao<-juncao[-6]

```

```
write.dbf(juncao,"juncao_ptosaves_familia.dbf")
```

```
##-----EXEMPLO DE SCRIPT ORGANIZAÇÃO VARIÁVEIS AMBIENTAIS (SCRIPT
REPRODUZIDO PARA TODAS AS DIFERENTES ESCALAS)
```

```
rm(list = ls())
setwd("C:\\Users\\jucoelho\\Dropbox\\Mestrado\\zonalstatistics")
library(foreign)
list<-list.files(pattern=".dbf$")

table_junc<-NULL
teste_logico=0
for (i in list){
  nameFile<-gsub(".dbf","",i)
  table<-read.dbf(i)
  names(table)<-c(names(table)[1],c(paste(names(table)[-1],nameFile, sep="")))
  if(teste_logico==0){
    table_junc<-table
    teste_logico<-1
  }
  else{
    table_junc<-merge(table_junc,table,by="HEXID",all.x=T)
  }
}
deletar<-grep("COUNT", colnames(table_junc))
tabelafinal_limpa1<-table_junc[,-deletar]

deletar<-grep("AREA", colnames(tabelafinal_limpa1))
tabelafinal_limpa2<-tabelafinal_limpa1[,-deletar]

deletar<-grep("SUM", colnames(tabelafinal_limpa2))
tabelafinal_limpa3<-tabelafinal_limpa2[,-deletar]

deletar<-grep("slope%", colnames(tabelafinal_limpa3))
tabelafinal_limpa4<-tabelafinal_limpa3[,-deletar]

setwd("C:\\Users\\Juliana\\Dropbox\\Mestrado\\Tables")

write.dbf(tabelafinal_limpa4, "variaveisambientais.dbf")

##-----

##MUDANÇA DE NOMES
ncols<-ncol(tabelafinal_limpa4)
for (i in 1:ncols){
  nameold<-colnames(tabelafinal_limpa4[i])
  if(grepl("bio_",nameold)) {
    nameNew<-gsub("bio_","B",nameold)
    names(tabelafinal_limpa4)[names(tabelafinal_limpa4)==nameold] <- nameNew
  }
  if(grepl("VARIETY",nameold)) {
    nameNew<-gsub("VARIETY","VAR",nameold)
    names(tabelafinal_limpa4)[names(tabelafinal_limpa4)==nameold] <- nameNew
  }
  if(grepl("slopeporc",nameold)) {
    nameNew<-gsub("slopeporc","SLPP",nameold)
    names(tabelafinal_limpa4)[names(tabelafinal_limpa4)==nameold] <- nameNew
  }

  if(grepl("MAJORITY",nameold)) {
    nameNew<-gsub("MAJORITY","MAJ",nameold)
  }
}
```

```

names(tabelafinal_limpa4)[names(tabelafinal_limpa4)==nameold] <- nameNew
}
  if(grepl("flowaccum",nameold)) {
    nameNew<-gsub("flowaccum","FLWAC",nameold)
names(tabelafinal_limpa4)[names(tabelafinal_limpa4)==nameold] <- nameNew
}
  if(grepl("slopedegree",nameold)) {
    nameNew<-gsub("slopedegree","SLPD",nameold)
names(tabelafinal_limpa4)[names(tabelafinal_limpa4)==nameold] <- nameNew
}
  if(grepl("MINORITY",nameold)) {
    nameNew<-gsub("MINORITY","MINO",nameold)
names(tabelafinal_limpa4)[names(tabelafinal_limpa4)==nameold] <- nameNew
  } }

names(tabelafinal_limpa4)
setwd("C:\\Users\\Juliana\\Dropbox\\Mestrado\\Tables")

write.dbf(tabelafinal_limpa4, "variaveisambientais.dbf")

##-----FINALIZAÇÃO DAS VARIÁVEIS AMBIENTAIS

setwd("C:\\Users\\jucoelho\\Dropbox\\Mestrado\\Tables")
library(foreign)

list<-list.files(pattern="\\.dbf$")

v2km<-read.dbf("variaveisambientais_2kmlimpa.dbf")
vb10km<-read.dbf("variaveisambientais_buf10kmlimpa.dbf")
b2km<-read.dbf("variaveisambientais_buf2kmlimpa.dbf")
b5km<-read.dbf("variaveisambientais_buf5kmlimpa.dbf")
v10km<-read.dbf("variaveisambientais10kmlimpa.dbf")
v5km<-read.dbf("variaveisambientais5kmlimpa.dbf")
v1km<-read.dbf("variaveisambientais1kmlimpa.dbf")

###-----
##Exemplo para 2km
###Repetir para os outros hexagonos

## mudança de nomes
ncols<-ncol(v2km)
for (i in 1:ncols){
  nameold<-colnames(v2km[i])
  if(grepl("hidro",nameold)) {
    nameNew<-gsub("hidro","HID",nameold)
    names(v2km)[names(v2km)==nameold] <- nameNew
  }
  if(grepl("bio",nameold)) {
    nameNew<-gsub("bio","B",nameold)
    names(v2km)[names(v2km)==nameold] <- nameNew
  }
  if(grepl("maior50",nameold)) {
    nameNew<-gsub("maior50","M50",nameold)
    names(v2km)[names(v2km)==nameold] <- nameNew
  }
  if(grepl("mde",nameold)) {
    nameNew<-gsub("mde","MDE",nameold)
    names(v2km)[names(v2km)==nameold] <- nameNew
  }
  if(grepl("ucs",nameold)) {

```

```

nameNew<-gsub("ucs","UCS",nameold)
names(v2km)[names(v2km)==nameold] <- nameNew
}
if(grepl("rodo",nameold)) {
nameNew<-gsub("rodo","RODO",nameold)
names(v2km)[names(v2km)==nameold] <- nameNew
}
if(grepl("alt",nameold)) {
nameNew<-gsub("alt","ALT",nameold)
names(v2km)[names(v2km)==nameold] <- nameNew
}}

write.dbf(v2km,"variaveisambientais_2kmlimpa2.dbf")

```

5.1 Métricas da Paisagem

5.1.1 Importando shapes

-GRASS

```

cd "E:\JulianaCoelho\Base de Dados_SIG\veg_raster" ## cd c=change d=directory
# o comando v.in.ogr importa vetores, dsn é como se fosse o input.
v.in.ogr dsn=veg_if_ju_alb.shp out=veg_if_ju_alb_shp

## define a extensão e resolucao
g.region vect=veg_if_ju_alb_shp res=50

### converte de vetor para raster
v.to.rast in=veg_if_ju_alb.shp out=veg_if_ju_alb_rast use=attr column=mata_Matri

#-----#Importar raster direto

r.in.gdal in=veg_if_silveira_tif.tif out=veg_if_silveira_tif_tif

## define a extensão e resolucao
g.region rast=veg_if_silveira_tif_tif res=50

```

5.1.2 Criando as bordas

-GRASS

```

## definindo a extensão novamente, este comando é muito importante!
g.region rast=union_vegHex_cer_rast

###r.mapcalc funciona como uma calculadora de rasters
r.mapcalc 'union_vegHex_cer_rast_bin=if(isnull(union_vegHex_cer_rast),0,union_vegHex_cer_rast)' ###
transformando o mpa em binario
r.neighbors in=union_vegHex_cer_rast_bin out=union_vegHex_cer_rast_EROD method=minimum size=3 --o
### erodindo 1 px que representa 30m de borda
r.mapcalc
"union_vegHex_cer_rast_bin_erro_soma=union_vegHex_cer_rast_bin+union_vegHex_cer_rast_EROD" ###
somando o resultado da erosão com o mapa original.

```

5.1.3 Calculando Métricas

-GRASS

```

#importando pacotes

```

```

import grass.script as grass
import os

os.chdir(r'C:\Users\jucoelho\Dropbox\Mestrado\Grass\resultados_1k') # mudando diretorio de trabalho

arquivo=open('tabela_Hex1k.txt','w') #criando e abrindo arquivo txt escrita ('W') para gravacao de linhas
cabecalho='HEXID',"classe","area M2" '\n' # criando cabecalho
arquivo.write(cabecalho) #escrevendo linha cabecalho
temp_2="" #declarando variaveis que serao linhas
temp_3="" #=====

#este for vai de 1 ate o N de hexagonos
for i in range(932):

    i=i+1 # incrementando o indice (i) para sair do 0
    grass.run_command('g.region', rast='veg_if_silveira_tif_tif_binario_v02_EDGE50m_FINAL2',verbose=False)
    # definindo extensao trocar o mapa dessa linha
    frag=grass.read_command('v.db.select', flags='c', map='hex1km_cRegistros_alb_shp', column='HEXID',
    where="cat="+`i`) #atribuindo para variavel frag o valor da coluna HEXID, onde cat for igual a i.Este sera usado
    para\
    #identificar o hexagono
    grass.run_command('v.extract', input='hex1km_cRegistros_alb_shp', output='Temp', where="cat="+`i`,
    overwrite=True ) # extraindo do shp de hexago o hexagono referente ao cat=i
    grass.run_command('g.region',vect='temp',res=30) # neste comando nos limitamos nossa janela de trabalho
    com base na extensao do hexagono
    grass.run_command('v.to.rast',input='temp', out='temp', use="cat" , overwrite=True) #rasterizando o hexagono

    grass.run_command('r.mask', input='temp',flags='o') #criando mascara de analize utilizando o hexanogo
    extraido, assim todo processamento feito apos a definicao da mascara sera limitado a sua extenssao
    grass.run_command('g.region',vect='temp') # reforçando a extensao
    temp=grass.read_command('r.stats', input='veg_if_silveira_tif_tif_binario_v02_EDGE50m_FINAL2'
    ,flags='la',quiet=True,fs='comma') # extraindo para variavel tem, as informacoes do raster,lembrando que so será
    retornado o valor dentro da mascara.

    temp=temp.replace('*','') # substituindo * por nada "
    temp=temp.replace('\n','cc') # substituindo '\n' por cc
    temp_2=temp.split('cc') # criando uma lista dizendo que os itens serao separados onde houver (cc)

    del temp_2[-1] # removendo o ultimo item da lista
    del temp_2[-1] # removendo o ultimo item da lista

    linha1=frag.replace("\n','") #substituindo na variavel frag,q contem o codigo identificador do hexagono,'\n' por
    nada.

    # enquanto o vetor temp_2 for maior que 1
    while len(temp_2)>1:

        linha2=temp_2[0] # grae na linha2 o indice 0 do vetor temp_2
        linha3=temp_2[1] # grae na linha2 o indice 0 do vetor temp_2

        del temp_2[0] # removendo primeiro item
        del temp_2[0] # removendo primeiro item
        arquivo.write(linha1+", "+linha2+", "+linha3+ "\n") #gravando no txt as linhas

        grass.run_command('r.mask', flags='r') # removendo a mascara
    arquivo.close() # fechando txt

```

5.1.4 Cálculo das métricas 2

-R!

```
##EXEMPLO COM buffer2km_shp_tabela_result.txt

setwd('C:\\Users\\jucoelho\\Dropbox\\Mestrado\\script\\John\\teste_saida_txt')
tab<-read.table('buffer2km_shp_tabela_result.txt',head=T,sep=',')
head(tab)

tab.wide <- reshape(tab, v.names = "area.M2", idvar = "HEXID", timevar = "classe", direction = "wide")
tab.wide[is.na(tab.wide)] <-0
tab.wide$pct_edge<-(tab.wide$area.M2.1/(tab.wide$area.M2.0+tab.wide$area.M2.1+tab.wide$area.M2.2))*100
tab.wide$pct_veg<-
((tab.wide$area.M2.1+tab.wide$area.M2.2)/(tab.wide$area.M2.0+tab.wide$area.M2.1+tab.wide$area.M2.2))*100
tab.wide$edgeTam<-(tab.wide$area.M2.1)/(tab.wide$area.M2.1+tab.wide$area.M2.2)

names(tab.wide)<-c("HXID", "ANAOMATA", "ABORDA", "AINT", "PCTEDGE", "PCTVEG", "EDGETAM")
library(foreign)
write.dbf(tab.wide, "Metrica_buf2km_Area_Veg.dbf")
```

5.1.5 Calculo do maior fragmento

```
setwd("C:\\Users\\Juliana\\Dropbox\\Mestrado\\shapes")
library(foreign)
listdbf<-list.files(pattern="\\.dbf$")
intersect = read.dbf("intersect_Veg_hex_1k_alb.dbf",as.is = FALSE)
head(intersect)

SUM<-data.frame(aggregate(intersect$AreaHa,list(intersect$HEXID), sum))
MAX<-data.frame(aggregate(intersect$AreaHa,list(intersect$HEXID), max))
NFRAG<-data.frame(aggregate(intersect$HEXID,list(intersect$HEXID), table))
metricasintersect<-NULL
metricasintersect<-data.frame(SUM,MAX,NFRAG)
metricasintersect<-metricasintersect[,c(3,5)]
names(metricasintersect)<-c("HEXID", "SUM", "MAX", "NFRAG")

head(metricasintersect)
setwd("C:\\Users\\Juliana\\Dropbox\\Mestrado\\Tables")
write.dbf(metricasintersect,"metricasintersect.dbf")

## _____

setwd("C:\\Users\\Juliana\\Dropbox\\Mestrado\\Grass\\resultados_1k")
Metrica1_Area_Veg = read.dbf("Metrica1_Area_Veg.dbf",as.is = FALSE)

setdiff( metricasintersect$HEXID,Metrica1_Area_Veg$HEXID)
fix(Metrica1_Area_Veg)

colunas_comum<-intersect(names(metricasintersect),names(Metrica1_Area_Veg))
metricas3<-merge(metricasintersect, Metrica1_Area_Veg, by=colunas_comum, all.x=T)

metricas3$AMATA<-metricas3$ABORDA+metricas3$AINT
metricas3$ADNFRAG<-metricas3$AMATA/metricas3$NFRAG
metricas3$ATNFRAG<-metricas3$SUM/metricas3$NFRAG
head(metricas3)

## _____
```

```

setwd("C:\\Users\\jucoelho\\Dropbox\\Mestrado\\zonalstatistics")
MAIOR50 = read.dbf("euc_maior50.dbf",as.is = FALSE)
head(MAIOR50)
MAIOR50<-MAIOR50[,-c(1,3,4,10)]
names(MAIOR50)<-c("HEXID","MINM50","MAXM50","RANGEM50","MEANM50","STDM50")

setwd("C:\\Users\\jucoelho\\Dropbox\\Mestrado\\Tables")
metricas3<-read.dbf("metricas_intersect_area.dbf",as.is = FALSE)

colunas_comum<-intersect(names(metricas3),names(MAIOR50))
metricas4<-merge(metricas3, MAIOR50, by=colunas_comum, all.x=T)

##_____

setwd("C:\\Users\\jucoelho\\Dropbox\\Mestrado\\Tables")
write.dbf(metricas4,"metricas_intersect_area_maior50.dbf")

```

5.1.6 Junção Vlate

```

setwd("C:\\Users\\jucoelho\\Dropbox\\Mestrado\\vlate\\merge R! copia de arquivos")
rm(list = ls())
library(foreign)

listtxt<-list.files(pattern="\\.txt$")
a<-read.table("class_area_analysis.txt", header=T)
b<-read.table("class_diversity.txt", header=T)
c<-read.table("class_edge_analysis.txt", header=T)
d<-read.table("class_form_analysis.txt", header=T)
e<-read.table("class_proximity.txt", header=T)
f<-read.table("class_subdivision.txt", header=T)
write.dbf(a,"class_area_analysis.dbf")
write.dbf(b,"class_diversity.dbf")
write.dbf(c,"class_edge_analysis.dbf")
write.dbf(d,"class_form_analysis.dbf")
write.dbf(e,"class_proximity.dbf")
write.dbf(f,"class_subdivision.dbf")

temp<-read.dbf("by region landscape.dbf")
temp<-temp[,-1]
write.dbf(temp,"by region landscape.dbf")
listdbf<-list.files(pattern="\\.dbf$")

table_junc<-NULL
teste_logico=0
for (i in listdbf){

  nameFile<-gsub(".dbf","",i)
  table<-read.dbf(i)
  names(table)<-c(names(table)[1],c(paste(names(table)[-1],nameFile, sep="")))
  if(teste_logico==0){
    table_junc<-table
    teste_logico<-1
  }
  else{
    table_junc<-merge(table_junc,table,by="Class",all.x=T)
  }
}

## MUDANÇA DE NOMES
ncols<-ncol(table_junc)
for (i in 1:ncols){

```



```

nameold<-colnames(table_junc[i])
if(grepl("by region landscape",nameold)) {
  nameNew<-gsub("by region landscape","1",nameold)
  names(table_junc)[names(table_junc)==nameold] <- nameNew
}
if(grepl("class_area_analysis",nameold)) {
  nameNew<-gsub("class_area_analysis","2",nameold)
  names(table_junc)[names(table_junc)==nameold] <- nameNew
}
if(grepl("class_diversity",nameold)) {
  nameNew<-gsub("class_diversity","3",nameold)
  names(table_junc)[names(table_junc)==nameold] <- nameNew
}
if(grepl("class_edge_analysis",nameold)) {
  nameNew<-gsub("class_edge_analysis","4",nameold)
  names(table_junc)[names(table_junc)==nameold] <- nameNew
}
if(grepl("class_form_analysis",nameold)) {
  nameNew<-gsub("class_form_analysis","5",nameold)
  names(table_junc)[names(table_junc)==nameold] <- nameNew
}
if(grepl("class_proximity",nameold)) {
  nameNew<-gsub("class_proximity","6",nameold)
  names(table_junc)[names(table_junc)==nameold] <- nameNew
}
if(grepl("class_subdivision",nameold)) {
  nameNew<-gsub("class_subdivision","7",nameold)
  names(table_junc)[names(table_junc)==nameold] <- nameNew
}}

head(table_junc)
table_junc<-table_junc[,-c(18,22,26,30,34,17,21,25,29,33)]
table_junc<-table_junc[,-c(27,28,20,22,24,26,19,21,23,25,29)]
table_junc<-table_junc[,-c(16,18,19)]

write.dbf(table_junc,"metricasvlate.dbf")

setwd("C:\\Users\\jucoelho\\Dropbox\\Mestrado\\Tables")
listdbf<-list.files(pattern="\\.dbf$")
metricaantigas<-read.dbf("metricas_intersect_area_maior50.dbf",as.is = FALSE)
names(table_junc)[1]<-c("HEXID")

colunas_comum<-intersect(names(metricaantigas),names(table_junc))
metricasatuais<-merge(metricaantigas, table_junc, by=colunas_comum, all.x=T)

write.dbf(metricasatuais, "metricas_intersect_area_maior50_vlate.dbf")

```

5.1.7 Junção Métricas patch analyst

```

setwd("C:\\Users\\jucoelho\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\paisagem")
listdbf<-list.files(pattern="\\.dbf$")

metricaantigas10km<-read.dbf("metricas_intersect_area_maior50_10km.dbf",as.is = FALSE)
metricaantigas5km<-read.dbf("metricas_intersect_area_maior50_5km.dbf",as.is = FALSE)
metricaantigasbuf2km<-read.dbf("metricas_intersect_area_maior50_buf2km.dbf",as.is = FALSE)
metricaantigas1km<-read.dbf("metricas_intersect_area_maior50.dbf",as.is = FALSE)
metricaantigas2km<-read.dbf("metricas_intersect_area_maior50_2km.dbf",as.is = FALSE)
metricaantigasbuf10km<-read.dbf("metricas_intersect_area_maior50_buf10km.dbf",as.is = FALSE)
metricaantigasbuf5km<-read.dbf("metricas_intersect_area_maior50_buf5km.dbf",as.is = FALSE)

```

```

patch10km<-read.dbf("veg10_hex10.dbf",as.is = FALSE)
patch5km<-read.dbf("veg5_hex5.dbf",as.is = FALSE)
patchbuf2km<-read.dbf("veg2_buf2.dbf",as.is = FALSE)
patch1km<-read.dbf("veg1_hex1.dbf",as.is = FALSE)
patch2km<-read.dbf("veg2_hex2many.dbf",as.is = FALSE)
patchbuf10km<-read.dbf("veg10_buf10_2.dbf",as.is = FALSE)
patchbuf5km<-read.dbf("veg5_buf5_2.dbf",as.is = FALSE)

patch1km<-patch1km[,-c(1:3)]
patch2km<-patch2km[,-c(1:3)]
patch5km<-patch5km[,-c(1:3)]
patch10km<-patch10km[,-c(1:3)]
patchbuf2km<-patchbuf2km[,-c(1:3)]
patchbuf5km<-patchbuf5km[,-c(1:3)]
patchbuf10km<-patchbuf10km[,-c(1:3)]

colnames(patch1km)[1]<-"HEXID"
colnames(patch2km)[1]<-"HEXID"
colnames(patch5km)[1]<-"HEXID"
colnames(patch10km)[1]<-"HEXID"
colnames(patchbuf2km)[1]<-"HEXID"
colnames(patchbuf5km)[1]<-"HEXID"
colnames(patchbuf10km)[1]<-"HEXID"

metricasatuais1km<-merge(metricaantigas1km, patch1km, by="HEXID", all.x=T)
metricasatuais2km<-merge(metricaantigas2km, patch2km, by="HEXID", all.x=T)
metricasatuais5km<-merge(metricaantigas5km, patch5km, by="HEXID", all.x=T)
metricasatuais10km<-merge(metricaantigasbuf10km, patch10km, by="HEXID", all.x=T)
metricasatuaisbuf2km<-merge(metricaantigasbuf2km, patchbuf2km, by="HEXID", all.x=T)
metricasatuaisbuf5km<-merge(metricaantigasbuf5km, patchbuf5km, by="HEXID", all.x=T)
metricasatuaisbuf10km<-merge(metricaantigasbuf10km, patchbuf10km, by="HEXID", all.x=T)

write.dbf(metricasatuais1km, "metricas_intersect_area_maior50_vlate_1km.dbf")
write.dbf(metricasatuais2km, "metricas_intersect_area_maior50_vlate_2km.dbf")
write.dbf(metricasatuais5km, "metricas_intersect_area_maior50_vlate_5km.dbf")
write.dbf(metricasatuais10km, "metricas_intersect_area_maior50_vlate_10km.dbf")
write.dbf(metricasatuaisbuf2km, "metricas_intersect_area_maior50_vlate_buf2km.dbf")
write.dbf(metricasatuaisbuf5km, "metricas_intersect_area_maior50_vlate_buf5km.dbf")
write.dbf(metricasatuaisbuf10km, "metricas_intersect_area_maior50_vlate_buf10km.dbf")

```

2 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

6.1 Seleção de Variáveis

6.1.1 Seleção de variáveis da paisagem

```

setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\paisagem")
library(foreign)
list<-list.files(pattern="\\.dbf$")

#met1kmNA<-data.frame(read.dbf("metricas_intersect_area_maior50_vlate_1kmNA.dbf"))
met1kmNA<-data.frame(read.table("metNA_1km_FINAL.txt", header = T, sep = "\\t"))
dados.backup<-met1kmNA
names(met1kmNA)

pca1km<- prcomp(na.omit(met1kmNA[,-c(1)]), scale = TRUE, center=T)

```

```

summary(met1kmNA)
plot(pca1km, type = "l")
#summary(pca1km)# 0.498 0.6411 0.7725 0.83768 0.88946 0.93094 0.95580 0.97166 0.98450 0.99224 0.99641
0.99918
#str(met1kmNA)
#print(pca1km)
setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\PCA PAIRS\\1kmNA")
png("pca1km2.png",10000,10000)
plot(met1kmNA[,c(1)])
dev.off()
#Graficos
plot(pca1km)
biplot(pca1km, col = c("gray", "black"))
dev.off()
pca1km2<-data.frame(pca1km$rotation)[,1:5]
setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\PCA PAIRS\\1kmNA")
write.table(pca1km2,"pca_v5_1km2.csv", sep=",")
#Agora no excell selecionar as variaveis.

#Var_sel_1km<-met1kmNA[,c("HEXID", "ANAOMATA", "RANGEM50", "ATNFRAG", "MPE", "MSI",
"ABORDA", "PCTEDGE", "PSCoV", "MEANM50", "AINT", "PSSD", "AWMPFD", "NFRAG", "PSSD",
"MINM50" )]
#write.table(Var_sel_1km,"Var_sel_1km.csv", sep=",")
#cor_Var_sel_1km<-data.frame(cor(Var_sel_1km, method="spearman", use="pairwise.complete.obs"))
#Var_sel_1km<-subset(Var_sel_1km, !is.na(rowSums(Var_sel_1km)))

###rodar script pairs_correlacao antes! panel.cor e panel.hist
setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\PCA PAIRS\\1kmNA")
png("pairs_Var_sel_1km2.png",2000,2000)
pairs(na.omit(met1kmNA[,1]),lower.panel = panel.smooth, upper.panel = panel.cor, diag.panel = panel.hist)
dev.off()

#olhar pairs e selecionar variaveis nao correlacionadas (<60-70%)
install.packages("car")
library(car)
Var_sel_1km_2<-met1kmNA[,c("HEXID", "ANAOMATA", "ABORDA", "PSCoV", "AWMPFD",
"MINM50")]
setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\PCA PAIRS\\1kmNA")
png("scatterplot_Var_sel_1km_2.png",2000,2000)
scatterplotMatrix(Var_sel_1km_2)
dev.off()

#Juncao com dados biol'ogicos e scatterplot entre variaveis ambientais selecionadas e variaveis biol'ogicas

setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\Biologicas")
riq1km<-data.frame(read.dbf("Riquezahex1km.dbf"))

colunas_comum<-intersect(names(riq1km),names(Var_sel_1km_2))
Var_sel_1km_2_riq<-merge(Var_sel_1km_2, riq1km, by=colunas_comum, all.x=T)
Var_sel_1km_2_riq<-subset(Var_sel_1km_2_riq, !is.na(rowSums(Var_sel_1km_2_riq)))
setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\PCA PAIRS\\1kmNA")
write.dbf(Var_sel_1km_2_riq, "Var_sel_1km_2_riq.dbf")
str(Var_sel_1km_2_riq)

#Scatterplot: Ambientais X Biologicas
setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\PCA PAIRS\\1kmNA")
png("scatterplot_Var_sel_1km_2_riq.png",2000,2000)
names(Var_sel_1km_2_riq)
scatterplotMatrix(Var_sel_1km_2_riq[,2:9])
dev.off()

```

```

met2kmNA<-data.frame(read.dbf("metricas_intersect_area_maior50_vlate_2kmNA.dbf"))
met5kmNA<-data.frame(read.dbf("metricas_intersect_area_maior50_vlate_5kmNA.dbf"))
met10kmNA<-data.frame(read.dbf("metricas_intersect_area_maior50_vlate_10kmNA.dbf"))
metbuf2kmNA<-data.frame(read.dbf("metricas_intersect_area_maior50_vlate_buf2kmNA.dbf.dbf"))
metbuf5kmNA<-data.frame(read.dbf("metricas_intersect_area_maior50_vlate_buf5kmNA.dbf"))
metbuf10kmNA<-data.frame(read.dbf("metricas_intersect_area_maior50_vlate_buf10kmNA.dbf"))

#Variaveis ambientais

rm(list=ls())
setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\Ambientais")
library(foreign)
list<-list.files(pattern="\\.dbf$")

##-----

##BUFFER 10 KM

AmbB10kmNA1<-data.frame(read.dbf("variaveisambientais_buf10kmlimpa2.dbf"))
cor_Var_sel_B10km<-data.frame(cor(AmbB10kmNA1, method="spearman", use="pairwise.complete.obs"))
AmbB10kmNA<-subset(AmbB10kmNA1, !is.na(rowSums(AmbB10kmNA1)))

#SOMENTE MÉDIAS
subAmbB10kmNA<-subset(AmbB10kmNA, select=grepl("MEAN", colnames(AmbB10kmNA)))
write.dbf(subAmbB10kmNA, "subAmbB10kmNA.dbf")

setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\selecao ambiental")

#CORRELAÇÃO
png("pairs_AmbB10kmNA.png",2000,2000)
pairs(subAmbB10kmNA,lower.panel = panel.smooth, upper.panel = panel.cor, diag.panel = panel.hist)
dev.off()

# PCA
pcaambB10km<- prcomp(na.omit(subAmbB10kmNA), scale = TRUE, center=T)
names(subAmbB10kmNA)
png("pca_ambB10km2.png",600,600)
biplot(pcaambB10km, col = c("gray", "blacK"),cex=0.8)
dev.off()

##SALVANDO AS VARIÁVEIS SELECIONADAS NAS PASSOS ANTERIORES
names(AmbB10kmNA)
SELAmbB10kmNA<-AmbB10kmNA1[,c("HEXID","MEANALT","MEANB12", "MEANB4",
"MEANFLWAC", "MEANHID", "MEANRODO", "MEANSLPD")]
write.dbf(SELAmbB10kmNA, "VarAmb_sel_B10km.dbf")

##-----

## 1 KM

Amb1kmNA1<-data.frame(read.dbf("variaveisambientais1kmlimpa2.dbf"))
cor_Var_sel_1km<-data.frame(cor(Amb1kmNA1,method="spearman", use="pairwise.complete.obs"))
Amb1kmNA<-subset(Amb1kmNA1, !is.na(rowSums(Amb1kmNA1)))
subAmb1kmNA<-subset(Amb1kmNA,select=grepl("MEAN", colnames(Amb1kmNA)))
write.dbf(subAmb1kmNA, "ssubAmb1kmNA.dbf")

setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\selecao ambiental")
png("pairs_Amb1kmNA.png",2000,2000)pairs(subAmb1kmNA,lower.panel= panel.smooth, upper.panel =
panel.cor, diag.panel = panel.hist)

```

```
dev.off()
```

```
pca1km<- prcomp(na.omit(subAmb1kmNA), scale = TRUE, center=T)
png("pca_amb1km2.png",700,700)
biplot(pca1km, col = c("gray", "black"),cex=0.7)
dev.off()
```

```
##SALVANDO AS VARIÁVEIS SELECIONADAS NAS PASSOS ANTERIORES
```

```
names(Amb1kmNA)
SELAmb1kmNA<-Amb1kmNA[,c("HEXID","MEANALT", "MEANB12", "MEANB4", "MEANFLWAC",
"MEANHIDRO", "MEANRODO", "MEANSLPD")]
write.dbf(SELAmb1kmNA, "VarAmb_sel_1km.dbf")
```

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

6.2 Regressão

```
#Exemplo de regressão
```

```
rm(list=ls())
setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\Biologicas")
library(foreign)
list<-list.files(pattern=".dbf$")
RIQ<-read.dbf("Riquezahex1km.dbf")
```

```
setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\selecao ambiental")
list<-list.files(pattern=".dbf$")
VAR<-read.dbf("VarAmb_sel_1km.dbf")
```

```
DADOS<-merge(RIQ,VAR,by = "HEXID")
DADOSRIQ<-DADOS$RIQ
DADOSVAR<-DADOS$MEANALT
```

```
setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\REGRESSAO\\1km\\RIQ\\AMB\\ALT")
```

```
plot(DADOSRIQ~DADOSVAR, pch=19, col="red3") # gráfico peso x altura
n <- length(DADOSRIQ) # tamanho da amostra
xbar <- mean(DADOSRIQ) # média das alturas
ybar <- mean(DADOSVAR) # média dos pesos
s2x <- var(DADOSRIQ) # variância das alturas
s2y <- var(DADOSVAR) # variância dos pesos
sxy <- (sum(DADOSRIQ*DADOSVAR)-n*xbar*ybar)/(n-1) # covariância entre peso e altura
rxy <- cor(DADOSRIQ,DADOSVAR) # correlação entre peso e altura
## Ajuste de mínimos quadrados
## estimativas dos coeficientes
beta1 <- sxy/s2x
beta0 <- ybar-xbar*beta1
c(beta0,beta1)
## Coeficiente de determinação
R2 <- (sxy^2)/(s2y*s2x)
r3<-(rxy)^2 # relação de R2 com rxy
r4<-beta1*sxy/s2y # relação de R2 com beta1
table<-cbind(n,xbar,ybar,s2x,s2y,sxy,rxy,beta1,beta0,R2,r3,r4)
write.table(table,"tableRegressao.csv", sep=";", row.names = F)
## Valores ajustados e resíduos
ych <- beta0 + beta1*DADOSVAR # valores ajustados
ei <- DADOSRIQ - ych # resíduos
ajustados_residuos<-
data.frame(cbind(AJUDADOS=ajustados_residuos$ych,RESÍDUOS=ajustados_residuos$ei))
write.table(ajustados_residuos,"ajustados_residuos.csv", sep=";", row.names = F)
```

```

## plotando a reta ajustada
png("Reta ajustada LOG.png",500,500)
par(mfrow = c(1,1))
plot(log(DADOSVAR),log(DADOSRIQ), pch=19, col="red3", main="Gráfico de pontos em log",
xlab="ALTITUDE(Log)",
ylab="RIQUEZA(Log)")
abline(coef(reta), col="blue3", lwd=2)
dev.off()
png("Reta ajustada.png",500,500)
par(mfrow = c(1,1))
plot(DADOSVAR,DADOSRIQ, pch=19, col="red3", main="Gráfico de pontos", xlab="ALTITUDE",
ylab="RIQUEZA")
abline(coef(reta), col="blue3", lwd=2)
#lines(DADOSVAR[order(DADOSVAR)], ych[order(DADOSVAR)],col="blue3", lwd=2)
dev.off()
## Análise gráfica para verificação das suposições
## do modelo (normalidade e igualdade de variâncias)
# histograma
png("Normalidade e igualdade de variâncias.png",500,500)
par(mfrow = c(2,2))
hist(ei, col="bisque", main="Histograma dos resíduos", xlab="Resíduos",
ylab="Frequência", cex.main=1.25)
# normal qq-plot dos resíduos
qqnorm(ei)
qqline(ei)
# resíduos x valores ajustados
plot(ych,ei, main="Resíduos x Ajustados", pch=19, col="red3")
# resíduos x ordem (timeplot)
plot(ei, main="Resíduos x ordem", pch=19, col="red3")
lines(ei, lwd=2, col="blue3")
dev.off()
#b) Explorando os recursos do R:
# Usando o comando - lm
png("lm.png",500,500)
par(mfrow = c(2,2))
reta <- lm(DADOSRIQ~DADOSVAR) # guardando os resultados do ajuste
plot(reta)
dev.off()
Summary2<-summary(reta) # sumário do ajuste
## O commando summary fornece:
## i) descritivas dos resíduos;
## ii) coeficientes estimados com respectivos testes de significância;
## iii) erro padrão dos resíduos (estimativa do desvio padrão sigma);
## iv) coef. de determinação R2 e R2-ajustado;
## v) teste F da tabela ANOVA, para testar Ho:beta1=0.
aov(reta) # somas de quadrado dos resíduos e do modelo
res <- reta$residuals # resíduos
sdres <- rstandard(reta) # resíduos padronizados
ajus <- reta$fitted # valores ajustados
# traçando a reta de regressão
plot(DADOSVAR,DADOSRIQ, pch=19, col="red3", main="Gráfico de pontos", xlab="RIQ",
ylab="ALT")
abline(coef(reta), col="blue3", lwd=2)
# verificação das suposições do modelo:
# teste de normalidade de Kolmogorov-Smirnov
kstest<-ks.test(sdres,pnorm,0,1)

sink("outfile.txt")
cat("#####Summary#####")
cat("# sumário do ajuste

```

```
## O comando summary fornece:
## i) descritivas dos resíduos;
## ii) coeficientes estimados com respectivos testes de significância;
## iii) erro padrão dos resíduos (estimativa do desvio padrão sigma);
## iv) coef. de determinação R2 e R2-ajustado;
## v) teste F da tabela ANOVA, para testar Ho:beta1=0.")
Summary2
cat("\n")
cat("#####teste de normalidade de Kolmogorov-Smirnov#####")
kstest
sink()

## Análise gráfica para verificação das suposições
## do modelo (normalidade e igualdade de variâncias)
## gráfico 4x1
png("diagnostico.png",500,500)
par(mfrow = c(2,2)) # esse comando divide a janela gráfica numa matriz 2x2
# histograma dos resíduos
hist(sdres, col = "bisque", xlab="Resíduos padronizados", ylab=" ",
     main="Histograma dos Resíduos", cex.main=1)
# gráfico normal qq-plot dos resíduos
qqnorm(sdres, pch=19, col="red", xlab="Quantis teóricos", ylab="Quantis
     amostrais", main="Normal Q-Q plot dos Resíduos", cex.main=1)
qqline(sdres, col="blue3")
# gráfico resíduos x valores ajustados
plot(ajus,sdres,pch=19,col="red", xlab="Valores ajustados", ylab="Resíduos
     padronizados", main="Resíduos x Ajustados", cex.main=1)
lines(c(0,max(ajus)),c(0,0),lty=2)
# resíduos x ordem (timeplot)
plot(sdres, main="Resíduos x ordem", ylab="Resíduos padronizados", pch=19,
     col="red3", cex.main=1)
lines(sdres, col="blue3")
lines(c(0,max(ajus)),c(0,0),lty=2)
par(mfrow = c(1,1))
dev.off()
```

6.3 GAM

##EXEMPLO PARA ENDÊMICAS

##1. PAR BIOMA K-1 END

##END

```
rm(list=ls())
library(foreign)
setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\juncao\\novo\\results")
dados = read.table("tab_R_VP_VA_Bioma2_newnames.txt" , header = T, sep = ";")
names = read.dbf("newnames.dbf")
colnames(dados)<-names[,1]
names(dados)

require(bbmle)
require(vegan)
require(mgcv)
?bbmle

dados.backup = dados
names(dados)
dados2<-dados[,-c(11,26,27)]
names(dados2)
```

```

setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\END\\graficos\\par 3 biomas k-1 END")
modelo=list()
hex<-c("1 km","2 km","5 km", "10 km")
for (a in hex)
{
  #a="10 km"
  dados.subset<-subset(dados2, select = grepl(a, colnames(dados2)))
  tam=length(dados.subset)
  dados.subset$END<-dados2$END
  dados.subset$HEXID<-dados2$HEXID
  dados.subset$BIOMA<-dados2$Bioma
  dados.subset<-na.omit(dados.subset)
  names(dados.subset)
  #dados.subset[,i]
  print("passou for 1")
  for (i in colnames(dados.subset[1:tam]))

  {
    #i=4
    dados_salvos<-data.frame(x=dados.subset[,i],y=dados.subset$END,BIOMA=dados.subset$BIOMA)

    #SEM CORTE
    ##Bioma 1
    dados_bioma<-data.frame(subset(dados_salvos, dados_salvos$BIOMA==1))

    minx<-min(dados_bioma$x)
    miny<-min(dados_bioma$y)
    maxx<-max(dados_bioma$x)
    maxy<-max(dados_bioma$y)

    dados_temp<-dados_bioma

    try(modelo[[paste(i,"1")]]<-gamm(y~s(x,fx=F,k=-1), family= poisson, data=dados_temp),T)

    nome.png.linear= paste("gamm_",i,".png", sep="")

    png(filename=nome.png.linear, res= 300, height= 20,width=20, unit="cm")
    mat <- matrix(c(1,1,2,2,
                    0,3,3,0), nrow = 2, byrow = TRUE)
    colorido=c("cyan2", "salmon1", "chartreuse2")

    layout(mat)
    try(plot(y~x,data=dados_temp,xlab=i, bty="l", ylab="Endêmicas",
            main="Mata Atlântica - Litoral", pch=21,
            col="gray47",bg=colorido[as.factor(dados_temp$BIOMA)], cex=2,
            ylim = c(miny, maxy), xlim = c(minx,maxx), cex.axis= 1,cex.lab=1.3, cex.main=1.7 ),T)

    new.data.nec=try(seq(min(dados_temp$x),
                        max(dados_temp$x),
                        along.with=predict(modelo[[paste(i,"1")]]$gam)),T)
    predicted=try(predict(modelo[[paste(i,"1")]]$gam, list(x=new.data.nec),type="response"),T)
    try(points(predicted~new.data.nec, type="l", lwd=3, cex=1,col="gray31",xlim=c(0,100)),T)

    predicted2=try(predict(modelo[[paste(i,"1")]]$gam, list(x = new.data.nec),type="response", se=TRUE),T)

    Fup<- try(predicted2$fit +1.96*predicted2$se.fit,T)
    Flow<- try(predicted2$fit -1.96*predicted2$se.fit,T)
  }
}

```



```

try(points(Fup~new.data.nec, cex=1, type="l", lty=2,                                col="gray31",
          lwd=1),T)
try(points(Flow~new.data.nec, cex=1, type="l", lty=2,                                col="gray31",
          lwd=1),T)

##Bioma 2
dados_bioma<-data.frame(subset(dados_salvos, dados_salvos$BIOMA==2))

minx<-min(dados_bioma$x)
miny<-min(dados_bioma$y)
maxx<-max(dados_bioma$x)
maxy<-max(dados_bioma$y)

dados_temp<-dados_bioma

try(modelo[[paste(i,"2")]]<-gamm(y~s(x,fx=F,k=-1), family= poisson, data=dados_temp),T)

try(plot(y~x,data=dados_temp,xlab=i, bty="l", ylab="Endêmicas",
        main="Cerrado", pch=21, col="gray47",bg=colorido[as.factor(dados_temp$BIOMA)], cex=2,
        ylim = c(miny, maxy), xlim = c(minx,maxx), cex.axis= 1,cex.lab=1.3, cex.main=1.7 ),T)

new.data.nec=try(seq(min(dados_temp$x),                                max(dados_temp$x),
along.with=predict(modelo[[paste(i,"2")]]$gam)),T)
predicted=try(predict(modelo[[paste(i,"2")]]$gam, list(x=new.data.nec),type="response"),T)
try(points(predicted~new.data.nec, type="l", lwd=3, cex=1,col="gray31",xlim=c(0,100)),T)

predicted2=try(predict(modelo[[paste(i,"2")]]$gam, list(x = new.data.nec),type="response", se=TRUE),T)

Fup<- try(predicted2$fit +1.96*predicted2$se.fit,T)
Flow<- try(predicted2$fit -1.96*predicted2$se.fit,T)

try(points(Fup~new.data.nec, cex=1, type="l", lty=2,                                col="gray31",
          lwd=1),T)
try(points(Flow~new.data.nec, cex=1, type="l", lty=2,                                col="gray31",
          lwd=1),T)

##Bioma 3
dados_bioma<-data.frame(subset(dados_salvos, dados_salvos$BIOMA==3))

minx<-min(dados_bioma$x)
miny<-min(dados_bioma$y)
maxx<-max(dados_bioma$x)
maxy<-max(dados_bioma$y)

dados_temp<-dados_bioma

try(modelo[[paste(i,"3")]]<-gamm(y~s(x,fx=F,k=-1), family= poisson, data=dados_temp),T)

try(plot(y~x,data=dados_temp,xlab=i, bty="l", ylab="Endêmicas",
        main="Mata Atlântica - Interior", pch=21, col="gray47",bg=colorido[as.factor(dados_temp$BIOMA)],
cex=2,
        ylim = c(miny, maxy), xlim = c(minx,maxx), cex.axis= 1,cex.lab=1.3, cex.main=1.7 ),T)

new.data.nec=try(seq(min(dados_temp$x),                                max(dados_temp$x),
along.with=predict(modelo[[paste(i,"3")]]$gam)),T)
predicted=try(predict(modelo[[paste(i,"3")]]$gam, list(x=new.data.nec),type="response"),T)
try(points(predicted~new.data.nec, type="l", lwd=3, cex=1,col="gray31",xlim=c(0,100)),T)

```

```

predicted2=try(predict(modelo[[paste(i,"3")]]$gam, list(x = new.data.nec),type="response", se=TRUE),T)

Fup<- try(predicted2$fit +1.96*predicted2$se.fit,T)
Flow<- try(predicted2$fit -1.96*predicted2$se.fit,T)

      try(points(Fup~new.data.nec, cex=1, type="l", lty=2,                                col="gray31",
                lwd=1),T)
      try(points(Flow~new.data.nec, cex=1, type="l", lty=2,                             col="gray31",
                lwd=1),T)

dev.off()

}
}
dev.off()

##2. PAR BIOMA K-1 END POR ESCALA

##END

rm(list=ls())
library(foreign)
setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\juncao\\novo\\results")
dados = read.table("tab_R_VP_VA_Bioma2_newnames.txt" , header = T, sep = ";")
names = read.dbf("newnames.dbf")
colnames(dados)<-names[,1]
names(dados)

require(bbmle)
require(vegan)
require(mgcv)

dados.backup = dados
names(dados)
dados2<-dados[,-c(11,26,27)]
names(dados2)

setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\END\\graficos\\par 3 biomas k-1 END por
escala")
modelo=list()

hex<-c("1 km", "2 km", "5 km", "10 km")

dados<-subset(dados2, select = grepl("of", colnames(dados2)))
dados$END<-dados2$END
dados$HEXID<-dados2$HEXID
dados$BIOMA<-dados2$Bioma
dados<-na.omit(dados)
names(dados)

varnames<- c("Patches", "Forest", "Weighted",
             "Minimum", "coefficient",
             "Conectivity", "Altitude", "Precipitation" , "Temperature",
             "Flow", "Water", "Road", "Slope")

for (i in varnames)

```

```

{
  #i="Slope"

  nome.png.linear= paste("gamm_ESC_B",i,".png", sep="")
  png(filename=nome.png.linear, res= 600, height= 35,width=35, unit="cm")
  par(mfrow=c(4,3))

  dados.subset<-subset(dados, select = grepl(i, names(dados)))

  print("passou for 1")

  for (a in hex)
  {
    #a="10 km"
    dados.subset2<-subset(dados.subset, select = grepl(a, names(dados.subset)))
    dados.subset2$END<-dados$END
    dados.subset2$HEXID<-dados$HEXID
    dados.subset2$BIOMA<-dados$BIOMA

    dados_salvos<-data.frame(x=dados.subset2[,1],y=dados.subset2$END,BIOMA=dados.subset2$BIOMA)

    #SEM CORTE
    ##Bioma 1
    dados_bioma<-data.frame(subset(dados_salvos, dados_salvos$BIOMA==1))

    minx<-min(dados_bioma$x)
    miny<-min(dados_bioma$y)
    maxx<-max(dados_bioma$x)
    maxy<-max(dados_bioma$y)

    dados_temp<-dados_bioma

    try(modelo[[paste(a,"1")]]<-gamm(y~s(x,fx=F,k=-1), family= poisson, data=dados_temp),T)

    colorido=c("cyan2", "salmon1", "chartreuse2")

    try(plot(y~x,data=dados_temp,xlab=a, bty="l", ylab="Endemic",
            pch=21, col="gray47",bg=colorido[as.factor(dados_temp$BIOMA)], cex=2,
            ylim = c(miny, maxy), xlim = c(minx,maxx), cex.axis= 1.5,cex.lab=2 ),T)

    new.data.nec=try(seq(min(dados_temp$x),                                max(dados_temp$x),
along.with=predict(modelo[[paste(a,"1")]]$gam)),T)
    predicted=try(predict(modelo[[paste(a,"1")]]$gam, list(x=new.data.nec),type="response"),T)
    try(points(predicted~new.data.nec, type="l", lwd=3, cex=1,col="gray31",xlim=c(0,100)),T)

    predicted2=try(predict(modelo[[paste(a,"1")]]$gam, list(x = new.data.nec),type="response", se=TRUE),T)

    Fup<- try(predicted2$fit +1.96*predicted2$se.fit,T)
    Flow<- try(predicted2$fit -1.96*predicted2$se.fit,T)

    try(points(Fup~new.data.nec, cex=1, type="l", lty=2,                                col="gray31",
            lwd=1),T)
    try(points(Flow~new.data.nec, cex=1, type="l", lty=2,                                col="gray31",
            lwd=1),T)

    ##Bioma 2
    dados_bioma<-data.frame(subset(dados_salvos, dados_salvos$BIOMA==2))
  }
}

```

[illegible]

```

        try(points(Flow~new.data.nec, cex=1, type="l", lty=2, col="gray31",
            lwd=1),T)

    }
    mtext(("M. A. Litoral          M. A. Interior          Cerrado"), side = 3, line = -2,cex = 2, outer =
TRUE)
    dev.off()
}
dev.off()

##3. PAR BIOMA K-1 END MESMO EIXO

#END

rm(list=ls())
library(foreign)
setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\juncao\\novo\\results")
dados = read.table("tab_R_VP_VA_Bioma2_newnames.txt" , header = T, sep = ";")
names = read.dbf("newnames.dbf")
colnames(dados)<-names[,1]
names(dados)

require(bbmle)
require(vegan)
require(mgcv)

dados.backup = dados
names(dados)
dados2<-dados[,-c(11,26,27)]
names(dados2)

setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\END\\graficos\\par 3 biomas k-1 END mesmo
eixo")
modelo=list()
hex<-c("1 km", "2 km", "5 km", "10 km")

dados<-subset(dados2, select = grepl("of", colnames(dados2)))
dados$END<-dados2$END
dados$HEXID<-dados2$HEXID
dados$BIOMA<-dados2$Bioma
dados<-na.omit(dados)
names(dados)

varnames<- c("Patches", "Forest", "Weighted",
    "Minimum", "coefficient",
    "Conectivity", "Altitude", "Precipitation", "Temperature",
    "Flow", "Water", "Road", "Slope")

for (i in varnames)

{
    #i="Slope"

    nome.png.linear= paste("gamm_ESC_B",i,".png", sep="")
    png(filename=nome.png.linear, res= 600, height= 35,width=35, unit="cm")
    par(mfrow=c(4,3))

    dados.subset<-subset(dados, select = grepl(i, names(dados)))

```

```

print("passou for 1")

for (a in hex)
{
  #a="10 km"
  dados.subset2<-subset(dados.subset, select = grepl(a, names(dados.subset)))
  dados.subset2$END<-dados$END
  dados.subset2$HEXID<-dados$HEXID
  dados.subset2$BIOMA<-dados$BIOMA

  dados_salvos<-data.frame(x=dados.subset2[,1],y=dados.subset2$END,BIOMA=dados.subset2$BIOMA)

  #SEM CORTE
  ##Bioma 1
  dados_bioma<-data.frame(subset(dados_salvos, dados_salvos$BIOMA==1))

  minx<-min(dados_bioma$x)
  miny<-min(dados_bioma$y)
  maxx<-max(dados_bioma$x)
  maxy<-max(dados_bioma$y)

  dados_temp<-dados_bioma

  try(modelo[[paste(i,"1")]]<-gamm(y~s(x,fx=F,k=-1), family= poisson, data=dados_temp),T)

  colorido=c("cyan2", "salmon1", "chartreuse2")

  try(plot(y~x,data=dados_temp,xlab=i, bty="l", ylab="Endemic",
    pch=21, col="gray47",bg=colorido[as.factor(dados_temp$BIOMA)], cex=2,
    ylim = c(miny, maxy), xlim = c(minx,maxx), cex.axis= 1.3,cex.lab=1.7, cex.main=1.7 ),T)

  #legend(x = "top", c("MAL"), text.col = "black", bg = "gray90",bty="n")
  new.data.nec=try(seq(min(dados_temp$x), max(dados_temp$x),
    along.with=predict(modelo[[paste(i,"1")]]$gam)),T)
  predicted=try(predict(modelo[[paste(i,"1")]]$gam, list(x=new.data.nec),type="response"),T)
  try(points(predicted~new.data.nec, type="l", lwd=3, cex=1,col="gray31",xlim=c(0,100)),T)

  predicted2=try(predict(modelo[[paste(i,"1")]]$gam, list(x = new.data.nec),type="response", se=TRUE),T)

  Fup<- try(predicted2$fit +1.96*predicted2$se.fit,T)
  Flow<- try(predicted2$fit -1.96*predicted2$se.fit,T)

  try(points(Fup~new.data.nec, cex=1, type="l", lty=2, col="gray31",
    lwd=1),T)
  try(points(Flow~new.data.nec, cex=1, type="l", lty=2, col="gray31",
    lwd=1),T)

  ##Bioma 2
  dados_bioma<-data.frame(subset(dados_salvos, dados_salvos$BIOMA==2))

  dados_temp<-dados_bioma

  try(modelo[[paste(i,"2")]]<-gamm(y~s(x,fx=F,k=-1), family= poisson, data=dados_temp),T)

  try(plot(y~x,data=dados_temp, bty="l", pch=21, col="gray47",bg=colorido[as.factor(dados_temp$BIOMA)],
    cex=2,
    ylim = c(miny, maxy), xlim = c(minx,maxx),cex.axis= 1.3,cex.lab=1.3, cex.main=1.7),T)

```

```

#legend(x = "top", c("CR"), text.col = "black", bg = "gray90", bty="n")

new.data.nec=try(seq(min(dados_temp$x),                                max(dados_temp$x),
along.with=predict(modelo[[paste(i,"2")]]$gam)),T)
predicted=try(predict(modelo[[paste(i,"2")]]$gam, list(x=new.data.nec),type="response"),T)
try(points(predicted~new.data.nec, type="l", lwd=3, cex=1,col="gray31",xlim=c(0,100)),T)

predicted2=try(predict(modelo[[paste(i,"2")]]$gam, list(x = new.data.nec),type="response", se=TRUE),T)

Fup<- try(predicted2$fit +1.96*predicted2$se.fit,T)
Flow<- try(predicted2$fit -1.96*predicted2$se.fit,T)

try(points(Fup~new.data.nec, cex=1, type="l", lty=2,                                col="gray31",
lwd=1),T)
try(points(Flow~new.data.nec, cex=1, type="l", lty=2,                                col="gray31",
lwd=1),T)

##Bioma 3
dados_bioma<-data.frame(subset(dados_salvos, dados_salvos$BIOMA==3))

dados_temp<-dados_bioma

try(modelo[[paste(i,"3")]]<-gamm(y~s(x,fx=F,k=-1), family= poisson, data=dados_temp),T)

try(plot(y~x,data=dados_temp, bty="l", pch=21, col="gray47",bg=colorido[as.factor(dados_temp$BIOMA)],
cex=2,
ylim = c(miny, maxy), xlim = c(minx,maxx),cex.axis= 1.3,cex.lab=1.3, cex.main=1.7),T)

#legend(x = "top", c("MAI"), text.col = "black", bg = "gray90",bty="n")

new.data.nec=try(seq(min(dados_temp$x),                                max(dados_temp$x),
along.with=predict(modelo[[paste(i,"3")]]$gam)),T)
predicted=try(predict(modelo[[paste(i,"3")]]$gam, list(x=new.data.nec),type="response"),T)
try(points(predicted~new.data.nec, type="l", lwd=3, cex=1,col="gray31",xlim=c(0,100)),T)

predicted2=try(predict(modelo[[paste(i,"3")]]$gam, list(x = new.data.nec),type="response", se=TRUE),T)

Fup<- try(predicted2$fit +1.96*predicted2$se.fit,T)
Flow<- try(predicted2$fit -1.96*predicted2$se.fit,T)

try(points(Fup~new.data.nec, cex=1, type="l", lty=2,                                col="gray31",
lwd=1),T)
try(points(Flow~new.data.nec, cex=1, type="l", lty=2,                                col="gray31",
lwd=1),T)

}
mtext(("M. A. Litoral          M. A. Interior          Cerrado"), side = 3, line = -2,cex = 2, outer =
TRUE)
dev.off()
}
dev.off()
## 4. PAR SEM CORTE E COMER MAIOR QUE 2 JUNTOS END

##END

```

```

rm(list=ls())
library(foreign)
setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\juncao\\novo\\results")
dados = read.table("tab_R_VP_VA_Bioma2_newnames.txt" , header = T, sep = ";")
names = read.dbf("newnames.dbf")
colnames(dados)<-names[,1]
names(dados)

require(bbmle)
require(vegan)
require(mgcv)

dados.backup = dados
names(dados)
dados2<-dados[,-c(11,26,27)]
names(dados2)
dados2<-dados2[,-c(5,16,22)]

setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\END\\graficos\\par 3 Todo estado colorido
END")
modelo=list()
hex<-c("1 km","2 km","5 km", "10 km")
for (a in hex)
{
  #a="2 km"
  dados.subset<-subset(dados2, select = grepl(a, colnames(dados2)))
  tam=length(dados.subset)
  dados.subset$END<-dados2$END
  dados.subset$HEXID<-dados2$HEXID
  dados.subset$BIOMA<-dados2$Bioma
  dados.subset<-na.omit(dados.subset)
  names(dados.subset)
  #dados.subset[,i]
  print("passou for 1")
  for (i in colnames(dados.subset[1:tam]))

  {
    #i=1
    dados_salvos<-data.frame(x=dados.subset[,i],y=dados.subset$END,BIOMA=dados.subset$BIOMA)

    minx<-min(dados_salvos$x)
    miny<-min(dados_salvos$y)
    maxx<-max(dados_salvos$x)
    maxy<-max(dados_salvos$y)

    #SEM CORTE

    dados_temp<-dados_salvos

    modelo[[paste(i, "sc")]]<-gamm(y~s(x,fx=F,k=-1), family= poisson, data=dados_temp)

    nome.png.linear= paste("gamm_",i,"SCxC2",".png", sep="")
    png(filename=nome.png.linear, res= 300, height= 15,width=30, unit="cm")
    par(mfrow=c(1,2))

    colorido=c("cyan2", "salmon1", "chartreuse2")
  }
}

```



```

plot(y~x,data=dados_temp,xlab=i, cex.lab=1.2,bty="l", ylab="Endemic",
     main="", pch=21, col="gray47",bg=colorido[as.factor(dados_temp$BIOMA)], cex=1.2,
     ylim = c(miny, maxy), xlim = c(minx,maxx))
legend(x = 'topleft',
      legend = c( "MAL","CR","MAI" ),
      col = "gray47",pt.bg = c("cyan2", "salmon1", "chartreuse2"),
      text.col = "black", pch=21, cex=1.2)

new.data.nec=seq(min(dados_temp$x),      max(dados_temp$x),      along.with=predict(modelo[[paste(i,
"sc")]]$gam))
predicted=predict(modelo[[paste(i, "sc")]]$gam, list(x=new.data.nec),type="response")
points(predicted~new.data.nec, type="l", lwd=3, cex=1,col="gray31",xlim=c(0,100))

predicted2=predict(modelo[[paste(i, "sc")]]$gam, list(x = new.data.nec),type="response", se=TRUE)

Fup<- predicted2$fit +1.96*predicted2$se.fit
Flow<- predicted2$fit -1.96*predicted2$se.fit

points(Fup~new.data.nec, cex=1, type="l", lty=2,                      col="gray31",
       lwd=1)
points(Flow~new.data.nec, cex=1, type="l", lty=2,                      col="gray31",
       lwd=1)

#CORTE 2
dados_temp<-subset(dados_salvos, y>2)

#modelo<-gamml(log(y)~s(log(x),fx=F,k=-1), data=dados_temp)
modelo[[paste(i, "C2")]]<-gamml(y~s(x,fx=F,k=-1), family= poisson, data=dados_temp)

#R2 <- cor(dados_temp$y, predicted)^2

#figura para modelo univariado
#plot(log(y)~log(x),data=dados_temp,xlab=names(dados.subset)[i], bty="l", ylab="Endemic",
#  #  main="", pch=21, col="gray47", bg="lightskyblue", cex=1.9)
#  colorido=c("cyan2", "salmon1", "chartreuse2")
plot(y~x,data=dados_temp,xlab=i,cex.lab=1.2, bty="l", ylab="Endemic",
     main="", pch=21, col="gray47",bg=colorido[as.factor(dados_temp$BIOMA)], cex=1.2,
     ylim = c(miny, maxy), xlim = c(minx,maxx))
legend(x = "top", c("R>2"), text.col = "black", bg = "gray90",bty="n")

new.data.nec=seq(min(dados_temp$x),      max(dados_temp$x),      along.with=predict(modelo[[paste(i,
"C2")]]$gam))
predicted=predict(modelo[[paste(i, "C2")]]$gam, list(x=new.data.nec),type="response")
points(predicted~new.data.nec, type="l", lwd=3, cex=1,col="gray31",xlim=c(0,100))

predicted2=predict(modelo[[paste(i, "C2")]]$gam, list(x = new.data.nec),type="response", se=TRUE)

Fup<- predicted2$fit +1.96*predicted2$se.fit
Flow<- predicted2$fit -1.96*predicted2$se.fit

points(Fup~new.data.nec, cex=1, type="l", lty=2,                      col="gray31",
       lwd=1)
points(Flow~new.data.nec, cex=1, type="l", lty=2,                      col="gray31",
       lwd=1)

```

```

    dev.off()
  }

}
dev.off()

#####-----
#INSERIR OS OUTROS MODELOS CONCORRENTES COM O MESMO
#PROCEDIMENTO QUE FOI FEITO ACIMA

###SEM CORTE e CORTE > 2
dados_aleat<-data.frame(y=dados.subset$END)

# null model
aleat.temp.SC<- lm(y~1, data= dados_aleat)
nome.arq.aleat= paste("summary_aleat_SC",".txt", sep="")
write(capture.output(summary(aleat.temp.SC)),file=nome.arq.aleat)

dados_aleat.M2<-subset(dados_aleat, y>2)
aleat.temp.M2<- lm(y~1, data= dados_aleat.M2)
nome.arq.aleat2= paste("summary_aleat_M2",".txt", sep="")
write(capture.output(summary(aleat.temp.M2)),file=nome.arq.aleat2)

##aqui você coloca seus modelos pra concorrer
setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\END\\graficos\\par 3 Todo estado colorido
END")

modelo.lme=list()

for(i in 1:length(modelo)) {
  modelo.lme[[i]]=modelo[[i]][["lme"]]
}

names(modelo.lme)=names(modelo)
modelo.lme[[5]]<-aleat.temp.SC
modelo.lme[[6]]<-aleat.temp.M2
names(modelo.lme)[[5]]<- "AleatórioSC"
names(modelo.lme)[[6]]<- "AleatórioM2"

AICctab.out= AICctab(modelo.lme,weights= TRUE, base= TRUE, nobs=nrow(dados_temp))

output.AICctab.temp= capture.output(AICctab.out)

nome.arq.AICctab= paste("AICctab_",names(dados.subset)[i],".txt", sep="")
write(capture.output(AICctab.out), file=nome.arq.AICctab)

print(Sys.time())

```

6.4 AIC

```

##SUMMARY SEM CORTE E CORTE MAIOR QUE 2 END

rm(list=ls())
library(foreign)

```

```

setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\juncao\\novo\\results")
dados = read.table("tab_R_VP_VA_Bioma2_newnames.txt" , header = T, sep = ";")
names = read.dbf("newnames.dbf")
colnames(dados)<-names[,1]
names(dados)

require(bbmle)
require(vegan)
require(mgcv)

dados.backup = dados
names(dados)
dados2<-dados[,-c(11,26,23,27)]
names(dados2)

setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\CATAM\\graficos\\Summary\\m2\\2")
modelo=list()
hex<-c("1 km", "2 km", "5 km", "10 km")
for (a in hex)
{
  #a="2 km"
  dados.subset<-subset(dados2, select = grepl(a, colnames(dados2)))
  tam=length(dados.subset)
  dados.subset$CAT<-dados2$CAT
  dados.subset$HEXID<-dados2$HEXID
  dados.subset$BIOMA<-dados2$Bioma
  dados.subset<-na.omit(dados.subset)

  print("passou for 1")
  for (i in colnames(dados.subset[1:tam]))

  {
    #i=1
    dados_salvos<-data.frame(x=dados.subset[,i],y=dados.subset$CAT,BIOMA=dados.subset$BIOMA)

    minx<-min(dados_salvos$x)
    miny<-min(dados_salvos$y)
    maxx<-max(dados_salvos$x)
    maxy<-max(dados_salvos$y)

    #SEM CORTE

    dados_temp<-dados_salvos

    #modelo[[i]]<-gam(y~s(x,fx=F,k=-1), family= poisson, data=dados_temp,select=TRUE,method="REML")
    #nome.txt.linear= paste("summary_gamm",i,".txt", sep="")
    #write(capture.output(summary(modelo[[i]]["lme"])), file=nome.txt.linear)

    #CORTE 2
    dados_temp<-subset(dados_salvos, y>2)

    #modelo<-gam(log(y)~s(log(x),fx=F,k=-1), data=dados_temp)
    modelo[[i]]<-gam(y~s(x,fx=F,k=-1), family= poisson, data=dados_temp, select=TRUE,method="REML")
    nome.txt.linear= paste("summary_gamm",i,".txt", sep="")
  }
}

```

```

write(capture.output(summary(modelo[[i]][["lme"]])), file=nome.txt.linear)

}

}

#####-----
#INSERIR OS OUTROS MODELOS CONCORRENTES COM O MESMO
#PROCEDIMENTO QUE FOI FEITO ACIMA

###SEM CORTE e CORTE > 2
dados_aleat<-data.frame(y=dados.subset$CAT)

# null model
aleat.temp.SC<- lm(y~1, data= dados_aleat)
nome.arq.aleat= paste("summary_aleat_SC", ".txt", sep="")
write(capture.output(summary(aleat.temp.SC)),file=nome.arq.aleat)

dados_aleat.M2<-subset(dados_aleat, y>2)
aleat.temp.M2<- lm(y~1, data= dados_aleat.M2)
nome.arq.aleat2= paste("summary_aleat_M2", ".txt", sep="")
write(capture.output(summary(aleat.temp.M2)),file=nome.arq.aleat2)

##aqui você coloca seus modelos pra concorrer
setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\CATAM\\graficos\\Summary\\m2\\2\\modelos")

modelo.lme=list()
modelo
for(i in 1:length(modelo)) {
  modelo.lme[[i]]=modelo[[i]][["lme"]]
}

names(modelo.lme)=names(modelo)
modelo.lme[[51]]<-aleat.temp.SC
modelo.lme[[52]]<-aleat.temp.M2
names(modelo.lme)[[51]]<-"AleatórioSC"
names(modelo.lme)[[52]]<-"AleatórioM2"
names(modelo.lme)

modelo.lme.sc<-modelo.lme[grepl("sc",names(modelo.lme))]
names(modelo.lme.sc)
modelo.lme.C2<-modelo.lme[grepl("C2",names(modelo.lme))]

## 1 km SC
modelo.lme.sc.1<-modelo.lme.sc[grepl("1 km",names(modelo.lme.sc))]
modelo.lme.sc.1[[13]]<-aleat.temp.SC
AICctab.out= AICctab(modelo.lme.sc.1,weights= TRUE, base= TRUE, nobs=nrow(dados_temp))

output.AICctab.temp= capture.output(AICctab.out)

nome.arq.AICctab= paste("AICctab_", "1 km SC", ".txt", sep="")
write(capture.output(AICctab.out), file=nome.arq.AICctab)

print(Sys.time())

## 1 km C2
modelo.lme.C2.1<-modelo.lme.C2[grepl("1 km",names(modelo.lme.C2))]
modelo.lme.C2.1[[13]]<-aleat.temp.M2

```

```

AICctab.out= AICctab(modelo.lme.C2.1,weights= TRUE, base= TRUE, nobs=nrow(dados_temp))
?AICctab
output.AICctab.temp= capture.output(AICctab.out)

nome.arq.AICctab= paste("AICctab_", "1 km C2", ".txt", sep="")
write(capture.output(AICctab.out), file=nome.arq.AICctab)

print(Sys.time())

## 2 km SC
modelo.lme.sc.2<-modelo.lme.sc[grepl("2 km",names(modelo.lme.sc))]
modelo.lme.sc.2[[14]]<-aleat.temp.SC

AICctab.out= AICctab(modelo.lme.sc.2,weights= TRUE, base= TRUE, nobs=nrow(dados_temp))

output.AICctab.temp= capture.output(AICctab.out)

nome.arq.AICctab= paste("AICctab_", "2 km SC", ".txt", sep="")
write(capture.output(AICctab.out), file=nome.arq.AICctab)

print(Sys.time())

# 2 km C2
modelo.lme.C2.2<-modelo.lme.C2[grepl("2 km",names(modelo.lme.C2))]
modelo.lme.C2.2[[14]]<-aleat.temp.M2

AICctab.out= AICctab(modelo.lme.C2.2,weights= TRUE, base= TRUE, nobs=nrow(dados_temp))

output.AICctab.temp= capture.output(AICctab.out)

nome.arq.AICctab= paste("AICctab_", "2 km C2", ".txt", sep="")
write(capture.output(AICctab.out), file=nome.arq.AICctab)

print(Sys.time())

## 5 km SC
modelo.lme.sc.5<-modelo.lme.sc[grepl("5 km",names(modelo.lme.sc))]
modelo.lme.sc.5[[14]]<-aleat.temp.SC

AICctab.out= AICctab(modelo.lme.sc.5,weights= TRUE, base= TRUE, nobs=nrow(dados_temp))

output.AICctab.temp= capture.output(AICctab.out)

nome.arq.AICctab= paste("AICctab_", "5 km SC", ".txt", sep="")
write(capture.output(AICctab.out), file=nome.arq.AICctab)

print(Sys.time())

## 5 km C2
modelo.lme.C2.5<-modelo.lme.C2[grepl("5 km",names(modelo.lme.C2))]
modelo.lme.C2.5[[14]]<-aleat.temp.M2

AICctab.out= AICctab(modelo.lme.C2.5,weights= TRUE, base= TRUE, nobs=nrow(dados_temp))

output.AICctab.temp= capture.output(AICctab.out)

nome.arq.AICctab= paste("AICctab_", "5 km C2", ".txt", sep="")
write(capture.output(AICctab.out), file=nome.arq.AICctab)

print(Sys.time())

```

```

## 10 km SC
modelo.lme.sc.10<-modelo.lme.sc[grepl("10 km",names(modelo.lme.sc))]
modelo.lme.sc.10[[13]]<-aleat.temp.SC

AICctab.out= AICctab(modelo.lme.sc.10,weights= TRUE, base= TRUE, nobs=nrow(dados_temp))

output.AICctab.temp= capture.output(AICctab.out)

nome.arq.AICctab= paste("AICctab_", "10 km SC", ".txt", sep="")
write(capture.output(AICctab.out), file=nome.arq.AICctab)

print(Sys.time())

## 10 km C2
modelo.lme.C2.10<-modelo.lme.C2[grepl("10 km",names(modelo.lme.C2))]
modelo.lme.C2.10[[13]]<-aleat.temp.M2

names(modelo.lme.temp)

AICctab.out= AICctab(modelo.lme.C2.10,weights= TRUE, base= TRUE, nobs=nrow(dados_temp))

output.AICctab.temp= capture.output(AICctab.out)

nome.arq.AICctab= paste("AICctab_", "10 km C2", ".txt", sep="")
write(capture.output(AICctab.out), file=nome.arq.AICctab)

print(Sys.time())

##TABELA DE AIC END

rm(list=ls())

setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\END\\graficos\\AIC\\para tabelas e graf")
lis=list.files(pattern = "\\..txt")
lis
dados1b1 = read.table("AICctab_1 km B1.txt" , header = T, sep = "\t")
row.names(dados1b1)<-dados1b1$X
row.names(dados1b1)[10]<-"Water bodies Distância (m)"
dados1b1<-dados1b1[,-1]
dados10b2 = read.table("AICctab_10 km B2.txt" , header = T, sep = "\t")
row.names(dados10b2)<-dados10b2$X
dados10b2<-dados10b2[,-1]
dados2b3= read.table("AICctab_2 km B3.txt" , header = T, sep = "\t")
row.names(dados2b3)<-dados2b3$X
dados2b3<-dados2b3[,-1]
dados1b2= read.table("AICctab_1 km B2.txt" , header = T, sep = "\t")
row.names(dados1b2)<-dados1b2$X
row.names(dados1b2)[7]<-"Water bodies Distância (m)"
dados1b2<-dados1b2[,-1]
dados10b3= read.table("AICctab_10 km B3.txt" , header = T, sep = "\t")
row.names(dados10b3)<-dados10b3$X
dados10b3<-dados10b3[,-1]
dados5b1= read.table("AICctab_5 km B1.txt" , header = T, sep = "\t")
row.names(dados5b1)<-dados5b1$X
dados5b1<-dados5b1[,-1]
dados1b3= read.table("AICctab_1 km B3.txt" , header = T, sep = "\t")
row.names(dados1b3)<-dados1b3$X
row.names(dados1b3)[8]<-"Water bodies Distância (m)"
dados1b3<-dados1b3[,-1]

```

```

dados2b1= read.table("AICctab_2 km B1.txt" , header = T, sep = "\t")
row.names(dados2b1)<-dados2b1$X
dados2b1<-dados2b1[,-1]
dados5b2= read.table("AICctab_5 km B2.txt" , header = T, sep = "\t")
row.names(dados5b2)<-dados5b2$X
dados5b2<-dados5b2[,-1]
dados10b1= read.table("AICctab_10 km B1.txt" , header = T, sep = "\t")
row.names(dados10b1)<-dados10b1$X
dados10b1<-dados10b1[,-1]
dados2b2= read.table("AICctab_2 km B2.txt" , header = T, sep = "\t")
row.names(dados2b2)<-dados2b2$X
dados2b2<-dados2b2[,-1]
dados5b3= read.table("AICctab_5 km B3.txt" , header = T, sep = "\t")
row.names(dados5b3)<-dados5b3$X
dados5b3<-dados5b3[,-1]

x=c(1,2,3,4)
png("Gráfico AIC por Bioma.png", res= 300, height= 35,width=35, unit="cm")
par(mfrow=c(5,3))

for (i in row.names(dados1b1)[-c(13)])
{
  #i="Forest (Pct) "
  temp1<-c(dados1b1[i,"dAICc"],dados2b1[i,"dAICc"],
    dados5b1[i,"dAICc"],dados10b1[i,"dAICc"])
  temp2=c(dados1b2[i,"dAICc"],dados2b2[i,"dAICc"],
    dados5b2[i,"dAICc"],dados10b2[i,"dAICc"])
  temp3=c(dados1b3[i,"dAICc"],dados2b3[i,"dAICc"],
    dados5b3[i,"dAICc"],dados10b3[i,"dAICc"])
  temptotal<-cbind(temp1, temp2, temp3)

  plot(x, y=c(dados1b1[i,"dAICc"],dados2b1[i,"dAICc"],
    dados5b1[i,"dAICc"],dados10b1[i,"dAICc"]),
    xlab="Scale",ylab="dAICc",col="gray47",bg="cyan2",xaxt = "n", main=i, ylim=c(0,
(max(temptotal))+5),
    type="b",pch=21, lty=1,cex=2, cex.axis=1.2 ,cex.lab=1.5, cex.main=2)
  axis(1, at=1:4, labels=c("1km", "2km", "5km", "10km"),cex.axis=1.6)
  lines(x, y=c(dados1b2[i,"dAICc"],dados2b2[i,"dAICc"],
    dados5b2[i,"dAICc"],dados10b2[i,"dAICc"]),
    type="b",pch=22, lty=2, col="gray47",bg="salmon1",cex=2)
  lines(x, y=c(dados1b3[i,"dAICc"],dados2b3[i,"dAICc"],
    dados5b3[i,"dAICc"],dados10b3[i,"dAICc"]),
    type="b",pch=23, lty=3, col="gray47",bg="chartreuse2",cex=2)

}

plot(x, y=c(dados1b1["Aleatório","dAICc"],dados2b1["Aleatório","dAICc"],
  dados5b1["Aleatório","dAICc"],dados10b1["Aleatório","dAICc"]),
  xlab="Scale",ylab="dAICc",col="gray47",bg="cyan2",xaxt = "n", main="Aleatório", ylim=c(1150, 1700),
  type="b",pch=21, lty=1,cex=2, cex.axis=1.2 ,cex.lab=1.5, cex.main=2)
axis(1, at=1:4, labels=c("1km", "2km", "5km", "10km"),cex.axis=1.6)
lines(x, y=c(dados1b2["Aleatório","dAICc"],dados2b2["Aleatório","dAICc"],
  dados5b2["Aleatório","dAICc"],dados10b2["Aleatório","dAICc"]),
  type="b",pch=22, lty=2, col="gray47",bg="salmon1",cex=2)
lines(x, y=c(dados1b3["Aleatório","dAICc"],dados2b3["Aleatório","dAICc"],
  dados5b3["Aleatório","dAICc"],dados10b3["Aleatório","dAICc"]),
  type="b",pch=23, lty=3, col="gray47",bg="chartreuse2",cex=2)

```

```

library(Hmisc)
minor.tick(nx=3, ny=3, tick.ratio=0.5)
legend("topleft", inset=.02, title="Bioma", c("MAL","CER","MAI" ),lty=c(1,2,3),pch=c(21,22,23),
      col="gray47",pt.bg = c("cyan2", "salmon1", "chartreuse2"),cex = 0.8)

dev.off()

##TABELA DE AIC GERAL END

rm(list=ls())

setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\END\\graficos\\AIC\\SUMMARY\\m2\\modelos
\\para graficos")
lis=list.files(pattern = "\\\\.txt")
lis

AICs_1km<-read.table("AICctab_1 km C2.txt" , header = T, sep ="\t")
row.names(AICs_1km)<-AICs_1km$X
row.names(AICs_1km)
row.names(AICs_1km)[12]<-"Water bodies Distância (m)"
AICs_1km<-AICs_1km[,-1]

AICs_2km<-read.table("AICctab_2 km C2.txt" , header = T, sep ="\t")
row.names(AICs_2km)<-AICs_2km$X
row.names(AICs_2km)
AICs_2km<-AICs_2km[,-1]

AICs_5km<-read.table("AICctab_5 km C2.txt" , header = T, sep ="\t")
row.names(AICs_5km)<-AICs_5km$X
row.names(AICs_5km)
AICs_5km<-AICs_5km[,-1]

AICs_10km<-read.table("AICctab_10 km C2.txt" , header = T, sep ="\t")
row.names(AICs_10km)<-AICs_10km$X
row.names(AICs_10km)
AICs_10km<-AICs_10km[,-1]

x=c(1,2,3,4)
png("Gráfico dAICc geral.png", res= 300, height= 35,width=35, unit="cm")
par(mfrow=c(5,3))
for (i in row.names(AICs_1km)[-c(13)])
{
  #i="Forest (Pct) "
  temp1<-as.numeric(cbind(AICs_1km[i,"dAICc"],AICs_2km[i,"dAICc"],
AICs_5km[i,"dAICc"],AICs_10km[i,"dAICc"]))

  plot(x, y=c(AICs_1km[i,"dAICc"],AICs_2km[i,"dAICc"],
AICs_5km[i,"dAICc"],AICs_10km[i,"dAICc"]),
      xlab="Scale",ylab="dAICc",col="gray47",bg="cyan2",xaxt = "n", main=i, ylim=c(0,
round(max(temp1))),
      type="b",pch=21, lty=1,cex=2, cex.axis=1.2 ,cex.lab=1.5, cex.main=2)
  axis(1, at=1:4, labels=c("1km", "2km", "5km", "10km"),cex.axis=1.6)

}

plot(x, y=c(AICs_1km["AleatórioM2","dAICc"],AICs_2km["AleatórioM2","dAICc"],

```



```

AICs_5km["AleatórioM2","dAICc"],AICs_10km["AleatórioM2","dAICc"]),
xlab="Scale",ylab="dAICc",col="gray47",bg="cyan2",xaxt = "n", main="Aleatório", ylim=c(800,1100),
type="b",pch=21, lty=1,cex=2, cex.axis=1.2 ,cex.lab=1.5, cex.main=2)
axis(1, at=1:4, labels=c("1km", "2km", "5km", "10km"),cex.axis=1.6)

```

```
dev.off()
```

```
##TABELA DE WEIGHT END
```

```
rm(list=ls())
```

```
setwd("C:\\Users\\inspiroN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\END\\graficos\\AIC\\para tabelas e graf")
```

```
lis=list.files(pattern = "\\*.txt")
```

```
lis
```

```
dados1b1 = read.table("AICctab_1 km B1.txt" , header = T, sep = "\t")
```

```
row.names(dados1b1)<-dados1b1$X
```

```
row.names(dados1b1)[10]<-"Water bodies Distância (m)"
```

```
dados1b1<-dados1b1[,-1]
```

```
dados1b1$weight<-gsub("<0.001","0", dados1b1$weight)
```

```
dados10b2 = read.table("AICctab_10 km B2.txt" , header = T, sep = "\t")
```

```
row.names(dados10b2)<-dados10b2$X
```

```
dados10b2<-dados10b2[,-1]
```

```
dados10b2$weight<-gsub("<0.001","0", dados10b2$weight)
```

```
dados2b3= read.table("AICctab_2 km B3.txt" , header = T, sep = "\t")
```

```
row.names(dados2b3)<-dados2b3$X
```

```
dados2b3<-dados2b3[,-1]
```

```
dados2b3$weight<-gsub("<0.001","0", dados2b3$weight)
```

```
dados1b2= read.table("AICctab_1 km B2.txt" , header = T, sep = "\t")
```

```
row.names(dados1b2)<-dados1b2$X
```

```
row.names(dados1b2)[7]<-"Water bodies Distância (m)"
```

```
dados1b2<-dados1b2[,-1]
```

```
dados1b2$weight<-gsub("<0.001","0", dados1b2$weight)
```

```
dados10b3= read.table("AICctab_10 km B3.txt" , header = T, sep = "\t")
```

```
row.names(dados10b3)<-dados10b3$X
```

```
dados10b3<-dados10b3[,-1]
```

```
dados10b3$weight<-gsub("<0.001","0", dados10b3$weight)
```

```
dados5b1= read.table("AICctab_5 km B1.txt" , header = T, sep = "\t")
```

```
row.names(dados5b1)<-dados5b1$X
```

```
dados5b1<-dados5b1[,-1]
```

```
dados5b1$weight<-gsub("<0.001","0", dados5b1$weight)
```

```
dados1b3= read.table("AICctab_1 km B3.txt" , header = T, sep = "\t")
```

```
row.names(dados1b3)<-dados1b3$X
```

```
row.names(dados1b3)[8]<-"Water bodies Distância (m)"
```

```
dados1b3<-dados1b3[,-1]
```

```
dados1b3$weight<-gsub("<0.001","0", dados1b3$weight)
```

```
dados2b1= read.table("AICctab_2 km B1.txt" , header = T, sep = "\t")
```

```
row.names(dados2b1)<-dados2b1$X
```

```
dados2b1<-dados2b1[,-1]
```

```
dados2b1$weight<-gsub("<0.001","0", dados2b1$weight)
```

```
dados5b2= read.table("AICctab_5 km B2.txt" , header = T, sep = "\t")
```

```
row.names(dados5b2)<-dados5b2$X
```

```
dados5b2<-dados5b2[,-1]
```

```

dados5b2$weight<-gsub("<0.001","0", dados5b2$weight)

dados10b1= read.table("AICctab_10 km B1.txt" , header = T, sep = "\t")
row.names(dados10b1)<-dados10b1$X
dados10b1<-dados10b1[,-1]
dados10b1$weight<-gsub("<0.001","0", dados10b1$weight)

dados2b2= read.table("AICctab_2 km B2.txt" , header = T, sep = "\t")
row.names(dados2b2)<-dados2b2$X
dados2b2<-dados2b2[,-1]
dados2b2$weight<-gsub("<0.001","0", dados2b2$weight)

dados5b3= read.table("AICctab_5 km B3.txt" , header = T, sep = "\t")
row.names(dados5b3)<-dados5b3$X
dados5b3<-dados5b3[,-1]
dados5b3$weight<-gsub("<0.001","0", dados5b3$weight)

x=c(1,2,3,4)
png("Gráfico weight por Bioma.png", res= 300, height= 35,width=35, unit="cm")
par(mfrow=c(5,3))

for (i in row.names(dados1b1)[-c(13)])
{
  #i="Forest (Pct) "

plot(x, y=c(dados1b1[i,"weight"],dados2b1[i,"weight"],
  dados5b1[i,"weight"],dados10b1[i,"weight"]),
  xlab="Scale",ylab="weight",col="gray47",bg="cyan2",xaxt = "n", main=i, ylim=c(-1, 1),
  type="b",pch=21, lty=1,cex=3, cex.axis=1.2 ,cex.lab=1.5, cex.main=2)
axis(1, at=1:4, labels=c("1km", "2km", "5km", "10km"),cex.axis=1.6)
lines(x, y=c(dados1b2[i,"weight"],dados2b2[i,"weight"],
  dados5b2[i,"weight"],dados10b2[i,"weight"]),
  type="b",pch=22, lty=2, col="gray47",bg="salmon1",cex=2.5)
lines(x, y=c(dados1b3[i,"weight"],dados2b3[i,"weight"],
  dados5b3[i,"weight"],dados10b3[i,"weight"]),
  type="b",pch=23, lty=3, col="gray47",bg="chartreuse2",cex=2)
}

plot(x, y=c(dados1b1["Aleatório","weight"],dados2b1["Aleatório","weight"],
  dados5b1["Aleatório","weight"],dados10b1["Aleatório","weight"]),
  xlab="Scale",ylab="weight",col="gray47",bg="cyan2",xaxt = "n", main="Aleatório", ylim=c(-1, 1),
  type="b",pch=21, lty=1,cex=3, cex.axis=1.2 ,cex.lab=1.5, cex.main=2)
axis(1, at=1:4, labels=c("1km", "2km", "5km", "10km"),cex.axis=1.6)
lines(x, y=c(dados1b2["Aleatório","weight"],dados2b2["Aleatório","weight"],
  dados5b2["Aleatório","weight"],dados10b2["Aleatório","weight"]),
  type="b",pch=22, lty=2, col="gray47",bg="salmon1",cex=2.5)
lines(x, y=c(dados1b3["Aleatório","weight"],dados2b3["Aleatório","weight"],
  dados5b3["Aleatório","weight"],dados10b3["Aleatório","weight"]),
  type="b",pch=23, lty=3, col="gray47",bg="chartreuse2",cex=2)
library(Hmisc)
minor.tick(nx=3, ny=3, tick.ratio=0.5)
legend("topleft", inset=.02, title="Bioma", c("MAL","CER","MAI" ),lty=c(1,2,3),pch=c(21,22,23),
  col="gray47",pt.bg = c("cyan2", "salmon1", "chartreuse2"),cex = 0.8)

dev.off()

##TABELAS DE WEIGHT GERAL END

```

```
rm(list=ls())

setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\END\\graficos\\AIC\\SUMMARY\\m2\\modelos
\\para graficos")
lis=list.files(pattern = "\\\\.txt")
lis
```

```
AICs_1km$weight<-gsub("<0.001","0", AICs_1km$weight)
```

```
AICs_10km$weight<-gsub("<0.001","0", AICs_10km$weight)
```

```
AICs_2km$weight<-gsub("<0.001","0", AICs_2km$weight)
```

```
AICs_5km$weight<-gsub("<0.001","0", AICs_5km$weight)
```

```
x=c(1,2,3,4)
png("Gráfico weight geral.png", res= 300, height= 35,width=35, unit="cm")
par(mfrow=c(5,3))
for (i in row.names(AICs_1km)[-c(13)])
{
  #i="Forest (Pct) "
  temp1<-as.numeric(cbind(AICs_1km[i,"weight"],AICs_2km[i,"weight"],
AICs_5km[i,"weight"],AICs_10km[i,"weight"]))

  plot(x, y=c(AICs_1km[i,"weight"],AICs_2km[i,"weight"],
AICs_5km[i,"weight"],AICs_10km[i,"weight"]),
xlab="Scale",ylab="weight",col="gray47",bg="cyan2",xaxt = "n", main=i, ylim=c(0,
round(max(temp1))),
type="b",pch=21, lty=1,cex=2, cex.axis=1.2 ,cex.lab=1.5, cex.main=2)
axis(1, at=1:4, labels=c("1km", "2km", "5km", "10km"),cex.axis=1.6)
}

plot(x, y=c(AICs_1km["AleatórioM2","weight"],AICs_2km["AleatórioM2","weight"],
AICs_5km["AleatórioM2","weight"],AICs_10km["AleatórioM2","weight"]),
xlab="Scale",ylab="weight",col="gray47",bg="cyan2",xaxt = "n", main="Aleatório", ylim=c(0,2),
type="b",pch=21, lty=1,cex=2, cex.axis=1.2 ,cex.lab=1.5, cex.main=2)
axis(1, at=1:4, labels=c("1km", "2km", "5km", "10km"),cex.axis=1.6)
```

```
dev.off()
```

6.5 Sensitivity

```
##SRC BIOMAS END
```

```
##END
```

```
rm(list=ls())
library(foreign)

setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\juncao\\novo\\results")
dados = read.table("tab_R_VP_VA_Bioma2_newnames.txt" , header = T, sep = ";")
names = read.dbf("newnames.dbf")
colnames(dados)<-names[,1]
names(dados)
```

```
require(bbmle)
require(vegan)
require(mgcv)
```

```
dados.backup = dados
```

```
setwd("C:\\Users\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\END\\graficos\\src biomas END")
#png("SRC_porbioma2.png", res= 300, height= 30,width=75, unit="cm")
#par(mfrow=c(3,4))
```

```
#-----
##Bioma 1
```

```
dados_bioma<-subset(dados, dados$Bioma==1)
names(dados_bioma)
dados<-dados_bioma[, -c(26,27)]
names(dados)
dadosvar<-na.omit(dados[, -c(1,11,55)])
names(dadosvar)
dadosriq<-data.frame(END=dadosvar[,24])
dadosvar<-dadosvar[, -24]
names(dadosriq)
```

```
##1km
```

```
dados.1km<-subset(dadosvar, select = grepl("1 km", colnames(dadosvar)))
colnames(dados.1km)<-c("NP", "%F", "AWMSI", "M50", "PSCoV", "CONECT", "ALT", "B12", "B4",
"FLOWAc", "HID", "Road", "Slope")
require(sensitivity)
result1<-src(dados.1km, dadosriq$END, nboot =645)
#plot(result)
#text()
#abline(h=0,lty = 3)
```

```
##2km
```

```
dados.2km<-subset(dadosvar, select = grepl("2 km", colnames(dadosvar)))
colnames(dados.2km)<-c("NP", "%F", "AWMSI", "M50", "PSCoV", "CONECT", "ALT", "B12", "B4",
"FLOWAc", "HID", "Road", "Slope")
result2<-src(dados.2km, dadosriq$END, nboot =645)
#plot(result2)
#abline(h=0,lty = 3)
```

```
##5km
```

```
dados.5km<-subset(dadosvar, select = grepl("5 km", colnames(dadosvar)))
colnames(dados.5km)<-c("NP", "%F", "AWMSI", "M50", "PSCoV", "CONECT", "ALT", "B12", "B4",
"FLOWAc", "HID", "Road", "Slope")
result5<-src(dados.5km, dadosriq$END, nboot =645)
#plot(result5)
#abline(h=0,lty = 3)
```

```
##10km
```

```
dados.10km<-subset(dadosvar, select = grepl("10 km", colnames(dadosvar)))
colnames(dados.10km)<-c("NP", "%F", "AWMSI", "PSCoV", "CONECT", "ALT", "B12", "B4", "FLOWAc",
"HID", "Road", "Slope")
result10<-src(dados.10km, dadosriq$END, nboot =645)
#plot(result10)
#abline(h=0,lty = 3)
```

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

```
##Bioma 2
```

```
dados_bioma<-subset(dados, dados$Bioma==2)
names(dados_bioma)
dados<-dados_bioma[,-c(26,27)]
dadosvar<-na.omit(dados[, -c(1,11,55)])
names(dadosvar)
dadosriq<-data.frame(END=dadosvar[,24])
dadosvar<-dadosvar[,-24]
names(dadosriq)
names(dadosvar)
dadosvar<-na.omit(dadosvar[, -c(4,15,21)])
```

```
##1km
```

```
dados.1km<-subset(dadosvar, select = grepl("1 km", colnames(dadosvar)))
colnames(dados.1km)<-c("NP", "%F", "AWMSI", "PSCoV", "CONECT", "ALT", "B12", "B4", "FLOWAc",
"HID", "Road", "Slope")
#require(sensitivity)
result21<-src(dados.1km, dadosriq$END, nboot = 645)
#plot(result)
#abline(h=0, lty = 3)
```

```
##2km
```

```
dados.2km<-subset(dadosvar, select = grepl("2 km", colnames(dadosvar)))
colnames(dados.2km)<-c("NP", "%F", "AWMSI", "M50", "PSCoV", "CONECT", "ALT", "B12", "B4",
"FLOWAc", "HID", "Road", "Slope")
result22<-src(dados.2km, dadosriq$END, nboot = 645)
#plot(result2)
#abline(h=0, lty = 3)
```

```
##5km
```

```
dados.5km<-subset(dadosvar, select = grepl("5 km", colnames(dadosvar)))
colnames(dados.5km)<-c("NP", "%F", "AWMSI", "M50", "PSCoV", "CONECT", "ALT", "B12", "B4",
"FLOWAc", "HID", "Road", "Slope")
result25<-src(dados.5km, dadosriq$END, nboot = 645)
#plot(result5)
#abline(h=0, lty = 3)
```

```
##10km
```

```
dados.10km<-subset(dadosvar, select = grepl("10 km", colnames(dadosvar)))
colnames(dados.10km)<-c("NP", "%F", "AWMSI", "PSCoV", "CONECT", "ALT", "B12", "B4", "FLOWAc",
"HID", "Road", "Slope")
result210<-src(dados.10km, dadosriq$END, nboot = 645)
#plot(result10)
#abline(h=0, lty = 3)
```

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

```
##Bioma 3
```

```
dados_bioma<-subset(dados, dados$Bioma==3)
names(dados_bioma)
dados<-dados_bioma[,-c(26,27)]
dadosvar<-na.omit(dados[, -c(1,11,55)])
names(dadosvar)
dadosriq<-data.frame(END=dadosvar[,24])
dadosvar<-dadosvar[,-24]
names(dadosriq)
dadosvar<-na.omit(dadosvar[, -c(4,15,21)])
```

```

##1km
dados.1km<-subset(dadosvar, select = grepl("1 km", colnames(dadosvar)))
names(dados.1km)
colnames(dados.1km)<-c("NP","%F","AWMSI", "PSCoV", "CONECT", "ALT", "B12", "B4", "FLOWAc",
"HID","Road","Slope")
#require(sensitivity)
result31<-src(dados.1km, dadosriq$END, nboot =645)
#plot(result)
#abline(h=0,lty = 3)

##2km
dados.2km<-subset(dadosvar, select = grepl("2 km", colnames(dadosvar)))
colnames(dados.2km)<-c("NP","%F","AWMSI","M50", "PSCoV", "CONECT", "ALT", "B12", "B4",
"FLOWAc", "HID","Road","Slope")
result32<-src(dados.2km, dadosriq$END, nboot =645)
plot(result2)
abline(h=0,lty = 3)

##5km
dados.5km<-subset(dadosvar, select = grepl("5 km", colnames(dadosvar)))
colnames(dados.5km)<-c("NP","%F","AWMSI","M50", "PSCoV", "CONECT", "ALT", "B12", "B4",
"FLOWAc", "HID","Road","Slope")
result35<-src(dados.5km, dadosriq$END, nboot =645)
plot(result5)
abline(h=0,lty = 3)

##10km
dados.10km<-subset(dadosvar, select = grepl("10 km", colnames(dadosvar)))
colnames(dados.10km)<-c("NP","%F","AWMSI", "PSCoV", "CONECT", "ALT", "B12", "B4", "FLOWAc",
"HID","Road","Slope")
result310<-src(dados.10km, dadosriq$END, nboot =645)
plot(result10)
abline(h=0,lty = 3)

result1
result2
result5
result10
result21
result22
result25
result210
result31
result32
result35
result310

dev.off()

##GRAFICO SRC

setwd("C:\\Users\\\\inspironN4050\\Dropbox\\Mestrado\\Tables\\CATAM")

library(foreign)
#r<-read.dbf("r.dbf")
r<-read.table("r.txt", header = T, sep = "\t")

```

```

r$SRC[substr(r$SRC,1,2)=="NP"]<-"NP"#ARRUMANDO NOME DAS VARIÁVEIS
r$SRC[substr(r$SRC,1,2)=="%F"]<-"%F"
r$SRC[substr(r$SRC,1,2)=="AW"]<-"AWMSI"
r$SRC[substr(r$SRC,1,2)=="M5"]<-"M50"
r$SRC[substr(r$SRC,1,2)=="PS"]<-"PSCoV"
r$SRC[substr(r$SRC,1,2)=="CO"]<-"CONECT"
r$SRC[substr(r$SRC,1,2)=="AL"]<-"ALT"
r$SRC[substr(r$SRC,1,2)=="B1"]<-"B12"
r$SRC[substr(r$SRC,1,2)=="B4"]<-"B4"
r$SRC[substr(r$SRC,1,2)=="FL"]<-"FLOWAc"
r$SRC[substr(r$SRC,1,2)=="HI"]<-"HID"
r$SRC[substr(r$SRC,1,2)=="Ro"]<-"Road"
r$SRC[substr(r$SRC,1,2)=="SI"]<-"Slope"

r$Scale<-factor(r$Scale,levels = c("1","2","5","10"))#ORGANIZANDO AS ESCALAS
colnames(r)<-c("original", "bias", "stderror", "minci", "maxci", "Bioma", "Scale", "SRC")

r[is.na(r)] <- 0

library(ggplot2)
?geom_errorbar
?aes
ggplot(r, aes(x=SRC, y=original,colour=SRC))+
  geom_point(size=4)+
  geom_errorbar(data = r, aes(x = SRC, y = original, ymin =minci, ymax =maxci),size=1)+
  theme(panel.background = element_rect(fill = 'white', colour = 'black'),
        strip.background = element_blank(),
        panel.grid.major = element_blank(),
        panel.grid.minor = element_blank(),
        axis.text.x=element_text(angle=-90))+
  facet_grid(Bioma~Scale,scale="free")+#TROQUEI A ORDEM (ACHEI MELHOR) & COLOQUEI ESCALA
LIVRE, PRA VER PADRAO MELHOR(QQ COISA TIRE O SCALE)
ylab("Sensitivity")+
xlab("Predictors")+#ACHO Q PODE TIRAR ESSA LINHA
geom_hline(yintercept=0, lwd=1, colour="grey50",linetype = "dotted")+#PARA GIRAR O LABEL DO EIXO
Y
theme(legend.position='none')+#TIRAR LEGENDA
ggsave("figureX.png",heigh=20,width=30,unit="cm")#salva em png

```

ANEXOS

ANEXO A. Tabela – Lista de espécies de aves do estudo

Família	Espécie	Ameaça	Endemismo
Accipitridae	<i>Accipiter poliogaster</i>	NT	-
	<i>Amadonastur lacernulatus</i>	VU	E
	<i>Busarellus nigricollis</i>	VU	-
	<i>Buteo brachyurus</i>	-	-
	<i>Buteogallus aequinoctialis</i>	RE	-
	<i>Circus buffoni</i>	EN	-
	<i>Circus cinereus</i>	NT	-
	<i>Elanus leucurus</i>	-	-
	<i>Harpia harpyja</i>	RE	-
	<i>Heterospizias meridionalis</i>	-	-
	<i>Ictinia plumbea</i>	-	-
	<i>Leptodon cayanensis</i>	-	-
	<i>Morphnus guianensis</i>	RE	-
	<i>Parabuteo unicinctus</i>	VU	-
	<i>Pseudastur polionotus</i>	VU	-
	<i>Rupornis magnirostris</i>	-	-
	<i>Spizaetus melanoleucus</i>	EN	-
	<i>Spizaetus ornatus</i>	CR	-
	<i>Spizaetus tyrannus</i>	VU	-
	<i>Spizaetus tyrannus</i>	VU	-
	<i>Urubitinga coronata</i>	CR	-
Alcedinidae	<i>Chloroceryle amazona</i>	-	-
	<i>Chloroceryle americana</i>	-	-
	<i>Megaceryle torquata</i>	-	-
Anatidae	<i>Amazonetta brasiliensis</i>	-	-
	<i>Dendrocygna viduata</i>	-	-
	<i>Neochen jubata</i>	CR	-
	<i>Sarkidiornis sylvicola</i>	EN	-
Anhimidae	<i>Anhima cornuta</i>	VU	-
Anhingidae	<i>Anhinga anhinga</i>	-	-
Apodidae	<i>Chaetura meridionalis</i>	-	-
	<i>Streptoprocne zonaris</i>	LC	-
	<i>Tachornis squamata</i>	VU	-
Aramidae	<i>Aramus guarauna</i>	-	-
Ardeidae	<i>Ardea alba</i>	-	-
	<i>Ardea cocoi</i>	-	-
	<i>Bubulcus ibis</i>	-	-
	<i>Butorides striata</i>	-	-
	<i>Cochlearius cochlearius</i>	EN	-
	<i>Egretta thula</i>	-	-
	<i>Nyctanassa violacea</i>	VU	-
	<i>Nycticorax nycticorax</i>	-	-
	<i>Pilherodius pileatus</i>	NT	-

Continua

Continuação

Tabela 2 – Lista de espécies de aves do estudo

Família	Espécie	Ameaça	Endemismo
Bucconidae	<i>Syrigma sibilatrix</i>	-	-
	<i>Tigrisoma fasciatum</i>	CR	-
	<i>Chelidoptera tenebrosa</i>	EN	-
	<i>Malacoptila striata</i>	-	E
	<i>Monasa nigrifrons</i>	EN	-
	<i>Nonnula rubecula</i>	EN	-
Caprimulgidae	<i>Nystalus chacuru</i>	-	-
	<i>Antrostomus sericocaudatus</i>	CR	-
	<i>Hydropsalis albicollis</i>	-	-
	<i>Hydropsalis anomala</i>	CR	-
	<i>Hydropsalis candicans</i>	RE	-
	<i>Hydropsalis maculicauda</i>	EN	-
Cardinalidae	<i>Hydropsalis torquata</i>	-	-
	<i>Lurocalis semitorquatus</i>	-	-
	<i>Amaurospiza moesta</i>	-	E
	<i>Cyanoloxia brissonii</i>	VU	-
	<i>Habia rubica</i>	-	-
	<i>Piranga flava</i>	-	-
Cathartidae	<i>Cathartes aura</i>	-	-
	<i>Cathartes burrovianus</i>	NT	-
	<i>Coragyps atratus</i>	-	-
	<i>Sarcoramphus papa</i>	VU	-
Charadriidae	<i>Vanellus cayanus</i>	EN	-
	<i>Vanellus chilensis</i>	-	-
Ciconiidae	<i>Ciconia maguari</i>	EN	-
	<i>Jabiru mycteria</i>	VU	-
Columbidae	<i>Claravis geoffroyi</i>	RE	-
	<i>Columba livia</i>	-	-
	<i>Columbina cyanopis</i>	RE	E
	<i>Columbina minuta</i>	VU	-
	<i>Columbina squammata</i>	-	-
	<i>Columbina talpacoti</i>	-	-
	<i>Geotrygon montana</i>	-	-
	<i>Geotrygon violacea</i>	CR	-
	<i>Leptotila rufaxilla</i>	-	-
	<i>Leptotila verreauxi</i>	-	-
	<i>Patagioenas cayennensis</i>	-	-
	<i>Patagioenas picazuro</i>	-	-
	<i>Patagioenas plumbea</i>	-	-
	<i>Patagioenas speciosa</i>	CR	-
	<i>Zenaida auriculata</i>	-	-
Conopophagidae	<i>Conopophaga lineata</i>	-	-

Continua

Tabela 3 – Lista de espécies de aves do estudo

Família	Espécie	Ameaça	Endemismo
	<i>Conopophaga melanops</i>	-	E
Corvidae	<i>Cyanocorax cristatellus</i>	-	-
Cotingidae	<i>Carpornis cucullata</i>	-	E
	<i>Carpornis melanocephala</i>	VU	E
	<i>Lipaugus lanioides</i>	VU	E
	<i>Procnias nudicollis</i>	VU	-
	<i>Pyroderus scutatus</i>	VU	-
Cracidae	<i>Aburria jacutinga</i>	CR	-
	<i>Crax fasciolata</i>	CR	-
	<i>Ortalis guttata</i>	CR	-
	<i>Penelope obscura</i>	LC	-
	<i>Penelope superciliaris</i>	NT	-
Cuculidae	<i>Coccyzus melacoryphus</i>	-	-
	<i>Crotophaga ani</i>	-	-
	<i>Crotophaga major</i>	VU	-
	<i>Dromococcyx phasianellus</i>	RE	-
	<i>Guira guira</i>	-	-
	<i>Piaya cayana</i>	-	-
	<i>Tapera naevia</i>	-	-
Dendrocolaptidae	<i>Campylorhamphus falcularius</i>	-	-
	<i>Campylorhamphus trochilirostris</i>	CR	-
	<i>Dendrocincla turdina</i>	-	-
	<i>Dendrocolaptes platyrostris</i>	-	-
	<i>Lepidocolaptes angustirostris</i>	-	-
	<i>Lepidocolaptes falcinellus</i>	-	-
	<i>Lepidocolaptes squamatus</i>	-	E
	<i>Sittasomus griseicapillus</i>	-	-
	<i>Xiphocolaptes albicollis</i>	-	-
Estrildidae	<i>Estrilda astrild</i>	-	-
Falconidae	<i>Caracara plancus</i>	-	-
	<i>Falco femoralis</i>	-	-
	<i>Falco rufigularis</i>	EN	-
	<i>Falco sparverius</i>	-	-
	<i>Herpetotheres cachinnans</i>	-	-
	<i>Ibycter americanus</i>	RE	-
	<i>Micrastur ruficollis</i>	-	-
	<i>Micrastur semitorquatus</i>	-	-
	<i>Milvago chimachima</i>	-	-
Formicariidae	<i>Chamaeza campanisona</i>	-	-
	<i>Chamaeza meruloides</i>	-	E
	<i>Formicarius colma</i>	-	-

Continuação

Tabela 4 – Lista de espécies de aves do estudo

Família	Espécie	Ameaça	Endemismo
Fringillidae	<i>Chlorophonia cyanea</i>	-	-
	<i>Euphonia chalybea</i>	VU	-
	<i>Euphonia chlorotica</i>	-	-
	<i>Euphonia pectoralis</i>	-	-
	<i>Euphonia violacea</i>	-	-
	<i>Sporagra magellanica</i>	-	-
Furnariidae	<i>Anabacerthia lichtensteini</i>	-	-
	<i>Anabazenops fuscus</i>	-	E
	<i>Asthenes moreirae</i>	EN	E
	<i>Automolus leucophthalmus</i>	-	-
	<i>Certhiaxis cinnamomeus</i>	-	-
	<i>Cichlocolaptes leucophrus</i>	-	E
	<i>Cranioleuca pallida</i>	-	E
	<i>Furnarius rufus</i>	-	-
	<i>Heliobletus contaminatus</i>	-	-
	<i>Lochmias nematura</i>	-	-
	<i>Philydor atricapillus</i>	-	-
	<i>Philydor rufum</i>	-	-
	<i>Synallaxis cinerascens</i>	-	-
	<i>Synallaxis frontalis</i>	-	-
	<i>Synallaxis hypospodia</i>	EN	-
	<i>Synallaxis ruficapilla</i>	-	-
	<i>Synallaxis scutata</i>	EN	-
	<i>Synallaxis spixi</i>	-	-
	<i>Syndactyla rufosuperciliata</i>	-	-
Galbulidae	<i>Brachygalba lugubris</i>	CR	-
	<i>Jacamaralcyon tridactyla</i>	RE	E
Grallariidae	<i>Grallaria varia</i>	-	-
Haematopodidae	<i>Haematopus palliatus</i>	EN	-
Heliornithidae	<i>Heliornis fulica</i>	CR	-
Hirundinidae	<i>Progne tapera</i>	-	-
	<i>Pygochelidon cyanoleuca</i>	-	-
	<i>Stelgidopteryx ruficollis</i>	-	-
	<i>Tachycineta albiventer</i>	-	-
	<i>Tachycineta leucorrhoa</i>	-	-
	<i>Cacicus chrysopterus</i>	-	-
Icteridae	<i>Cacicus haemorrhous</i>	-	-
	<i>Gnorimopsar chopi</i>	NT	-
	<i>Icterus cayanensis</i>	-	-
	<i>Molothrus bonariensis</i>	-	-
	<i>Sturnella superciliaris</i>	-	-
	<i>Jacana jacana</i>	-	-

Continua

Tabela 5 – Lista de espécies de aves do estudo

Família	Espécie	Ameaça	Endemismo
Melanopareiidae	<i>Melanopareia torquata</i>	EN	-
Mimidae	<i>Mimus saturninus</i>	-	-
Mitrospingidae	<i>Orthogonys chloricterus</i>	-	E
Momotidae	<i>Baryphthengus ruficapillus</i>	-	-
	<i>Momotus momota</i>	VU	-
	<i>Anthus lutescens</i>	-	-
	<i>Anthus nattereri</i>	CR	-
Nyctibiidae	<i>Nyctibius aethereus</i>	RE	-
	<i>Nyctibius grandis</i>	CR	-
	<i>Nyctibius griseus</i>	-	-
Odontophoridae	<i>Odontophorus capueira</i>	NT	-
Onychorhynchidae	<i>Myiobius barbatus</i>	-	-
	<i>Onychorhynchus swainsoni</i>	VU	E
Oxyruncidae	<i>Oxyruncus cristatus</i>	-	-
Parulidae	<i>Basileuterus culicivorus</i>	-	-
	<i>Geothlypis aequinoctialis</i>	-	-
	<i>Myiothlypis flaveola</i>	-	-
	<i>Myiothlypis leucoblephara</i>	-	-
	<i>Myiothlypis leucophrys</i>	-	E
	<i>Myiothlypis rivularis</i>	-	-
	<i>Setophaga pitaiayumi</i>	-	-
Passerellidae	<i>Ammodramus humeralis</i>	-	-
	<i>Arremon flavirostris</i>	-	-
	<i>Zonotrichia capensis</i>	-	-
Passeridae	<i>Passer domesticus</i>	-	-
Phalacrocoracidae	<i>Phalacrocorax brasilianus</i>	-	-
Picidae	<i>Campephilus melanoleucos</i>	NT	-
	<i>Campephilus robustus</i>	NT	-
	<i>Celeus flavescens</i>	-	-
	<i>Colaptes campestris</i>	-	-
	<i>Colaptes melanochloros</i>	-	-
	<i>Dryocopus galeatus</i>	EN	-
	<i>Dryocopus lineatus</i>	-	-
	<i>Melanerpes candidus</i>	-	-
	<i>Piculus flavigula</i>	-	-
	<i>Picumnus cirratus</i>	-	-
	<i>Picumnus temminckii</i>	-	-
	<i>Veniliornis mixtus</i>	CR	-
	<i>Veniliornis spilogaster</i>	-	-
Pipridae	<i>Chiroxiphia caudata</i>	-	-

Continuação

Tabela 6 – Lista de espécies de aves do estudo

Família	Espécie	Ameaça	Endemismo
	<i>Ilicura militaris</i>	-	E
	<i>Manacus manacus</i>	-	-
	<i>Neopelma chrysolophum</i>	-	E
	<i>Neopelma pallescens</i>	VU	-
	<i>Pipra fasciicauda</i>	VU	-
Pipritidae	<i>Piprites pileata</i>	VU	-
Platyrinchidae	<i>Platyrinchus leucoryphus</i>	VU	-
	<i>Platyrinchus mystaceus</i>	-	-
Podicipedidae	<i>Podilymbus podiceps</i>	-	-
	<i>Tachybaptus dominicus</i>	-	-
Psittacidae	<i>Alipiopsitta xanthops</i>	CR	-
	<i>Amazona aestiva</i>	NT	-
	<i>Amazona amazonica</i>	VU	-
	<i>Amazona brasiliensis</i>	EN	E
	<i>Amazona farinosa</i>	EN	-
	<i>Amazona vinacea</i>	CR	-
	<i>Ara ararauna</i>	EN	-
	<i>Ara chloropterus</i>	CR	-
	<i>Brotogeris tirica</i>	-	E
	<i>Diopsittaca nobilis</i>	CR	-
	<i>Forpus xanthopterygius</i>	-	-
	<i>Orthopsittaca manilatus</i>	-	-
	<i>Pionopsitta pileata</i>	-	-
	<i>Pionus maximiliani</i>	-	-
	<i>Primolius maracana</i>	EN	-
	<i>Psittacara leucophthalmus</i>	-	-
	<i>Pyrrhura frontalis</i>	-	-
	<i>Touit melanonotus</i>	VU	E
	<i>Triclaria malachitacea</i>	VU	E
Rallidae	<i>Aramides cajaneus</i>	-	-
	<i>Aramides saracura</i>	-	-
	<i>Gallinula galeata</i>	-	-
	<i>Gallinula melanops</i>	EN	-
	<i>Laterallus xenopterus</i>	CR	-
	<i>Micropygia schomburgkii</i>	CR	-
	<i>Pardirallus nigricans</i>	-	-
	<i>Porzana albicollis</i>	-	-
Ramphastidae	<i>Pteroglossus aracari</i>	CR	-
	<i>Pteroglossus bailloni</i>	VU	-
	<i>Pteroglossus castanotis</i>	EN	-

Continua

Tabela 7 – Lista de espécies de aves do estudo

Família	Espécie	Ameaça	Endemismo
Rheidae Rhinocryptidae	<i>Ramphastos dicolorus</i>	-	-
	<i>Ramphastos toco</i>	-	-
	<i>Ramphastos vitellinus</i>	RE	-
	<i>Ramphastos vitellinus</i>	RE	-
	<i>Selenidera maculirostris</i>	VU	-
	<i>Rhea americana</i>	CR	-
	<i>Eleoscytalopus indigoticus</i>	-	E
	<i>Hemitriccus diops</i>	-	-
	<i>Hemitriccus furcatus</i>	VU	E
	<i>Hemitriccus obsoletus</i>	-	-
	<i>Hemitriccus orbitatus</i>	-	E
	<i>Leptopogon amaurocephalus</i>	-	-
	<i>Mionectes rufiventris</i>	-	-
	<i>Myiornis auricularis</i>	-	-
	<i>Phylloscartes eximius</i>	EN	-
	<i>Phylloscartes kronei</i>	VU	E
	<i>Phylloscartes oustaleti</i>	-	E
	<i>Phylloscartes paulista</i>	VU	-
	<i>Phylloscartes ventralis</i>	-	-
	<i>Poecilatriccus plumbeiceps</i>	-	-
	<i>Todirostrum cinereum</i>	-	-
	<i>Todirostrum poliocephalum</i>	-	E
	<i>Tolmomyias sulphureus</i>	-	-
Scleruridae	<i>Geositta poeciloptera</i>	RE	-
	<i>Sclerurus macconnelli</i>	-	-
	<i>Sclerurus scansor</i>	-	-
Scolopacidae	<i>Numenius borealis</i>	EX	-
Sternidae	<i>Phaetusa simplex</i>	VU	-
	<i>Sternula superciliaris</i>	EN	-
Strigidae	<i>Asio clamator</i>	-	-
	<i>Asio flammeus</i>	NT	-
	<i>Athene cunicularia</i>	-	-
	<i>Bubo virginianus</i>	VU	-
	<i>Glaucidium minutissimum</i>	-	-
	<i>Megascops choliba</i>	-	-
	<i>Strix hylophila</i>	-	-
Thamnophilidae	<i>Batara cinerea</i>	-	-
	<i>Biatas nigropectus</i>	EN	-
	<i>Drymophila ferruginea</i>	-	E
	<i>Drymophila malura</i>	-	-
	<i>Drymophila ochropyga</i>	LC	E
	<i>Dysithamnus mentalis</i>	-	-

Continuação

Tabela 8 – Lista de espécies de aves do estudo

Família	Espécie	Ameaça	Endemismo
Thraupidae	<i>Dysithamnus xanthopterus</i>	-	E
	<i>Formicivora melanogaster</i>	VU	-
	<i>Herpsilochmus longirostris</i>	VU	-
	<i>Herpsilochmus rufimarginatus</i>	-	-
	<i>Hypoedaleus guttatus</i>	-	-
	<i>Mackenziaena leachii</i>	-	-
	<i>Myrmoderus loricatus</i>	-	E
	<i>Myrmoderus squamosus</i>	-	E
	<i>Myrmotherula minor</i>	VU	E
	<i>Myrmotherula unicolor</i>	VU	E
	<i>Pyriglena leucoptera</i>	-	-
	<i>Rhopias gularis</i>	-	E
	<i>Stymphalornis acutirostris</i>	-	E
	<i>Thamnophilus caerulescens</i>	-	-
	<i>Thamnophilus doliatus</i>	-	-
	<i>Charitospiza eucosma</i>	CR	-
	<i>Coereba flaveola</i>	-	-
	<i>Conirostrum speciosum</i>	-	-
	<i>Coryphaspiza melanotis</i>	CR	-
	<i>Cypsnagra hirundinacea</i>	EN	-
	<i>Dacnis cayana</i>	-	-
	<i>Dacnis nigripes</i>	VU	E
	<i>Donacospiza albifrons</i>	VU	-
	<i>Emberizoides ypiranganus</i>	EN	-
	<i>Embernagra platensis</i>	VU	-
	<i>Haplospiza unicolor</i>	-	-
	<i>Hemithraupis ruficapilla</i>	-	E
	<i>Lanio cristatus</i>	-	-
	<i>Lanio cucullatus</i>	-	-
	<i>Lanio melanops</i>	-	-
	<i>Lanio penicillatus</i>	VU	-
	<i>Neothraupis fasciata</i>	EN	-
	<i>Orchesticus abeillei</i>	LC	E
	<i>Paroaria dominicana</i>	-	E
	<i>Pipraeidea melanonota</i>	-	-
	<i>Poospiza cinerea</i>	CR	E
	<i>Pyrrhocomma ruficeps</i>	NT	-
	<i>Ramphocelus bresilius</i>	-	E
	<i>Ramphocelus carbo</i>	-	-
	<i>Saltator fuliginosus</i>	-	-
	<i>Saltator similis</i>	-	-
	<i>Saltatricula atricollis</i>	VU	-

Continua

Tabela 9 – Lista de espécies de aves do estudo

Família	Espécie	Ameaça	Endemismo
	<i>Schistochlamys melanopis</i>	VU	-
	<i>Schistochlamys ruficapillus</i>	-	-
	<i>Sicalis flaveola</i>	-	-
	<i>Sporophila angolensis</i>	VU	-
	<i>Sporophila bouvreuil</i>	VU	-
	<i>Sporophila caerulescens</i>	-	-
	<i>Sporophila cinnamomea</i>	CR	-
	<i>Sporophila collaris</i>	NT	-
	<i>Sporophila falcistrostris</i>	EN	-
	<i>Sporophila frontalis</i>	EN	-
	<i>Sporophila hypoxantha</i>	CR	-
	<i>Sporophila lineola</i>	-	-
	<i>Sporophila maximiliani</i>	RE	-
	<i>Sporophila melanogaster</i>	CR	E
	<i>Sporophila palustris</i>	CR	-
	<i>Sporophila pileata</i>	EN	-
	<i>Sporophila plumbea</i>	EN	-
	<i>Sporophila ruficollis</i>	CR	-
	<i>Stephanophorus diadematus</i>	-	-
	<i>Tachyphonus coronatus</i>	-	-
	<i>Tachyphonus rufus</i>	VU	-
	<i>Tangara cayana</i>	-	-
	<i>Tangara cyanocephala</i>	-	-
	<i>Tangara cyanoptera</i>	-	E
	<i>Tangara desmaresti</i>	-	E
	<i>Tangara ornata</i>	-	E
	<i>Tangara palmarum</i>	-	-
	<i>Tangara peruviana</i>	VU	E
	<i>Tangara sayaca</i>	-	-
	<i>Tangara seledon</i>	-	-
	<i>Tersina viridis</i>	-	-
	<i>Thlypopsis sordida</i>	-	-
	<i>Tiaris fuliginosus</i>	-	-
	<i>Volatinia jacarina</i>	-	-
Threskiornithidae	<i>Eudocimus ruber</i>	VU	-
Tinamidae	<i>Crypturellus noctivagus</i>	EN	E
	<i>Crypturellus obsoletus</i>	-	-
	<i>Crypturellus tataupa</i>	-	-
	<i>Crypturellus undulatus</i>	EN	-
	<i>Nothura maculosa</i>	-	-
	<i>Nothura minor</i>	CR	E
	<i>Rhynchotus rufescens</i>	VU	-

Continuação

Tabela 10 – Lista de espécies de aves do estudo

Família	Espécie	Ameaça	Endemismo
Tityridae	<i>Taoniscus nanus</i>	CR	-
	<i>Tinamus solitarius</i>	VU	-
	<i>Iodopleura pipra</i>	EN	E
	<i>Laniisoma elegans</i>	VU	E
	<i>Pachyramphus castaneus</i>	-	-
	<i>Pachyramphus polychopterus</i>	-	-
	<i>Pachyramphus validus</i>	-	-
	<i>Schiffornis virescens</i>	-	-
	<i>Tityra cayana</i>	-	-
Trochilidae	<i>Tityra inquisitor</i>	-	-
	<i>Amazilia lactea</i>	-	-
	<i>Amazilia versicolor</i>	-	-
	<i>Aphantochroa cirrochloris</i>	-	-
	<i>Calliphlox amethystina</i>	-	-
	<i>Chlorostilbon lucidus</i>	-	-
	<i>Clytolaema rubricauda</i>	-	E
	<i>Colibri serrirostris</i>	-	-
	<i>Eupetomena macroura</i>	-	-
	<i>Florisuga fusca</i>	-	-
	<i>Heliactin bilophus</i>	RE	-
	<i>Heliomaster squamosus</i>	-	E
	<i>Leucochloris albicollis</i>	-	-
	<i>Phaethornis eurynome</i>	-	-
	<i>Phaethornis pretrei</i>	-	-
	<i>Phaethornis squalidus</i>	-	E
	<i>Polytmus guainumbi</i>	VU	-
	<i>Ramphodon naevius</i>	-	E
	<i>Thalurania glaucopis</i>	-	-
Troglodytidae	<i>Cistothorus platensis</i>	CR	-
	<i>Troglodytes musculus</i>	-	-
Trogonidae	<i>Trogon rufus</i>	-	-
	<i>Trogon surrucura</i>	-	-
	<i>Trogon viridis</i>	-	-
Turdidae	<i>Turdus albicollis</i>	-	-
	<i>Turdus amaurochalinus</i>	-	-
	<i>Turdus flavipes</i>	-	-
	<i>Turdus leucomelas</i>	-	-
	<i>Turdus rufiventris</i>	-	-
	<i>Turdus subalaris</i>	-	-
Tyrannidae	<i>Alectrurus tricolor</i>	CR	-
	<i>Arundinicola leucocephala</i>	-	-
	<i>Attila phoenicurus</i>	-	-

Continua

Tabela 11 – Lista de espécies de aves do estudo

Família	Espécie	Ameaça	Endemismo
Vireonidae	<i>Attila rufus</i>	-	E
	<i>Camptostoma obsoletum</i>	-	-
	<i>Cnemotriccus fuscatus</i>	-	-
	<i>Colonia colonus</i>	-	-
	<i>Contopus cinereus</i>	-	-
	<i>Elaenia cristata</i>	VU	-
	<i>Elaenia flavogaster</i>	-	-
	<i>Elaenia mesoleuca</i>	-	-
	<i>Elaenia obscura</i>	-	-
	<i>Empidonomus varius</i>	-	-
	<i>Euscarthmus rufomarginatus</i>	RE	-
	<i>Fluvicola nengeta</i>	-	-
	<i>Hirundinea ferruginea</i>	-	-
	<i>Knipolegus cyanirostris</i>	-	-
	<i>Lathrotriccus euleri</i>	-	-
	<i>Machetornis rixosa</i>	-	-
	<i>Megarynchus pitangua</i>	-	-
	<i>Muscipipra vetula</i>	-	-
	<i>Myiarchus ferox</i>	-	-
	<i>Myiarchus swainsoni</i>	-	-
	<i>Myiarchus tyrannulus</i>	-	-
	<i>Myiodynastes maculatus</i>	-	-
	<i>Myiopagis gaimardii</i>	EN	-
	<i>Myiopagis viridicata</i>	-	-
	<i>Myiophobus fasciatus</i>	-	-
	<i>Myiozetetes cayanensis</i>	-	-
	<i>Myiozetetes similis</i>	-	-
	<i>Phyllomyias fasciatus</i>	-	-
	<i>Pitangus sulphuratus</i>	-	-
	<i>Polystictus pectoralis</i>	CR	-
	<i>Pyrocephalus rubinus</i>	-	-
	<i>Satrapa icterophrys</i>	-	-
	<i>Serpophaga subcristata</i>	-	-
	<i>Sirystes sibilator</i>	-	-
	<i>Sublegatus modestus</i>	EN	-
	<i>Suiriri suiriri</i>	EN	-
	<i>Tyrannus melancholicus</i>	-	-
	<i>Tyrannus savana</i>	-	-
	<i>Tyrannus savana</i>	-	-
	<i>Xolmis cinereus</i>	-	-
	<i>Cyclarhis gujanensis</i>	-	-
	<i>Hylophilus poicilotis</i>	-	-

Conclusão

Tabela 12 – Lista de espécies de aves do estudo

Família	Espécie	Ameaça	Endemismo
Xenopidae	<i>Vireo olivaceus</i>	-	-
	<i>Xenops minutus</i>	-	-
	<i>Xenops rutilans</i>	-	-