

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS
Centro de Ciências Biológicas e da Saúde
Programa de Pós-graduação em Conservação da Fauna

Áreas de risco para a disseminação da febre amarela em São Paulo: como a estrutura da paisagem influencia a abundância e a conectividade funcional para *Haemagogus* spp.

Risk areas for yellow fever spread in São Paulo: how landscape structure influences abundance and functional connectivity for *Haemagogus* spp.

AMANDA FRANCISCO PRADO

São Paulo
2023

Amanda Francisco Prado

Áreas de risco para a disseminação da febre amarela em São Paulo: como a estrutura da paisagem influencia a abundância e a conectividade funcional para *Haemagogus* spp.

Risk areas for yellow fever spread in São Paulo: how landscape structure influences abundance and functional connectivity for *Haemagogus* spp.

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Conservação da Fauna como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Conservação da Fauna, sob orientação da Profa. Dra. Patrícia Domingues de Freitas, coorientação da Dra. Paula Ribeiro Prist e colaboração do Dr. Luis Filipe Mucci.

**São Paulo
2023**

Agradecimentos

Á Profa. Patricia, por toda dedicação e orientação ao longo deste mestrado e por sempre me incentivar a continuar. Obrigada pela coragem de ter topado isso comigo e pela empatia nos momentos necessários.

Á Paula Prist, pela coorientação e, pela segunda vez, fazer isso de forma tão majestosa e presente, o que me proporcionou confiança para seguir em frente, mesmo nos momentos mais complicados. Paula, você é incrível!

Ao Luis, por tão gentilmente ter cedido seus dados para este trabalho e, em todas etapas, ter ajudado com sua tão valiosa expertise no assunto.

A todos os professores com quem tive contato no PPGCFau, pois me propiciaram uma nova visão quanto aos papéis dos empreendimentos de fauna na conservação da biodiversidade, muitos dos quais hoje se tornaram minha missão profissional.

Á Secretaria e ao Secretário de Meio Ambiente de Santos, por terem consentido comigo e confiado em mim, o que tornou possível eu cursar este mestrado, mantendo minhas atividades profissionais.

Aos meus pais, Neide e Armando, por sempre estarem ao meu lado e mostrarem todo seu amor, me apoiando de todas as maneiras possíveis e incondicionalmente.

Aos meus irmãos, Priscila e Vinícius, por tornarem a minha vida mais leve e divertida e compartilharem tantas experiências e momentos comigo.

Aos meus sobrinhos, Dudu e Vile, por me fazerem ter esperanças e lutar por um mundo melhor, mais justo, equilibrado e igualitário, onde eles (e todos) possam crescer e viver com qualidade e ter o prazer de apreciar um meio ambiente equilibrado, com toda sua magnífica biodiversidade.

Ao meu companheiro, Ivan, pelo amor, apoio, abraços nos momentos difíceis e por me ajudar e incentivar a desfrutar a vida.

Ao meu amigo Mago, por ter me incentivado a entrar neste mestrado e pelo incentivo e apoio em tantas outras áreas de minha vida.

Aos colegas do PPGCFau, pelas trocas de informações e de experiências, as quais foram muito importantes nesse percurso.

A todos os outros que, de qualquer forma que seja, tenham contribuído com este trabalho ou com minha trajetória.

Meus mais sinceros agradecimentos!

Resumo

A febre amarela silvestre (FAS) é uma doença infecciosa de alta letalidade para humanos e alguns grupos de primatas não humanos (PNH). Ela é causada por *Flavivirus*, que, na Mata Atlântica, possuem como vetores primários os mosquitos *Haemagogus leucocelaenus* e *Haemagogus janthinomys* (Culicidae:Diptera), considerados acrodendrófilos e comuns em fragmentos florestais, porém, com diferentes tolerâncias à degradação do habitat. Antes endêmica da região amazônica, a FAS tem se espalhado pelo Brasil nas últimas décadas. No estado de São Paulo, o último surto iniciou em 2016 na região noroeste e, a partir de 2017, houve a propagação do vírus para a faixa leste do estado, possivelmente através de corredores ecológicos ou *stepping stones*, o que causou grande declínio em populações de algumas espécies de PNH ameaçadas de extinção, além de ter tido grande impacto na saúde pública. O risco de transmissão do vírus está associado, principalmente, à abundância dos vetores e, apesar de diversos esforços, pouco ainda é conhecido sobre a ecologia deles, particularmente no que diz respeito a como a paisagem influencia suas abundâncias e pode promover conectividade funcional para essas espécies, o que propicia a propagação do vírus para outras regiões. Desta forma, os objetivos deste trabalho foram (1) analisar como e em qual escala a estrutura da paisagem influencia a abundância de *Hg. leucocelaenus* e *Hg. janthinomys* em SP, (2) baseado em sua ecologia, identificar os elementos conectores que possivelmente tenham sido utilizados pelos vetores no último surto, e (3) indicar áreas com maior risco para dispersão dos vetores. Para tanto, foram utilizados dados de abundância dos vetores em 24 pontos de áreas de vegetação nativa do noroeste paulista e uma abordagem de seleção de modelos utilizando métricas de paisagem em diferentes escalas (de 500 m a 2,5 km) como variáveis preditoras. A partir das variáveis presentes no melhor modelo selecionado, a abundância de cada vetor foi extrapolada para todo o estado e sobreposta a um mapa de conectividade funcional potencial para cada um, a qual também foi calculada com base no melhor modelo selecionado para cada espécie. A abundância de *Hg. leucocelaenus* respondeu à estrutura da paisagem principalmente na escala de 2,0 km e os resultados sugerem que aumentos na quantidade de cobertura florestal, porém mantendo uma alta fragmentação, tendem a elevar a abundância desta espécie. Já a abundância de *Hg. janthinomys* respondeu à estrutura da paisagem principalmente nas maiores escalas (2,5 km) e nossos resultados sugerem que a espécie é menos abundante em paisagens fragmentadas e degradadas, estando mais relacionada com áreas de interior de fragmentos de vegetação nativa e pode estar mais relacionada com áreas de Cerrado do que *Hg. leucocelaenus*. As áreas de maior risco para propagação do vírus se concentraram, principalmente, nas bordas superiores da Serra do Mar, na região da Serra da Cantareira, nas áreas periféricas da região metropolitana de São Paulo e no Vale do Paraíba, devido à maior abundância estimada dos vetores e elevada conectividade funcional para os mesmos nestas regiões. Já áreas *core* de grandes fragmentos florestais evidenciaram baixo risco de propagação do vírus. Assim, as paisagens fragmentadas de São Paulo apresentam diversas características que resultam em um elevado risco de reemergência, ocorrência e disseminação da doença, inclusive em áreas próximas a grandes centros urbanos, acendendo o alerta quanto à reurbanização da doença. Portanto, a manutenção e recuperação de áreas florestais em arranjos espaciais menos fragmentados se mostra fundamental para evitar novos surtos da FAS, assim como a inclusão da análise multiescalar na rotina dos serviços de vigilância epidemiológica e saúde animal para se estimar com mais precisão as potenciais rotas de propagação do vírus.

Palavras-chave: corredores ecológicos; conservação; *Haemagogus leucocelaenus*; *Haemagogus janthinomys*; Mata Atlântica.

Abstract

Wild yellow fever (WYF) is a high lethality infectious disease for humans and some non-human primates (NHP). It is caused by *Flavivirus* that have the mosquitoes *Haemagogus leucocelaenus* and *Haemagogus janthinomys* (Culicidae:Diptera) as primary vectors in the Atlantic Forest. Both species are considered acrodendrophiles and common in forest fragments, but have different tolerances to habitat degradation. Previously endemic to the Amazon region, WYF has recently spread throughout Brazil. In São Paulo state, the last WYF outbreak began in 2016 in the northwest region and, from 2017, the virus spread to the eastern part of the state, possibly through ecological corridors or stepping stones, causing a large decline in threatened PNH species and having a large impact on public health. Virus transmission risk is mainly related to vector abundance. However, despite of several efforts, little is known about vector ecology requirements, particularly on how landscape parameters affect their abundances and functional connectivity for them, which allows virus spread to other regions. Therefore, the goals of this study were (1) to analyze how and at what scale the landscape structure affects *Hg. leucocelaenus* and *Hg. janthinomys* abundance in São Paulo state, (2) based on their ecology, identify connecting elements that possibly were used by the vectors in the last outbreak and (3) indicate areas with greater risk of WYF vector dispersion. For this, we used vector abundance data collected in 24 points of native vegetation areas in São Paulo northwest and a model selection approach, with landscape metrics at different scales (from 500 m to 2.5 km) as predictor variables. Based on the best selected model, the abundance of each vector was extrapolated to the entire state and overlapped with a potential functional connectivity map developed for each species. The abundance of *Hg. leucocelaenus* responded to the landscape structure mainly at the 2.0 km scale and the results suggest that increases in the forest cover amount with high fragmentation levels tend to increase the abundance of this species. The abundance of *Hg. janthinomys* responded to the landscape structure mainly at the largest scales (2.5 km) and results suggest that this species is less abundant in fragmented and degraded landscapes, is more related to core areas of native vegetation fragments and may be more related to Cerrado areas than *Hg. leucocelaenus*. The areas with greatest risk for virus spread were mainly concentrated on the upper edges of Serra do Mar, in the Serra da Cantareira region, in the peripheral areas of São Paulo metropolitan region and in Vale do Paraíba, due to the greater estimated vector abundance and high functional connectivity observed. Core areas of large forest fragments showed a lower risk of virus spreading. Thus, the fragmented landscapes of São Paulo present several characteristics that result in a high risk of occurrence and WYF spread, including in areas close to large urban centers, raising the alarm of WYF reurbanization. Therefore, the maintenance and recovery of forest areas in a non-fragmented state is essential to prevent new WYF outbreaks, as well as the inclusion of multiscale analysis in the epidemiological surveillance routine and animal health services, to more accurately estimate the potential dispersion routes of the virus.

Keywords: ecological corridors; conservation; *Haemagogus leucocelaenus*; *Haemagogus janthinomys*; Atlantic Forest.

Lista de Figuras

- Figura 1.** Área de estudo, na região noroeste de São Paulo. O retângulo à direita é uma ampliação da região onde os mosquitos foram coletados 21
- Figura 2.** Abundância de *Haemagogus leucocelaenus* estimada para o estado de São Paulo, em número de indivíduos por m². As regiões numeradas de 1 - 4 correspondem às regiões metropolitanas de 1) São José do Rio Preto, 2) Ribeirão Preto, 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira 30
- Figura 2.A1.** Abundância de *Haemagogus leucocelaenus* estimada para o quadrante A1 do estado de São Paulo, em número de indivíduos por m². A região numerada 1 corresponde à região metropolitana de São José do Rio Preto 31
- Figura 2.A2.** Abundância de *Haemagogus leucocelaenus* estimada para o quadrante A2 do estado de São Paulo, em número de indivíduos por m². A região numerada 2 corresponde à região metropolitana de Ribeirão Preto 31
- Figura 2.B1.** Abundância de *Haemagogus leucocelaenus* estimada para o quadrante B1 do estado de São Paulo, em número de indivíduos por m² 32
- Figura 2.B2.** Abundância de *Haemagogus leucocelaenus* estimada para o quadrante B2 do estado de São Paulo, em número de indivíduos por m². As regiões numeradas de 3 e 4 correspondem às regiões metropolitanas 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira 32
- Figura 3.** Abundância de *Haemagogus janthinomys/capricornii* estimada para o estado de São Paulo, em número de indivíduos por m². As regiões numeradas de 1 - 4 correspondem às regiões metropolitanas de 1) São José do Rio Preto, 2) Ribeirão Preto, 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira 33
- Figura 3.A1.** Abundância de *Haemagogus janthinomys/capricornii* estimada para o quadrante A1 do estado de São Paulo, em número de indivíduos por m². A região numerada 1 corresponde à região metropolitana de São José do Rio Preto 34
- Figura 3.A2.** Abundância de *Haemagogus janthinomys/capricornii* estimada para o quadrante A2 do estado de São Paulo, em número de indivíduos por m². A região numerada 2 corresponde à região metropolitana de Ribeirão Preto 34

Figura 3.B1. Abundância de <i>Haemagogus janthinomys/capricornii</i> estimada para o quadrante B1 do estado de São Paulo, em número de indivíduos por m ²	35
Figura 3.B2. Abundância de <i>Haemagogus janthinomys/capricornii</i> estimada para o quadrante B2 do estado de São Paulo, em número de indivíduos por m ² . As regiões numeradas de 3 e 4 correspondem às regiões metropolitanas 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira	35
Figura 4. Conectividade funcional potencial para <i>Haemagogus leucocelaenus</i> no estado de São Paulo, em conexões por km ² . As regiões numeradas de 1 - 4 correspondem às regiões metropolitanas de 1) São José do Rio Preto, 2) Ribeirão Preto, 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira	36
Figura 4.A1. Conectividade funcional potencial <i>Haemagogus leucocelaenus</i> estimada para o quadrante A1 do estado de São Paulo, em conexões por km ² . A região numerada 1 corresponde à região metropolitana de São José do Rio Preto	37
Figura 4.A2. Conectividade funcional potencial para <i>Haemagogus leucocelaenus</i> estimada para o quadrante A2 do estado de São Paulo, em conexões por km ² . A região numerada 2 corresponde à região metropolitana de Ribeirão Preto	37
Figura 4.B1. Conectividade funcional potencial para <i>Haemagogus leucocelaenus</i> estimada para o quadrante B1 do estado de São Paulo, em conexões por km ²	38
Figura 4.B2. Conectividade funcional potencial para <i>Haemagogus leucocelaenus</i> estimada para o quadrante B2 do estado de São Paulo, em conexões por km ² . As regiões numeradas de 3 e 4 correspondem às regiões metropolitanas 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira	38
Figura 5. Conectividade funcional potencial para <i>Haemagogus janthinomys/capricornii</i> no estado de São Paulo, em conexões por km ² . As regiões numeradas de 1 - 4 correspondem às regiões metropolitanas de 1) São José do Rio Preto, 2) Ribeirão Preto, 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira	39
Figura 5.A1. Conectividade funcional potencial <i>Haemagogus janthinomys/capricornii</i> estimada para o quadrante A1 do estado de São Paulo, em conexões por km ² . A região numerada 1 corresponde à região metropolitana de São José do Rio Preto	40

Figura 5.A2. Conectividade funcional potencial para <i>Haemagogus janthinomys/capricornii</i> estimada para o quadrante A2 do estado de São Paulo, em conexões por km ² . A região numerada 2 corresponde à região metropolitana de Ribeirão Preto	40
Figura 5.B1. Conectividade funcional potencial para <i>Haemagogus janthinomys/capricornii</i> estimada para o quadrante B1 do estado de São Paulo, em conexões por km ²	41
Figura 5.B2. Conectividade funcional potencial para <i>Haemagogus janthinomys/capricornii</i> estimada para o quadrante B2 do estado de São Paulo, em conexões por km ² . As regiões numeradas de 3 e 4 correspondem às regiões metropolitanas 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira	41
Figura 6. Abundância estimada e conectividade funcional potencial para <i>Haemagogus leucocelaenus</i> no estado de São Paulo, indicando áreas de risco para dispersão do mosquito. As regiões numeradas de 1 - 4 correspondem às regiões metropolitanas de 1) São José do Rio Preto, 2) Ribeirão Preto, 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira.....	42
Figura 6.A1. Abundância estimada e conectividade funcional potencial para <i>Haemagogus leucocelaenus</i> no quadrante A1 do estado de São Paulo, indicando áreas de risco para dispersão do mosquito. A região numerada 1 corresponde à região metropolitana de São José do Rio Preto....	43
Figura 6.A2. Abundância estimada e conectividade funcional potencial para <i>Haemagogus leucocelaenus</i> no quadrante A2 do estado de São Paulo, indicando áreas de risco para dispersão do mosquito. A região numerada 2 corresponde à região metropolitana de Ribeirão Preto	43
Figura 6.B1. Abundância estimada e conectividade funcional potencial para <i>Haemagogus leucocelaenus</i> no quadrante B1 do estado de São Paulo, indicando áreas de risco para dispersão do mosquito	44
Figura 6.B2. Abundância estimada e conectividade funcional potencial para <i>Haemagogus leucocelaenus</i> no quadrante B2 do estado de São Paulo, indicando áreas de risco para dispersão do mosquito. As regiões numeradas de 3 e 4 correspondem às regiões metropolitanas 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira	44
Figura 7. Abundância estimada e conectividade funcional potencial para <i>Haemagogus leucocelaenus</i> no estado de São Paulo, indicando áreas de risco para dispersão do mosquito. As regiões numeradas de 1 - 4 correspondem às regiões metropolitanas de 1) São José do Rio Preto, 2) Ribeirão Preto, 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que	

dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira 45

Figura 7.A1. Abundância estimada e conectividade funcional potencial para *Haemagogus janthinomys/capricornii* no quadrante A1 do estado de São Paulo, indicando áreas de risco para dispersão do mosquito. A região numerada 1 corresponde à região metropolitana de São José do Rio Preto 46

Figura 7.A2. Abundância estimada e conectividade funcional potencial para *Haemagogus janthinomys/capricornii* no quadrante A2 de São Paulo, indicando áreas de risco para dispersão do mosquito. A região numerada 2 corresponde à região metropolitana de Ribeirão Preto 46

Figura 7.B1. Abundância estimada e conectividade funcional potencial para *Haemagogus janthinomys/capricornii* no quadrante B1 do estado de São Paulo, indicando áreas de risco para dispersão do mosquito 47

Figura 7.B2. Abundância estimada e conectividade funcional potencial para *Haemagogus janthinomys/capricornii* no quadrante B2 do estado de São Paulo, indicando áreas de risco para dispersão do mosquito. As regiões numeradas de 3 e 4 correspondem às regiões metropolitanas 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira 47

Lista de Tabelas

- Tabela 1.** Modelos selecionados ($\Delta AICc \leq 2$) para explicar a abundância de *Haemagogus leucocelaenus* (HL) e *Haemagogus janthinomys/capricornii* (HJ), de acordo com a estrutura da paisagem (%CF = % de cobertura florestal, %AG = % de agropecuária, %VN = % de vegetação nativa, NFF = n° de fragmentos florestais, DBF = densidade de borda de floresta, DBN = densidade de borda de vegetação nativa), nas diferentes escalas (valores entre parênteses para as variáveis de paisagem, em quilômetros (km)) 27
- Tabela 2.** Soma dos pesos de evidência das diferentes escalas para *Haemagogus leucocelaenus* e *Haemagogus janthinomys/capricornii* 28
- Tabela 3.** Soma dos pesos de evidência das variáveis ponderada pelo número de modelos que a variável aparece ($\sum W_i/N$) e inclinação média da reta e desvio padrão ($\pm DP$) para cada variável preditora (%CF = % de cobertura florestal, %AG = % de agropecuária, %VN = % de vegetação nativa, NFF = n° de fragmentos florestais, DBF = densidade de borda de floresta, DBN = densidade de borda de vegetação nativa), presente nos modelos selecionados ($\Delta AICc \leq 2$) para explicar a abundância de *Haemagogus leucocelaenus* e *Haemagogus janthinomys/capricornii*, nas diferentes escalas (valores entre parênteses para as variáveis de paisagem, em quilômetros (km))..... 28

Sumário

1. Introdução	11
2. Objetivos e Hipóteses	19
2.1. Objetivos	19
2.2. Hipóteses	19
3. Material e Métodos	20
3.1. Área de estudo e coleta de dados	20
3.2. Métricas da paisagem e variáveis preditoras	21
3.3. Influência da paisagem e escala de efeito sobre a abundância dos vetores	22
3.4. Extrapolação da abundância dos mosquitos vetores	24
3.5. Corredores ecológicos e áreas de risco de disseminação da febre amarela	25
4. Resultados	26
4.1. Relação da abundância das espécies com a estrutura da paisagem e escala de efeito	26
4.2. Extrapolação da abundância dos vetores da febre amarela	29
4.3. Corredores ecológicos e áreas de risco de disseminação da febre amarela	36
5. Discussão	48
5.1. Relação da abundância das espécies com a estrutura da paisagem	48
5.2. Escala de efeito para os vetores	53
5.3. Corredores ecológicos e áreas de risco de disseminação da febre amarela	54
5.4. Implicações epidemiológicas e conclusões	62
6. Referências Bibliográficas	66
7. Anexos	81
7.1. Anexo 1: Modelos concorrentes para analisar como e quais métricas da paisagem (% de cobertura florestal (%CF); % de vegetação nativa (%VN); % de agropecuária (%AG); número de fragmentos de florestais (NFF) e de vegetação nativa (NFN); densidade de borda de formação florestal (DBF) e de vegetação nativa (DBN); e índice de coesão entre os fragmentos de formação florestal (COF) e entre os fragmentos de vegetação nativa (CON)) influenciam a abundância de <i>Haemagogus leucocelaenus</i> (HL), nas diferentes escalas utilizadas (500 m, 1,0 km, 1,5 km, 2,0 km, 2,5 km). Para <i>Haemagogus janthinomys</i> , os modelos utilizados foram os mesmos, só mudando o conjunto de dados para a abundância desta espécie	81

1. Introdução

A perda e a fragmentação de habitats nativos provocadas pelas atividades antrópicas, como agropecuária e expansão de centros urbanos, têm diversos efeitos sobre a biodiversidade (FAHRIG, 2003), sendo um deles a alteração nas abundâncias relativas das espécies que compõem as diferentes comunidades biológicas. Algumas espécies são beneficiadas por essas perturbações e têm, portanto, suas abundâncias relativas aumentadas. Muitas dessas espécies também são caracterizadas como hospedeiras e/ou vetores de patógenos potencialmente transmissíveis e prejudiciais aos seres humanos (PATZ *et al.*, 2000) e outras espécies (PATZ *et al.*, 2004). Uma revisão envolvendo trabalhos de diversos países, por exemplo, mostrou que mais da metade das espécies de mosquito é beneficiada pelo desmatamento e, dessas, cerca de 50% são vetores de ao menos uma doença em humanos ou outros animais (BURKETT-CADENA & VITTOR, 2018). Desta forma, a perda, a degradação e a fragmentação de habitat causadas pelas atividades antrópicas podem resultar no aparecimento, reaparecimento, aumento do risco de ocorrência e maior incidência de doenças infecciosas em populações humanas (PATZ *et al.*, 2000; WILCOX & ELLIS, 2006) e animais (SMITH *et al.*, 2009), devido ao maior contato das espécies vetores com as espécies hospedeiras, incluindo o homem (WILCOX & ELLIS, 2006; LAMBIN *et al.*, 2010; PLOWRIGHT *et al.*, 2021).

A febre amarela é uma arbovirose (virose transmitida por artrópode - “arthropod-borne viruses”) causada por vírus do gênero *Flavivirus* (VASCONCELOS, 2003), que ocasiona uma febre hemorrágica, endêmica da África tropical e das florestas das Américas Central e do Sul (BARNETT, 2004; MONATH & VASCONCELOS, 2015). A doença atinge aproximadamente 200.000 pessoas anualmente, sendo que cerca de 30.000 vão a óbito (GARSKE *et al.*, 2014; MONATH & VASCONCELOS, 2015; SACCHETTO *et al.*, 2020). Apesar de sua alta letalidade, principalmente no Brasil (VASCONCELOS, 2003; SAAD & BARATA, 2016), até o momento não existe tratamento específico para esta doença e sua prevenção é feita principalmente através da vacinação das pessoas que vivem ou se dirigem às áreas de risco (VASCONCELOS, 2003; RIBEIRO *et al.*, 2015).

Além de humanos, os flavivírus infectam também outros hospedeiros suscetíveis, principalmente primatas não humanos - PNH (MONATH, 2001), nos quais podem causar uma doença grave, muitas vezes também fatal, semelhante à febre amarela humana (VASCONCELOS, 2003; MORENO *et al.*, 2013). Todos os gêneros de primatas neotropicais (Parvorder Platyrrhini)

parecem ser suscetíveis à febre amarela (FIGUEIREDO *et al.*, 2018), se constituindo, portanto, em potenciais hospedeiros amplificadores acidentais do vírus (CUNHA *et al.*, 2019a; MARES-GUIA *et al.*, 2020; DE AZEVEDO FERNANDES *et al.*, 2021). Entretanto, o grau de resistência e a capacidade de amplificação do vírus varia de acordo com cada grupo (DE AZEVEDO FERNANDES *et al.*, 2021).

No Brasil, o grupo que apresenta maior suscetibilidade à infecção por flavivírus é o dos bugios - *Alouatta* spp. (CUNHA *et al.*, 2019a; MARES-GUIA *et al.*, 2020; SILVA *et al.*, 2020; DE AZEVEDO FERNANDES *et al.*, 2021). Espécies desse gênero ocorrem em diversos biomas e formações florestais da América do Sul (GREGORIN, 2006) e residem preferencialmente nos estratos superiores da vegetação (NEVILLE *et al.*, 1988). Devido à alta susceptibilidade e letalidade de *Alouatta* spp. ao vírus da febre amarela, eventos envolvendo a morte desses indivíduos são considerados “sentinelas”, indicando que há circulação do vírus na região (BRASIL, 2017; DE AZEVEDO FERNANDES *et al.*, 2021). Epizootias (ou seja, “epidemias em populações animais”) de febre amarela podem causar um grande declínio nas populações de PNH mais suscetíveis, podendo eliminar populações inteiras (FIALHO *et al.*, 2012), especialmente em paisagens fragmentadas (BICCA-MARQUES & DE FREITAS, 2010). Os indivíduos que não morrem desenvolvem imunidade permanente, porém, tornam-se amplificadores do vírus durante o período em que estão em viremia (VASCONCELOS, 2003), facilitando o estabelecimento do vírus em dada área.

A transmissão do vírus da febre amarela para seus hospedeiros humanos ou PNH é feita através da picada de fêmeas de mosquitos da família Culicidae (Diptera), que são os insetos vetores do vírus (VASCONCELOS, 2003). Uma vez infectados, os mosquitos atuam como reservatórios do vírus pelo resto de suas vidas, que duram até 90 dias (CONSOLI & OLIVEIRA, 1994). Na América do Sul, foram descritos dois ciclos da febre amarela: o ciclo urbano e o silvestre. No ciclo urbano, fêmeas do mosquito *Aedes aegypti* infectadas transmitem os vírus ao picar o ser humano. Neste caso, a transmissão é feita de humano para humano através da picada do mosquito, sem que haja participação de outros animais. No ciclo silvestre, o vírus é transmitido entre PNH, principalmente por espécies de mosquitos dos gêneros *Haemagogus* spp. e *Sabethes* spp., sendo posteriormente transmitido aos seres humanos através da picada desses mesmos mosquitos (MONATH & VASCONCELOS, 2015).

No ciclo silvestre da febre amarela, em geral, os humanos são infectados acidentalmente ao adentrar áreas de florestas, seja para atividades ocupacionais ou recreativas (SAAD & BARATA, 2016). Após o retorno para as áreas urbanas, pessoas previamente infectadas podem ser picadas pelo *Ae. aegypti*, ou outros possíveis vetores presentes nessas áreas, dando início ao ciclo urbano da doença (RIBEIRO *et al.*, 2015). Da mesma forma, ao adentrar nas matas, um ser humano infectado pode dar origem a um surto silvestre da doença, o qual pode impactar profundamente as populações de PNH. Uma intensiva campanha de vacinação, associada ao manejo sanitário-ambiental para eliminação do *Ae. aegypti* no Brasil erradicou a transmissão urbana da doença a partir de 1942, mesmo com a reintrodução do mosquito no país nas décadas posteriores (BENCHIMOL, 2001). Quanto ao ciclo silvestre da doença, por envolver espécies de mosquitos silvestres, que vivem dentro das matas, este é praticamente impossível de ser erradicado (BRASIL, 2017), cabendo medidas profiláticas de proteção individual para se evitar o contato com os mosquitos no caso de pessoas que não podem tomar a vacina, principalmente em períodos de transmissão.

Os gêneros *Haemagogus* spp. e *Sabethes* spp., principais vetores do vírus, apresentam hábitos diurnos (CONSOLI & OLIVEIRA, 1994) e são amplamente distribuídos pela América do Sul, sendo abundantes e comuns em florestas tropicais. Áreas mais preservadas tendem a abrigar maior número de espécies e gêneros de mosquitos, havendo variação nas abundâncias das espécies potencialmente transmissoras do vírus da febre amarela segundo a fitofisionomia ou qualidade da estrutura florestal (GOMES *et al.*, 2010; MUCCI *et al.*, 2016a; STEIN *et al.*, 2016; BARRIO-NUEVO *et al.*, 2019; CERETTI-JÚNIOR *et al.*, 2020; DE DEUS *et al.*, 2022; MUCCI *et al.*, 2022; DE OLIVEIRA *et al.*, 2023; TUBAKI *et al.*, 2023; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2020). Um aspecto teórico importante a se considerar do ponto de vista epidemiológico é o chamado “efeito de diluição”, que tende a reduzir o risco de transmissão de um patógeno por um dado vetor quanto maior a diversidade de hospedeiros e vetores (OSTFELD & KEESING, 2000). Porém, algumas espécies de *Haemagogus* spp. e *Sabethes* spp. possuem alta capacidade de adaptação a ambientes de florestas secundárias e perturbadas (CONSOLI & OLIVEIRA, 1994; CAMARGO-NEVES *et al.*, 2005; GOMES *et al.*, 2010; ALENCAR *et al.*, 2016; ALENCAR *et al.*, 2018; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2020), podendo alcançar elevadas abundâncias em áreas fragmentadas e com menor cobertura florestal (ALENCAR *et al.*, 2018), inclusive em bordas de fragmentos florestais (WILK-DA-SILVA *et al.*, 2020), por onde conseguem se dispersar mais facilmente (PRIST *et al.*, 2021a;

WILK-DA-SILVA, 2022), aumentando a possibilidade de propagação do vírus (PRIST *et al.*, 2021a), fato que provoca um aumento no risco de infecção nessas áreas (ILACQUA *et al.*, 2021). Além disso, em ambientes fragmentados existe mais contato entre vetores e seres humanos (PLOWRIGHT *et al.*, 2021).

Particularmente no bioma Mata Atlântica, os vetores primários do vírus no ciclo silvestre são *Hg. leucocelaenus* e *Hg. janthinomys* (DE ABREU *et al.*, 2019). Estas espécies são dependentes de habitats florestais, pois nesses ambientes encontram diversos recursos de que necessitam, principalmente recursos reprodutivos, já que depositam seus ovos em ocos de árvores e de bambus (CONSOLI & OLIVEIRA, 1994), além de alimentares, apesar de serem ecléticas quanto à dieta (ALENCAR *et al.*, 2005; ALENCAR *et al.*, 2008a; GOMES *et al.*, 2010; MARCONDES & ALENCAR, 2010; MUCCI *et al.*, 2015). *Hg. leucocelaenus* e *Hg. janthinomys* possuem extensa capacidade de voo, podendo se deslocar, respectivamente, por até cerca de 6 e 11 km ao longo de suas vidas, inclusive em áreas desmatadas (CAUSEY *et al.*, 1950; HERVÉ *et al.*, 1986; CONSOLI & OLIVEIRA, 1994). Ambas as espécies são consideradas acrodendrófilas (vivem no topo das árvores; PINTO *et al.*, 2009; HENDY *et al.*, 2020), o que aumenta o contato com os PNH, facilitando, assim, a transmissão do vírus e, conseqüentemente, a ocorrência de epizootias. De forma geral, *Hg. leucocelaenus* é mais frequentemente encontrado ao nível do solo do que *Hg. janthinomys* (MARCONDES & ALENCAR, 2010; PINTO *et al.*, 2009; LIRA-VIEIRA *et al.*, 2013), o qual tende a se aproximar do solo em áreas de desmatamento (MARCONDES & ALENCAR, 2010) e de acordo com a disponibilidade de alimento (ALENCAR *et al.*, 2005; DE ABREU *et al.*, 2019). Entretanto, em fitofisionomias de Cerrado, *Hg. janthinomys* já foi relatado em maior abundância do que *Hg. leucocelaenus*, inclusive ao nível do solo (MUCCI *et al.*, 2015; MUCCI *et al.*, 2022). Essas espécies também podem se diferenciar pelo grau de tolerância às modificações de habitat causadas pelas ações humanas, sendo que *Hg. leucocelaenus* apresenta maior capacidade de adaptação a ambientes perturbados e antropizados (MARCONDES & ALENCAR, 2010; ALENCAR *et al.*, 2016; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2020), enquanto *Hg. janthinomys* tende a se estabelecer em matas mais úmidas e preservadas (GOMES *et al.*, 2010), podendo também ser encontrado próximo a residências (MARCONDES & ALENCAR, 2010).

O papel das outras espécies dos gêneros *Haemagogus* spp. e *Sabethes* spp. na transmissão e propagação do vírus da febre amarela, ou de espécies de outros gêneros, como *Aedes albopictus*, *Aedes scapularis* e *Psorophora ferox*, ainda não está bem elucidado (VASCONCELOS *et al.* 2001;

GOMES *et al.*, 2008; GOMES *et al.* 2010; CUNHA *et al.*, 2020; DAMASCENO-CALDEIRA *et al.*, 2023). Mas há a possibilidade dessas outras espécies contribuírem com a propagação e manutenção do vírus, uma vez que este tenha sido introduzido em uma dada área (CARDOSO *et al.* 2010; MORENO & BARATA, 2011; DE ABREU *et al.*, 2019; CUNHA *et al.*, 2019a; CUNHA *et al.*, 2019b; CUNHA *et al.*, 2020; CRUZ *et al.*, 2023; DE OLIVEIRA *et al.*, 2023), sendo, portanto, consideradas vetores auxiliares ou secundários (DE ABREU *et al.*, 2019).

No Brasil, o vírus da febre amarela reemerge em ciclos que variam de 3 a 7 anos (SAAD & BARATA, 2016; RIBEIRO JR *et al.*, 2018), possivelmente relacionados com a dinâmica populacional de PNH (MORENO *et al.*, 2015), e, frequentemente, entre os meses de dezembro e abril, quando fatores ambientais e climáticos, particularmente a precipitação e a temperatura (VASCONCELOS *et al.*, 2001; COUTO-LIMA *et al.*, 2020; FIGUEIREDO *et al.*, 2020; ROSSER *et al.*, 2022), favorecem o aumento da abundância dos mosquitos vetores, sua dispersão (PRIST *et al.*, 2021a) e proliferação e, conseqüentemente, a transmissão viral (VASCONCELOS *et al.*, 2001; VASCONCELOS, 2010), o que aumenta o risco de ocorrência da doença (JUNGLÉN *et al.*, 2009; MORENO *et al.*, 2013). A região da bacia Amazônica é considerada área endêmica e enzoótica de febre amarela no país. Porém, nas últimas décadas, tem ocorrido a expansão da área epizoótica para estados do nordeste, centro-oeste, sudeste e sul do país (VASCONCELOS, 2003; BRASIL, 2009; ROMANO *et al.*, 2014; BRASIL, 2021).

Os fatores relacionados à reemergência e à propagação do vírus para além da área enzoótica ainda são pouco compreendidos, porém, é sabido que o desmatamento e a fragmentação possivelmente contribuam para isso (WILCOX & ELLIS, 2006; POSSAS *et al.*, 2018; ILACQUA *et al.*, 2021; PRIST *et al.*, 2021a; WILK-DA-SILVA *et al.*; 2022), assim como as mudanças climáticas (VASCONCELOS, 2010; ROSSER *et al.*, 2022). A propagação do vírus para áreas previamente consideradas indenes pode ocorrer através do movimento de pessoas infectadas ou do tráfico de animais silvestres infectados, principalmente de PNH (VASCONCELOS, 2010), sendo altamente improvável que a movimentação e o deslocamento naturais de PNH infectados promovam essa propagação (BICCA-MARQUES & DE FREITAS, 2010; POSSAS *et al.*, 2018). Outra possibilidade é a propagação do vírus por meio da dispersão dos mosquitos vetores através de elementos conectores da paisagem, como *stepping stones* ou corredores ecológicos (FIORAVANTI, 2018; BRASIL, 2019; PRIST *et al.*, 2021a). Em uma nova área, se o vírus encontrar condições favoráveis, como alta densidade de seus vetores e PNH suscetíveis e sem

imunidade, pode ocorrer um novo surto da doença (VASCONCELOS, 2010; SACCHETTO *et al.*, 2020; ROSSER *et al.*, 2022).

Fora da região da bacia Amazônica, surtos de febre amarela, nos quais foi registrada a ocorrência da doença em milhares de humanos e a morte de milhares de PNH (FIGUEIREDO *et al.*, 2020; BRASIL, 2021), principalmente do gênero *Alouatta* spp. (MASCHERETTI *et al.*, 2013; SILVA *et al.*, 2020; MARES-GUIA *et al.*, 2020; DE AZEVEDO FERNANDES *et al.*, 2021), ocorreram a partir dos anos 2000 nos estados de Goiás, Minas Gerais, Bahia, Paraná, Santa Catarina, Rio Grande do Sul, Espírito Santo, Rio de Janeiro, São Paulo, Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul (MORENO *et al.*, 2013; SAAD & BARATA, 2016; GÓMEZ *et al.*, 2018; FIORAVANTI, 2018; BRASIL, 2021), atingindo locais em que o vírus não era registrado há décadas e, portanto, não havia recomendação vacinal (FIORAVANTI, 2018; FARIA *et al.*, 2018; CUNHA *et al.*, 2019b).

O maior e mais recente surto de febre amarela silvestre registrado no país ocorreu entre os anos de 2016 a 2021, porém, a circulação viral se iniciou em 2014 (REZENDE *et al.*, 2018; POSSAS *et al.*, 2018; BRASIL, 2021) e permaneceu ativa até, pelo menos, meados de 2022 (BRASIL, 2022). Esse surto atingiu principalmente as regiões sudeste e sul do país (BRASIL, 2019; DE SOUZA *et al.*, 2019; DELATORRE *et al.*, 2019), as quais se encontram em sua maior parte sob o domínio da Mata Atlântica, chegando, também, em regiões metropolitanas, como nas cidades de Belo Horizonte, Rio de Janeiro e São Paulo, e em regiões com baixa cobertura vacinal ou sem recomendação vacinal (FIGUEIREDO *et al.*, 2018; POSSAS *et al.*, 2018; LACERDA *et al.*, 2021), tendo, portanto, um grande impacto na biodiversidade e na saúde pública (BRASIL, 2019; BRASIL, 2020). Neste surto, o vírus provavelmente foi introduzido no Brasil a partir da Venezuela (MIR *et al.*, 2017; BONALDO *et al.*, 2017; REZENDE *et al.*, 2018; GÓMEZ *et al.*, 2018), através de um único evento de introdução (REZENDE *et al.*, 2018; DE SOUZA *et al.*, 2019), passando pelas regiões norte e centro-oeste do país (MIR *et al.*, 2017; REZENDE *et al.*, 2018; CUNHA *et al.*, 2019b), através de corredores ecológicos entre os biomas da Amazônia e do Cerrado (DELATORRE *et al.*, 2019; CUNHA *et al.*, 2019b; DE OLIVEIRA *et al.*, 2023). Entre os anos de 2014 e 2016, houve casos principalmente nos estados de Mato Grosso do Sul e Goiás (BRASIL, 2015; CUNHA *et al.*, 2019b; DELATORRE *et al.*, 2019; HILL *et al.*, 2022). Em 2015, o vírus alcançou o estado de Minas Gerais, adentrou a região noroeste de São Paulo em abril de 2016 e, posteriormente, alcançou a região de Ribeirão Preto, no norte paulista (FIORAVANTI,

2018; HILL *et al.*, 2022), além dos estados do Espírito Santo, Rio de Janeiro, Bahia e a faixa leste do estado de São Paulo, incluindo a região metropolitana de Campinas e de São Paulo (DELATORRE *et al.*, 2019; HILL *et al.*, 2022; RIBEIRO *et al.*, 2023), principais polos urbanos do estado. No começo de 2017, a propagação do vírus se tornou epidêmica (BRASIL, 2017; FARIA *et al.*, 2018), possivelmente com mais de uma linhagem circulando nas diferentes localidades (DELATORRE *et al.*, 2019; HILL *et al.*, 2020; GIOVANETTI *et al.*, 2023).

Nas regiões noroeste e norte de SP, o vírus da febre amarela já havia sido detectado em 2000 e 2008 (SAAD & BARATA, 2016), porém, nesses anos não houve disseminação da doença para a faixa leste do estado, que até então não era considerada área de risco para a febre amarela (CUNHA *et al.*, 2019a). Contudo, durante o segundo semestre de 2016 e início de 2017, o vírus se propagou principalmente pela região dos municípios de São José do Rio Preto, no noroeste paulista, e por Ribeirão Preto, no norte paulista (FIORAVANTI, 2018; DE ABREU *et al.* 2019; CUNHA *et al.*, 2019a; LACERDA *et al.*, 2021; HILL *et al.*, 2022). Essa primeira fase, evidenciada por Hill e colaboradores (2020), representou uma pequena porcentagem dos casos ocorridos no estado durante o último surto de febre amarela e precedeu outras duas fases, as quais compreenderam cerca de 94% dos casos ocorridos no estado até o início de 2018 (DE SOUZA *et al.*, 2019; HILL *et al.*, 2020). A primeira delas ocorreu entre fevereiro e julho de 2017 (DE SOUZA *et al.*, 2019; HILL *et al.*, 2020) e se concentrou na região metropolitana de Campinas, uma das cidades mais populosas de São Paulo. A segunda se estendeu de julho de 2017 a fevereiro de 2018 (data dos últimos dados utilizados nos estudos) e atingiu principalmente a região metropolitana e capital de São Paulo (DE SOUZA *et al.*, 2019; CUNHA *et al.*, 2019b; HILL *et al.*, 2020), com a possível entrada inicial do vírus pela zona norte da cidade (FIORAVANTI, 2018; CUNHA *et al.*, 2019b; HILL *et al.*, 2020), e posterior expansão para o litoral, Vale do Paraíba e Vale do Ribeira (DE SOUZA *et al.*, 2019; LACERDA *et al.*, 2021; HILL *et al.*, 2022), seguindo, então, para a região sul do país (ANDRADE *et al.*, 2021; HILL *et al.*, 2022; RIBEIRO *et al.*, 2023; GIOVANETTI *et al.*, 2023). Todas essas áreas abrigam importantes remanescentes de Mata Atlântica, como a Serra da Cantareira e a Serra do Mar, habitat de diversos PNH, incluindo espécies ameaçadas de extinção, como o bugio-ruivo (*Alouatta guariba clamitans*), classificado como “Vulnerável (VU)” pela Lista Vermelha de Espécies Ameaçadas da IUCN (BUSS *et al.*, 2021) e que normalmente tem sua população impactada pela caça e pela degradação e fragmentação ambiental (BICCA-MARQUES, 2009; BICCA-MARQUES *et al.*, 2020), o que é fortemente acentuado em épocas de surtos de febre

amarela (BICCA-MARQUES & DE FREITAS; 2010). Desta forma, além das centenas de casos em humanos, a febre amarela na faixa leste de São Paulo causou um grande declínio populacional de bugio ruivos, como no Horto Florestal de São Paulo, onde a doença matou praticamente todos os indivíduos dos 17 grupos que lá viviam (FIORAVANTI, 2018), e na Serra da Cantareira, onde cerca de 80% da população foi exterminada devido ao surto (ALDANO, 2020), aumentando o risco de extinções locais e consequentemente de extinção da espécie (BICCA-MARQUES *et al.*, 2017).

Diferentes trabalhos buscaram elucidar a origem do vírus que alcançou as regiões noroeste, norte e faixa leste de São Paulo durante o surto de 2016 - 2021 (REZENDE *et al.*, 2018; CUNHA *et al.*, 2019a; CUNHA *et al.*, 2019b; DELATORRE *et al.*, 2019; DE SOUZA *et al.*, 2019; HILL *et al.*, 2020; GIOVANNETTI *et al.*, 2023). Alguns destes estudos sugeriram que o vírus teria adentrado o estado de São Paulo a partir de Minas Gerais, seguindo diretamente para as regiões metropolitanas de Campinas e de São Paulo (DE SOUZA *et al.*, 2019; DELATORRE *et al.*, 2019; CUNHA *et al.*, 2019b; RIBEIRO *et al.*, 2023). Outros estudos, no entanto, sugeriram que, além dessa rota de entrada, o vírus pode ter se propagado da região norte de São Paulo diretamente para a faixa leste do estado, causando as duas fases epizooticas subsequentes que atingiram a região metropolitana de Campinas e de São Paulo (HILL *et al.*, 2020; HILL *et al.*, 2022). Assim, independente da origem do vírus, o mesmo teria se propagado seguindo o ciclo de transmissão entre PNH e mosquitos (ciclo silvestre) por ainda desconhecidos corredores ecológicos ou *stepping stones* que ligam essas regiões, podendo, ainda, sua propagação ter sido facilitada pela presença de estradas que as ligam (DE ALMEIDA *et al.*, 2018-; PRIST *et al.*, 2021a). Essa hipótese de propagação do vírus por elementos conectores da paisagem parece ser corroborada pela baixa velocidade de propagação geral do vírus, cuja média variou de cerca de 100 m até aproximadamente 4 km/dia (FARIA *et al.*, 2018; GÓMEZ *et al.*, 2018; DE SOUZA *et al.*, 2019; CUNHA *et al.*, 2019b; DELATORRE *et al.*, 2019; GIOVANETTI *et al.*, 2020; HILL *et al.*, 2020; PRIST *et al.*, 2021a; LACERDA *et al.*, 2021; STANZANI *et al.*, 2022; HILL *et al.*, 2022), podendo essa variação estar relacionada com a época ou estação do ano (PRIST *et al.*, 2021a) ou ainda com a presença de outras barreiras naturais (LACERDA *et al.*, 2021).

Como é mais provável que a propagação do vírus ocorra por meio da dispersão dos vetores infectados (CAUSEY *et al.*, 1950; POSSAS *et al.*, 2018; PRIST *et al.*, 2021a), é fundamental conhecer aspectos relativos à ecologia dessas espécies em paisagens fragmentadas e antropizadas, para entender como as mudanças na estrutura da paisagem influenciam as populações dessas

espécies e modulam a dinâmica de transmissão do vírus, propiciando, inclusive, sua propagação através de corredores ecológicos. Com essa abordagem seria possível prever o risco de chegada do vírus em regiões específicas, para assim estabelecer medidas preventivas antes do surgimento dos eventos de epizootias, sendo esta a principal forma de vigilância e monitoramento da doença atualmente. Desta forma, estratégias mais assertivas e efetivas para proteção e conservação de PNHs, especialmente de espécies altamente susceptíveis como os bugios e sauás (*Callicebus nigrifrons*; BERTHET *et al.*, 2021), poderiam ser implementadas juntamente com políticas públicas para diminuição do risco de ocorrência da doença em humanos, através do aprimoramento da delimitação de áreas de risco de transmissão, o que propicia, por exemplo, a indicação de recomendação vacinal antecipada.

2. Objetivos e Hipóteses

Considerando o contexto e as premissas apresentados, os objetivos e hipóteses deste trabalho são:

2.1. Objetivos

2.1.1. Analisar, através de uma perspectiva multiescalar, como a estrutura da paisagem influencia a abundância de *Hg. leucocelaenus* e *Hg. janthinomys* no bioma da Mata Atlântica do estado São Paulo e indicar em qual extensão espacial essa relação é mais forte (escala de feito);

2.1.2. Baseado na ecologia e abundância dos mosquitos vetores, identificar os principais elementos conectores da paisagem pelos quais o vírus pode ter se propagado para a faixa leste do estado de São Paulo no último surto de febre amarela, além de indicar áreas com maior risco de dispersão dos vetores.

2.2. Hipóteses

2.2.1. As espécies *Hg. leucocelaenus* e *Hg. janthinomys* são influenciadas pela estrutura da paisagem e podem se tornar abundantes em paisagens fragmentadas e modificadas, necessitando, porém, de alguma quantidade de vegetação nativa para sobreviver, devido aos recursos de que necessitam e que são encontrados somente nesses ambientes.

2.2.2. A resposta da influência da paisagem sobre a abundância dos vetores é espécie-específica, inclusive em termos de extensão (escala), porém é esperada uma escala de efeito maior

para *Hg. janthinomys*, já que essa espécie tem padrão de movimento e de dispersão maior do que *Hg. leucocelaenus*;

2.2.3. Paisagens fragmentadas com certo grau de agregação entre os fragmentos florestais podem fornecer conectividade funcional para os mosquitos vetores da febre amarela e, assim, contribuir para a propagação do vírus por longas distâncias;

2.2.4. Paisagens mais preservadas e pouco fragmentadas ou paisagens muito alteradas e com poucos fragmentos atuam como barreira à dispersão dos mosquitos, e, conseqüentemente, ao vírus da febre amarela, seja pela distância entre esses fragmentos ser muito grande para permitir a dispersão, ou pela paisagem ser íntegra e muito diversa em abrigo e alimento, diluindo o efeito do vírus nas populações.

3. Material e Métodos

3.1. Área de estudo e coleta de dados

Foram utilizados dados secundários de abundância de *Hg. leucocelaenus* e *Hg. janthinomys* publicados por Mucci *et al.* (2016a). Esses dados se referem a coletas de mosquitos realizadas em 24 pontos localizados em 22 municípios inseridos nas regiões administrativas de São José do Rio Preto e Araçatuba (Figura 1), no noroeste do estado de São Paulo, onde predomina o clima Cwa, segundo classificação de Köppen, com verão chuvoso e inverno seco. Não foi possível fazer a distinção entre *Hg. janthinomys* e *Hg. capricornii*, já que ambas possuem sobreposição em sua distribuição e somente fêmeas dessas espécies foram coletadas, as quais são consideradas morfológicamente indistinguíveis. Assim, elas serão tratadas em conjunto, como *Hg. janthinomys/capricornii*.

Os mosquitos foram coletados em trilhas com aproximadamente 1,5 km de extensão, que iam da borda para o centro de fragmentos florestais, representados por florestas ripárias, cerradão, florestas estacionais semidecíduais e ecótonos entre esses tipos (INSTITUTO FLORESTAL, 2005). As coletas foram realizadas a cada três meses entre outubro de 2006 e julho de 2008, cobrindo as quatro estações do ano. Em cada local houve captura em dois dias consecutivos, entre 9:00 e 15:00 horas, sendo percorridos a pé trechos no interior das matas, com múltiplas paradas, para reproduzir o efeito de intrusão. Os mosquitos foram capturados com puçás e sugadores bucais (capturadores IEC), sendo submetidos a vapor de clorofórmio e, posteriormente, acondicionados

em caixas entomológicas revestidas com naftalina e parafina. Mais detalhes da área de estudo e da coleta de dados estão descritos em Mucci *et al.* (2015) e Mucci *et al.* (2016a).

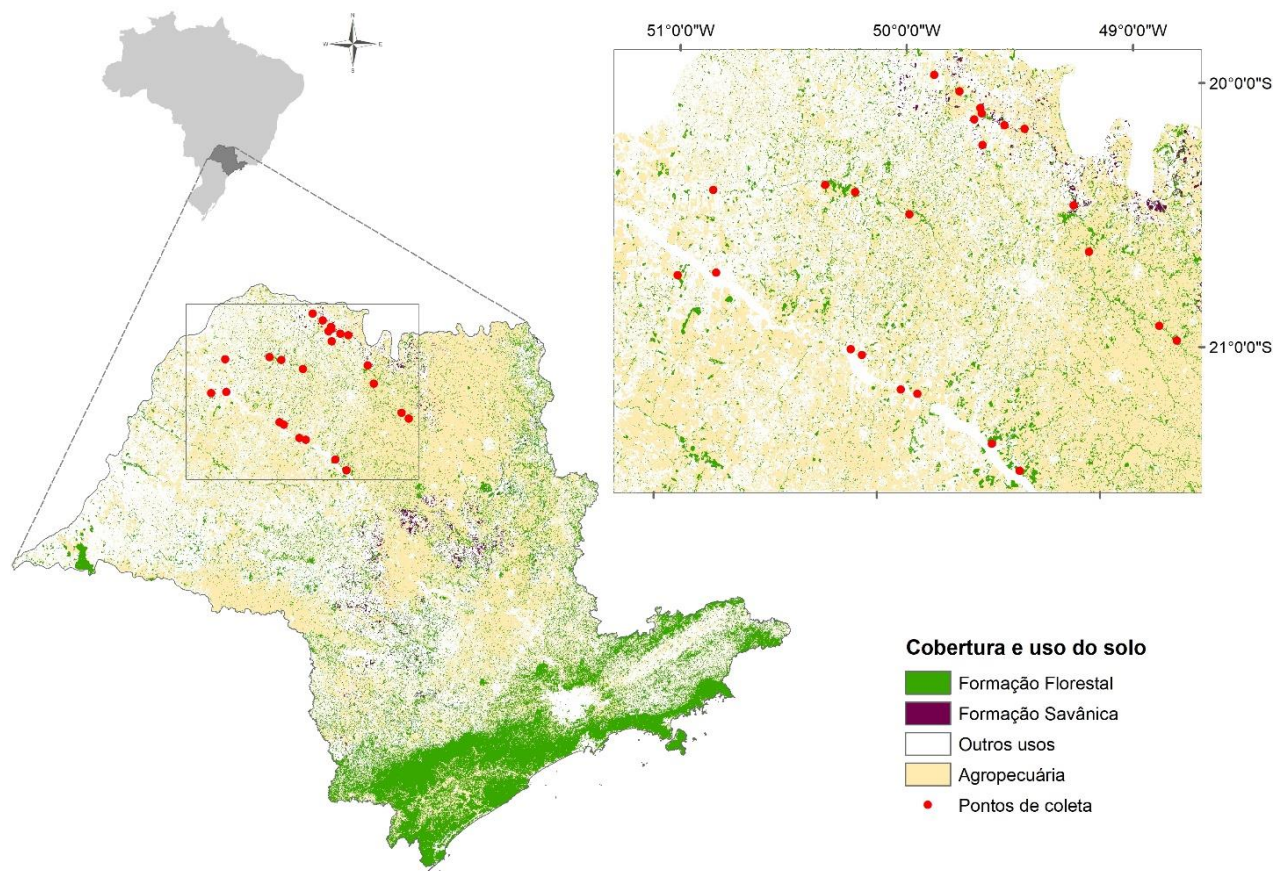


Figura 1. Área de estudo, na região noroeste de São Paulo. O retângulo à direita é uma ampliação da região onde os mosquitos foram coletados.

3.2. Métricas da paisagem e variáveis preditoras

A estrutura da paisagem foi analisada a partir de uma abordagem multiescalar (WIENS, 1989), a fim de determinar a escala que mais influencia a abundância de *Hg. leucocelaenus* e de *Hg. janthinomys/capricornii* na Mata Atlântica do estado de São Paulo, chamada de escala de efeito. As escalas e paisagens foram definidas como círculos concêntricos ao redor de cada ponto de coleta, com raios de tamanho de 500 m, 1 km, 1,5 km, 2 km e 2,5 km. Esses raios foram definidos de acordo com um estudo que sugere que a escala de efeito para uma espécie está entre quatro a nove vezes sua distância média de dispersão (JACKSON & FAHRIG, 2012), sendo essa distância de 220 m a 1,2 km/dia para os mosquitos vetores no verão e no inverno, respectivamente (PRIST

et al., 2021a), e de forma que não houvesse grande sobreposição entre os raios, garantindo a independência amostral, já que a distância mínima entre dois pontos de coleta foi de cerca de 2,35 km.

As métricas da paisagem em cada escala (variáveis preditoras) foram calculadas nos programas *Arcgis* versão 10.8 e *Fragstats* versão 4.2.1, a partir do mapa disponibilizado pelo Projeto Mapbiomas, Coleção 6 da Série Anual de Mapas da Cobertura e Uso do Solo do Brasil (www.mapbiomas.org), que utiliza mosaico de imagens *Landsat* com resolução de 30 m. O mapeamento utilizado foi do ano de 2007, para coincidir com o uso e cobertura do solo do período de coleta (2006 a 2008).

Foram calculadas métricas de composição de cada paisagem, tais quais: (i) % de cobertura florestal (%CF), que corresponde à porcentagem de formação florestal (ID 3 do mapeamento); (ii) % de vegetação nativa (%VN), que corresponde à somatória de formação florestal (ID 3) e formação savânica (ID 4); (iii) % de agropecuária (%AG), que corresponde à soma das porcentagens de cana (ID 20), soja (ID 39), outras lavouras (ID 41) e de mosaico de agricultura e pastagem (ID 21); (iv) número de fragmentos de florestais (NFF); e (v) número de fragmentos de vegetação nativa (NFN). Também foram calculadas métricas de configuração para cada paisagem, como: (vi) densidade de borda considerando somente o conjunto de fragmentos de formação florestal (DBF); (vii) densidade de borda considerando o conjunto de fragmentos de vegetação nativa (DBN); (viii) índice de coesão entre os fragmentos de formação florestal (COF); e (ix) índice de coesão entre os fragmentos de vegetação nativa (CON). Algumas dessas métricas, como densidade de borda, número de fragmentos e índice de coesão, foram escolhidas por estarem relacionadas com o grau de fragmentação e de conectividade da paisagem (FAHRIG, 2003). As métricas referentes à formação florestal e vegetação nativa foram calculadas separadamente para testar a hipótese de que formações florestais de Mata Atlântica e de Cerrado influenciam de forma diferente a abundância de *Hg. leucocelaenus* e de *Hg. janthinomys/capricornii*.

3.3. Influência da paisagem e escala de efeito sobre a abundância dos vetores

Para analisar a influência das variáveis da paisagem e das diferentes escalas sobre a abundância de *Hg. leucocelaenus* e de *Hg. janthinomys/capricornii* (variáveis resposta), foi utilizada uma abordagem de seleção de modelos (BURNHAM & ANDERSON, 2002), na qual foram ajustados e colocados para concorrer modelos lineares generalizados. Para ambas as espécies, o melhor ajuste dos modelos se deu quando os dados de abundância foram normalizados,

tirando-se o $\log + 1$ da abundância. Desta forma, para ambas as espécies, após a transformação dos dados, foi utilizada a função *glm* do pacote *stats* do *software R* (R CORE TEAM, 2014), assumindo-se a distribuição normal.

Os modelos concorrentes representam diferentes hipóteses para explicar a abundância de cada espécie. Assim, para cada uma, foram elaborados quatro modelos nulos, um em que a abundância da espécie foi fixada na média do número de indivíduos coletados considerando-se todos os pontos de coleta, e três modelos nulos geográficos, para verificar se a posição espacial dos pontos de coleta influenciaria a abundância dos vetores, um considerando somente a influência da latitude, outro somente a influência da longitude e um terceiro considerando a influência da soma dos efeitos da latitude e da longitude. Além destes, para cada escala, foram elaborados modelos simples com cada variável preditora (%CF, %AG, %VN, DBF, DBN, NFF e NFN), com exceção de COF e CON, as quais não fazem sentido sozinhas no modelo; e modelos aditivos de 2 ou 3 variáveis. Não foram feitas todas as combinações possíveis entre as variáveis, pois os modelos foram elaborados de forma que fizessem sentido biológico para as espécies analisadas, não sendo incluídos em um mesmo modelo variáveis com mais de 70% de correlação entre elas e considerando as métricas relativas à formação florestal e à vegetação nativa separadamente. Portanto, nenhum modelo foi elaborado misturando variáveis relativas à formação florestal (%CF, DBF, NFF e COF) com variáveis relativas à vegetação nativa (%VN, DBN, NFN e CON). Considerando-se todas as escalas, foram elaborados um total de 109 modelos concorrentes para cada espécie (Anexo 1).

Os modelos foram comparados através do critério de informação de Akaike corrigido para amostras pequenas (AICc, BURNHAM & ANDERSON, 2002) e aqueles com $\Delta AICc \leq 2$ foram considerados igualmente plausíveis (BURNHAM & ANDERSON, 2002). A comparação entre os modelos foi feita com o pacote *MuMIn* do *software R* (BARTON, 2014). Também foi calculado o peso de evidência de cada modelo, o qual fornece um peso relativo de suporte para cada um dos modelos concorrentes (JOHNSON & OMLAND, 2004). Pesos de evidência de modelos que compartilham uma determinada variável podem ser somados e essa soma expressa a importância relativa daquela variável para explicar o padrão observado (BURNHAM & ANDERSON, 2004). Assim, a importância de cada escala para as espécies foi calculada a partir da soma dos pesos de evidência de todos os modelos que possuíam as variáveis preditoras naquela escala. Seguindo a mesma lógica, foi calculada a importância relativa das métricas presentes nos modelos

selecionados, ponderada pelo número de modelos em que aquela variável estava presente, já que esse número era diferente para cada variável.

Após o cálculo dos pesos de evidência para cada modelo, escala e variável, foi calculada a razão de evidência, que se refere à razão entre o peso de evidência do melhor modelo, escala ou variável em relação aos demais, e indica quantas vezes o primeiro fator explica melhor determinado padrão do que os demais (BURNHAM & ANDERSON, 2004). O valor médio e desvio padrão dos parâmetros de cada variável foram calculados através da função *model.avg* do pacote *MuMIn* do *software R* (BARTON, 2014), considerando-se todos os modelos concorrentes para determinada espécie, já que os pesos de evidência dos modelos eram baixos (SYMONDS & MOUSSALLI, 2011).

3.4. Extrapolação da abundância dos mosquitos vetores

Utilizando-se os parâmetros da equação do melhor modelo selecionado para *Hg. leucocelaenus* e para *Hg. janthinomys/capricornii*, a abundância de cada espécie foi extrapolada, separadamente, para todo o estado de São Paulo. De acordo com a seleção de modelos descrita anteriormente, ambas as espécies estão relacionadas com ambientes de vegetação natural, não sendo comumente encontradas em outros tipos de ambientes, como áreas de agropecuária, áreas urbanas, entre outras (CUNHA *et al.*, 2020; SICHES *et al.*, 2021; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2022; DE ABREU *et al.*, 2022). Assim, a abundância de *Hg. leucocelaenus* foi extrapolada somente para os fragmentos florestais do estado, enquanto a de *Hg. janthinomys/capricornii* foi extrapolada somente para os fragmentos de vegetação nativa (floresta junto com formação savânica), já que essas variáveis estiveram presentes nos modelos selecionados para cada espécie.

Como os modelos elaborados para os vetores foram normalizados através do $\log + 1$ da abundância, para o cálculo da abundância extrapolada foi utilizada a função inversa da equação do melhor modelo, ou seja, utilizou-se a equação $y = \exp(a + bx) - 1$, onde y é a abundância extrapolada para a espécie (por pixel), a é o intercepto, b é a inclinação da reta obtida e x é o valor por pixel da variável preditora. O resultado obtido foi dividido por 900, que corresponde à área de cada pixel do mapeamento utilizado (resolução de 30 m x 30 m), como artifício para facilitar a visualização, análise e interpretação dos mapas, obtendo-se, assim, a abundância estimada em número de indivíduos por m². Apesar da unidade indivíduos/m² indicar densidade, foi escolhido

não utilizar este termo para enfatizar que o que foi extrapolado foi a abundância, já que esses foram os dados base utilizados nesta análise, e não a densidade.

A extrapolação das abundâncias foi feita no software *Arcgis* versão 10.8, utilizando-se como base o mapa da cobertura e uso do solo do Projeto Mapbiomas (Coleção 6) para o ano de 2016, já que a análise da conectividade funcional e dos corredores para os vetores foi feita para este ano, que foi a partir de quando o vírus conseguiu se dispersar pelo estado de São Paulo, situação diferente da que ocorreu em surtos anteriores.

3.5. Corredores ecológicos e áreas de risco de disseminação da febre amarela

A caracterização dos potenciais corredores ecológicos e *stepping stones* de dispersão dos vetores da febre amarela no surto de 2016 - 2021 em São Paulo foi feita através da análise da conectividade funcional potencial para os vetores, a qual foi definida como a densidade de conexões entre fragmentos de habitat, ou seja, o número de conexões entre fragmentos por km². Para o cálculo desta métrica, primeiro foi calculada a conectividade funcional potencial entre os fragmentos de habitat, utilizando-se a extensão para *ArcGis* chamada *Conefor Inputs*, versão 1.0.218. A análise feita pela referida extensão se baseia na teoria dos grafos, segundo a qual fragmentos de habitat são representados como nós de um grafo, que, quando conectados por arestas, indica conectividade funcional entre eles (URBAN *et al.*, 2009). Como resultado, é gerado um mapa com todas as possíveis conexões entre os fragmentos de habitat no raio de análise.

A conectividade funcional potencial foi gerada para *Hg. leucocelaenus* e *Hg. janthinomys/capricornii* separadamente, considerando-se o tipo de habitat importante para cada espécie, o qual foi extraído dos resultados da seleção de modelos descrita anteriormente. Assim, para *Hg. leucocelaenus*, somente floresta foi considerada como habitat e, para *Hg. janthinomys/capricornii*, foram consideradas as áreas de vegetação nativa (floresta junto com formação savânica). Para ambas as espécies, a análise foi restrita aos fragmentos dispostos a até 1 km do outro, que é a distância média de propagação diária do vírus feita pelos vetores no estado de São Paulo, evidenciada por estudos recentes (DE SOUZA *et al.*, 2019; DELATORRE *et al.*, 2019; HILL *et al.*, 2020; PRIST *et al.*, 2021a; LACERDA *et al.*, 2021). Assim, foi considerado que apenas fragmentos dispostos a menos de 1 km de outro podem proporcionar conectividade funcional para os mosquitos. Além disso, como *Hg. janthinomys/capricornii* se mostrou mais relacionado às áreas de interior dos fragmentos de vegetação nativa, o cálculo da distância acima

mencionada foi feito a partir do centróide do fragmento, enquanto para *Hg. leucocelaenus* o cálculo foi feito a partir da borda do fragmento. O mapeamento com os fragmentos de habitat utilizado para esta análise foi o do Projeto Mapbiomas (Coleção 6) do estado de São Paulo, também do ano de 2016.

A partir do mapa contendo todas as conexões entre fragmentos de habitat para cada espécie, foi calculada a densidade de conexões no raio de 1 km, ou seja, o número de conexões/km². Com isso, foi possível obter um mapa estadual da conectividade funcional potencial para *Hg. leucocelaenus* e outro para *Hg. janthinomys/capricornii*, indicando possíveis corredores ecológicos para os vetores.

Cada mapa de conectividade funcional potencial foi sobreposto ao mapa de abundância estimada da espécie correspondente. Ao juntar esses dois parâmetros, foi possível verificar quais áreas do estado possuem condições de abrigar maiores abundâncias dos vetores e de proporcionar alta conectividade funcional para a dispersão dos mesmos, ou seja, áreas de elevado risco para a dispersão dos vetores e, conseqüentemente, de propagação do vírus e da doença.

4. Resultados

4.1. Relação da abundância das espécies com a estrutura da paisagem e escala de efeito

Durante todo o período de coleta, *Hg. leucocelaenus* foi coletado em 16 pontos, o que corresponde a 66% do total, com 345 indivíduos capturados (média = $14,37 \pm 27,56$). Já *Hg. janthinomys/capricornii* foi coletado em 8 pontos (33% dos pontos), totalizando 147 indivíduos (média = $6,12 \pm 22,40$), sendo que aproximadamente 75% deles foram coletados em um único ponto de coleta. As paisagens analisadas apresentaram, aproximadamente, de 3% a 63% de cobertura florestal no raio de 500 m (média = 31,9%), de 1% a 54% no raio de 1,0 km (média = 22,8%), de 0,7% a 49% no raio de 1,5 km (média = 19,5%), de 0,9% a 48% no raio de 2,0 km (média = 17,5%) e de 2,4 a 43% no raio de 2,5 km (média = 15,6%).

De acordo com nossos resultados, a abundância de *Hg. leucocelaenus* pode ser explicada por cinco modelos igualmente plausíveis, sendo que os quatro primeiros relacionaram a abundância exclusivamente à porcentagem de cobertura florestal em diferentes escalas. O quinto modelo incluiu também a soma do efeito do número de fragmentos florestais na escala de 1 km (Tabela 1).

A abundância da espécie respondeu à estrutura da paisagem principalmente na escala de 2,0 km, porém com uma razão de evidência baixa, indicando que as demais escalas também

explicaram satisfatoriamente a abundância da espécie, com exceção da escala de 500 m, cuja somatória dos pesos de evidência foi inferior a 0,001 (Tabela 2). A variável preditora mais importante para explicar a abundância deste vetor foi a porcentagem de cobertura florestal no raio de 2,0 km, seguida por essa mesma variável nos raios entre 1,0 e 2,5 km, sendo que, independentemente do raio analisado, %CF foi significativa e influenciou de forma positiva a abundância da espécie, assim como o número de fragmentos florestais no raio de 1,0 km, o qual, no entanto, não foi significativo (Tabela 3). Esses resultados indicam que aumentos na quantidade de cobertura florestal, porém mantendo alta fragmentação (tendência de efeito), podem levar a um aumento da abundância desta espécie.

Tabela 1: Modelos selecionados ($\Delta AICc \leq 2$) para explicar a abundância de *Haemagogus leucocelaenus* (HL) e *Haemagogus janthinomys/capricornii* (HJ), de acordo com a estrutura da paisagem (%CF = % de cobertura florestal, %AG = % de agropecuária, %VN = % de vegetação nativa, NFF = n° de fragmentos florestais, DBF = densidade de borda de floresta, DBN = densidade de borda de vegetação nativa), nas diferentes escalas (valores entre parênteses para as variáveis de paisagem, em quilômetros (km)).

Modelo	Variável resposta	Variáveis predictoras	AICc	$\Delta AICc$	GL	Peso de evidência	Razão de evidência
Mod. 1	HL	%CF (2km)	75,5	0	3	0,151	1,0
Mod. 2	HL	%CF (1km)	76,6	1,1	3	0,087	1,7
Mod. 3	HL	%CF (2,5km)	76,7	1,2	3	0,084	1,8
Mod. 4	HL	%CF (1,5km)	76,9	1,4	3	0,074	2,0
Mod. 5	HL	%CF (1km) + NFF (1km)	77,1	1,6	4	0,068	2,2
Mod. 1	HJ	%AG (2,5km)	73,4	0	3	0,098	1,0
Mod. 2	HJ	%CF (2,5km) + %AG (2,5km)	73,6	0,2	4	0,089	1,1
Mod. 3	HJ	%CF (2,5km) + DBF (2,5km)	74,0	0,6	4	0,072	1,4
Mod. 4	HJ	%AG (2km)	74,8	1,4	3	0,049	2,0
Mod. 5	HJ	%VN (2,5km) + DBN (2,5km)	74,8	1,4	4	0,048	2,1
Mod. 6	HJ	%VN (2,5km) + %AG (2,5km)	74,9	1,6	4	0,045	2,2
Mod. 7	HJ	%CF (2km) + %AG (2km)	75,3	2,0	4	0,036	2,7

Tabela 2. Soma dos pesos de evidência das diferentes escalas para *Haemagogus leucocelaenus* e *Haemagogus janthinomys/capricornii*.

Espécie	0,5 km	1,0 km	1,5 km	2,0 km	2,5 km	Razão de evidência
<i>Hg. leucocelaenus</i>	<0,001	0,272	0,214	0,320	0,189	1,17
<i>Hg. janthinomys/capricornii</i>	0,024	0,070	0,084	0,265	0,524	1,98

Tabela 3. Soma dos pesos de evidência das variáveis ponderada pelo número de modelos que a variável aparece ($\sum Wi/N$) e inclinação média da reta e desvio padrão ($\pm DP$) para cada variável preditora (%CF = % de cobertura florestal, %AG = % de agropecuária, %VN = % de vegetação nativa, NFF = n° de fragmentos florestais, DBF = densidade de borda de floresta, DBN = densidade de borda de vegetação nativa), presente nos modelos selecionados ($\Delta AICc \leq 2$) para explicar a abundância de *Haemagogus leucocelaenus* e *Haemagogus janthinomys/capricornii*, nas diferentes escalas (valores entre parênteses para as variáveis de paisagem, em quilômetros (km)).

Variáveis	<i>Hg. leucocelaenus</i>			<i>Hg. janthinomys/capricornii</i>		
	N	$\sum Wi/N$	Inclinação ($\pm DP$)	N	$\sum Wi/N$	Inclinação ($\pm DP$)
%AG (2km)				9	0,020	-0,519 ($\pm 0,224$)*
%AG (2,5km)				9	0,039	-0,533 ($\pm 0,204$)*
%CF (1km)	4	0,054	0,779 ($\pm 0,163$)*			
%CF (1,5km)	4	0,035	0,751 ($\pm 0,161$)*			
%CF (2km)	4	0,068	0,756 ($\pm 0,149$)*	4	0,022	0,441 ($\pm 0,226$)
%CF (2,5km)	4	0,042	0,741 ($\pm 0,153$)*	4	0,048	0,462 ($\pm 0,237$)
%VN (2,5km)				4	0,024	0,425 ($\pm 0,272$)
DBF (2,5km)				3	0,032	-0,277 ($\pm 0,249$)
DBN (2,5km)				3	0,024	-0,296 ($\pm 0,309$)
NFF (1km)	5	0,013	0,222 ($\pm 0,148$)			

* indica que a inclinação média da reta foi significativa.

Sete modelos foram igualmente plausíveis para explicar a abundância de *Hg. janthinomys/capricornii*, sendo que todos eles incluíram ao menos uma variável de composição da paisagem (porcentagem de agropecuária, de cobertura florestal ou de vegetação nativa) e dois deles somaram a essa variável o efeito da densidade de borda no respectivo tipo de vegetação (formação florestal ou vegetação nativa; Tabela 1). A abundância da espécie respondeu à estrutura da paisagem principalmente nas escalas maiores, sendo que a escala de 2,5 km foi cerca de 2 vezes

melhor para explicar a abundância da espécie do que a de 2,0 km, que foi a segunda melhor escala (Tabela 2). De uma forma geral, o peso de evidência para cada escala diminuiu com a redução da mesma (Tabela 2).

Apesar do melhor modelo selecionado para *Hg. janthinomys/capricornii* relacionar negativamente a abundância à porcentagem de agropecuária na paisagem, a principal variável para explicar a abundância da espécie foi a porcentagem de cobertura florestal no raio de 2,0 km, seguida por porcentagem de agropecuária e densidade de borda dos fragmentos florestais, ambas no raio de 2,5 km. Independente da escala, porcentagem de cobertura florestal e de vegetação nativa influenciaram de forma positiva a abundância da espécie, ao contrário da porcentagem de agropecuária e da densidade de borda, que influenciaram de forma negativa (Tabela 3). Porém, vale ressaltar que somente a variável porcentagem de agropecuária apresentou resultado significativo (Tabela 3). Esses resultados indicam que aumentos na cobertura de vegetação nativa e redução na quantidade de agricultura na paisagem podem influenciar positivamente a abundância de *Hg. janthinomys*.

4.2. Extrapolação da abundância dos vetores da febre amarela

A abundância extrapolada de *Hg. leucocelaenus* nos fragmentos florestais de São Paulo variou de 0 a de 6,668 indivíduos por m² (Figura 2), com uma média de 0,259 indivíduos ($\pm 1,115$). Uma baixa abundância foi estimada de forma abrangente ao longo de todo o estado (Figura 2.A1 – 2.B2). As maiores abundâncias foram estimadas nas regiões sul a leste, principalmente na faixa que compreende a região *core* da Serra do Mar (Figura 2.B1 e 2.B2), do Vale do Ribeira até o Vale do Paraíba, incluindo áreas periféricas da região metropolitana de São Paulo e também áreas da Serra da Cantareira, ao norte desta região (Figura 2.B2). Alta abundância também foi estimada nas áreas do Parque Estadual Morro do Diabo, no extremo oeste de São Paulo (Figura 2.A1) e, de forma bem pontual, em algumas outras localidades do estado, como na região metropolitana de Ribeirão Preto (Figura 2.A2).

A abundância extrapolada para *Hg. janthinomys/capricornii* nos fragmentos de vegetação nativa de São Paulo variou de 0 a 0,0207 ind/m² (Figura 3), com média de 0,002 indivíduos ($\pm 0,005$). Resguardadas as diferenças de amplitude de abundância estimada para ambas as espécies, assim como para *Hg. leucocelaenus*, as maiores abundâncias para *Hg. janthinomys/capricornii* foram estimadas para as áreas do Parque Estadual do Morro do Diabo (Figura 3.A1), em áreas da região metropolitana de Ribeirão Preto (Figura 3.A2) e, principalmente, para a faixa sul a leste de

SP, seguindo a cadeia de montanhas da Serra do Mar, do Vale do Ribeira até o Vale do Paraíba (Figuras 3.B1 e 3.B2), incluindo toda a periferia da região metropolitana de São Paulo e áreas da Serra da Cantareira. Diferente de *Hg. leucocelaenus*, no entanto, que teve os pontos de elevada abundância mais bem delimitados, para *Hg. janthinomys/capricornii* foram estimadas áreas de média a alta abundância de uma forma mais ampla e abrangente no estado (Figura 4), inclusive nas regiões oeste (Figura 3.A1), metropolitana de Campinas (Figura 3.B2) e, principalmente, central do estado (Figura 3), o que não aconteceu para *Hg. leucocelaenus* (Figura 2).

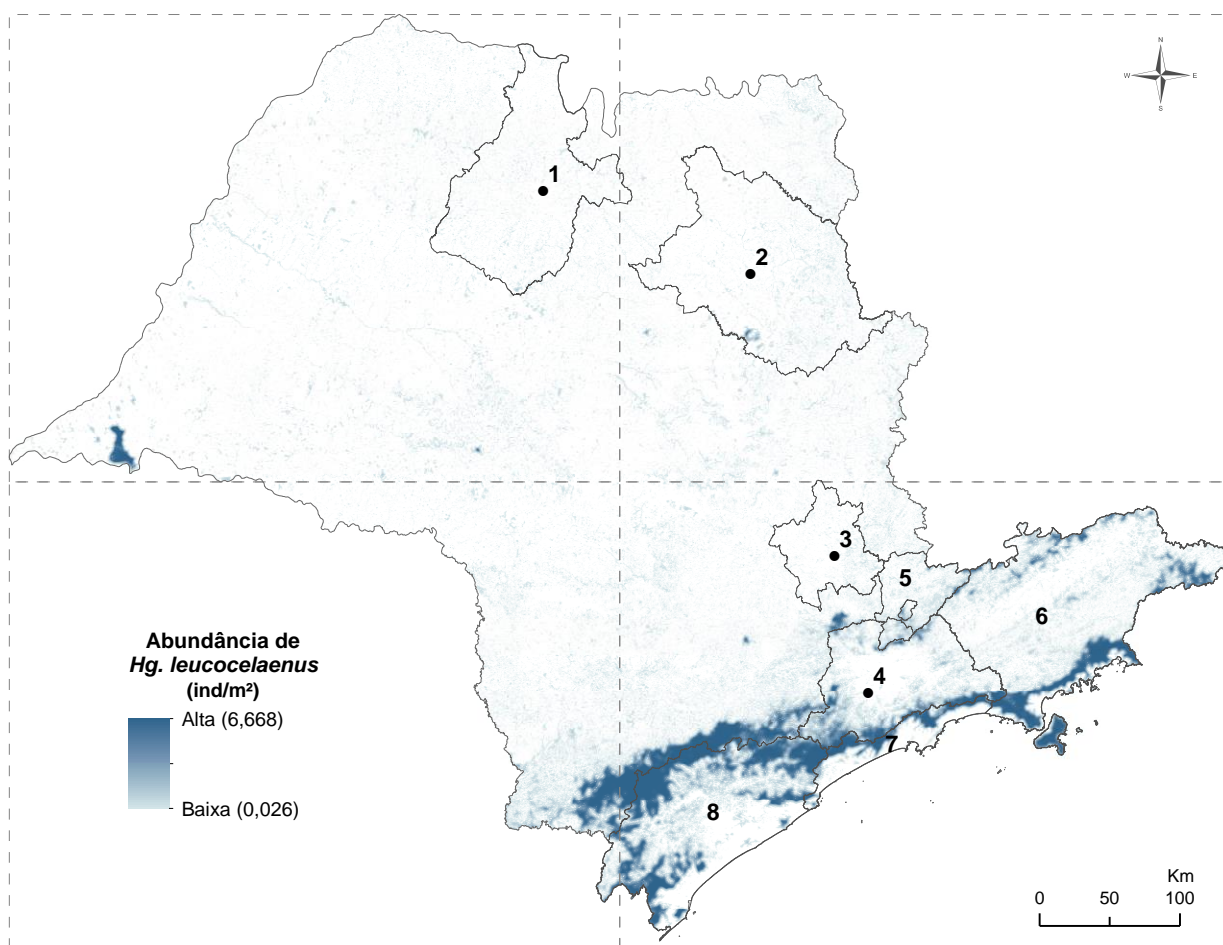


Figura 2. Abundância de *Haemagogus leucocelaenus* estimada para o estado de São Paulo, em número de indivíduos por m². As regiões numeradas de 1-4 correspondem às regiões metropolitanas de 1) São José do Rio Preto, 2) Ribeirão Preto, 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6–8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira.

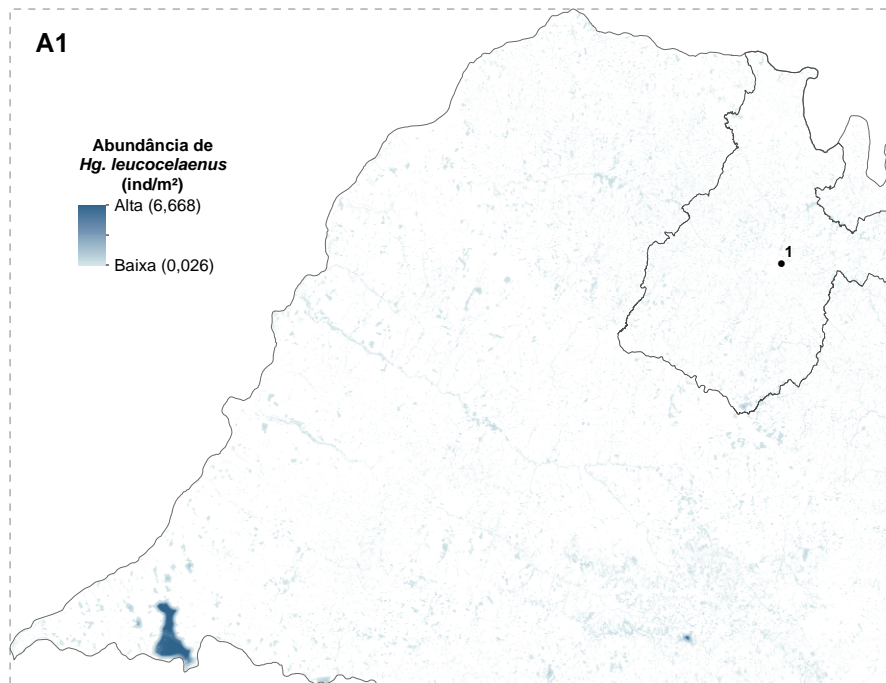


Figura 2.A1. Abundância de *Haemagogus leucocelaenus* estimada para o quadrante A1 do estado de São Paulo, em número de indivíduos por m². A região numerada 1 corresponde à região metropolitana de São José do Rio Preto.

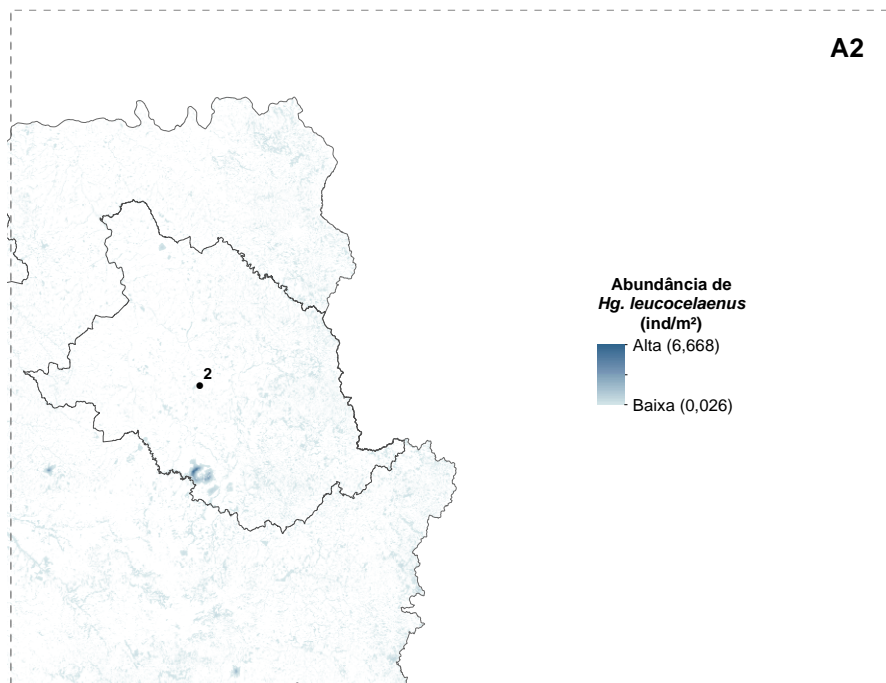


Figura 2.A2. Abundância de *Haemagogus leucocelaenus* estimada para o quadrante A2 do estado de São Paulo, em número de indivíduos por m². A região numerada 2 corresponde à região metropolitana de Ribeirão Preto.

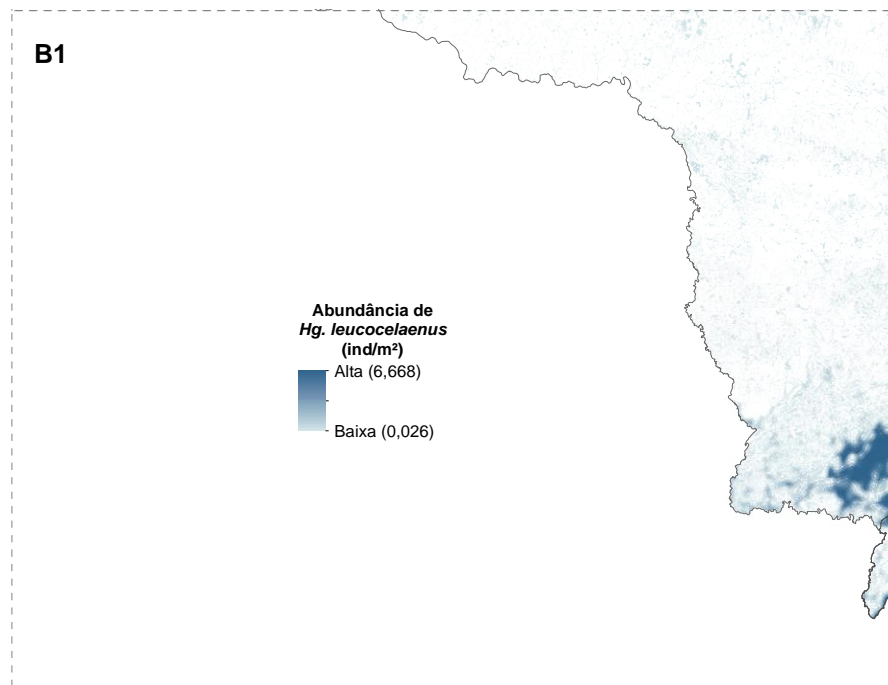


Figura 2.B1. Abundância de *Haemagogus leucocelaenus* estimada para o quadrante B1 do estado de São Paulo, em número de indivíduos por m².

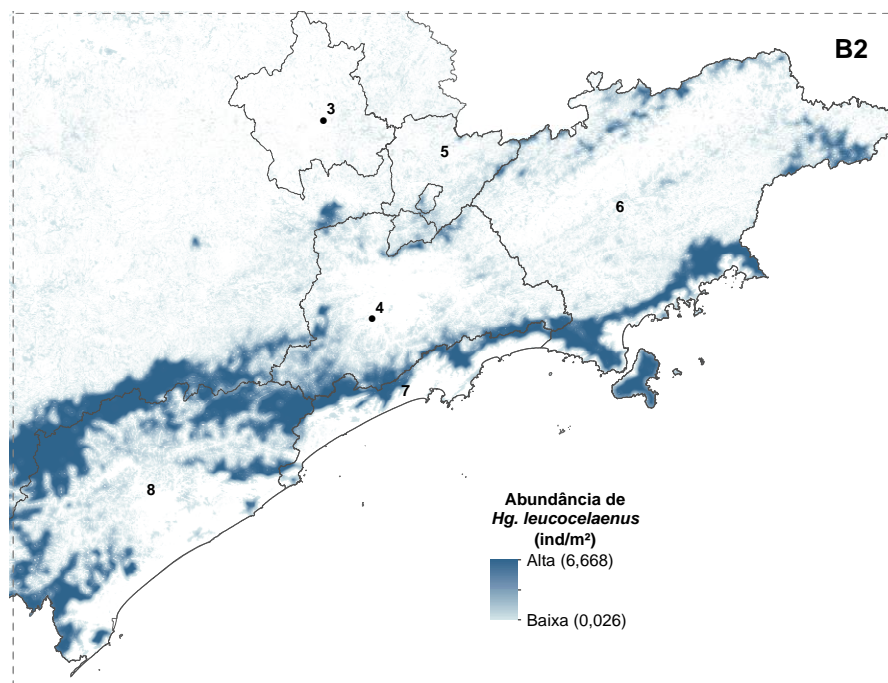


Figura 2.B2. Abundância de *Haemagogus leucocelaenus* estimada para o quadrante B2 do estado de São Paulo, em número de indivíduos por m². As regiões numeradas de 3 e 4 correspondem às regiões metropolitanas de 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira.

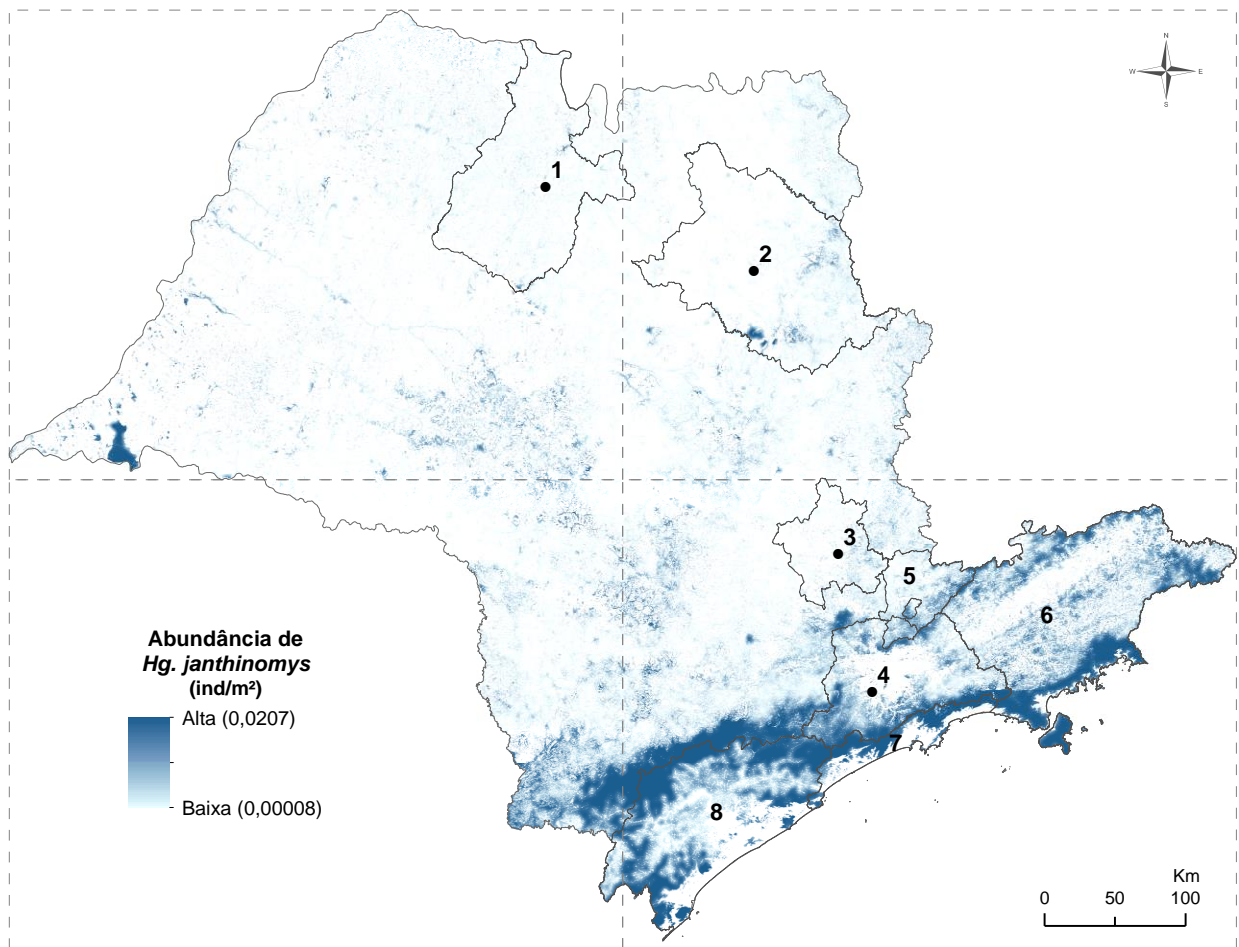


Figura 3. Abundância de *Haemagogus janthinomys/capricornii* estimada para o estado de São Paulo, em número de indivíduos por m². As regiões numeradas de 1 - 4 correspondem às regiões metropolitanas de 1) São José do Rio Preto, 2) Ribeirão Preto, 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira.

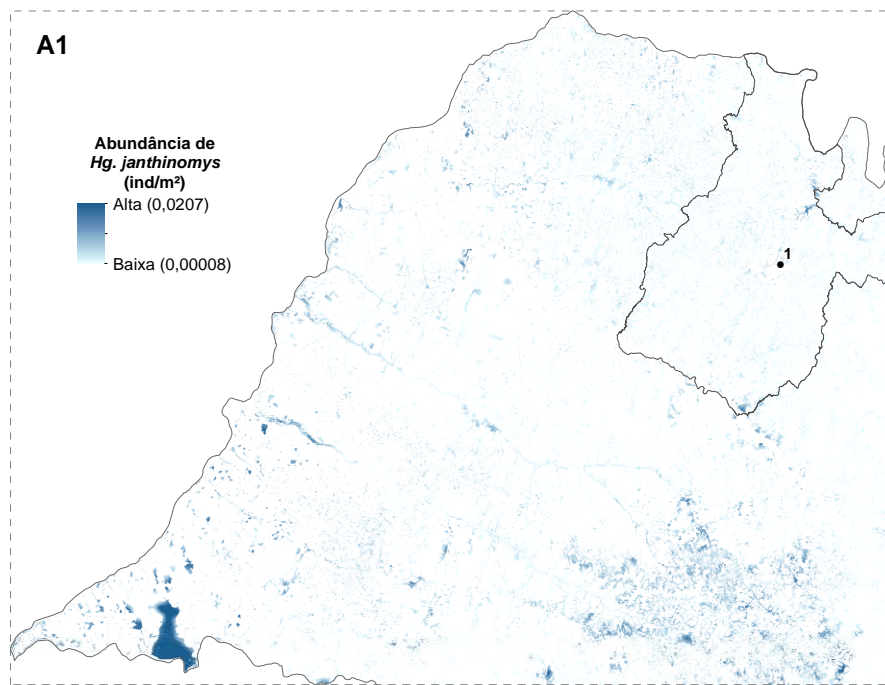


Figura 3.A1. Abundância de *Haemagogus janthinomys/capricornii* estimada para o quadrante A1 do estado de São Paulo, em número de indivíduos por m². A região numerada 1 corresponde à região metropolitana de São José do Rio Preto.

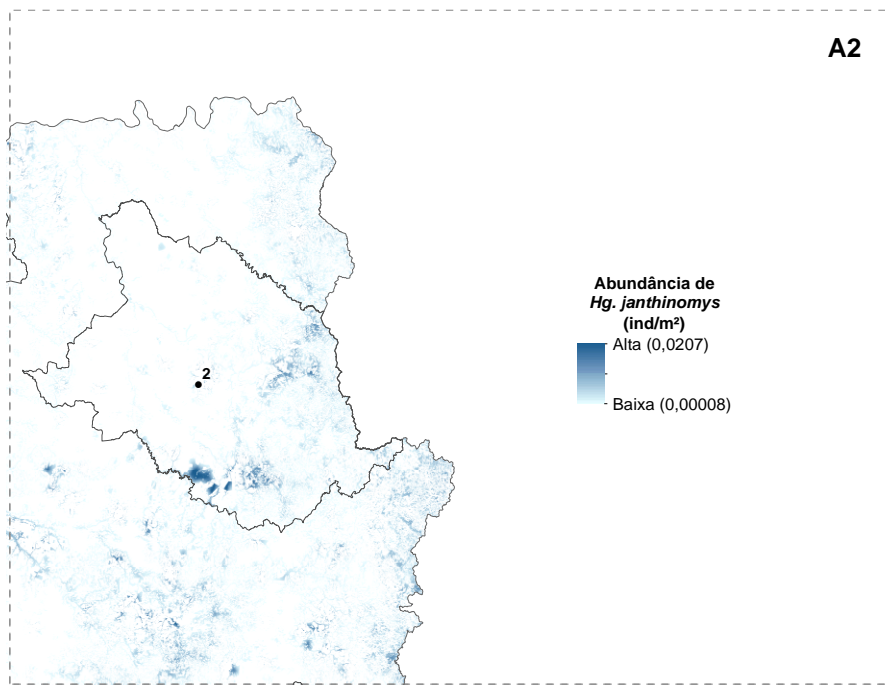


Figura 3.A2. Abundância de *Haemagogus janthinomys/capricornii* estimada para o quadrante A2 do estado de São Paulo, em número de indivíduos por m². A região numerada 2 corresponde à região metropolitana de Ribeirão Preto.

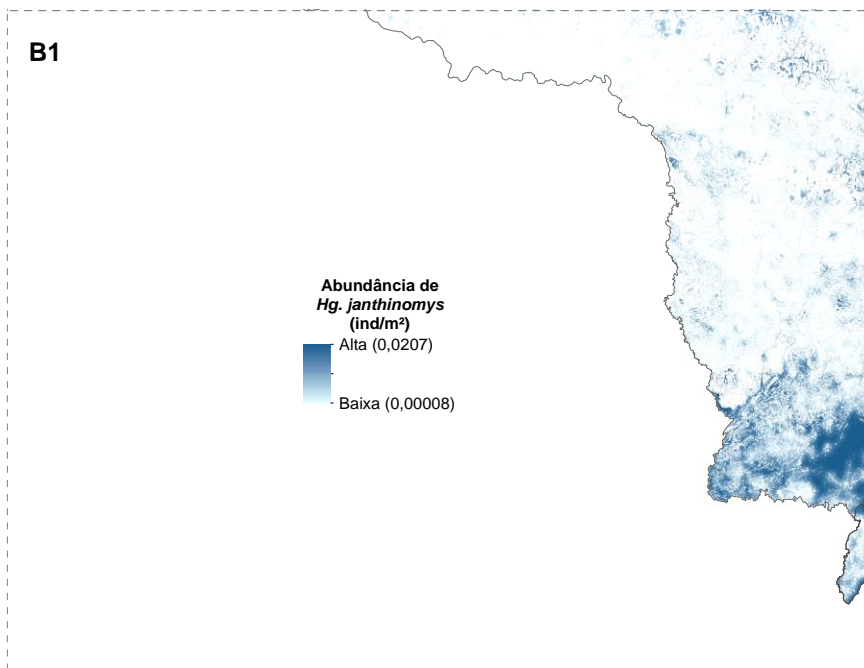


Figura 3.B1. Abundância de *Haemagogus janthinomys/capricornii* estimada para o quadrante B1 do estado de São Paulo, em número de indivíduos por m².

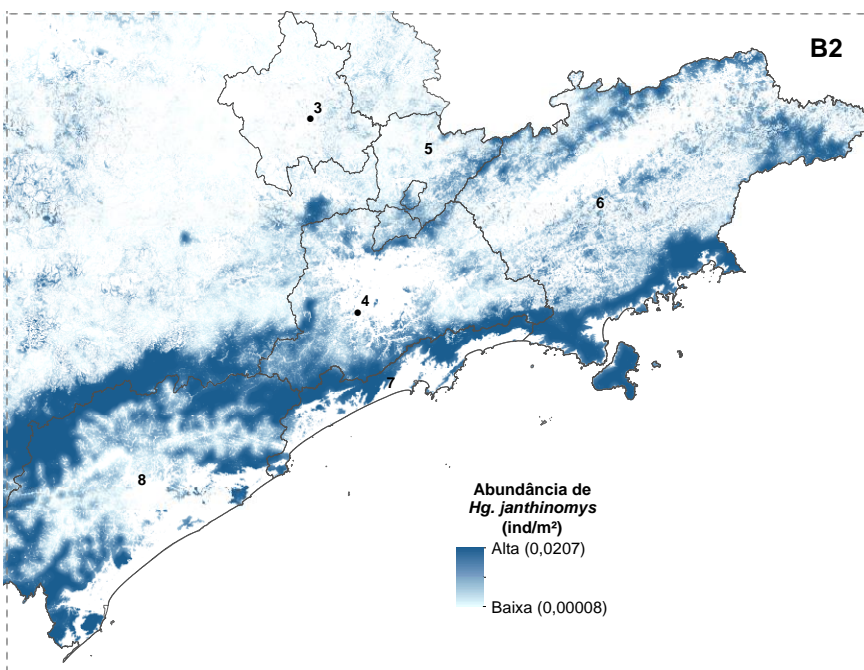


Figura 3.B2. Abundância de *Haemagogus janthinomys/capricornii* estimada para o quadrante B2 do estado de São Paulo, em número de indivíduos por m². As regiões numeradas de 3 e 4 correspondem às regiões metropolitanas 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira.

4.3. Corredores ecológicos e áreas de risco de disseminação da febre amarela

A densidade de conexões entre fragmentos de habitat variou de 0 a 737,81 conexões/km² para *Hg. leucocelaenus* (Figuras 4 e 4.A1 a 4.B2), com média de 7,26 (\pm 20,94), e de 0 a 904,32 conexões/km² (Figuras 5 e 5.A1 a 5.B2), com média de 7,87 (\pm 25,34), para *Hg. janthinomys/capricornii*.

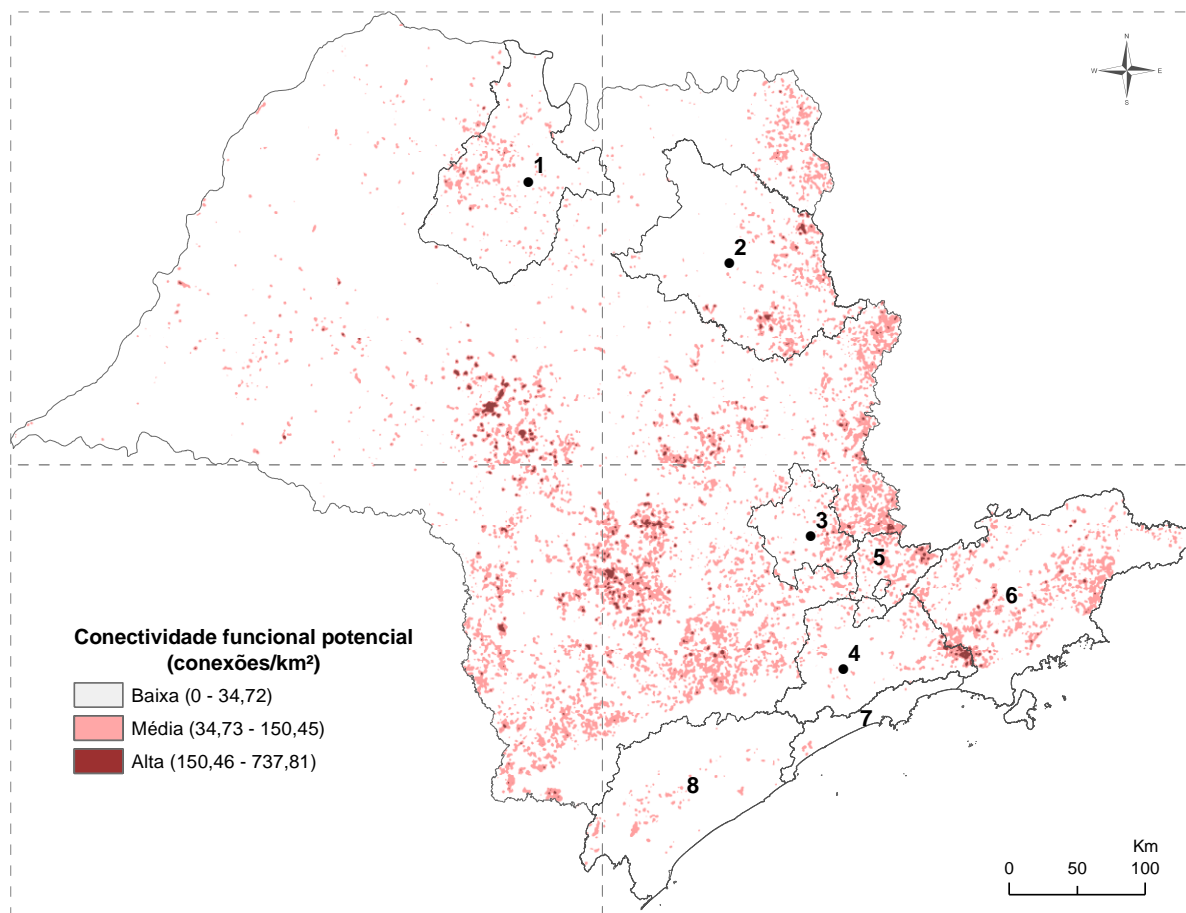


Figura 4. Conectividade funcional potencial para *Haemagogus leucocelaenus* no estado de São Paulo, em conexões/km². As regiões numeradas de 1-4 correspondem às regiões metropolitanas de 1) São José do Rio Preto, 2) Ribeirão Preto, 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira.

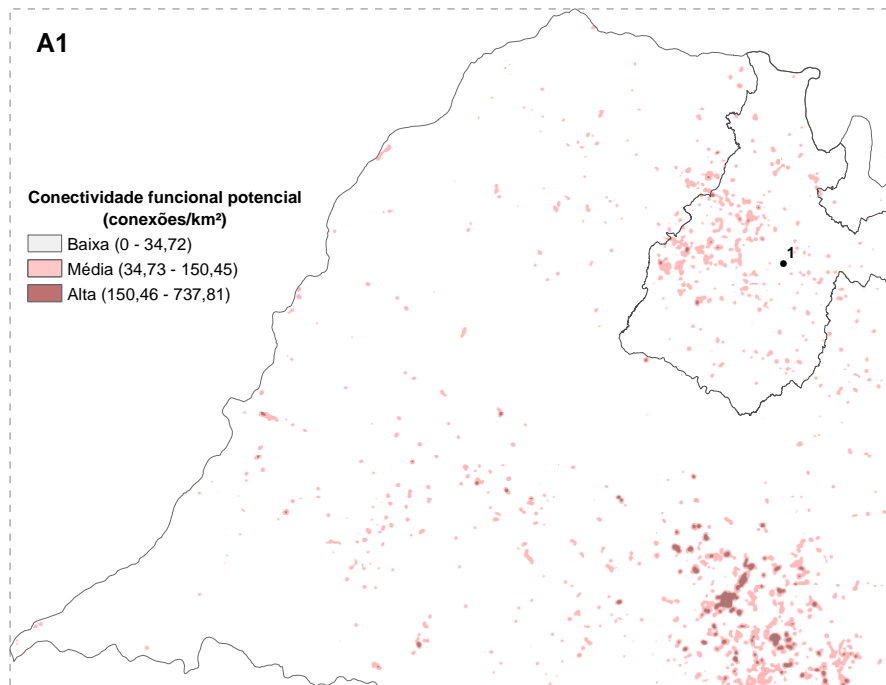


Figura 4.A1. Conectividade funcional potencial *Haemagogus leucocelaenus* estimada para o quadrante A1 do estado de São Paulo, em conexões por km². A região numerada 1 corresponde à região metropolitana de São José do Rio Preto.

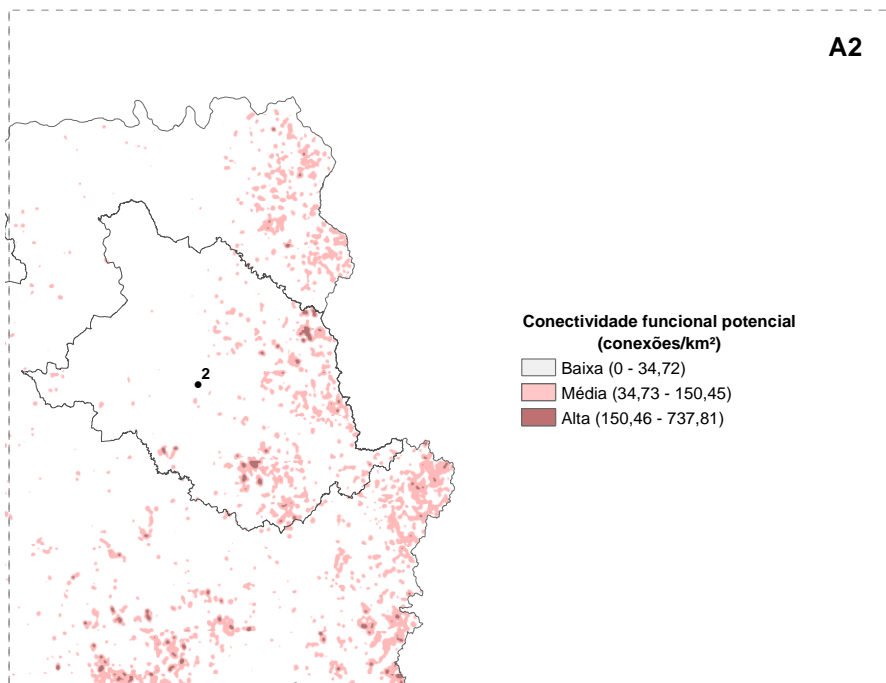


Figura 4.A2. Conectividade funcional potencial para *Haemagogus leucocelaenus* estimada para o quadrante A2 do estado de São Paulo, em conexões por km². A região numerada 2 corresponde à região metropolitana de Ribeirão Preto.

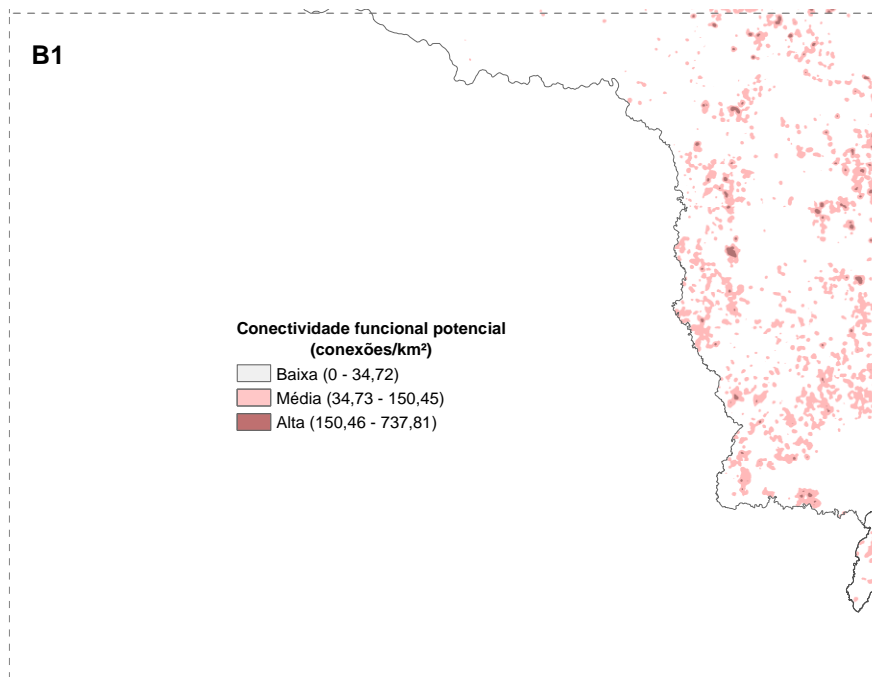


Figura 4.B1. Conectividade funcional potencial para *Haemagogus leucocelaenus* estimada para o quadrante B1 do estado de São Paulo, em conexões por km².

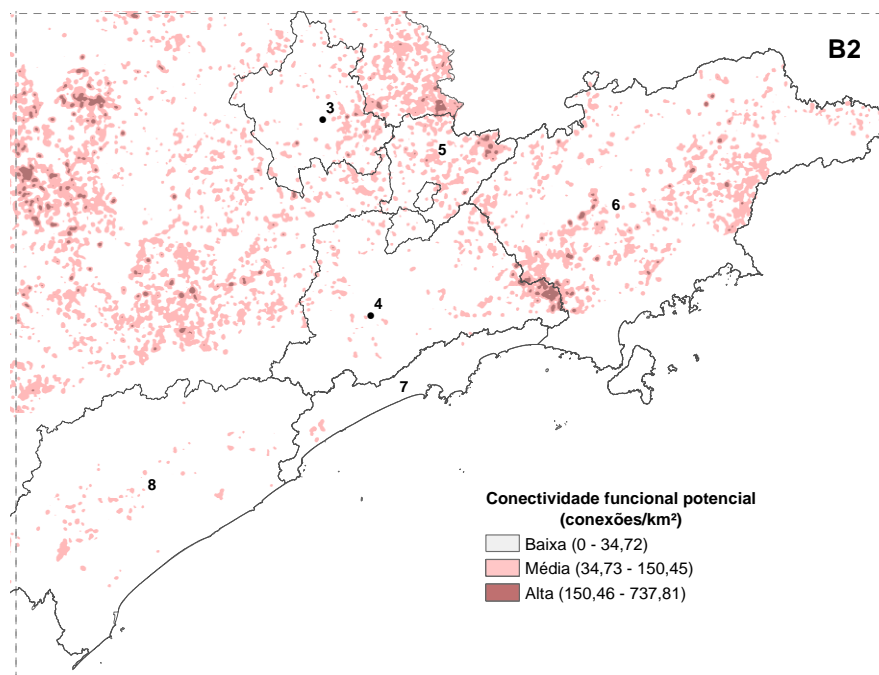


Figura 4.B2. Conectividade funcional potencial para *Haemagogus leucocelaenus* estimada para o quadrante B2 do estado de São Paulo, em conexões por km². As regiões numeradas de 3 e 4 correspondem às regiões metropolitanas 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira.

A conectividade funcional potencial foi bastante semelhante para ambas as espécies (Figuras 4 e 5). No geral, houve baixa conectividade na região oeste e noroeste do estado, com alguns pontos isolados de média conectividade principalmente na região metropolitana de São José do Rio Preto (Figuras 4.A1 e 5.A1). As áreas de maior conectividade foram evidenciadas nas regiões central e norte (Figuras 4.A2 e 5.A2), onde a conectividade funcional potencial para *Hg. janthinomys/capricornii* foi um pouco maior do que para *Hg. leucocelaenus*, e na faixa que vai do sudoeste ao leste do estado, condensadas nas bordas superiores da Serra do Mar (Figuras 4.B1 e 5.B1). Média a alta conectividade também foi observada em áreas periféricas das regiões metropolitanas de São Paulo e de Campinas, incluindo seus arredores, como na região da Serra da Cantareira (Figuras 4.B2 e 5.B2).

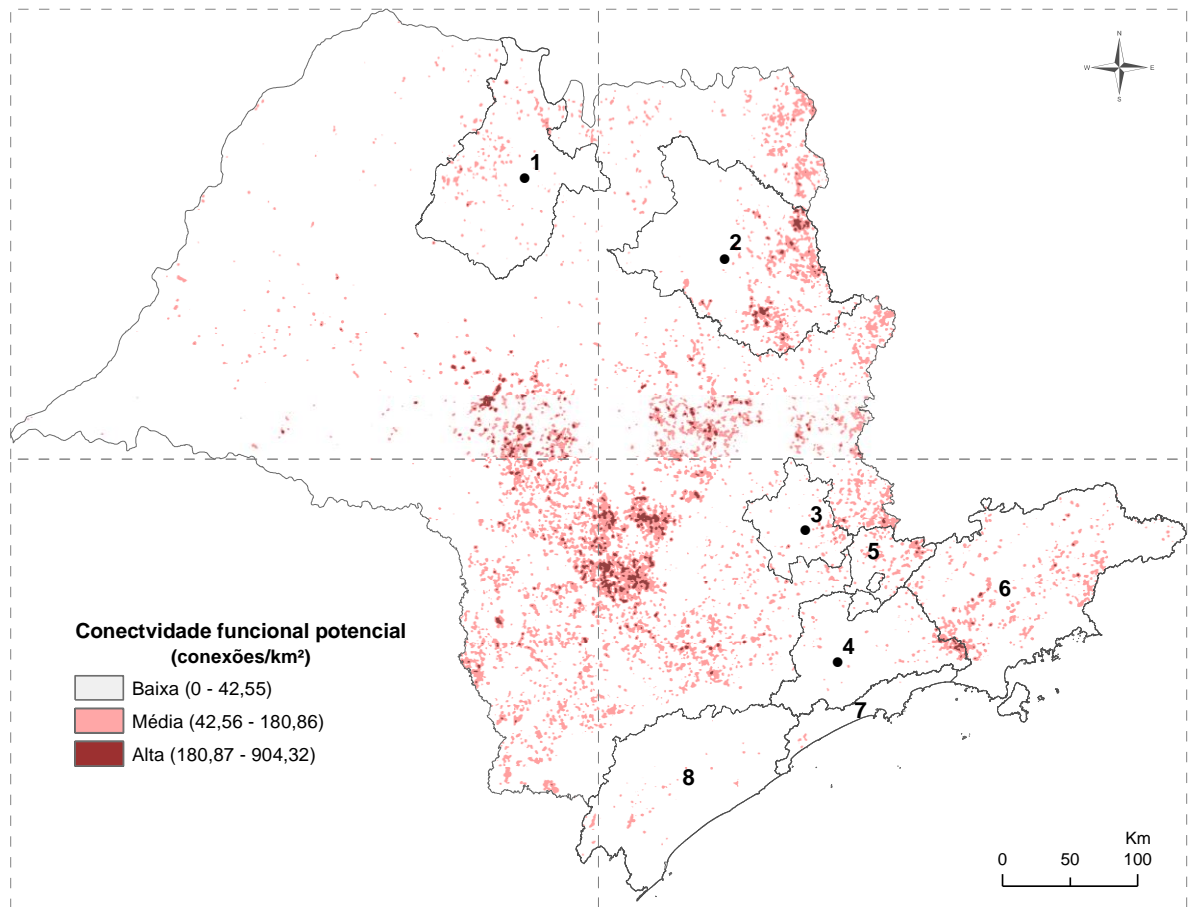


Figura 5. Conectividade funcional potencial para *Haemagogus janthinomys/capricornii* no estado de São Paulo, em conexões por km². As regiões numeradas de 1 - 4 correspondem às regiões metropolitanas de 1) São José do Rio Preto, 2) Ribeirão Preto, 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira.

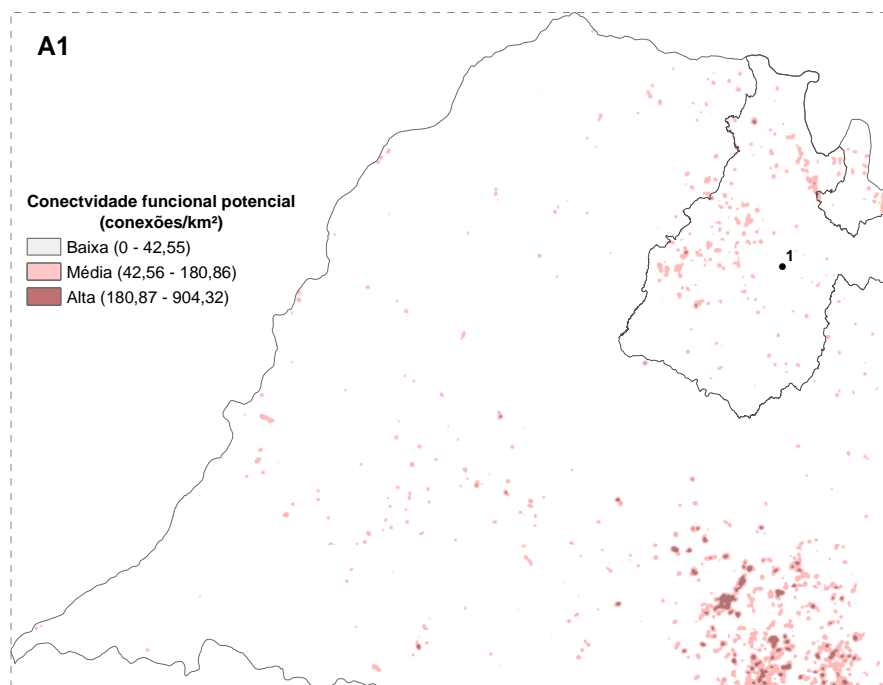


Figura 5.A1. Conectividade funcional potencial *Haemagogus janthinomys/capricornii* estimada para o quadrante A1 do estado de São Paulo, em conexões por km². A região numerada 1 corresponde à região metropolitana de São José do Rio Preto.

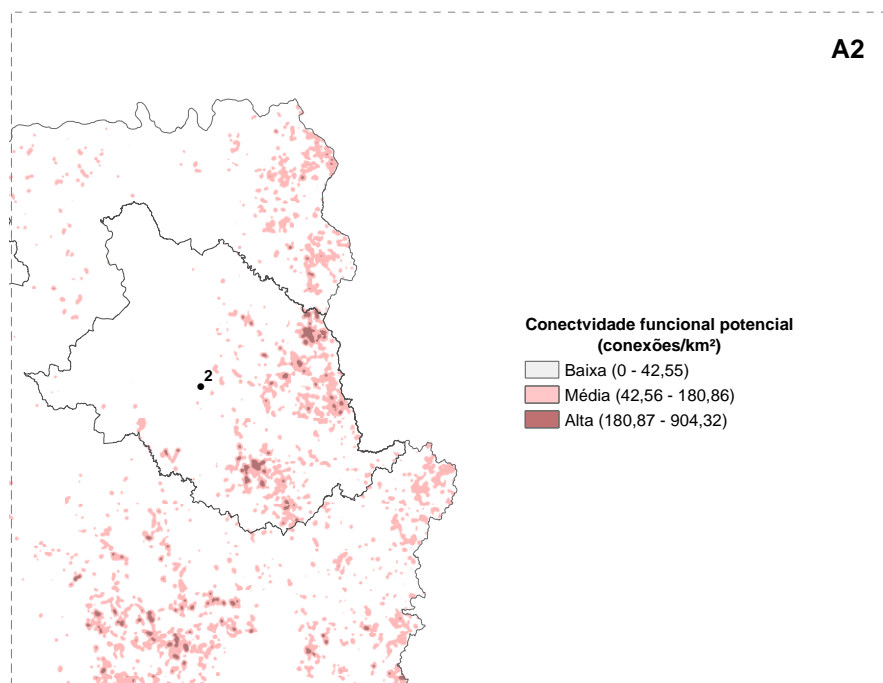


Figura 5.A2. Conectividade funcional potencial para *Haemagogus janthinomys/capricornii* estimada para o quadrante A2 do estado de São Paulo, em conexões por km². A região numerada 2 corresponde à região metropolitana de Ribeirão Preto.

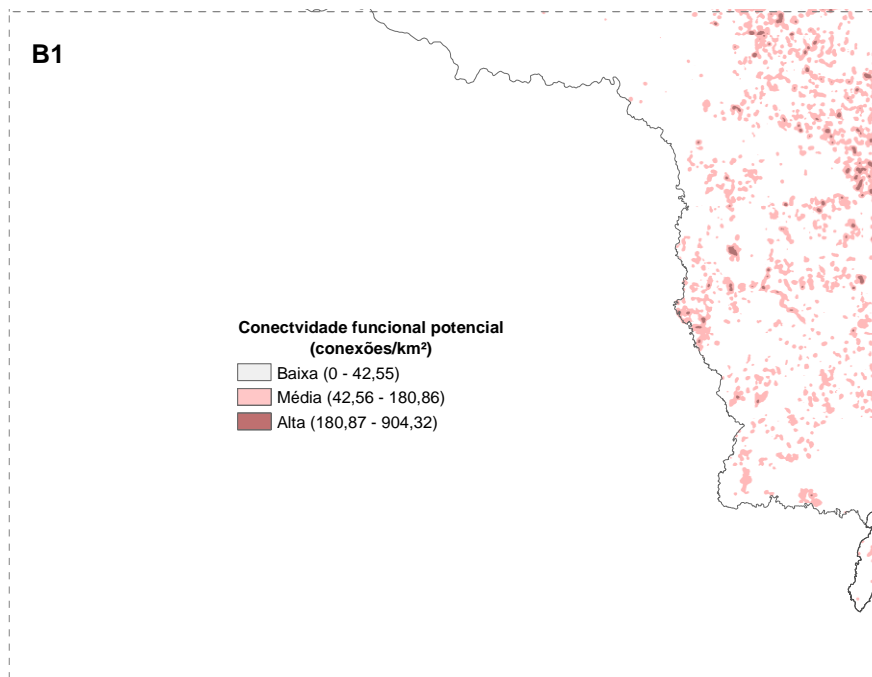


Figura 5.B1. Conectividade funcional potencial para *Haemagogus janthinomys/capricornii* estimada para o quadrante B1 do estado de São Paulo, em conexões por km².

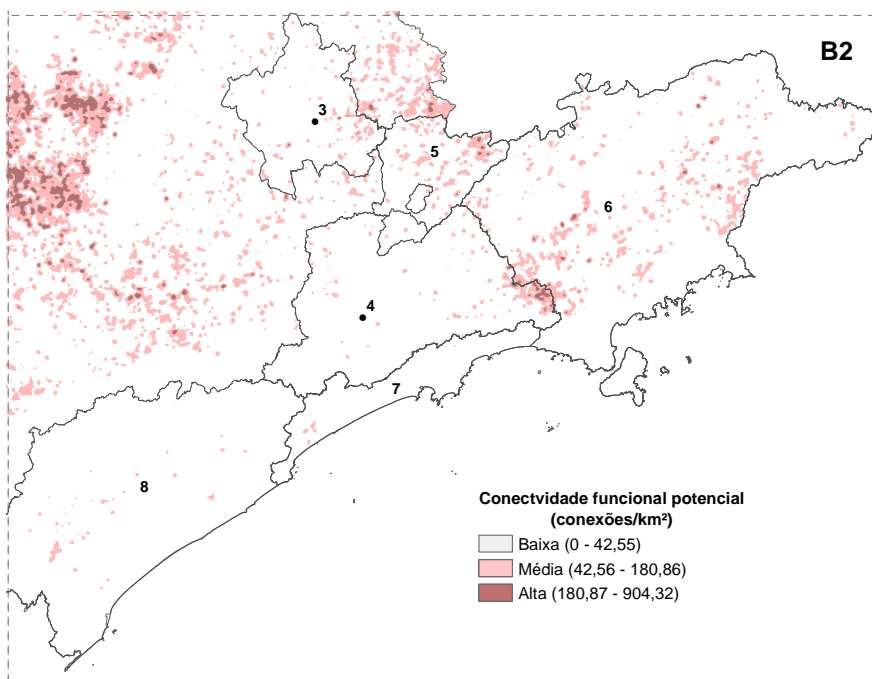


Figura 5.B2. Conectividade funcional potencial para *Haemagogus janthinomys/capricornii* estimada para o quadrante B2 do estado de São Paulo, em conexões por km². As regiões numeradas de 3 e 4 correspondem às regiões metropolitanas 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira.

Ao sobrepor os mapas de abundância extrapolada e o de conectividade funcional potencial para cada espécie, observa-se que, para *Hg. leucocelaenus* (Figura 6), as áreas de maior risco para disseminação da febre amarela, por conter maiores valores de abundância estimada com média ou alta conectividade funcional potencial para a espécie, se concentraram, principalmente, do sudoeste ao leste do estado, nas bordas superiores da Serra do Mar (Figuras 6.B1 e 6.B2), e também na região da Serra da Cantareira, nas áreas periféricas da região metropolitana de São Paulo e no Vale do Paraíba (Figura 6.B2). Algumas outras áreas de moderado risco foram observadas na periferia da região metropolitana de Campinas e nas regiões central (Figura 6.B2) e norte, incluindo a metropolitana de Ribeirão Preto e arredores (Figura 6.A2). A região de menor risco de dispersão deste vetor foi o oeste do estado, devido à baixa conectividade potencial e/ou à baixa abundância estimada para a espécie para a maior parte desta região (Figura 6.A1).

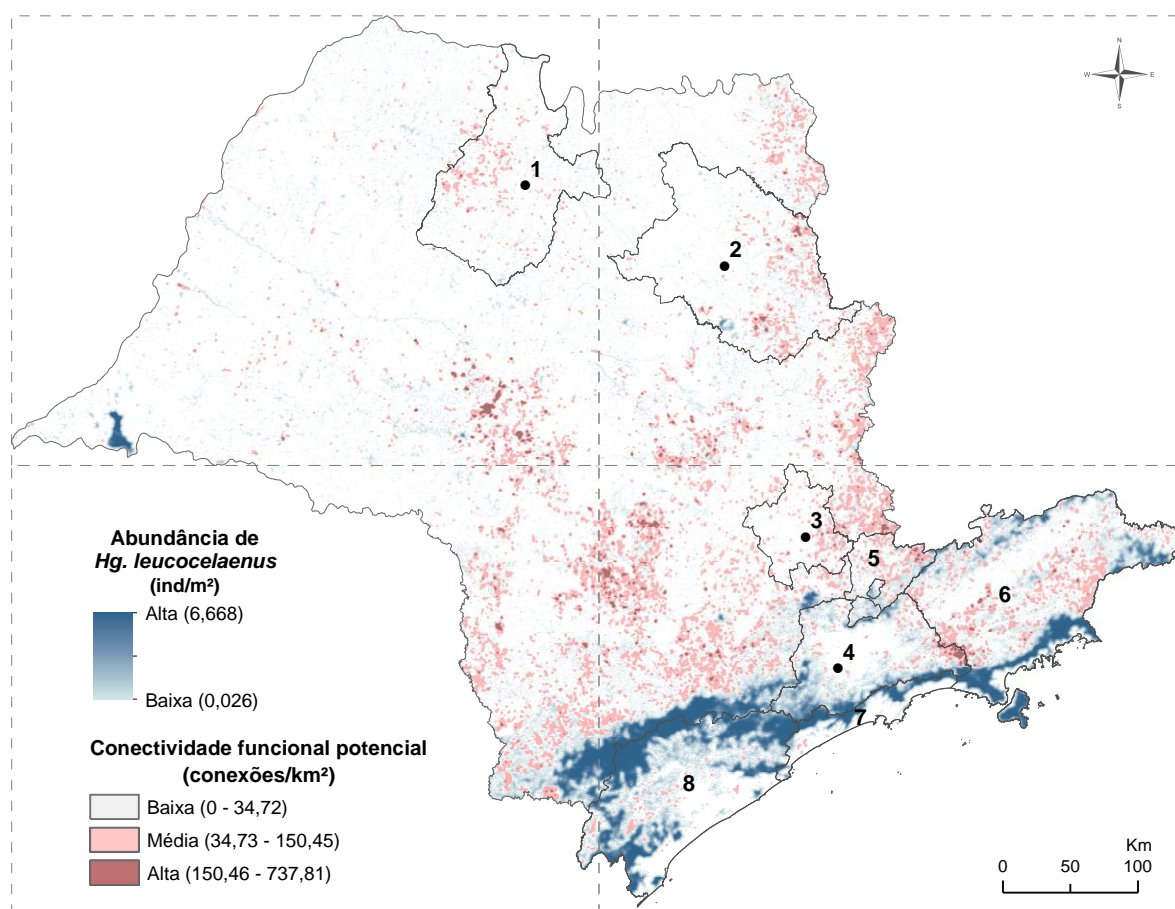


Figura 6. Abundância estimada e conectividade funcional potencial para *Haemagogus leucocelaenus* no estado de São Paulo, indicando áreas de risco para dispersão do mosquito. As regiões numeradas de 1 - 4 correspondem às regiões metropolitanas de 1) São José do Rio Preto, 2) Ribeirão Preto, 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 - 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira.

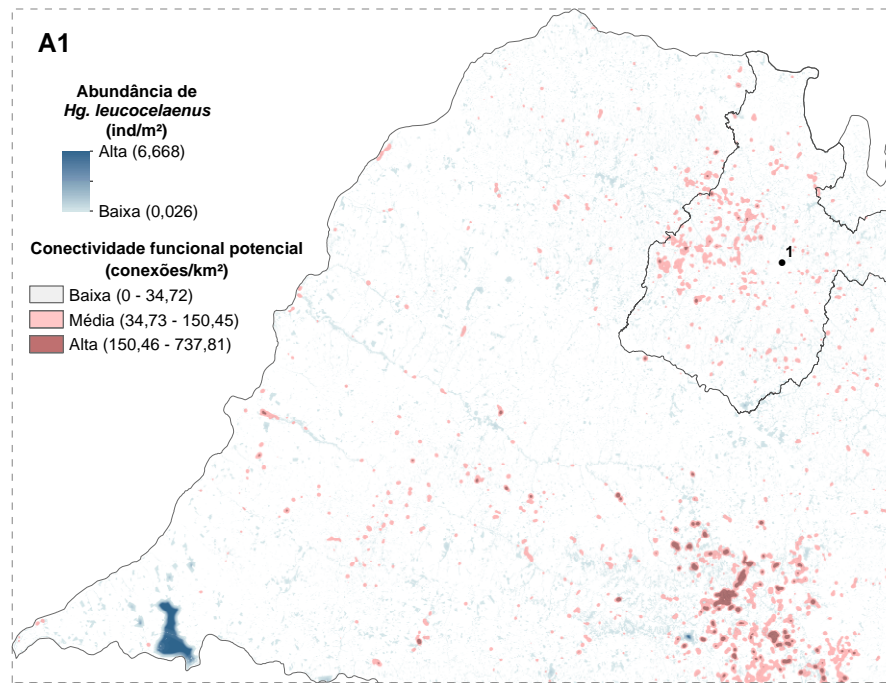


Figura 6.A1. Abundância estimada e conectividade funcional potencial para *Haemagogus leucocelaenus* no quadrante A1 do estado de São Paulo, indicando áreas de risco para dispersão do mosquito. A região numerada 1 corresponde à região metropolitana de São José do Rio Preto.

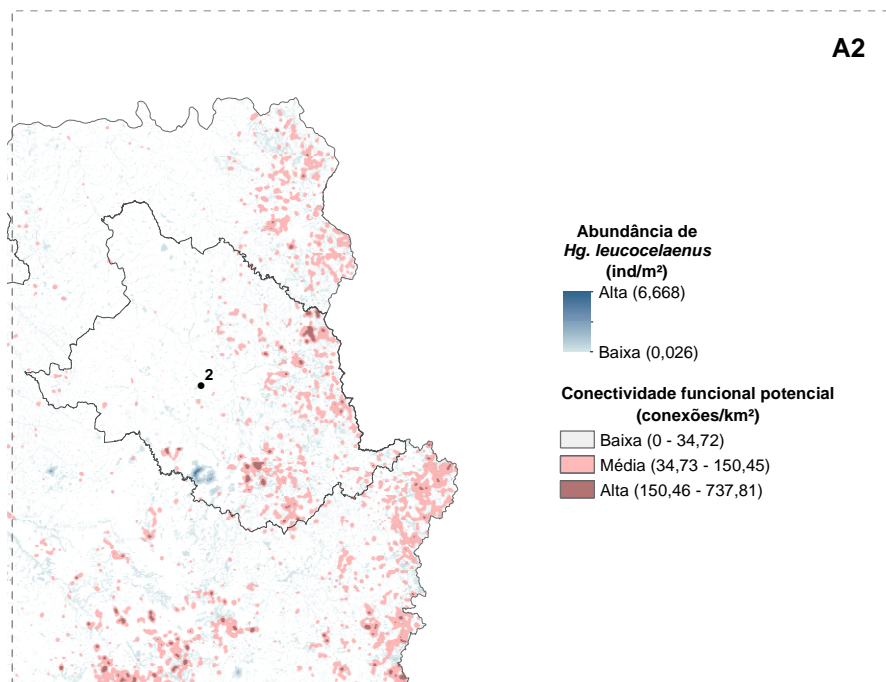


Figura 6.A2. Abundância estimada e conectividade funcional potencial para *Haemagogus leucocelaenus* no quadrante A2 do estado de São Paulo, indicando áreas de risco para dispersão do mosquito. A região numerada 2 corresponde à região metropolitana de Ribeirão Preto.

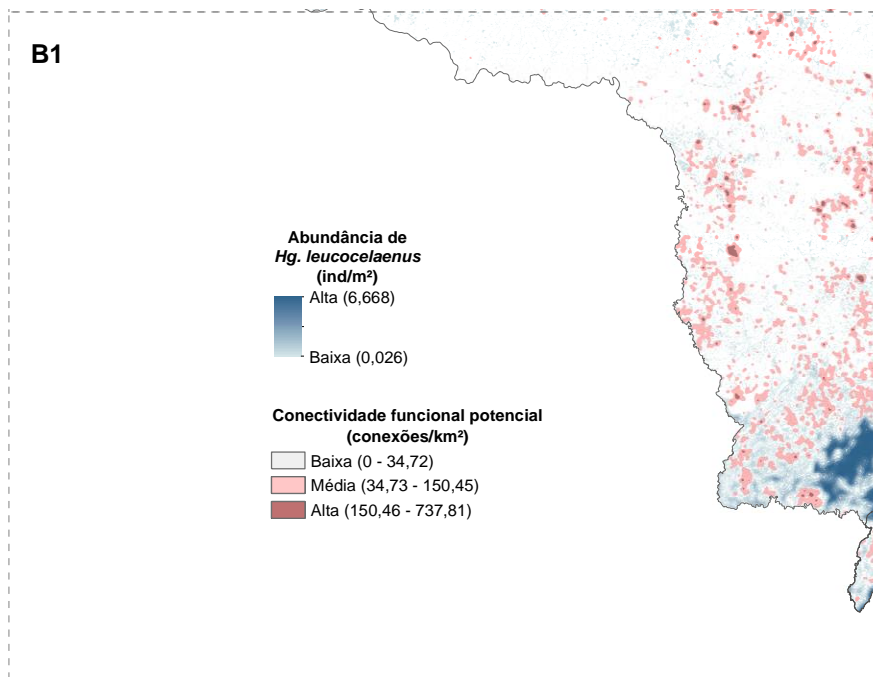


Figura 6.B1. Abundância estimada e conectividade funcional potencial para *Haemagogus leucocelaenus* no quadrante B1 de São Paulo, indicando áreas de risco para dispersão do mosquito.

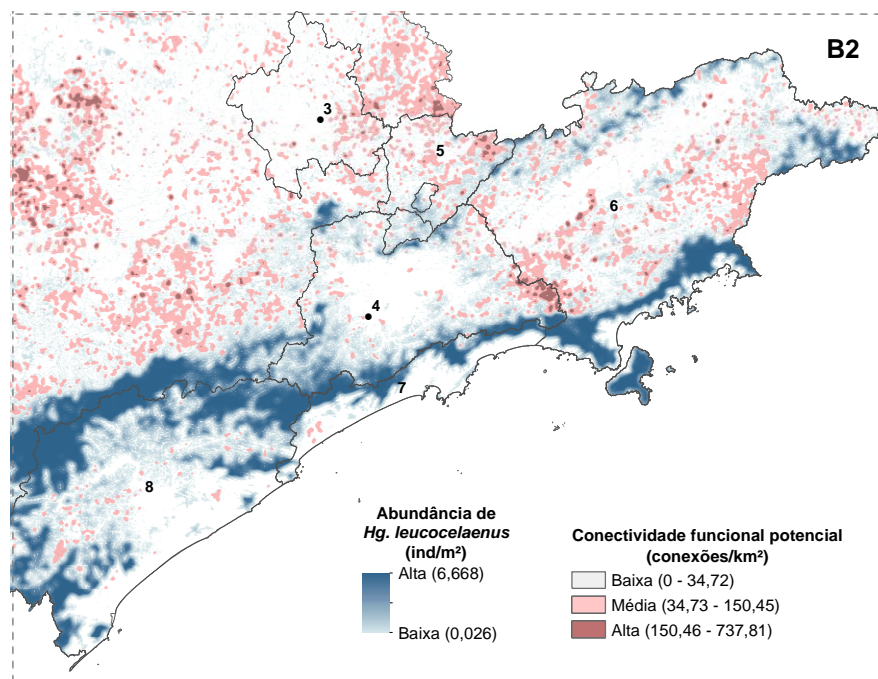


Figura 6.B2. Abundância estimada e conectividade funcional potencial para *Haemagogus leucocelaenus* no quadrante B2 do estado de São Paulo, indicando áreas de risco para dispersão do mosquito. As regiões numeradas de 3 e 4 correspondem às regiões metropolitanas 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira.

As áreas de maior risco para dispersão de *Hg. janthinomys/capricornii* (Figura 7) foram observadas na região central do estado (Figuras 7.A1 e 7.B2), na região metropolitana de Ribeirão Preto e em suas proximidades (Figuras 7.A2) e também na faixa sudoeste a leste do estado (Figuras 7.B1 e 7.B2), nas bordas superiores da Serra do Mar. A porção leste da região metropolitana de São Paulo e áreas da Serra da Cantareira e do Vale do Paraíba também representaram elevado risco de dispersão do vetor (Figura 7.B2), enquanto a região metropolitana de Campinas e seus arredores apresentou risco moderado (Figura 7.B2). Apesar de terem sido estimadas áreas de média e alta abundância para a espécie no oeste e noroeste do estado (Figura 7.A1), a conectividade funcional potencial da região no geral é baixa, não representando, desta forma, elevado risco de dispersão do vetor. Esse baixo risco também foi aparente na região metropolitana de São José do Rio Preto (Figura 7.A1), principalmente devido à baixa abundância estimada do mosquito.

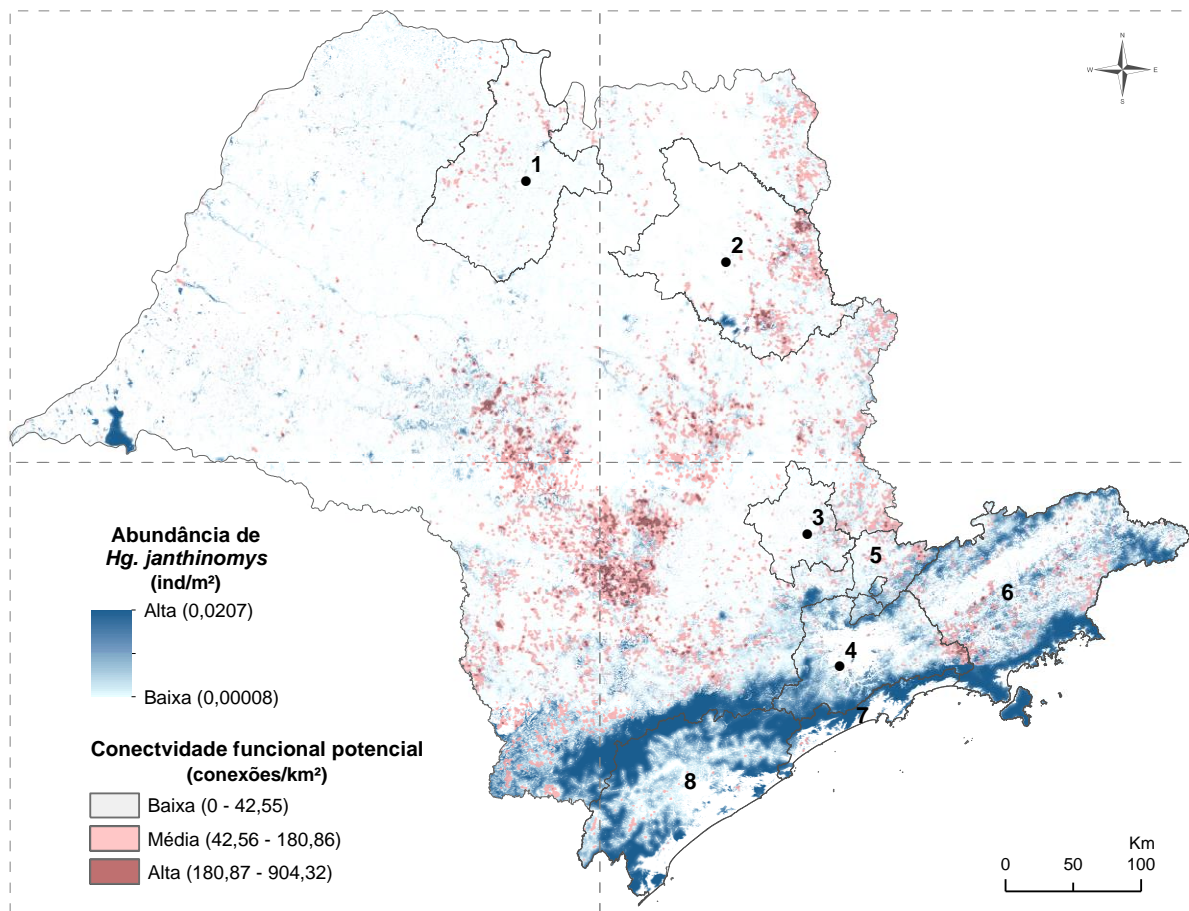


Figura 7. Abundância estimada e conectividade funcional potencial para *Haemagogus leucocelaenus* no estado de São Paulo, indicando áreas de risco para dispersão do mosquito. As regiões numeradas de 1 - 4 correspondem às regiões metropolitanas de 1) São José do Rio Preto, 2) Ribeirão Preto, 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5) corresponde à Serra da Cantareira; e 6 - 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira.

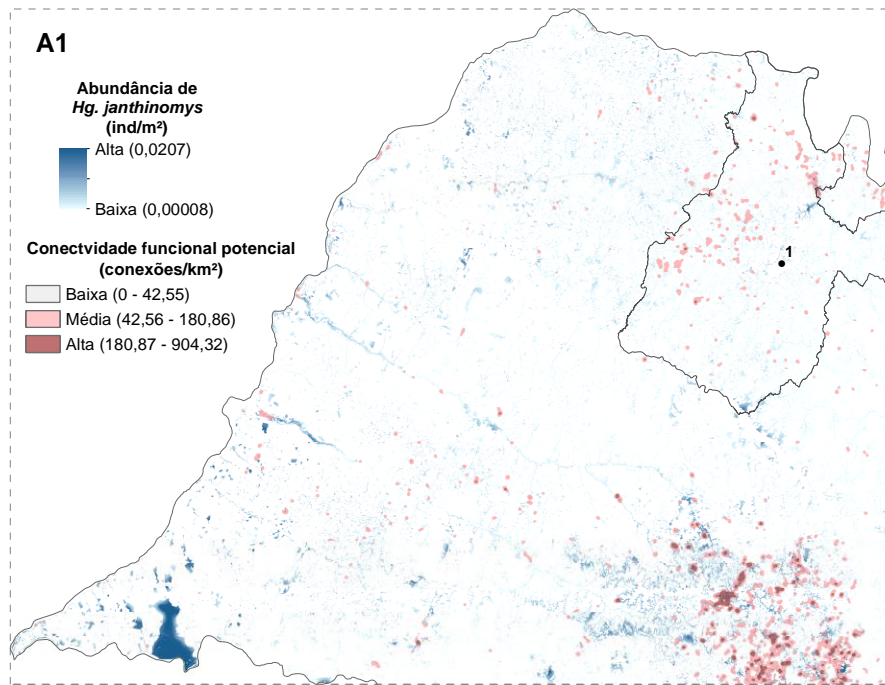


Figura 7.A1. Abundância estimada e conectividade funcional potencial para *Haemagogus janthinomys/capricornii* no quadrante A1 do estado de São Paulo, indicando áreas de risco para dispersão do mosquito. A região numerada 1 corresponde à região metropolitana de São José do Rio Preto.

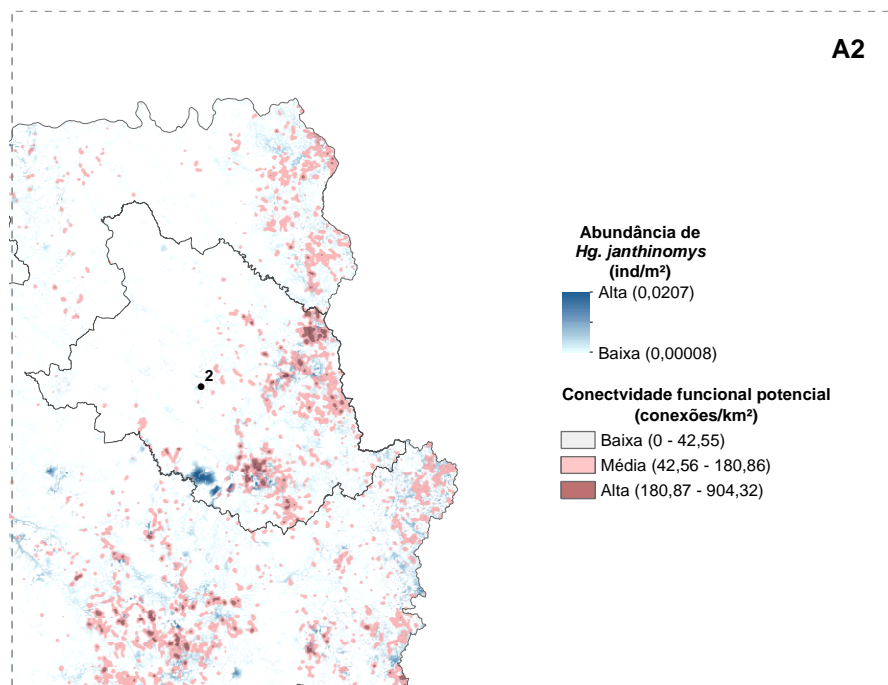


Figura 7.A2. Abundância estimada e conectividade funcional potencial para *Haemagogus janthinomys/capricornii* no quadrante A2 de São Paulo, indicando áreas de risco para dispersão do mosquito. A região numerada 2 corresponde à região metropolitana de Ribeirão Preto.

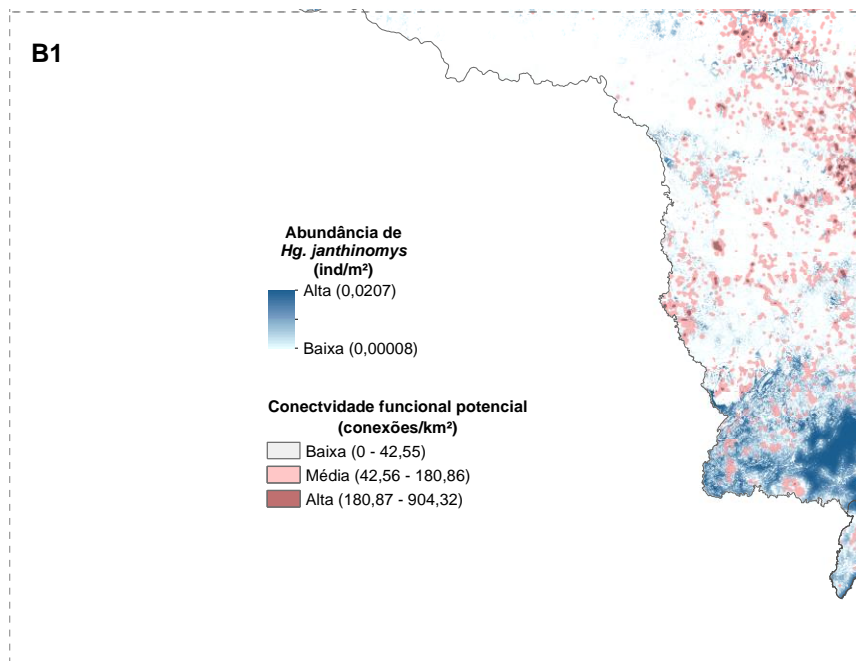


Figura 7.B1. Abundância estimada e conectividade funcional potencial para *Haemagogus janthinomys/capricornii* no quadrante B1 do estado de São Paulo, indicando áreas de risco para dispersão do mosquito.

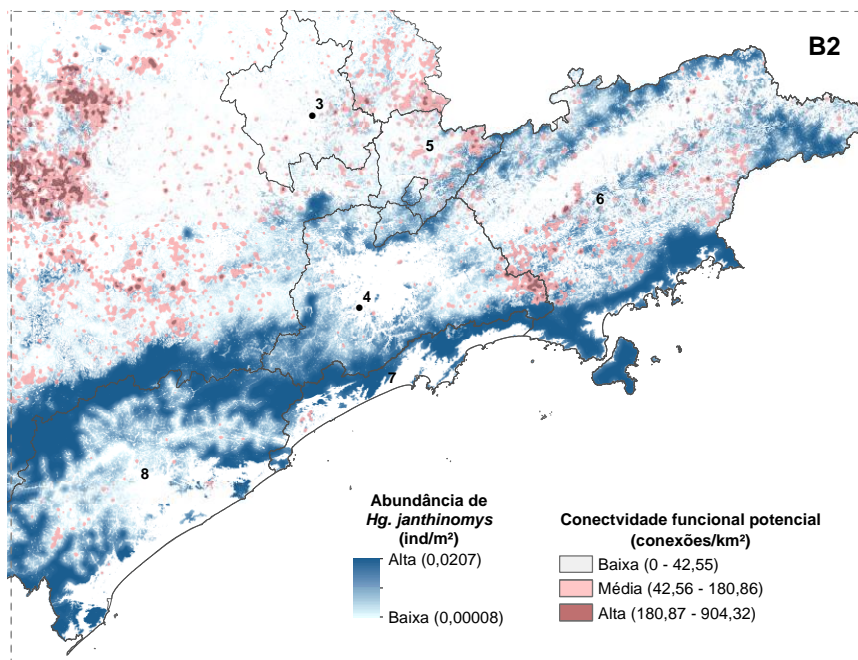


Figura 7.B2. Abundância estimada e conectividade funcional potencial para *Haemagogus janthinomys/capricornii* no quadrante B2 do estado de São Paulo, indicando áreas de risco para dispersão do mosquito. As regiões numeradas de 3 e 4 correspondem às regiões metropolitanas 3) Campinas e 4) São Paulo, com o ponto indicando o centróide da cidade que dá nome à região; 5 corresponde à Serra da Cantareira; e 6 – 8 correspondem às regiões administrativas: 6) Vale do Paraíba e Litoral Norte, 7) Baixada Santista e 8) Vale do Ribeira.

5. Discussão

5.1. Relação da abundância das espécies com a estrutura da paisagem

A abundância dos principais vetores da febre amarela no bioma da Mata Atlântica, *Haemagogus leucocelaenus* e *Haemagogus janthinomys/capricornii*, mostrou clara relação com a estrutura da paisagem. Conforme foi hipotetizado, estas espécies estão positivamente relacionadas com a porcentagem de cobertura florestal na paisagem, principalmente em escalas maiores (2,0 km e 2,5 km, respectivamente), particularmente quando estas paisagens apresentam estado fragmentado, alterado e degradado.

No presente estudo, *Hg. leucocelaenus* foi mais abundante e capturado em um maior número de pontos do que *Hg. janthinomys/capricornii*. Estudos realizados na mesma região (CAMARGO-NEVES *et al.*, 2005) e em outras áreas de Mata Atlântica (e. g., GUIMARÃES *et al.*, 2000; GOMES *et al.*, 2010; CARDOSO *et al.*, 2010; MASCHERETTI *et al.*, 2013; MUCCI *et al.*, 2016b; ALENCAR *et al.*, 2016; DE ABREU *et al.*, 2019; CUNHA *et al.*, 2020; COUTO-LIMA *et al.*, 2020; CERETTI-JUNIOR *et al.*, 2020; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2020; DE DEUS *et al.*, 2022; DE MIRANDA *et al.*, 2022; STANZANI *et al.*, 2022) evidenciaram essa mesma tendência. Entretanto, tendência contrária foi encontrada em outros biomas, por exemplo em áreas de Cerrado ou com maior influência deste bioma (OBARA *et al.*, 2012; SANTOS & BORGES, 2015; ALENCAR *et al.*, 2018; PINHEIRO *et al.*, 2019; MUCCI *et al.*, 2022) e na região Amazônica (PINTO *et al.*, 2009; CONFALONIERI & COSTA-NETO, 2012; HENDY *et al.*, 2020), onde, excetuando-se poucos estudos (por exemplo, CARVALHO *et al.*, 1997 e LIRA-VIEIRA *et al.*, 2013), *Hg. janthinomys/capricornii* foi mais abundante do que *Hg. leucocelaenus*. Portanto, essa questão precisa ainda ser melhor investigada, já que essa diferença no número de indivíduos e/ou na distribuição da espécie pode ser influenciada pela fitofisionomia em questão (i.e., as diferentes fitofisionomias do Cerrado e da Mata Atlântica), pelo tipo de armadilha utilizado (RIBEIRO *et al.*, 2012; ALENCAR *et al.*, 2016; DE DEUS *et al.*, 2022; MUCCI *et al.*, 2022) e também pelo local onde as coletas são feitas (VIEIRA *et al.*, 2020), já que ambas as espécies tendem a ocupar diferentes estratos da vegetação, com *Hg. leucocelaenus* ocupando ambos os estratos, mas preferencialmente os inferiores e ao nível do solo, enquanto *Hg. janthinomys/capricornii* tende a ocupar primordialmente os estratos superiores (PINTO *et al.*, 2009; LIRA-VIEIRA *et al.*, 2013; DE DEUS *et al.*, 2022; MUCCI *et al.*, 2022; STANZANI *et al.*, 2022), tornando a coleta do primeiro mais fácil de ser feita.

Apesar de *Hg. janthinomys/capricornii* parecer ter importância vetorial secundária na Mata Atlântica, devido à sua aparente baixa abundância e distribuição, sabe-se que sua densidade, abundância e distribuição podem aumentar consideravelmente durante os períodos de surto de febre amarela, como ocorreu na região sudeste do país no surto de 2016 - 2021 (DE ABREU *et al.*, 2019, DE ABREU *et al.*, 2022). Além disso, devido à sua elevada susceptibilidade ao vírus (VASCONCELOS, 2003), esses mosquitos podem alcançar altas taxas de infecção (DE ABREU *et al.*, 2019), principalmente em áreas de vegetação menos densa e com menor diversidade de mosquitos (DE ABREU *et al.*, 2019; DE ABREU *et al.*, 2022), o que, somado ao seu hábito primatófilo (ALENCAR *et al.*, 2005; MUCCI *et al.*, 2015), o torna um dos mais importantes vetores da febre amarela no bioma, especialmente quando em abundância elevada (DE ABREU *et al.*, 2019). De fato, houve uma aparente associação positiva entre a abundância dos vetores aqui estudados, particularmente de *Hg. janthinomys/capricornii*, com o epicentro das epizootias do ano de 2008 (CVE/SESSP, 2008; MORENO *et al.*, 2011; MUCCI *et al.*, 2016).

Quanto à relação da abundância das espécies com a estrutura da paisagem, para *Hg. leucocelaenus* ficou evidente a relação com o ambiente florestal, já que os quatro melhores modelos selecionados para a espécie incluíram exclusivamente essa variável em diferentes escalas (1,0 a 2,5 km). Além disso, essas variáveis foram as mais importantes para explicar a abundância da espécie, sempre evidenciando uma relação positiva entre a cobertura florestal e a abundância. O outro modelo selecionado incluiu, além da cobertura florestal, o número de fragmentos florestais no raio de 1 km, variável que também influenciou de forma positiva a abundância da espécie, indicando que paisagens fragmentadas, ou seja, com um maior número de fragmentos florestais, tendem a abrigar um maior número de indivíduos de *Hg. leucocelaenus*. Assim, foi observado que aumentos na cobertura florestal, porém mantendo alta fragmentação (grande número de fragmentos), contribuem para o aumento da abundância desta espécie.

É conhecido que *Hg. leucocelaenus* possui hábito silvático, sendo, portanto, dependente de ambientes florestais para cumprir seus requerimentos ecológicos, como alimentação e ovoposição. Ambientes florestais devem fornecer recursos e condições adequadas, particularmente de precipitação e umidade relativa (ALENCAR *et al.*, 2008b; GOMES *et al.*, 2010), para que a espécie prospere e aumente em abundância. Desta forma, era esperado que paisagens florestadas abrigassem elevadas abundâncias desta espécie, pelo menos em determinadas situações. Porém, vale ressaltar que esta espécie possui plasticidade ecológica, podendo se adaptar bem a áreas com

certo grau de degradação e antropização (CAMARGO-NEVES *et al.*, 2005; ALENCAR *et al.*, 2016; CERETTI-JUNIOR *et al.*, 2020; COUTO-LIMA *et al.*, 2020; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2023) e que a relação positiva com a quantidade de cobertura florestal encontrada neste estudo se deu em um raio de até 2 km do ponto de coleta. Ainda, na nossa área de estudo, considerando-se todos os raios analisados, as paisagens variaram de cerca de 1% a 63% de cobertura florestal, com média, de 15,6% (no raio de 2,5 km) a 31,9% (no raio de 500 m).

Ainda não existe conhecimento sobre a existência de limiares de quantidade de cobertura florestal em diferentes escalas da paisagem a partir dos quais ocorre aumento ou redução na abundância de *Hg. leucocelaenus*. Porém, Ilacqua e colaboradores (2021) sugerem que paisagens com valores intermediários (de 30% a 70%) de cobertura florestal são as que apresentam maiores riscos de reemergência e ocorrência de febre amarela, o que pode estar relacionado com a abundância dos vetores. Além disso, nesses valores intermediários de cobertura florestal, a tendência é que haja um aumento no número de fragmentos (FAHRIG, 2003), o que também tende a aumentar a abundância desta espécie. Portanto, uma hipótese plausível é a de que a maioria das nossas paisagens estava dentro do intervalo de cobertura florestal sugerido por Ilacqua e colaboradores (2021) e, por isso, encontramos apenas um efeito positivo da cobertura florestal sobre a abundância do vetor. Porém, é possível que esse efeito positivo ocorra em escalas espaciais pequenas e em quantidades intermediárias de cobertura florestal (este estudo), mas, em escalas mais amplas e/ou em contextos com grandes quantidades de florestas (acima de 70%), as quais não foram analisadas neste trabalho, se observe um efeito negativo da cobertura florestal sobre a abundância da espécie, já que, nessas condições, tende-se a ter um menor número de fragmentos na paisagem (FAHRIG, 2003). Assim, sugerimos o desenvolvimento de estudos que abranjam paisagens imersas em escalas espaciais maiores (acima de 2,5 km) e com cobertura florestal também acima de 70%, para que as hipóteses levantadas aqui possam ser testadas.

Com relação a *Hg. janthinomys/capricornii*, a espécie também mostrou uma forte relação positiva com o ambiente florestal e de vegetação nativa, como também era esperado, devido ao seu hábito silvático (MARCONDES & ALENCAR, 2010). Cinco dos sete modelos selecionados para *Hg. janthinomys/capricornii* incluíram essas variáveis nas escalas de 2,0 ou 2,5 km. Além disso, a segunda variável mais importante para explicar a abundância destes mosquitos, atrás apenas de porcentagem de floresta, foi porcentagem de agropecuária na paisagem, a qual influenciou de forma negativa a abundância, assim como a densidade de borda. Esses resultados sugerem que *Hg.*

janthinomys/capricornii: i) é menos abundante em paisagens mais degradadas e fragmentadas, as quais possuem menor quantidade de vegetação nativa e maior quantidade de borda (FAHRIG, 2003); ii) está mais relacionada com áreas de interior de fragmentos florestais ou de vegetação nativa; se estabelecendo em áreas mais úmidas (ALENCAR *et al.*, 2008b; ALENCAR *et al.*, 2010; ALENCAR *et al.*, 2016) e preservadas (GOMES *et al.*, 2010; MUCCI *et al.*, 2015), corroborando sua maior exigência em termos de condições ambientais do que *Hg. leucocelaenus*.

Assim como cobertura florestal, *i.e.*, de Mata Atlântica, a porcentagem de vegetação nativa (Mata Atlântica e Cerrado juntos) influenciou de forma positiva a abundância de *Hg. janthinomys/capricornii*. Essa relação evidencia uma maior relação da espécie com o bioma do Cerrado do que *Hg. leucocelaenus*, como anteriormente sugerido, e/ou que a soma dessas duas fitofisionomias oferece maior quantidade de habitats adequados para os indivíduos, como maior variedade e disponibilidade de locais para oviposição e de recursos alimentares (RIBEIRO *et al.*, 2012).

Também, como anteriormente mencionado, nossos resultados evidenciaram uma relação negativa entre a abundância de *Hg. janthinomys/capricornii* e a porcentagem de agropecuária (de forma geral, agricultura e pastagem) na paisagem, provavelmente devido à falta de condições adequadas e dos recursos necessários para o desenvolvimento e reprodução desses mosquitos nesses ambientes, como por exemplo a ausência de PNH e de ocos de árvores para oviposição. Apesar de ser conhecido que a presença de gado altera a estrutura da comunidade de Culicidae (SANTOS & BORGES, 2015) e que *Hg. janthinomys* se alimenta também de sangue bovino (ALENCAR *et al.*, 2005; MUCCI *et al.*, 2015), estudos recentes mostraram que essas áreas também fornecem grande resistência para a propagação do vírus, provavelmente devido à ecologia dos vetores (PRIST *et al.*, 2021a; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2022), indicando que de fato esses vetores não utilizam áreas de agropecuária. No entanto, poucos estudos buscaram elucidar os efeitos das mudanças no uso da terra, particularmente da conversão de áreas florestais em áreas de agropecuária, na abundância dos mosquitos vetores (LI *et al.*, 2022) e seus consequentes riscos na emergência, reemergência e risco de incidência de arbovirose em populações humanas e animais.

Áreas de bordas florestais que fazem interface com áreas de agricultura, no entanto, facilitam a propagação do vírus feita pelos mosquitos (PRIST *et al.*, 2021a; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2022). Nas últimas décadas, as principais alterações ocorridas na Mata Atlântica estão relacionadas com a conversão de vegetação nativa para áreas agropecuárias (SOUZA-JR *et al.*,

2020; ROSA *et al.*, 2021), o que aumenta a fragmentação e, conseqüentemente, a quantidade de bordas florestais na paisagem e reduz a quantidade de áreas de vegetação nativa consideradas nucleares (FAHRIG, 2003). Nossos resultados indicaram que *Hg. janthinomys/capricornii* está mais relacionado com o interior dos fragmentos florestais. Entretanto, é conhecido que essas alterações na paisagem podem impor pressões adaptativas, inclusive baseadas na disponibilidade de hospedeiros (JUNGLEN *et al.*, 2009; MEDEIROS-SOUZA *et al.*, 2017), que podem culminar na alteração de aspectos relacionados com o nicho dos mosquitos vetores (CHAVES *et al.*, 2010; MUCCI *et al.*, 2015), forçando, assim, *Hg. janthinomys* a buscar alimento ao nível do solo e em áreas mais abertas, por exemplo (ALENCAR *et al.*, 2005; MARCONDES & ALENCAR, 2010; MUCCI *et al.*, 2015; MUCCI *et al.*, 2022), onde há maiores chances de contato com humanos.

Levando em consideração que a abundância dos vetores infectados está relacionada com o risco de incidência da febre amarela (JUNGLEN *et al.*, 2009; MORENO *et al.*, 2013) e que a propagação do vírus é feita primordialmente por esses vetores (CAUSEY *et al.*, 1950; POSSAS *et al.*, 2018; PRIST *et al.*, 2021a), este estudo também reforça que áreas de borda estão associadas com um maior risco de ocorrência e reemergência da doença (ILACQUA *et al.*, 2021; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2023) e de propagação do vírus (PRIST *et al.*, 2021a; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2023). Isso porque é em paisagens fragmentadas, ou seja, com grandes quantidades de bordas florestais, que a abundância de *Hg. leucocelaenus* tem sua abundância aumentada nos fragmentos florestais, sendo neste mesmo contexto que *Hg. janthinomys/capricornii* pode sofrer pressões seletivas para alterar seus hábitos, sofrendo *spillover* para áreas mais abertas, onde há maiores possibilidades de encontro dos vetores com humanos, particularmente os trabalhadores rurais (HAMLET *et al.*, 2021; DE ABREU *et al.*, 2022). Além disso, essas áreas de bordas podem abrigar grande abundância e riqueza de outros possíveis vetores da febre amarela (WILK-DA-SILVA *et al.*, 2020), como *Aedes scapularis* (CUNHA *et al.*, 2020), *Ae. albopictus* (DAMASCENO-CALDEIRA *et al.*, 2023) e *Ae. aegypti* (HAMLET *et al.*, 2021), os quais podem ter papel na reurbanização da doença (DE ABREU *et al.*, 2019; DAMASCENO-CALDEIRA *et al.*, 2023; CRUZ *et al.*, 2023), ciclo que resulta em maior disseminação da doença para humanos do que o ciclo silvestre, devido à transmissão direta do vírus de humano para humano, através do vetor.

Outro fator que contribui para que paisagens degradadas e fragmentadas sejam áreas de maior risco para a ocorrência de febre amarela é que, além dessas áreas abrigarem menor diversidade de PNH (ESTRADA *et al.*, 2018), o que diminui o efeito de diluição do vírus nas

populações, elas podem abrigar elevado número de indivíduos do gênero *Alouatta* spp., inclusive em pequenos fragmentos florestais (BICCA-MARQUES & DE FREITAS; 2010), devido aos hábitos com tendências mais generalistas que algumas espécies desse gênero possuem (BICCA-MARQUES *et al.*, 2020). As espécies desse grupo, além de principais vítimas do vírus da febre amarela (DE AZEVEDO FERNANDES *et al.*, 2021), são também os principais amplificadores virais (CUNHA *et al.*, 2020). Desta forma, paisagens fragmentadas e degradadas podem conduzir a grandes densidades de amplificadores virais, e de mosquitos vetores, os quais podem carrear esses vírus de um hospedeiro para outro, tornando o vírus mais prevalente nas populações de ambos, vetores e hospedeiros (MBORA & MCPPEEK, 2009).

5.2. Escala de efeito para os vetores

A escala mais importante para explicar a abundância de *Hg. leucocelaenus* foi de 2,0 km, seguida pela de 1,0 km, porém com baixa razão de evidência para a primeira. Além disso, para essa espécie houve modelos igualmente plausíveis nas escalas entre 1,0 e 2,5 km, indicando que a escala de efeito para a espécie deve estar entre esses valores. Já para *Hg. janthinomys/capricornii*, todos os modelos selecionados estiveram na escala de 2,0 ou 2,5 km, sendo que a escala de 2,5 km foi quase duas vezes melhor para explicar a abundância da espécie do que a segunda escala mais importante (a de 2,0 km).

Estudos indicam que a distância máxima de dispersão de *Hg. leucocelaenus* é de cerca de 5,7 km (CAUSEY *et al.*, 1950; CONSOLI & OLIVEIRA, 1994; MARCONDES & OLIVEIRA, 2010) e para *Hg. janthinomys/capricornii* é de cerca de 11 km (CAUSEY *et al.*, 1950; HERVÉ *et al.*, 1986). Jackson e Fahrig (2012) sugerem que a escala de efeito para uma determinada espécie é de 0,3 a 0,5 vezes sua distância máxima de dispersão. Utilizando esses cálculos, a escala de efeito para *Hg. leucocelaenus* estaria entre 1,7 e 2,8 km e, para *Hg. janthinomys/capricornii*, entre 3,3 e 5,5 km. Assim, uma limitação deste estudo é que, para evitar grande sobreposição dos dados devido à distância mínima entre dois pontos de coleta, não foi possível utilizar um raio de análise maior, o que poderia ter revelado uma escala de efeito maior e mais acurada para *Hg. janthinomys/capricornii*. Entretanto, de forma coerente, foi encontrado que a escala de efeito para *Hg. janthinomys/capricornii* é maior (ficou nos maiores valores possíveis, principalmente, de 2,5 km) do que para *Hg. leucocelaenus*, devido à maior capacidade de dispersão do primeiro. Já para

Hg. leucocelaenus, a escala de efeito observada (entre 1,0 e 2,5 km) foi coerente com a hipotética (entre 1,7 e 2,8 km).

Schäfer e colaboradores (2006), em um estudo feito em pântanos (*wetlands*) da Suécia, encontraram que a cobertura florestal influenciou as populações de mosquitos da família Culicidae principalmente no maior raio utilizado no estudo (3 km), o que é condizente com os resultados que encontramos. Por outro lado, Alencar e colaboradores (2018) encontraram uma possível relação da cobertura florestal do entorno próximo (raio de 100 m, o menor utilizado no estudo) com a composição e estrutura da comunidade de *Haemagogus* e *Sabethes* no Cerrado (Chapada dos Guimarães – MT). Ao menos três explicações para essa divergência são possíveis. A primeira é que a escala de efeito para as populações das espécies de Culicidae varia conforme o bioma, como sugerido por Alencar e colaboradores (2018). A segunda é que estes autores avaliaram a estrutura de três paisagem e apenas nos raios de 100, 250 e 1000 m, ou seja, escalas inferiores às encontradas neste estudo e também por Schäfer e colaboradores (2006). Assim, a escala de efeito para as populações de mosquitos no cerrado brasileiro pode não ter sido corretamente definida, tendo sido indicada pelos próprios autores a necessidade de amostrar um número maior de pontos para se obter uma conclusão mais assertiva sobre o assunto (Alencar *et al.*, 2018). A terceira possibilidade vislumbrada, e a mais provável, é que fatores ambientais tanto em escalas locais (ALENCAR *et al.*, 2015; ALENCAR *et al.*, 2018; DE THOISY *et al.*, 2020; SICHES *et al.*, 2021) quanto em escalas mais abrangentes (SCHÄFER *et al.*, 2006; este estudo) influenciam a composição e a estrutura das comunidades de mosquitos (MEDEIROS-SOUZA *et al.*, 2017), modulando a abundância relativa das diferentes espécies. Essa discussão reforça a necessidade de se levar em consideração traços biológicos das espécies, particularmente de mobilidade (JACKSON & FAHRIG, 2012, 2015), na escolha das escalas de estudo, para que dados e informações sobre as espécies possam ser acuradamente definidos (PRADO, 2015).

5.3. Corredores ecológicos e áreas de risco de disseminação da febre amarela

A abundância extrapolada de *Hg. leucocelaenus* e de *Hg. janthinomys/capricornii* apresentou uma grande diferença de valores máximos, com a abundância do primeiro atingindo valores maiores do que 6 indivíduos/m², enquanto a do segundo teve como valor máximo algo em torno de 0,02 indivíduos/m², fazendo com que os termos “alta”, “média” e “baixa” abundância utilizados ao longo desta discussão sejam estritamente relativos à cada espécie. Independente dessa

discrepância de valores, as maiores abundâncias para ambas as espécies foram estimadas para áreas com grande quantidade de vegetação natural, como da região sul a leste do estado de São Paulo, na faixa em que se estende a Serra do Mar, do Vale do Ribeira ao Vale do Paraíba; na periferia da região metropolitana de São Paulo; ao norte desta região, onde está situada a Serra da Cantareira; no Parque Estadual do Morro do Diabo, no extremo oeste do estado; e, pontualmente, na região metropolitana de Ribeirão Preto, no norte de São Paulo. Médios a elevados valores de abundância para *Hg. janthinomys* também foram estimados para partes da região metropolitana de Campinas e, principalmente, para a região central do estado.

Um estudo de distribuição potencial de espécies do gênero *Haemagogus* para o Brasil, baseado em dados ambientais, de cobertura florestal e de desmatamento, com resolução de 1 km², mostrou ao menos média aptidão para a ocorrência de *Hg. leucocelaenus* em todo o estado de São Paulo (LI *et al.*, 2022), com maiores valores obtidos para a faixa sul a leste, que engloba a região que representa a Serra do Mar e a Serra da Cantareira, e, secundariamente, para as regiões norte, noroeste e oeste de São Paulo. Para *Hg. janthinomys* foi encontrado padrão semelhante ao do *Hg. leucocelaenus*, porém, com menor aptidão (média a baixa) estimada para a região central do estado (LI *et al.*, 2022). Outro estudo de distribuição potencial de *Hg. janthinomys* para a América do Sul, utilizando dados bioclimáticos, topográficos e de paisagem, que variaram de 250 m a 8 km de resolução, também evidenciou alta aptidão para a ocorrência de *Hg. janthinomys* na faixa sul a leste de São Paulo, abrangendo as regiões da Serra do Mar e da Cantareira, e de média a alta aptidão para o restante do estado, com exceção da região central, que apresentou baixa aptidão (CELONE *et al.*, 2022).

Considerando que a aptidão ambiental para a ocorrência de uma espécie e sua abundância podem estar fortemente correlacionadas (GUTIÉRREZ *et al.*, 2013), os achados do presente estudo estão de acordo com o observado por Li e colaboradores (2022) e por Celone e colaboradores (2022) no que diz respeito: i) às áreas de maior aptidão e de abundância estimada para as espécies estudadas estão relacionadas às Serras do Mar e da Cantareira, na faixa sul a leste do estado; ii) que todo o restante do estado mostra ao menos média aptidão para a ocorrência de *Hg. leucocelaenus*, o qual apresentou, no presente estudo, algum valor de abundância ao longo de todo o estado, mesmo que em baixo número (relativo ao máximo estimado para esta espécie, mas bastante superior ao estimado para *Hg. janthinomys/capricornii*); iii) aptidão média a alta para *Hg. janthinomys/capricornii* nas regiões norte e noroeste do estado, nas quais a espécie mostrou áreas

de elevada abundância estimada neste estudo; e iv) que o bioma Cerrado apresenta, em sua maior parte, de média a alta aptidão para ocorrência de *Hg. janthinomys*.

O presente estudo, no entanto, diferiu do trabalho de Celone e colaboradores (2022) já que o mesmo estimou de baixa a média aptidão para ocorrência para de *Hg. janthinomys* na região central do estado e o nosso modelo estimou elevada abundância para a espécie naquela região. Parte da região central do estado de São Paulo está imersa no Cerrado e, portanto, conforme evidenciado por este estudo e pela discussão apresentada acima, faz sentido que este bioma apresente maior aptidão para ocorrência desta espécie, assim como maior abundância estimada. Tal diferença pode estar relacionada com a escala de menor resolução utilizada no trabalho citado, já que a utilização de mapeamentos com resoluções grosseiras em estudos ecológicos pode fazer com que as respostas das espécies em relação ao ambiente sejam identificadas equivocadamente (TURNER *et al.* 2001; LECHNER *et al.* 2012; PRADO, 2015).

As maiores abundâncias estimadas para *Hg. leucocelaenus* e *Hg. janthinomys/capricornii* neste estudo foram encontradas na faixa sul a leste do estado de São Paulo, que compreende a Serra do Mar, uma das regiões mais biodiversas da Mata Atlântica, que é composta por vegetação nativa preservada e contínua, protegida por uma série de unidades de conservação (SÃO PAULO, 2008). Nessa mesma região foram encontrados os maiores valores de aptidão ambiental para a ocorrência de todas as espécies vetores aqui estudadas (CELONE *et al.*, 2022; LI *et al.*, 2022). No entanto, interessante, diversos estudos feitos na região da Serra do Mar, tanto em ambientes preservados quanto em áreas alteradas, seja em sua porção mais ao sul, que compreende o Vale do Ribeira (FORATTINI *et al.*, 1978a; FORATTINI *et al.*, 1978b; FORATTINI *et al.*, 1981; FORATTINI *et al.*, 1986; LAPORTA & SALLUM, 2011), na parte central, em áreas da região metropolitana de São Paulo (RIBEIRO *et al.*, 2012; BARRIO-NUEVO, 2019; CUNHA *et al.*, 2020), ou em sua porção norte, no Vale do Paraíba (GUIMARÃES *et al.*, 2000; ALENCAR *et al.*, 2010), incluindo o estado do Rio de Janeiro (ALENCAR *et al.*, 2011), encontraram baixa abundância das espécies ou mesmo a ausência de uma delas ou de ambas.

Fato semelhante ocorreu na Serra da Cantareira, ao norte da região metropolitana de São Paulo, onde há um parque estadual (Parque Estadual da Cantareira), considerado a maior floresta urbana do mundo e que possui diversos remanescentes florestais, em estágios de regeneração iniciais até mais maduros, considerados os mais importantes para a cidade de São Paulo (SÃO PAULO, 2009). Tanto para *Hg. leucocelaenus* quanto *Hg. janthinomys/capricornii* foram

estimadas áreas de média a alta abundância nesta região, que foi considerada como de alta aptidão para a ocorrência delas (CELONE *et al.*, 2022; LI *et al.*, 2022). Porém, estudos realizados no parque não encontraram exemplares de *Hg. janthinomys* (MONTES, 2005; MUCCI *et al.*, 2016b; BARRIO-NUEVO, 2019; CERETTI-JR *et al.*, 2020; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2020; ARAUJO, 2021), ou essa espécie foi encontrada em baixa abundância (DE DEUS *et al.*, 2022), e *Hg. leucocelaenus* foi encontrado em abundância que variou de baixa a moderada (MONTES, 2005; MUCCI *et al.*, 2016b; BARRIO-NUEVO, 2019; CERETTI-JR *et al.*, 2020; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2020; ARAUJO, 2021; DE DEUS *et al.*, 2022).

Uma possibilidade para esses resultados contraditórios pode estar relacionada com a maior riqueza e diversidade de espécies encontradas principalmente na região da Serra do Mar (BARRIO-NUEVO, 2019), devido ao seu maior estágio de conservação e regeneração. Por mais que a região tenha características e aptidão ambiental (CELONE *et al.*, 2022; LI *et al.*, 2022) compatíveis para abrigar uma elevada abundância dos vetores, como há um maior número espécies de mosquitos, há também um maior número de competidores pelos recursos e, com isso, há redução na abundância relativa das espécies vetores. Se esses competidores forem mais bem adaptados às condições ambientais, pode haver, inclusive, uma extinção local da espécie.

Esse fato pode ser reforçado pelas maiores abundâncias de *Hg. leucocelaenus* encontradas na Serra da Cantareira (MONTES, 2005; MUCCI *et al.*, 2016b; BARRIO-NUEVO, 2019; CERETTI-JR *et al.*, 2020; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2020; ARAUJO, 2021) do que na Serra do Mar (FORATTINI *et al.*, 1978a; FORATTINI *et al.*, 1978b; FORATTINI *et al.*, 1981; FORATTINI *et al.*, 1986; GUIMARÃES *et al.*, 2000; LAPORTA & SALLUM, 2011; ALENCAR *et al.*, 2010; ALENCAR *et al.*, 2011; RIBEIRO *et al.*, 2012; BARRIO-NUEVO, 2019; CUNHA *et al.*, 2020). Como a região onde se localiza a Serra da Cantareira é mais antropizada e modificada do que a da Serra do Mar, há um aumento na abundância de *Hg. leucocelaenus*, que é uma espécie oportunista e generalista (WILK-DA-SILVA *et al.*, 2023), com grande plasticidade ecológica (WILK-DA-SILVA *et al.*, 2020), tendendo a apresentar aumento de abundância em paisagens com nível intermediário de vegetação nativa, porém fragmentadas e degradadas (este estudo), como é a Serra da Cantareira. Já *Hg. janthinomys/capricornii*, que de uma forma geral apresenta baixa abundância em áreas de Mata Atlântica, provavelmente sendo mais relacionado com ambientes savânicos (este estudo), torna-se um fraco competidor em ambientes florestais com vegetação nativa muito densa e preservada e que abriga uma diversidade muito grande, como é a Serra do

Mar. Por outro lado, esta espécie também não apresenta aumento de abundância quando há degradação de habitat (este estudo), apresentando, portanto, baixa abundância, ou estando ausente, nessas duas situações encontradas na Mata Atlântica.

Quanto à conectividade funcional potencial, as áreas mais conectadas para as espécies estudadas foram indicadas nas regiões central e norte e na faixa que vai do sudoeste ao leste do estado, nas bordas superiores da Serra do Mar, além de áreas periféricas da região metropolitana de São Paulo e de Campinas e seus arredores, como a Serra da Cantareira. Essas regiões, ainda que amplamente fragmentadas, apresentam remanescentes de vegetação nativa com proximidade suficiente para, potencialmente, gerar conectividade funcional para os vetores. A região *core* da Serra do Mar, para a qual foi estimada as maiores abundâncias para os vetores, por outro lado, indicou baixa conectividade funcional potencial, por abrigar uma extensa área de Mata Atlântica contínua e preservada, com distância elevada entre a área *core* e os demais fragmentos. Baixa conectividade também foi evidenciada nas regiões oeste e noroeste do estado, devido à baixa quantidade de vegetação nativa nessa região (RIBEIRO *et al.*, 2009), a qual, ao longo dos anos, foi amplamente substituída por áreas de agropecuária (ROSA *et al.*, 2021), com os fragmentos remanescentes adquirindo uma composição mais esparsa, com pouca conectividade potencial para os vetores. Já a baixa conectividade observada nas áreas mais centrais das regiões metropolitanas de Campinas e, principalmente, de São Paulo, foi principalmente devido ao alto grau de urbanização do local, restando, conseqüentemente, poucos fragmentos florestais, em sua maioria isolados.

Conforme evidenciado, grande parte do estado de São Paulo propicia conectividade funcional potencial para os mosquitos, formando diversos possíveis corredores ecológicos e *stepping stones* para dispersão dos vetores e, conseqüentemente, propagação do vírus. Associando isso à abundância estimada de ambos, foram obtidas como áreas de elevado risco de propagação do vírus as regiões central e norte do estado, além da faixa sudoeste a leste, porém excluindo a área *core* da Serra do Mar, mas incluindo suas bordas superiores, em região acima do Vale do Ribeira até o Vale do Paraíba. Elevado risco também foi observado na periferia da região metropolitana de São Paulo, principalmente na sua porção leste; na região da Serra da Cantareira; e, em menor grau, em áreas da região metropolitana de Campinas e em seus arredores. As regiões oeste e noroeste do estado apresentaram baixo risco, devido à baixa abundância dos vetores e, principalmente, à baixa conectividade funcional potencial da região.

Outros trabalhos também mapearam áreas de risco ou de vulnerabilidade para a febre amarela, com o intuito de aumentar o monitoramento nessas áreas. Por exemplo, o trabalho de Li e colaboradores (2022), baseado em dados de presença dos vetores, de PNH e densidade de população humana, e o trabalho de Moreno & Barata (2011), baseado em variáveis relacionadas à ecoepidemiologia da doença. Novamente o presente trabalho converge em alguns pontos, mas diverge em outros aspectos apontados nesses trabalhos.

Os trabalhos citados indicam a faixa sul a leste do estado de SP como sendo áreas de risco alto (LI *et al.*, 2022; MORENO & BARATA, 2011) a moderado (MORENO & BARATA, 2011) para a febre amarela, o que foi semelhante a este trabalho, com exceção de que ambos os trabalhos incluíram toda a região que abrange a Serra do Mar. No presente estudo, apesar da alta abundância estimada para os vetores analisados, a região *core* da Serra do Mar, no entanto, foi classificada como de baixo risco para disseminação da febre amarela, devido à elevada extensão de mata contínua da região. Assim, mesmo que os vetores de fato apresentassem elevada abundância na região – o que aparentemente não ocorre (*e.g.*, FORATTINI *et al.*, 1978a; FORATTINI *et al.*, 1978b; FORATTINI *et al.*, 1981; FORATTINI *et al.*, 1986; GUIMARÃES *et al.*, 2000; LAPORTA & SALLUM, 2011; ALENCAR *et al.*, 2010; ALENCAR *et al.*, 2011; RIBEIRO *et al.*, 2012; BARRIO-NUEVO, 2019; CUNHA *et al.*, 2020), eles teriam dificuldade de se dispersarem, já que áreas *core* de ambientes florestais impõem limitações à propagação do vírus feita pelos mosquitos (PRIST *et al.*, 2021a; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2022). Por outro lado, as bordas da Serra do Mar, principalmente as superiores, apresentaram elevado risco de dispersão dos vetores, corroborando com estudos que indicam que áreas de borda, que são provenientes da fragmentação do habitat (FAHRIG, 2003), são propícias à propagação do vírus (PRIST *et al.*, 2021a; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2023) e estão associadas com um maior risco de ocorrência e reemergência da doença (ILACQUA *et al.*, 2021; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2023).

Outro ponto de discordância com os estudos citados anteriormente é que ambos incluíram a parte central da região metropolitana de São Paulo, composta por municípios altamente urbanizados, que além da cidade de São Paulo, inclui Guarulhos, Santo André, Diadema, entre outras, na categoria de alto risco. No presente trabalho, no entanto, essas áreas foram classificadas como de baixo risco para a disseminação da doença, devido à baixa abundância estimada dos vetores e à baixa conectividade potencial encontrada. Além disso, o trabalho de Li e colaboradores (2022) apontou o oeste e noroeste do estado como áreas de elevado risco para a febre amarela,

enquanto o presente estudo identificou essas regiões como de baixo risco, também devido à baixa abundância geral dos vetores e à baixa conectividade dessas regiões, que são amplamente dominadas por áreas agropecuárias.

Estudos recentes têm mostrado a importância de barreiras naturais, como vegetação nativa preservada (PRIST *et al.*, 2021a; LACERDA *et al.*, 2021) e cadeia de montanhas como a Serra do Mar (RIBEIRO *et al.*, 2023), e de áreas altamente antropizadas e modificadas, por exemplo áreas de agropecuária e grandes centros urbanos (PRIST *et al.*, 2021a; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2022; HILL *et al.*, 2022), para limitar a propagação do vírus, por restringir o movimento dos mosquitos vetores. Os nossos resultados reforçam esses achados.

A porção leste e ao norte da região metropolitana de São Paulo foram indicadas como áreas de elevado risco para disseminação da febre amarela. Na região ao norte se situa a Serra da Cantareira, que foi considerada uma das principais rotas de entrada do vírus na cidade de São Paulo no surto de 2016 - 2021 (FIORAVANTI, 2018; CUNHA *et al.*, 2019b; HILL *et al.*, 2020). Além disso, em seu entorno está a maioria dos municípios nos quais houve o maior número de epizootias e casos humanos que acometeu a faixa leste do estado, como Mairiporã, Atibaia, Bragança Paulista e Jundiaí (LACERDA *et al.*, 2021). A parte leste da região metropolitana de São Paulo, a qual também apresentou elevado risco de dispersão dos vetores, é contígua à região administrativa do Vale do Paraíba e litoral norte de São Paulo, na qual também foram identificados casos da doença no último surto (LACERDA *et al.*, 2021; HILL *et al.*, 2022).

Risco moderado foi identificado em algumas áreas da região metropolitana de Campinas e em seus arredores. Após os casos ocorridos nas regiões noroeste e norte do estado em 2016, casos começaram a surgir na região de Campinas (CUNHA *et al.*, 2019a, HILL *et al.*, 2020). Alguns autores relataram que o vírus teria chegado a essa região a partir do estado de Minas Gerais (DE SOUZA *et al.*, 2019; DELATORRE *et al.*, 2019; CUNHA *et al.*, 2019b; RIBEIRO *et al.*, 2023; GIOVANETTI *et al.*, 2023). Entretanto, outros estudos sugerem que o vírus que atingiu essa região pode ter tido origem dos casos ocorridos no noroeste e norte do estado (HILL *et al.*, 2020; HILL *et al.*, 2022). Conforme evidenciado no presente estudo, há conectividade funcional potencial associada a elevada abundância dos vetores, formando corredores principalmente pelas regiões central e norte do estado, que podem propiciar a dispersão dos mosquitos e, conseqüentemente, a propagação do vírus conforme descrito nos estudos citados acima, não excluindo, ainda, a possibilidade do vírus ter utilizado as duas rotas concomitantemente.

Um fator que chama a atenção é o elevado risco de propagação do vírus da febre amarela próximo a grandes centros urbanos, como em alguns municípios que fazem parte da região metropolitana de São Paulo e de Campinas. Isso traz um elevado risco de reurbanização da doença, já que nos remanescentes florestais dessas regiões são encontrados diversos outros possíveis vetores da febre amarela (WILK-DA-SILVA *et al.*, 2020), como *Aedes scapularis* (CUNHA *et al.*, 2020), *Ae. albopictus* (DAMASCENO-CALDEIRA *et al.*, 2023), *Ae. aegypti* (HAMLET *et al.*, 2021) e *Psorophora ferox* (Cunha *et al.*, 2020), assim como diversas espécies de PNH susceptíveis ao vírus.

Além disso, diversos locais nos quais o risco de propagação do vírus da febre amarela foi considerado elevado são áreas de ocorrência de populações do gênero *Alouatta* spp., grupo mais fortemente impactado pela doença (DE AZEVEDO FERNANDES *et al.*, 2021) e composto por espécies altamente sensíveis ao vírus. Por exemplo, na faixa sul a leste do estado, na qual há ocorrência da espécie *A. guariba clamitans*, considerada “Vulnerável” pela Lista Vermelha de Espécies Ameaçadas de Extinção da IUCN (BUSS *et al.*, 2021), e na região norte do estado, onde ocorre *A. caraya*, classificado como “Quase Ameaçado” pela IUCN (BICCA-MARQUES *et al.*, 2021). A febre amarela tem taxa mortalidade que chega a 90% para o gênero (DUCHIADE, 2018). Assim, o surto de 2016 – 2021 impactou de forma bastante pronunciada algumas populações dessas espécies no território paulista, principalmente de *A. guariba clamitans* (FIORAVANTI, 2018; ALDANO, 2020), colocando-as em risco de extinção ainda maior (BICCA-MARQUES *et al.*, 2017), já que a redução no número de indivíduos causada pela doença pode afetar suas taxas de crescimento populacional (DE AZEVEDO FERNANDES *et al.*, 2021).

Nas mesmas regiões citadas anteriormente, também ocorrem as espécies *Callithrix aurita*, conhecida como sagui-da-serra-escuro, a qual está classificada como “Ameaçada” (EN) pela lista da IUCN (DE MELO *et al.*, 2021), e *Callicebus nigrifrons*, popularmente conhecido como sauá e classificado como “Quase Ameaçado” (NT) pela mesma lista (JERUSALINSKY *et al.*, 2020). Apesar dos gêneros *Callithrix* spp. e *Callicebus* spp. aparentemente terem menor suscetibilidade à febre amarela do que o gênero *Alouatta* spp. (CUNHA *et al.*, 2019a; DE AZEVEDO FERNANDES *et al.*, 2021), o declínio populacional causado pela doença nessas espécies pode ser considerável e preocupante (BERTHET *et al.*, 2021). Por exemplo, no último surto da doença, houve uma redução de cerca de 80% em uma das populações de *C. nigrifrons* no estado de Minas Gerais (BERTHET *et al.*, 2021). Desta forma, o elevado risco de propagação do vírus na área de ocorrência dessas

espécies levanta um alerta quanto à conservação delas e de outras espécies de primatas não humanos (BICCA-MARQUES *et al.*, 2017).

5.4. Implicações epidemiológicas e conclusões

A Mata Atlântica permaneceu indene à febre amarela por ao menos seis décadas (VASCONCELOS, 2010; MASCHERETTI *et al.*, 2013), sofrendo com os eventos cíclicos de reintrodução do vírus que ocorreram a partir dos anos 2000. Esses eventos impactaram as populações humanas residentes no bioma, particularmente devido à ausência de recomendação ou baixa cobertura vacinal (POSSAS *et al.*, 2018; LACERDA *et al.*, 2021), e foram devastadores para diversas populações de PNH, algumas das quais são de espécies ameaçadas de extinção e que, portanto, são de maior interesse para a conservação.

A reemergência da febre amarela na Mata Atlântica pode ter sido ocasionada pelas alterações que o bioma tem sofrido nas últimas décadas (WILCOX & ELLIS, 2006; POSSAS *et al.*, 2018; PRIST *et al.*, 2021a; WILK-DA-SILVA *et al.*; 2022), decorrentes, principalmente, da conversão da vegetação nativa para atividades agropecuárias (SOUZA-JR *et al.*, 2020; ROSA *et al.*, 2021), além das mudanças do clima em ampla escala (SACCHETTO *et al.*, 2020; ROSSER *et al.*, 2022). Entretanto, o estudo sobre os impactos das mudanças de uso da Mata Atlântica na comunidade de mosquitos da família Culicidae e, especialmente, nas populações dos principais vetores da febre amarela ainda é incipiente. Assim, para que medidas de manejo mais assertivas possam ser tomadas, visando uma redução no número de casos em humanos e também de epizootias, são fundamentais estudos que tragam informações sobre como e em qual escala essas alterações na paisagem influenciam cada um dos fatores relacionados com o risco de ocorrência e reemergência da doença, tais como o tamanho populacional dos vetores, a prevalência do vírus nas diferentes populações envolvidas no ciclo de transmissão e o potencial de propagação do vírus pelos vetores, com os possíveis corredores de dispersão utilizados por estes.

Os resultados deste estudo trazem alguma luz a estas questões. Eles indicam que a perda e a fragmentação da Mata Atlântica, com a formação de paisagens com níveis intermediários de vegetação nativa e grande número de fragmentos, tendem a contribuir com o aumento da abundância de *Hg. leucocelaenus*, um dos principais vetores da febre amarela na Mata Atlântica e que é amplamente distribuído pelo bioma, e podem conduzir a alterações de nicho de *Hg. janthinomys/capricornii*, resultando no *spillover* da espécie para áreas com maior contato com

seres humanos e outros hospedeiros. Com isso, essas paisagens se tornam altamente patogênicas (LAMBIN *et al.*, 2010), ou seja, com maior propensão à reemergência e ocorrência da doença, devido: à maior abundância dos vetores associada a áreas com grande conectividade para os mesmos, possibilitando a propagação do vírus por longas distâncias; à maior taxa de infecção desses mosquitos pelo vírus (DE ABREU *et al.*, 2019; RIBEIRO *et al.*, 2023); e à maior frequência de encontro dos vetores com seres humanos em paisagens fragmentadas e, especialmente, agrícolas (HAMLET *et al.*, 2021).

Além disso, como resultado do processo de fragmentação (FAHRIG, 2003), essas paisagens tendem a possuir grande quantidade de bordas florestais e fragmentos que podem estar relativamente próximos uns dos outros. Estudos indicam que o risco de ocorrência de febre amarela está associado com paisagens com >80 m/ha de bordas florestais (ILACQUA *et al.*, 2021) e que a propagação do vírus se dá preferencialmente pelas bordas que fazem interface com áreas de agricultura (PRIST *et al.*, 2021a). Já que os vetores possuem boa capacidade de locomoção (~6 a 11 km ao longo de suas vidas; CAUSEY *et al.*, 1950; CONSOLI & OLIVEIRA, 1994), a distância de propagação do vírus através dos mosquitos em São Paulo gira em torno de 1 km/dia (DE SOUZA *et al.*, 2019; HILL *et al.*, 2020; PRIST *et al.*, 2021a; LACERDA *et al.*, 2021), podendo ser facilitada e aumentada pela presença de estradas e/ou correntes de vento (DE ALMEIDA *et al.*, 2018; PRIST *et al.*, 2021a). Assim, as paisagens fragmentadas de São Paulo apresentam todas as características que resultam em um elevado risco de reemergência, ocorrência e disseminação da doença (PRIST *et al.*, 2021a; ILACQUA *et al.*, 2021; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2022; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2023), principalmente em suas regiões central, norte e em toda a faixa de borda da Serra do Mar, que engloba boa parte do sudoeste ao leste do estado, e na Serra da Cantareira, inclusive em áreas próximas a grandes centros urbanos, aumentando, assim, a preocupação com o retorno do ciclo urbano da doença.

Como a abundância dos principais vetores do vírus da febre amarela na Mata Atlântica se mostrou relacionada com áreas com grande quantidade de vegetação nativa, seria esperado que paisagens que possuem maior cobertura florestal estivessem associadas com maior risco ocorrência da doença e de propagação do vírus, devido à maior abundância de vetores e à maior conexão entre os fragmentos (FAHRIG, 2003). Entretanto, áreas que possuem vegetação nativa mais preservada também tendem a abrigar maior diversidade de espécies de mosquitos (MEDEIROS-SOUZA *et al.*, 2017; BARRIO-NUEVO, 2019; CÂMARA *et al.*, 2020; CERETTI-JUNIOR *et al.*, 2020;

STANZANI *et al.*, 2022) e de hospedeiros vertebrados (PRIST *et al.*, 2012), inclusive de PNH (ESTRADA *et al.*, 2018), o que proporciona o efeito de diluição (SCHMIDT & OSTFELD, 2001). O princípio por trás deste conceito é que, quando há maior diversidade de espécies hospedeiras (mosquitos e PNH), há menor chance de transmissão do vírus entre as populações de espécies altamente competentes (por exemplo, algumas do gênero *Haemagogus*), devido à menor dominância dessas espécies na comunidade e à presença de diversos outros hospedeiros incompetentes, ou seja, que apresentam maior resistência ao desenvolvimento e à proliferação do vírus. Sendo assim, mesmo que nessas paisagens mais preservadas e com maior cobertura florestal houvesse relativamente um maior número de vetores - o que aparentemente não acontece (FORATTINI *et al.*, 1978a; FORATTINI *et al.*, 1978b; FORATTINI *et al.*, 1981; FORATTINI *et al.*, 1986; GUIMARÃES *et al.*, 2000; LAPORTA & SALLUM, 2011; ALENCAR *et al.*, 2010; ALENCAR *et al.*, 2011; RIBEIRO *et al.*, 2012; BARRIO-NUOVO, 2019; CUNHA *et al.*, 2020) - e de PNH, a prevalência do vírus nessas populações tenderia a ser menor (DE ABREU *et al.*, 2019; DE ABREU *et al.*, 2022; RIBEIRO *et al.*, 2023), diminuindo a chance de ocorrência da doença. Também, nessas áreas com maior cobertura florestal há menos bordas florestais (FAHRIG, 2003) e maior quantidade de área *core*, o que dificulta a propagação do vírus pela paisagem (PRIST *et al.*, 2021a; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2022).

Conforme evidenciado, a manutenção e recuperação de áreas florestais é fundamental para evitar novos surtos de febre amarela, já que essas áreas provêm o importante serviço ecossistêmico de regulação de doenças zoonóticas (KEESING *et al.*, 2010). Um estudo recente (PRIST *et al.*, 2021b) mostrou que se a Mata Atlântica fosse restaurada conforme exigido por Lei (Código Florestal de 2012), haveria uma redução de cerca de 45% na chance de transmissão de hantavirose, uma zoonose transmitida por roedores. Resultado parecido poderia ser encontrado para a febre amarela, entretanto, no caso específico desta doença, a restauração deveria ser pensada de forma a se conduzir a paisagens com grande quantidade de vegetação nativa (acima de 70%), alocada em grandes fragmentos distantes uns dos outros, já que pequenos fragmentos isolados em uma matriz agrícola podem servir como *stepping stones* para a propagação do vírus, enquanto áreas *core* de fragmentos dificultam essa propagação (PRIST *et al.*, 2021a; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2022; este estudo). Essa conformação contribuiria para: i) diminuir a abundância de *Hg. leucocelaenus*, que tende a ter maior abundância em paisagens com quantidade intermediária de cobertura florestal e com grande número de fragmentos; ii) propiciaria que *Hg. janthinomys/capricornii* mantivesse os

aspectos de seu nicho e permanesse no interior dos fragmentos florestais, onde as chances de contato com humanos são menores; iii) propiciaria um maior efeito de diluição, fazendo com que a prevalência do vírus nas populações de vetores e hospedeiros competentes fosse menor, reduzindo, assim, as chances de ocorrência de epizootias e, conseqüentemente, de amplificação viral; e iv) propiciaria menor quantidade de borda na paisagem e maior quantidade de áreas *core*, diminuindo, assim, a propagação do vírus para outras áreas.

Finalmente, baseado nos resultados deste trabalho, o manejo proposto das paisagens para se evitar a disseminação da febre amarela deveria ser pensado através de uma perspectiva multiescalar, levando-se em consideração que escalas locais podem influenciar a comunidade de mosquitos (ALENCAR *et al.*, 2015; MEDEIROS-SOUZA *et al.*, 2017; ALENCAR *et al.*, 2018; DE THOISY *et al.*, 2020), que grandes escalas (acima de 2,0 km) são as que mais influenciam a abundância dos vetores e que a paisagem, com suas diferentes composições e configurações, modula não só a abundância dos vetores, mas também propagação do vírus feita pelos mosquitos (PRIST *et al.*, 2021a; WILK-DA-SILVA *et al.*, 2022), além de outros aspectos relacionados com a ocorrência da doença (PATZ *et al.*, 2004; LABIM *et al.*, 2010).

Neste contexto, seria fundamental a inclusão da análise de paisagens na rotina dos serviços de vigilância epidemiológica e saúde animal para se estimar com mais precisão as potenciais rotas de disseminação da febre amarela, levando-se em consideração essa abordagem multiescalar. Quanto ao manejo da paisagem, uma estratégia e/ou tomada de decisão seria o estímulo para criação de novas Unidades de Conservação de Proteção Integral que cobrissem amplas áreas do bioma e não permitissem a sua fragmentação, formando, assim, grandes áreas *core* nos fragmentos, as quais dificultam a propagação do vírus (PRIST *et al.*, 2021a).

Diante do exposto, podemos concluir que os resultados deste estudo reforçam a necessidade de adoção de um olhar diferencial por parte dos profissionais de saúde e de conservação da fauna no planejamento de ações mitigadoras e de diagnóstico/dimensionamento dos impactos da febre amarela em níveis locais, sub-regionais e regionais, pois cada padrão de arranjo de paisagens fragmentadas implica em diferentes possibilidades, intensidades e velocidades de propagação do vírus da febre amarela na região extra-amazônica, considerada, ainda, não endêmica. Além disso, sustenta a necessidade de serem tomadas medidas que impeçam ou diminuam o desmatamento e a degradação das paisagens da Mata Atlântica, e também que incentivem a regeneração e restauração florestal em arranjos espaciais menos fragmentados, para que possam ser evitados, minimizados

ou restringidos novos surtos de febre amarela, que é uma doença que tem um elevado grau de mortalidade em primatas, humanos e não humanos, no Brasil. Além disso, a relação existente entre maior biodiversidade com menor risco de ocorrência de zoonoses, evidenciada em diversos estudos, é um fator que aumenta a importância de se conservar os ecossistemas terrestres, como as florestas tropicais.

6. Referências Bibliográficas

- ALDANO, M. Bugios se reproduzem em cativeiro após febre amarela matar quase 80% dos macacos na Serra da Cantareira em SP. **G1**, São Paulo, 09 de out. de 2020. Disponível em: <https://g1.globo.com/sp/sao-paulo/noticia/2020/10/09/bugios-se-reproduzem-em-cativeiro-apos-febre-amarela-matar-quase-80percent-dos-macacos-na-serra-da-cantareira-em-sp.ghtml>. Acesso em: 20 de out. de 2023.
- ALENCAR, J. *et al.* Feeding patterns of *Haemagogus janthinomys* (Diptera: Culicidae) in different regions of Brazil. **Journal of Medical Entomology**, v. 42, p. 981–985, 2005. [https://doi.org/10.1603/0022-2585\(2005\)042\[0981:FPOHJD\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1603/0022-2585(2005)042[0981:FPOHJD]2.0.CO;2).
- ALENCAR, J. *et al.* Feeding patterns of *Haemagogus capricornii* and *Haemagogus leucocelaenus* (Diptera: Culicidae) in two Brazilian states (Rio de Janeiro and Goiás). **Journal of Medical Entomology**, v. 45, n. 5, p. 873–876, 2008a. DOI:10.1603/0022-2585(2008)45[873:FPOHCA]2.0.CO;2.
- ALENCAR, J. *et al.* Circadian and seasonal preferences for hematophagy among *Haemagogus capricornii*, *Hg. janthinomys*, and *Hg. leucocelaenus* (Diptera: Culicidae) in different regions of Brazil. **Journal of Vector Ecology**, v. 33, no. 2, p. 389–392, 2008b. <https://doi.org/10.3376/1081-1710-33.2.389>.
- ALENCAR, J. *et al.* Influence of climatic factors on the population dynamics of *Haemagogus janthinomys* (Diptera: Culicidae), a vector of sylvatic yellow fever. **Entomological News**, v. 121, n. 1, p. 45–52, 2010. <http://dx.doi.org/10.3157/021.121.0109>.
- ALENCAR, J. *et al.* Biodiversity and times of activity of mosquitoes (Diptera: Culicidae) in the biome of the Atlantic Forest in the state of Rio de Janeiro, Brazil. **Journal of Medical Entomology**, v. 48, n. 2, p. 223–231, 2011. <https://doi.org/10.1603/ME09214>.
- ALENCAR, J. *et al.* Culicidae community composition and temporal dynamics in Guapiaçu Ecological Reserve, Cachoeiras de Macacu, Rio de Janeiro, Brazil. **PLoS ONE**, v. 10, n. 3, 2015. <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0122268>.
- ALENCAR, J. *et al.* Diversity of yellow fever mosquito vectors in the Atlantic Forest of Rio de

- Janeiro, Brazil. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 49, n. 3, p. 351–356, 2016. <https://doi.org/10.1590/0037-8682-0438-2015>.
- ALENCAR, J. *et al.* Distribution of *Haemagogus* and *Sabethes* species in relation to forest cover and climatic factors in the Chapada dos Guimarães National Park, state of Mato Grosso, Brazil. **Journal of the American Mosquito Control Association**, v. 34, n. 2, p. 85–92, 2018. <https://doi.org/10.2987/18-6739.1>.
- ANDRADE, M. de S. *et al.* Real-time genomic surveillance during the 2021 re-emergence of the yellow fever virus in Rio Grande do Sul state and Brazil. **Viruses**, v. 13, n. 10, p. 1–12, 2021. <https://doi.org/10.3390/v13101976>.
- ARAÚJO, A. B. **Investigação dos culicídeos potencialmente associados à transmissão de febre amarela silvestre no Parque Estadual da Cantareira – Núcleo Engordador, São Paulo, Brasil**. 2021. 151 p. Dissertação (Mestrado Profissional em Entomologia em Saúde Pública) - Faculdade de Saúde Pública, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2021.
- BARNETT, E. D. Yellow fever: epidemiology and control. **Clin Infect Dis**, v. 44, p. 850-856, 2004. DOI: 10.1086/511869.
- BARRIO-NUEVO, K. M. **Estudo da fauna de mosquitos (Diptera: Culicidae) com simultânea investigação de infecção natural por *Flavivirus* em duas Unidades de Conservação da Mata Atlântica, Estado de São Paulo**. 2019. 134 p. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Faculdade de Saúde Pública, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2019.
- BARTON, K. MuMIn: **Multi-model inference**. R package version 1.10.0. 2014. <http://CRAN.R-project.org/package=MuMIn>.
- BENCHIMOL, J. L. **Febre amarela: a doença e a vacina, uma história inacabada**. Rio de Janeiro: Editora FIOCRUZ, 2001. 470 p. ISBN 85-85676-98-1.
- BERTHET, M. *et al.* Dramatic decline in a titi monkey population after the 2016–2018 sylvatic yellow fever outbreak in Brazil. **American Journal of Primatology**, v. 83, n. 12, p. 1–14, 2021. DOI: 10.1002/ajp.23335.
- BICCA-MARQUES, J. Outbreak of yellow fever affects howler monkeys in southern Brazil. **Oryx**, v. 43, n. 2, p. 173, 2009.
- BICCA-MARQUES, J. C.; DE FREITAS, D. S. The role of monkeys, mosquitoes, and humans in the occurrence of a yellow fever outbreak in a fragmented landscape in south Brazil: Protecting howler monkeys is a matter of public health. **Tropical Conservation Science**, v. 3, n. 1, p. 78-89, 2010. <https://doi.org/10.1177/194008291000300107>.
- BICCA-MARQUES, J. C. *et al.* Yellow fever threatens Atlantic Forest primates. **Science Advances**, v. 3, n. 1, p. e1600946, 2017. DOI: 10.1126/sciadv.1600946.

- BICCA-MARQUES, J. C.; CHAVES, O. M.; HASS, G. P. Howler monkey tolerance to habitat shrinking: Lifetime warranty or death sentence? **American Journal of Primatology**, v. 82, n. 4, p. 1–9, 2020. <https://doi.org/10.1002/ajp.23089>.
- BICCA-MARQUES, J. C. *et al.* *Alouatta caraya* (amended version of 2020 assessment). **The IUCN Red List of Threatened Species**, 2021: e.T41545A190414715. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2021-1.RLTS.T41545A190414715.en>.
- BONALDO, M. C. *et al.* Genome analysis of yellow fever virus of the ongoing outbreak in Brazil reveals polymorphisms. **Memorias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 112, n. 6, p. 447–451, 2017. <https://doi.org/10.1590/0074-02760170134>.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Situação Epidemiológica das Zoonoses de Interesse à Saúde Pública. **Boletim Eletrônico Epidemiológico**, v. 9, n. 1, 2009.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Reemergência da Febre Amarela Silvestre no Brasil, 2014/2015: situação epidemiológica e a importância da vacinação preventiva e da vigilância intensificada no período sazonal. **Boletim Eletrônico Epidemiológico**, v. 46, n. 29, p. 1-10, 2015.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Emergência epidemiológica de febre amarela no Brasil, no período de dezembro de 2016 a julho de 2017. **Boletim Eletrônico Epidemiológico**, v. 48, n. 28, p. 1-22, 2017.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Vigilância em saúde no Brasil 2003/2019: da criação da Secretaria de Vigilância em Saúde aos dias atuais. **Boletim Eletrônico Epidemiológico**. n. 50 (n.esp.), p. 1-154, 2019.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Situação epidemiológica da febre amarela no monitoramento 2019/2020. **Boletim Eletrônico Epidemiológico**, v. 51, n. 46, p. 8-19, 2020.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Situação epidemiológica da febre amarela: monitoramento 2020/2021. **Boletim Eletrônico Epidemiológico**, v. 52, n. 31, p. 20-31, 2021.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Monitoramento dos casos de arboviroses até a semana epidemiológica 51 de 2022. **Boletim Eletrônico Epidemiológico**, v. 53, n. 48, p. 1-14, 2022.
- BURKETT-CADENA, N. D.; VITTOR, A. Y. Deforestation and vector-borne disease: Forest conversion favors important mosquito vectors of human pathogens. **Basic Appl Ecol.**, v. 26, n. 20, p. 101–110, 2018. <https://doi.org/10.1016/j.baae.2017.09.012>.

- BURNHAM, K. P.; ANDERSON, D. R. **Model selection and multimodel inference: a practical information-theoretic approach**. 2nd edn. New York: Springer, 2002.
- BURNHAM, K. P.; ANDERSON, D. R. Multimodel inference: understanding AIC and BIC in model selection. **Sociological Methods & Research**, v. 33, p. 261-304, 2004. DOI: 10.1177/0049124104268644.
- BUSS, G. *et al.* *Alouatta guariba* ssp. *clamitans* (amended version of 2020 assessment). **The IUCN Red List of Threatened Species**, 2021: e.T39918A190419216. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2021-1.RLTS.T39918A190419216.en>.
- CÂMARA, D. C. P. *et al.* Diversity of mosquito (Diptera: Culicidae) vectors in a heterogeneous landscape endemic for arboviruses. **Acta Tropica**, v. 212, junho, p. 105715, 2020. DOI: 10.1016/j.actatropica.2020.105715.
- CAMARGO-NEVES, V. L. F. de *et al.* Entomological investigation of a sylvatic yellow fever area in São Paulo State, Brazil. **Cadernos de saúde pública**, v. 21, n. 4, p. 1278–1286, 2005. <https://doi.org/10.1590/S0102-311X2005000400031>.
- CARDOSO, J. da C. *et al.* Yellow fever virus in *Haemagogus leucocelaenus* and *Aedes serratus* mosquitoes, Southern Brazil, 2008. **Emerging Infectious Diseases**, v. 16, n. 12, p. 1918–1924, 2010. <https://doi.org/10.3201/eid1612.100608>.
- CARVALHO, M. E. S. D., *et al.* Distribuição Vertical de mosquitos dos gêneros *Haemagogus* e *Sabethes*, em zona urbana de Goiânia-Goiás-Brasil. **Revista de Patologia Tropical**, v. 26, n.1, p. 25-29, 1997.
- CAUSEY, O. R. *et al.* Dispersion of forest mosquitoes in Brazil: Further studies. **The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene**, v. s1-30, n. 2, p. 301–312, 1950. DOI: 10.4269/ajtmh.1950.s1-30.301.
- CELONE, M. *et al.* An ecological niche model to predict the geographic distribution of *Haemagogus janthinomys*, Dyar, 1921 a yellow fever and mayaro virus vector, in South America. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, v. 16, no. 7, p. 1–21, 2022. <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pntd.0010564>.
- CERETTI-JUNIOR, W. *et al.* Diversity analysis and an updated list of mosquitoes (Diptera: Culicidae) found in Cantareira State Park, São Paulo, Brazil. **Acta Tropica**, v. 212, p. 105669, 2020. DOI 10.1016/j.actatropica.2020.105669.
- CHAVES, L. *et al.* Blood feeding patterns of mosquitoes: random or structured? **Frontiers in Zoology**, v. 7, p. 1–11, 2010. <https://doi.org/10.1186/1742-9994-7-3>.
- CONFALONIERI, U. E. C.; COSTA NETO, C. Diversity of mosquito vectors (Diptera: Culicidae) in Caxiuanã, Pará, Brazil. **Interdisciplinary Perspectives on Infectious Diseases**, v. 2012,

- n. 0 m, 2012. <https://doi.org/10.1155/2012/741273>.
- CONSOLI, R. A. G. B.; OLIVEIRA, R. L. de. **Principais mosquitos importância sanitária no Brasil**. Rio de Janeiro: Editora Fiocruz, 1994. 228p.
- COUTO-LIMA, D. *et al.* Seasonal population dynamics of the primary yellow fever vector *Haemagogus leucocelaenus* (Dyar & Shannon) (Diptera: Culicidae) is mainly influenced by temperature in the Atlantic Forest, Southeast Brazil. **Mem Inst Oswaldo Cruz**, v. 115, n. 6, p. 1-13, 2020. <https://doi.org/10.1590/0074-02760200218>.
- CRUZ, A. C. R. *et al.* The importance of entomo-virological investigation of yellow fever virus to strengthen surveillance in Brazil. **Trop. Med. Infect. Dis.**, v. 8, n. 329, p. 1-12, 2023. <https://doi.org/10.3390/tropicalmed8060329>.
- CUNHA, M. S. *et al.* Epizootics due to Yellow Fever Virus in São Paulo state, Brazil: viral dissemination to new areas (2016–2017). **Scientific Reports**, v. 9, n. 1, p. 1–13, 2019a. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-41950-3>.
- CUNHA, M. S. *et al.* Origin of the São Paulo yellow fever epidemic of 2017–2018 revealed through molecular epidemiological analysis of fatal cases. **Scientific Reports**, v. 9, n. 1, p. 1–10, 2019b. | <https://doi.org/10.1038/s41598-019-56650-1>.
- CUNHA, M. S. *et al.* Possible non-sylvatic transmission of yellow fever between non-human primates in São Paulo city, Brazil, 2017–2018. **Scientific Reports**, v. 10, n. 1, p. 1–8, 2020. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-72794-x>.
- CVE/SES-SP (Centro de Vigilância Epidemiológica/Secretaria de Estado da Saúde de São Paulo). Casos de febre amarela silvestre em residentes do Estado de São Paulo, 2007–2008. **Boletim Epidemiológico Paulista**, v.5, n. 55, p. 12-15, 2008.
- DAMASCENO-CALDEIRA, R. *et al.* Vector Competence of *Aedes albopictus* for yellow fever virus: Risk of reemergence of urban yellow fever in Brazil. **Viruses**, v. 15, n. 4, 2023. <https://doi.org/10.3390/v15041019>.
- DE ABREU, F. V. S. *et al.* *Haemagogus leucocelaenus* and *Haemagogus janthinomys* are the primary vectors in the major yellow fever outbreak in Brazil, 2016–2018. **Emerging Microbes and Infections**, v. 8, n. 1, p. 218–231, 2019. <https://doi.org/10.1080/22221751.2019.1568180>.
- DE ABREU, F. V. S. *et al.* Ecological and environmental factors affecting transmission of sylvatic yellow fever in the 2017–2019 outbreak in the Atlantic Forest, Brazil. **Parasites and Vectors**, v. 15, n. 1, p. 1–18, 2022. <https://doi.org/10.1186/s13071-021-05143-0>.
- DE ALMEIDA, M. A. B. *et al.* Predicting yellow fever through species distribution modeling of virus, vector, and monkeys. **EcoHealth**, v. 16, no. 1, p. 95–108, 2018.

- <https://doi.org/10.1007/s10393-018-1388-4>.
- DE AZEVEDO FERNANDES, N. C. C. *et al.* Differential yellow fever susceptibility in new world nonhuman primates, comparison with humans, and implications for surveillance. **Emerging Infectious Diseases**, v. 27, n. 1, p. 47–56, 2021. <https://doi.org/10.3201/EID2701.191220>.
- DE DEUS, J. T. *et al.* Evaluation of methods to collect diurnal Culicidae (Diptera) at canopy and ground strata, in the Atlantic Forest biome. **Insects**, v. 13, n. 202, p. 1–13, 2022. <https://doi.org/10.3390/insects13020202>.
- DE MELO, F. R. *et al.* *Callithrix aurita* (amended version of 2020 assessment). **The IUCN Red List of Threatened Species**, 2021: e.T3570A191700629. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2021-1.RLTS.T3570A191700629.en>
- DE MIRANDA, R. M. *et al.* Mosquito fauna and spatial distribution in an Atlantic Forest area in Rio de Janeiro state, Brazil, reveal a high risk of transmission of yellow fever and other arboviruses. **Tropical Medicine and Infectious Disease**, v. 7, n. 12, 2022. <https://doi.org/10.3390/tropicalmed7120410>.
- DE OLIVEIRA, C. H. *et al.* Yellow fever virus maintained by *Sabethes* mosquitoes during the dry season in Cerrado, a semiarid region of Brazil, in 2021. **Viruses**, v. 15, n. 3, p. 1–14, 2023. <https://doi.org/10.3390/v15030757>.
- DE SOUZA, R. P. *et al.* Genomic surveillance of yellow fever virus epidemic waves in São Paulo, Brazil, 2017 – 2018. **bioRxiv**, 2019. <https://doi.org/10.1101/645341>.
- DE THOISY, B. *et al.* Spatial epidemiology of yellow fever: Identification of determinants of the 2016–2018 epidemics and at-risk areas in Brazil. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, v. 14, n. 10, p. 1–22, 2020. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0008691>.
- DELATORRE, E. *et al.* Distinct YFV lineages co-circulated in the Central-Western and Southeastern Brazilian regions from 2015 to 2018. **Frontiers in Microbiology**, v. 10, n. 5, 2019. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01079>.
- DUCHIADE, A. Brazilian forests fall silent as yellow fever decimates threatened monkeys. **Scientific American**, 05 de julho de 2018. Disponível em: <https://www.scientificamerican.com/article/brazilian-forests-fall-silent-as-yellowfever-decimates-threatened-monkeys/>. Acesso em: 11 de julho de 2023.
- ESTRADA, A. *et al.* Primates in peril: The significance of Brazil, Madagascar, Indonesia and the Democratic Republic of the Congo for global primate conservation. **PeerJ**, v. 2018, n. 6, p. 1–57, 2018. <https://doi.org/10.7717/peerj.4869>.
- FAHRIG, L. Effects of habitat fragmentation on biodiversity. **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics**, v. 34, p. 487–515, 2003.

- <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.34.011802.132419>.
- FARIA, N. R. *et al.* Genomic and epidemiological monitoring of yellow fever virus transmission potential. **bioRxiv**, 2018. <https://doi.org/10.1101/299842>.
- FIALHO, M. de S. *et al.* Avaliação do impacto da epizootia de Febre Amarela sobre as populações de primatas não humanos nas unidades de conservação do Rio Grande do Sul, Brasil. **Biotemas**, v. 25, n. 3, p. 217–225, 2012. <https://doi.org/10.5007/2175-7925.2012v25n3p217>.
- FIGUEIREDO, P. de O. *et al.* Detection and molecular characterization of yellow fever virus, 2017, Brazil. **EcoHealth**, v. 15, n. 4, p. 864–870, 2018. <https://doi.org/10.1007/s10393-018-1364-z>.
- FIGUEIREDO, P. de O. *et al.* Re-emergence of yellow fever in brazil during 2016–2019: Challenges, lessons learned, and perspectives. **Viruses**, v. 12, n. 11, 2020. <https://doi.org/10.3390/v12111233>.
- FIORAVANTI, C. H. **O combate à febre amarela no Estado de São Paulo: história, desafios e inovações.** São Paulo, 2018, 184 p. Disponível em: http://www.saude.sp.gov.br/resources/ccd/noticias/cve/febre_amarela_miolo_web.pdf. Acesso em: 20 de out. de 2023.
- FORATTINI, O. P. *et al.* Estudos ecológicos sobre mosquitos Culicidae no sistema da Serra do Mar, Brasil. 1 - Observações no ambiente extradomiciliar. **Revista de Saúde Pública**, v. 12, n. 4, p. 297–325, 1978a.
- FORATTINI, O. P. *et al.* Estudos ecológicos sobre mosquitos Culicidae no sistema de Serra do Mar, Brasil. 2 - Observações no ambiente domiciliar. **Revista de Saúde Pública**, v. 12, n. 4, p. 476-496, 1978b. <https://doi.org/10.1590/s0034-89101978000400008>.
- FORATTINI, O. P. *et al.* Observações sobre atividade de mosquitos Culicidae, em mata residual no Vale do Ribeira, S. Paulo, Brasil. **Revista de Saúde Pública**, v. 15, p. 557-586, 1981.
- FORATTINI, O. P. *et al.* Observações sobre atividade de mosquitos Culicidae em mata primitiva da encosta no Vale do Ribeira, São Paulo, Brasil. **Revista de Saúde Pública**, v. 20, n. 1, p. 1–20, 1986. <https://doi.org/10.1590/s0034-89101986000100001>.
- GARSKE, T. *et al.* Yellow Fever in Africa: estimating the burden of disease and impact of mass vaccination from outbreak and serological data. **PLOS**, v. 11, n. 5, e1001638, 2014. DOI: 10.1371/journal.pmed.1001638.
- GIOVANETTI, M. *et al.* Yellow Fever Virus reemergence and spread in Southeast Brazil, 2016–2019. **Journal of Virology**, v. 94, n. 1, e01623-19, 2020. <https://doi.org/10.1128/JVI.01623-19>.

- GIOVANETTI, M. *et al.* Genomic epidemiology unveils the dynamics and spatial corridor behind the Yellow Fever virus outbreak in Southern Brazil. **Science Advances**, v. 9, n. 35, eadg9204, 2023. DOI: 10.1126/sciadv.adg9204.
- GOMES A. C. *et al.* Registro de *Aedes albopictus* em áreas epizoóticas de febre amarela das Regiões Sudeste e Sul do Brasil (Diptera: Culicidae). **Epidemiologia e Serviços de Saúde**, v. 17, n. 1, p. 71-76, 2008. <http://dx.doi.org/10.5123/S1679-49742008000100007>.
- GOMES, A. de C. *et al.* Ecologia de *Haemagogus* e *Sabethes* (Diptera: Culicidae) em áreas epizoóticas do vírus da febre amarela, Rio Grande do Sul, Brasil. **Epidemiologia e Serviços de Saúde**, v. 19, n. 2, 2010. <https://doi.org/10.5123/s1679-49742010000200003>.
- GÓMEZ, M. M. *et al.* Genomic and structural features of the yellow fever virus from the 2016–2017 Brazilian outbreak. **Journal of General Virology**, v. 99, n. 4, p. 536–548, 2018. DOI 10.1099/jgv.0.001033.
- GREGORIN, R. Taxonomia e variação geográfica das espécies do gênero *Alouatta* Lacépède (Primates, Atelidae) no Brasil. **Revista Brasileira de Zoologia**, v. 23, n. 1, p. 64–144, 2006. <https://doi.org/10.1590/s0101-81752006000100005>.
- GUIMARÃES, A. É. *et al.* Ecology of mosquitoes (Diptera: Culicidae) in areas of Serra do Mar State Park, state of São Paulo, Brazil. I - Monthly Frequency and Climatic Factors. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 95, n. 1–2, p. 1–16, 2000. <https://doi.org/10.1590/s0074-02762000000100001>.
- GUTIÉRREZ, D. *et al.* Models of presence-absence estimate abundance as well as (or even better than) models of abundance: The case of the butterfly *Parnassius apollo*. **Landscape Ecology**, v. 28, n. 3, p. 401–413, 2013. <https://doi.org/10.1007/s10980-013-9847-3>.
- HAMLET, A. *et al.* Seasonality of agricultural exposure as an important predictor of seasonal yellow fever spillover in Brazil. **Nature Communications**, v. 12, n. 1, p. 1–11, 2021. <http://dx.doi.org/10.1038/s41467-021-23926-y>.
- HENDY, A. *et al.* The vertical stratification of potential bridge vectors of mosquito-borne viruses in a central Amazonian forest bordering Manaus, Brazil. **Scientific Reports**, v. 10, n. 1, p. 1–13, 2020. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-75178-3>.
- HERVÉ, J. P.; DÉGALLIER, N.; TRAVASSOS DA ROSA, A. P. A.; PINHEIRO, F. P.; SÁ FILHO, G. C. **Arboviroses: aspectos ecológicos**. In: Instituto Evandro Chagas: 50 anos. Belém: Instituto Evandro Chagas, 1986. p. 408-437.
- HILL, S. C. *et al.* Genomic surveillance of yellow fever virus epizootic in São Paulo, Brazil, 2016 – 2018. **PLoS Pathogens**, v. 16, n. 8, e1008699, 2020. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PPAT.1008699>.

- HILL, S. C. *et al.* Climate and land-use shape the spread of zoonotic yellow fever virus. **Preprint MedRxiv**, 2022. <https://doi.org/10.1101/2022.08.25.22278983>.
- ILACQUA, R. C. *et al.* Reemergence of yellow fever in Brazil: The role of district landscape fragmentation threshold. **Journal of Environmental and Public Health**, v. 2021, p. 1-7. <https://doi.org/10.1155/2021/8230789>.
- INSTITUTO FLORESTAL/SECRETARIA DE MEIO AMBIENTE DO ESTADO DE SÃO PAULO. **Inventário da vegetação natural do Estado de São Paulo**. São Paulo, Brasil: IF/SMA/Imprensa Oficial, 2005.
- JACKSON, H. B.; FAHRIG, L. What size is a biologically relevant landscape? **Landscape Ecology**, v. 27, n. 7, p. 929–941, 2012. <https://doi.org/10.1007/s10980-012-9757-9>.
- JACKSON, H. B.; FAHRIG, L. Are ecologists conducting research at the optimal scale? **Global Ecology and Biogeography**, v. 24, p. 52-63, 2015. DOI: 10.1111/geb.12233.
- JERUSALINSKY, L. *et al.* *Callicebus nigrifrons*. **The IUCN Red List of Threatened Species**, 2020: e.T39943A17973667. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2020-3.RLTS.T39943A17973667.en>.
- JOHNSON, J. B.; OMLAND K. S. Model selection in ecology and evolution. **Trends in ecology & evolution**, v. 19, p. 101-108, 2004.
- JUNGLEN, S. *et al.* Examining landscape factors influencing relative distribution of mosquito genera and frequency of virus infection. **EcoHealth**, v. 6, n. 2, p. 239–249, 2009. <https://doi.org/10.1007/s10393-009-0260-y>.
- KEESING, F. *et al.* Impacts of biodiversity on the emergence and transmission of infectious diseases. **Nature**, v. 468, n. 7324, p. 647–652, 2010. <https://doi.org/10.1038/nature09575>.
- LACERDA, A. B. *et al.* Diffusion of sylvatic yellow fever in the state of São Paulo, Brazil. **Scientific Reports**, v. 11, n. 1, p. 1–11, 2021. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-95539-w>.
- LAMBIN, E. F. *et al.* Pathogenic landscapes: Interactions between land, people, disease vectors, and their animal hosts. **International Journal of Health Geographics**, v. 9, n. 5, p. 1–13, 2010. <https://doi.org/10.1186/1476-072X-9-54>.
- LAPORTA, G. Z.; SALLUM, M. A. M. Effect of CO₂ and 1-octen-3-ol attractants for estimating species richness and the abundance of diurnal mosquitoes in the southeastern Atlantic Forest, Brazil. **Memorias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 106, n. 3, p. 279–284, 2011. <https://doi.org/10.1590/S0074-02762011000300005>.
- LECHNER, A. M. *et al.* Investigating species-environment relationships at multiple scales: Differentiating between intrinsic scale and the modifiable areal unit problem. **Ecological Complexity**, v. 11, p. 91-102, 2012. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ecocom.2012.04.002>.

- LI, S. L. *et al.* Mapping environmental suitability of *Haemagogus* and *Sabethes* spp. mosquitoes to understand sylvatic transmission risk of yellow fever virus in Brazil. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, v. 16, n. 1, p. 1–21, 2022. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0010019>.
- LIRA-VIEIRA, A. R. *et al.* Ecological aspects of mosquitoes (Diptera: Culicidae) in the gallery forest of Brasília National Park, Brazil, with an emphasis on potential vectors of yellow fever. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 46, n. 5, p. 566–574, 2013. <https://doi.org/10.1590/0037-8682-0136-2013>.
- MARCONDES, C.; ALENCAR, J. Revisão de mosquitos *Haemagogus* Williston (Diptera: Culicidae) do Brasil. **Rev Biomed**, v. 21, n. 3, p. 221–238, 2010.
- MARES-GUIA, M. A. M. de M. *et al.* Yellow fever epizootics in non-human primates, Southeast and Northeast Brazil (2017 and 2018). **Parasites and Vectors**, v. 13, n. 1, p. 1–8, 2020. <https://doi.org/10.1186/s13071-020-3966-x>.
- MASCHERETTI, M. *et al.* Yellow fever: Reemerging in the state of Sao Paulo, Brazil, 2009. **Revista de Saúde Pública**, v. 47, n. 5, p. 881–889, 2013. <https://doi.org/10.1590/S0034-8910.2013047004341>.
- MBORA, D. N. M.; MCPEEK, M. A. Host density and human activities mediate increased parasite prevalence and richness in primates threatened by habitat loss and fragmentation. **J. Anim. Ecol.**, v. 78, n. 1, p. 210-218, 2009. DOI: 0.1111/j.1365-2656.2008.01481.x.
- MEDEIROS-SOUSA, A. R. *et al.* Mosquitoes in urban green spaces: Using an island biogeographic approach to identify drivers of species richness and composition. **Scientific Reports**, v. 7, n. 1, p. 1–11, 2017. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-18208-x>.
- MIR, D. *et al.* Phylodynamics of Yellow Fever Virus in the Americas: New insights into the origin of the 2017 Brazilian outbreak. **Scientific Reports**, v. 7, n. 1, p. 1–9, 2017. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-07873-7>.
- MONATH, T. P. Yellow fever: an update. **Lancet Infectious Diseases**, v. 1, p. 11–20, 2001. DOI: 10.1016/S1473-3099(01)00016-0.
- MONATH, T. P.; VASCONCELOS, P. F. C. Yellow Fever. **Journal of Clinical Virology**, v. 64, p. 160-173, 2015. <http://dx.doi.org/10.1016/j.jcv.2014.08.030>.
- MONTES, J. Culicidae fauna of Serra da Cantareira, São Paulo, Brazil. **Revista de Saúde Pública**, v. 39, n. 4, p. 578–584, 2005. <https://doi.org/10.1590/s0034-89102005000400010>.
- MORENO, E. S.; BARATA, R. de C. B. Municipalities of higher vulnerability to sylvatic yellow fever occurrence in the São Paulo state, Brazil. **Rev. Inst. Med. Trop. Sao Paulo**, v. 53, n. 6, p. 335-339, 2011. <https://doi.org/10.1590/S0036-46652011000600007>.
- MORENO, E. S. *et al.* Yellow fever epizootics in non-human primates, São Paulo state, Brazil,

- 2008-2009. **Revista do Instituto de Medicina Tropical de Sao Paulo**, v. 55, n. 1, p. 45–50, 2013. <https://doi.org/10.1590/S0036-46652013000100008>.
- MORENO, E. S. *et al.* Yellow fever impact on brown howler monkeys (*Alouatta guariba clamitans*) in Argentina: A metamodelling approach based on population viability analysis and epidemiological dynamics. **Memorias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 110, n. 7, p. 865–876, 2015. <https://doi.org/10.1590/0074-02760150075>.
- MUCCI, L. F. *et al.* Feeding habits of mosquitoes (Diptera: Culicidae) in an area of sylvatic transmission of yellow fever in the state of São Paulo, Brazil. **Journal of Venomous Animals and Toxins Including Tropical Diseases**, v. 21, n. 1, p. 1–10, 2015. <https://doi.org/10.1186/s40409-015-0005-z>.
- MUCCI, L. F. *et al.* Potenciais vetores da febre amarela no noroeste do estado de São Paulo, Brasil: Distribuição geográfica e associações com a área florestal. In: SELPER 2016: Geotecnologías, Herramientas para la construcción de una nueva visión del cambio global y su transformación para un futuro sostenible, 16, 2016a, Puerto Iguazú Misiones. **Libro de Actas...**Luján: EdUnLu, 2017.
- MUCCI, L. F. *et al.* *Haemagogus leucocelaenus* and other mosquitoes potentially associated with sylvatic yellow fever in Cantareira State Park in São Paulo Metropolitan area, Brazil. **Journal of the American Mosquito Control Association**, v. 32, n. 4, p. 29–332, 2016b.
- MUCCI, L. F. *et al.* Evaluation of methods for collecting mosquitoes (Culicidae: Diptera) in canopy and ground strata in the Brazilian Savanna. **Tropical Medicine and Infectious Disease**, v. 7, n. 12, 2022. <https://doi.org/10.3390/tropicalmed7120446>.
- NEVILLE, M. K. *et al.* The howling monkeys, genus *Alouatta*. **Ecology and Behavior of Neotropical Primates**, october, p. 349–453, 1988.
- OBARA, M. T. *et al.* Infecção natural de *Haemagogus janthinomys* e *Haemagogus leucocelaenus* pelo vírus da febre amarela no Distrito Federal, Brasil, 2007-2008. **Epidemiologia e Serviços de Saúde**, v. 21, n. 3, p. 457–463, 2012. <https://doi.org/10.5123/s1679-49742012000300011>.
- OSTFELD, R. S.; KEESING, F. The function of biodiversity in the ecology of vector-borne zoonotic diseases. **Canadian Journal of Zoology**, v. 78, n. 12, p. 2061–2078, 2000. <https://doi.org/10.1139/cjz-78-12-2061>.
- PATZ, J. A. *et al.* Effects on environmental changes on emerging parasitic diseases. **International Journal for Parasitology**, v. 30, n. 12–13, p. 1395–1405, 2000. DOI: 10.1016/s0020-7519(00)00141-7.
- PATZ, J. A. *et al.* Unhealthy landscapes: Policy recommendations on land use change and

- infectious disease emergence. **Environmental Health Perspectives**, v. 112, n. 10, p. 1092–1098, 2004. <https://doi.org/10.1289/ehp.6877>.
- PINHEIRO, G. G. *et al.* Detection of yellow fever virus in sylvatic mosquitoes during disease outbreaks of 2017–2018 in Minas Gerais State, Brazil. **Insects**, v. 10, n. 136, p. 1-12, 2019. DOI:10.3390/insects10050136.
- PINTO, C. S.; CONFALONIERI, U. E. C.; MASCARENHAS, B. M. Ecology of *Haemagogus* sp. and *Sabethes* sp. (Diptera: Culicidae) in relation to the microclimates of the Caxiuanã National Forest, Pará, Brazil. **Memorias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 104, n. 4, p. 592–598, 2009. <https://doi.org/10.1590/S0074-02762009000400010>.
- PLOWRIGHT, R. K. *et al.* Land use-induced spillover: a call to action to safeguard environmental, animal, and human health. **The Lancet Planetary Health**, v. 5, n. 4, p. e237–e245, 2021. [http://dx.doi.org/10.1016/S2542-5196\(21\)00031-0](http://dx.doi.org/10.1016/S2542-5196(21)00031-0).
- POSSAS, C. *et al.* Yellow fever outbreak in Brazil: The puzzle of rapid viral spread and challenges for immunization. **Memorias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 113, n. 10, p. 1–12, 3 Sep. 2018. <https://doi.org/10.1590/0074-02760180278>.
- PRADO, A. F. **Abundância de roedores reservatórios de hantavírus no bioma da Mata Atlântica: efeitos da estrutura da paisagem e da escala de análise**. 2015. 51 p. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2015.
- PRIST, P. R.; MICHALSKI, F.; METZGER, J. P. How deforestation pattern in the Amazon influences vertebrate richness and community composition. **Landscape Ecology**, v. 27, n. 6, p. 779-812, 2012.
- PRIST, P. R. *et al.* Roads and forest edges facilitate yellow fever virus dispersion. **Journal of Applied Ecology**, v. 00, p. 1 - 14, 2021a. DOI: 10.1111/1365-2664.14031.
- PRIST, P. R. *et al.* Moving to healthier landscapes: Forest restoration decreases the abundance of Hantavirus reservoir rodents in tropical forests. **Science of the Total Environment**, v. 752, p. 141967, 2021b. DOI 10.1016/j.scitotenv.2020.141967.
- R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna, Austria. 2014. URL <http://www.R-project.org/>.
- REZENDE, I. M. de *et al.* Persistence of yellow fever virus outside the Amazon Basin, causing epidemics in Southeast Brazil, from 2016 to 2018. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, v. 12, n. 6, p. 1–12, 2018. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0006538>.
- RIBEIRO, A. F. *et al.* Mosquitoes in degraded and preserved areas of the Atlantic Forest and potential for vector-borne disease risk in the municipality of São Paulo, Brazil. **Journal of**

- Vector Ecology**, v. 37, n. 2, p. 316–324, 2012. <https://doi.org/10.1111/j.1948-7134.2012.00233.x>.
- RIBEIRO, A. F. *et al.* A public health risk assessment for yellow fever vaccination: a model exemplified by an outbreak in the state of São Paulo, Brazil. **Mem Inst Oswaldo Cruz**, v. 110, n. 2, p. 230-234, 2015. DOI: 10.1590/0074-02760140345.
- RIBEIRO, I. P. *et al.* Ecological, genetic, and phylogenetic aspects of YFV 2017–2019 spread in Rio de Janeiro state. **Viruses**, v. 15, n. 2, 2023. <https://doi.org/10.3390/v15020437>.
- RIBEIRO, M. C. *et al.* The Brazilian Atlantic Forest: How much is left, and how is the remaining forest distributed? Implications for conservation. **Biological Conservation**, v. 142, n. 6, p. 1141–1153, 2009. <http://dx.doi.org/10.1016/j.biocon.2009.02.021>.
- RIBEIRO JR., M. A. F. *et al.* Yellow Fever: a review and the current epidemiological situation in Brazil/Febre Amarela: revisão e situação epidemiológica atual no Brasil. **Revista de Medicina**, v. 97, n. 4, p. 407–414, 2018.
- ROMANO, A. P. M. *et al.* Yellow fever outbreaks in unvaccinated populations, Brazil, 2008 – 2009. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, v. 8, n. 3, e2740, 2014. DOI: 10.1371/journal.pntd.0002740.
- ROSA, M. R. *et al.* Hidden destruction of older forests threatens Brazil’s Atlantic Forest and challenges restoration programs. **Science Advances**, v. 7, n. 4, p. 1–9, 2021. <https://doi.org/10.1126/sciadv.abc4547>.
- ROSSER, J. I.; NIELSEN-SAINES, K.; SAAD, E.; FULLER, T. Reemergence of yellow fever virus in southeastern Brazil, 2017–2018: What sparked the spread? **PLoS Neglected Tropical Diseases**, v. 16, n. 2, p. 2017–2018, 2022. <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pntd.0010133>.
- SAAD, L. D. C.; BARATA, R. B. Surtos de febre amarela no estado de São Paulo, 2000-2010. **Epidemiologia e serviços de saúde: revista do Sistema Único de Saúde do Brasil**, v. 25, n. 3, p. 531–540, 2016. <https://doi.org/10.5123/S1679-49742016000300009>.
- SACCHETTO, L. *et al.* Re-emergence of yellow fever in the neotropics - quo vadis? **Emerging Topics in Life Sciences**, v. 4, p. 411–422, 2020. <https://doi.org/10.1042/ETLS20200187>.
- SANTOS, C. F.; BORGES, M. B. Impact of livestock on a mosquito community (Diptera: Culicidae) in a Brazilian tropical dry forest. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 48, n. 4, p. 474-478, 2015. <http://dx.doi.org/10.1590/0037-8682-0022-2015>.
- SÃO PAULO. Secretaria de Meio Ambiente. Instituto Florestal. **Plano de Manejo do Parque Estadual da Serra do Mar**. São Paulo, 2008. Disponível em: <https://www.infraestruturameioambiente.sp.gov.br/fundacaoflorestal/planos-de->

- manejo/planos-de-manejo-planos-concluidos/plano-de-manejo-pe-serra-do-mar/. Acesso em: 25 de out. de 2023.
- SÃO PAULO. Secretaria de Meio Ambiente. Instituto Florestal. **Plano de Manejo do Parque Estadual da Serra da Cantareira**. São Paulo, 2009. Disponível em: <https://www.infraestruturameioambiente.sp.gov.br/fundacaoflorestal/planos-de-manejo/planos-de-manejo-planos-concluidos/plano-de-manejo-pe-da-cantareira>. Acesso em: 25 de out. de 2023.
- SCHÄFER, M. L. *et al.* Influence of landscape structure on mosquitoes (Diptera: Culicidae) and dytiscids (Coleoptera: Dytiscidae) at five spatial scales in Swedish Wetlands. **Wetlands**, v. 26, n. 1, p. 57–68, 2006. [https://doi.org/10.1672/0277-5212\(2006\)26\[57:IOLSOM\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1672/0277-5212(2006)26[57:IOLSOM]2.0.CO;2).
- SCHMIDT, K. A.; OSTFELD, R. S. Biodiversity and the dilution effect in disease ecology. **Ecology**, v. 82, n. 3, p. 609–619, 2001. [https://doi.org/10.1890/0012-9658\(2001\)082\[0609:BATDEI\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1890/0012-9658(2001)082[0609:BATDEI]2.0.CO;2).
- SICHES, J. A. *et al.* *Haemagogus leucocelaenus* (Diptera: Culicidae), the potential wild vector of yellow fever in the border zone of northern Misiones, Argentina. **Revista de la Sociedad Entomologica Argentina**, v. 80, n. 4, p. 136–141, 2021. <https://doi.org/10.25085/rsea.800410>.
- SILVA, N. I. O. *et al.* Recent sylvatic yellow fever virus transmission in Brazil: The news from an old disease. **Virology Journal**, v. 17, n. 1, p. 1–12, 2020. <https://doi.org/10.1186/s12985-019-1277-7>.
- SMITH, K. F.; ACEVEDO-WHITEHOUSE, K.; PEDERSEN, A. B. The role of infectious diseases in biological conservation. **Animal Conservation**, v. 12, n. 1, p. 1–12, 2009. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1795.2008.00228.x>.
- SOUZA-JR, C. M. *et al.* Reconstructing three decades of land use and land cover changes in Brazilian biomes with Landsat archive and Earth Engine. **Remote Sens.**, v. 12, n. 2735, p. 1–27; 2020. DOI:10.3390/rs12172735.
- STANZANI, L. M. de A. *et al.* Back to where it was first described: Vectors of sylvatic yellow fever transmission in the 2017 outbreak in Espírito Santo, Brazil. **Viruses**, v. 14, n. 12, 2022. <https://doi.org/10.3390/v14122805>.
- STEIN, M. *et al.* Culicidae (Diptera) community structure, spatial and temporal distribution in three environments of the province of Chaco, Argentina. **Acta Tropica**, v. 156, p. 57–67, 2016. <http://dx.doi.org/10.1016/j.actatropica.2015.12.002>.
- SYMONDS, M. R. E.; MOUSSALLI, A. A brief guide to model selection, multimodel inference and model averaging in behavioral ecology using Akaike’s information criterion. **Behavioral**

- Ecology and Sociobiology**, v. 65, n. 1, p. 13–21, 2011. <https://doi.org/10.1007/s00265-010-1037-6>.
- TUBAKI, R. M *et al.* Physical attributes of tree holes in the Atlantic Forest edges: evaluating their association with the presence and abundance of immature *Haemagogus leucocelaenus*. **Tropical Medicine and Infectious Disease**, v. 8, n. 337, p. 1-13, 2023.
- TURNER, M. G., GARDNER, R. H., O'NEILL, R. V. **Landscape Ecology in Theory and Practice: Pattern and Process**. New York: Springer, 2001.
- URBAN, D. L. *et al.* Graph models of habitat mosaics. **Ecology Letters**, v. 12, n. 3, p. 260–273, 2009. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2008.01271.x>.
- VASCONCELOS, P. F. da C. *et al.* Epidemic of jungle yellow fever in Brazil, 2000: Implications of climatic alterations in disease spread. **Journal of Medical Virology**, v. 65, n. 3, p. 598–604, 2001. <https://doi.org/10.1002/jmv.2078>.
- VASCONCELOS, P. F. da C. Febre amarela (Yellow Fever). **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 36, n. 2, p. 275–293, 2003.
- VASCONCELOS, P. F. da C. Febre amarela no Brasil: Reflexões e hipóteses sobre a emergência em áreas previamente livres. **Revista de Saúde Pública**, v. 44, n. 6, p. 1144–1149, 2010. <https://doi.org/10.1590/S0034-89102010005000046>.
- VIEIRA, C. J. da S. P. *et al.* Ecological aspects of potential arbovirus vectors (Diptera: Culicidae) in an urban landscape of Southern Amazon, Brazil. **Acta tropica**, v. 202, n. August 2019, p. 105276, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2019.105276>.
- WIENS, J. A. Spatial scaling ecology. **Functional Ecology**, v. 3, p. 385-397, 1989. <https://doi.org/10.2307/2389612>.
- WILCOX, B. A.; ELLIS, B. Forests and emerging infectious diseases of humans. **Unasylva**, v. 57, p. 11–18, 2006.
- WILK-DA-SILVA, R. *et al.* The influence of landscape composition and configuration on the richness and abundance of potential sylvatic yellow fever vectors in a remnant of Atlantic Forest in the city of São Paulo, Brazil. **Acta Tropica**, v. 204, september, 2019, p. 105385, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2020.105385>.
- WILK-DA-SILVA, R. *et al.* The influence of landscape structure on the dispersal pattern of yellow fever virus in the state of São Paulo. **Acta Tropica**, v. 228, 106333, 2022. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2022.106333>.
- WILK-DA-SILVA, R. *et al.* The role of deforestation and fragmentation in yellow fever virus dispersal. **Acta Tropica**, v. 245, n. setembro, 106983, 2023. DOI: 10.1016/j.actatropica.2023.106983.

7. Anexos

Anexo 1: Modelos concorrentes para analisar como e quais métricas da paisagem (% de cobertura florestal (%CF); % de vegetação nativa (%VN); % de agropecuária (%AG); número de fragmentos de florestais (NFF) e de vegetação nativa (NFN); densidade de borda de formação florestal (DBF) e de vegetação nativa (DBN); e índice de coesão entre os fragmentos de formação florestal (COF) e entre os fragmentos de vegetação nativa (CON)) influenciam a abundância de *Haemagogus leucocelaenus* (HL), nas diferentes escalas utilizadas (500 m, 1,0 km, 1,5 km, 2,0 km, 2,5 km). Para *Haemagogus janthinomys*, os modelos utilizados foram os mesmos, só mudando o conjunto de dados para a abundância desta espécie.

```
# Modelo nulo e nulos geográficos
```

```
nulo1<-glm (log (HL+1) ~ 1)
```

```
nulo2 <- glm (log (HL+1) ~ Longitude + Latitude)
```

```
nulo3 <- glm (log (HL+1) ~ Longitude)
```

```
nulo4 <- glm (log (HL+1) ~ Latitude)
```

```
# Escala de 500m
```

```
m1 = glm (log (HL+1) ~ %CF_500m)
```

```
m2 = glm (log (HL+1) ~ %VN_500m)
```

```
m3 = glm (log (HL+1) ~ %AG_500m)
```

```
m4 = glm (log (HL+1) ~ NFF_500m)
```

```
m5 = glm (log (HL+1) ~ DBF_500m)
```

```
m6 = glm (log (HL+1) ~ NFN_500m)
```

```
m7 = glm (log (HL+1) ~ DBN_500m)
```

```
m8 = glm (log (HL+1) ~ %CF_500m + %AG_500m)
```

```
m9 = glm (log (HL+1) ~ %CF_500m + DBF_500m)
```

```
m10 = glm (log (HL+1) ~ %CF_500m + NFF_500m)
```

```
m11 = glm (log (HL+1) ~ DBF_500m + %AG_500m)
```

```
m12 = glm (log (HL+1) ~ NFF_500m + %AG_500m)
```

```
m13 = glm (log (HL+1) ~ NFF_500m + COF_500m)
```

```
m14 = glm (log (HL+1) ~ NFF_500m + COF_500m + %AG_500m)
```

```
m15 = glm (log (HL+1) ~ %VN_500m + %AG_500m)
```

```
m16 = glm (log (HL+1) ~ %VN_500m + DBN_500m)
```

```
m17 = glm (log (HL+1) ~ %VN_500m + NFN_500m)
```

```
m18 = glm (log (HL+1) ~ DBN_500m + %AG_500m)
```

```
m19 = glm (log (HL+1) ~ NFN_500m + %AG_500m)
```

```
m20 = glm (log (HL+1) ~ NFN_500m + CON_500m)
```

```
m21 = glm (log (HL+1) ~ NFN_500m + CON_500m + %AG_500m)
```

Escala de 1,0 km

m22 = glm (log (HL+1) ~ %CF_1km)
m23 = glm (log (HL+1) ~ %VN_1km)
m24 = glm (log (HL+1) ~ %AG_1km)
m25 = glm (log (HL+1) ~ NFF_1km)
m26 = glm (log (HL+1) ~ DBF_1km)
m27 = glm (log (HL+1) ~ NFN_1km)
m28 = glm (log (HL+1) ~ DBN_1km)
m29 = glm (log (HL+1) ~ %CF_1km + %AG_1km)
m30 = glm (log (HL+1) ~ %CF_1km + DBF_1km)
m31 = glm (log (HL+1) ~ %CF_1km + NFF_1km)
m32 = glm (log (HL+1) ~ DBF_1km + %AG_1km)
m33 = glm (log (HL+1) ~ NFF_1km + %AG_1km)
m34 = glm (log (HL+1) ~ NFF_1km + COF_1km)
m35 = glm (log (HL+1) ~ NFF_1km + COF_1km + %AG_1km)
m36 = glm (log (HL+1) ~ %VN_1km + %AG_1km)
m37 = glm (log (HL+1) ~ %VN_1km + DBN_1km)
m38 = glm (log (HL+1) ~ %VN_1km + NFN_1km)
m39 = glm (log (HL+1) ~ DBN_1km + %AG_1km)
m40 = glm (log (HL+1) ~ NFN_1km + %AG_1km)
m41 = glm (log (HL+1) ~ NFN_1km + CON_1km)
m42 = glm (log (HL+1) ~ NFN_1km + CON_1km + %AG_1km)

Escala de 1,5 km

m43 = glm (log (HL+1) ~ %CF_1.5km)
m44 = glm (log (HL+1) ~ %VN_1.5km)
m45 = glm (log (HL+1) ~ %AG_1.5km)
m46 = glm (log (HL+1) ~ NFF_1.5km)
m47 = glm (log (HL+1) ~ DBF_1.5km)
m48 = glm (log (HL+1) ~ NFN_1.5km)
m49 = glm (log (HL+1) ~ DBN_1.5km)
m50 = glm (log (HL+1) ~ %CF_1.5km + %AG_1.5km)
m51 = glm (log (HL+1) ~ %CF_1.5km + DBF_1.5km)
m52 = glm (log (HL+1) ~ %CF_1.5km + NFF_1.5km)
m53 = glm (log (HL+1) ~ DBF_1.5km + %AG_1.5km)
m54 = glm (log (HL+1) ~ NFF_1.5km + %AG_1.5km)
m55 = glm (log (HL+1) ~ NFF_1.5km + COF_1.5km)
m56 = glm (log (HL+1) ~ NFF_1.5km + COF_1.5km + %AG_1.5km)

m57 = glm (log (HL+1) ~ %VN_1.5km + %AG_1.5km)
 m58 = glm (log (HL+1) ~ %VN_1.5km + DBN_1.5km)
 m59 = glm (log (HL+1) ~ %VN_1.5km + NFN_1.5km)
 m60 = glm (log (HL+1) ~ DBN_1.5km + %AG_1.5km)
 m61 = glm (log (HL+1) ~ NFN_1.5km + %AG_1.5km)
 m62 = glm (log (HL+1) ~ NFN_1.5km + CON_1.5km)
 m63 = glm (log (HL+1) ~ NFN_1.5km + CON_1.5km + %AG_1.5km)

Escala de 2,0 km

m64 = glm (log (dados\$HL+1) ~ dados\$%CF_2km)
 m65 = glm (log (HL+1) ~ %VN_2km)
 m66 = glm (log (HL+1) ~ %AG_2km)
 m67 = glm (log (HL+1) ~ NFF_2km)
 m68 = glm (log (HL+1) ~ DBF_2km)
 m69 = glm (log (HL+1) ~ NFN_2km)
 m70 = glm (log (HL+1) ~ DBN_2km)
 m71 = glm (log (HL+1) ~ %CF_2km + %AG_2km)
 m72 = glm (log (HL+1) ~ %CF_2km + DBF_2km)
 m73 = glm (log (HL+1) ~ %CF_2km + NFF_2km)
 m74 = glm (log (HL+1) ~ DBF_2km + %AG_2km)
 m75 = glm (log (HL+1) ~ NFF_2km + %AG_2km)
 m76 = glm (log (HL+1) ~ NFF_2km + COF_2km)
 m77 = glm (log (HL+1) ~ NFF_2km + COF_2km + %AG_2km)
 m78 = glm (log (HL+1) ~ %VN_2km + %AG_2km)
 m79 = glm (log (HL+1) ~ %VN_2km + DBN_2km)
 m80 = glm (log (HL+1) ~ %VN_2km + NFN_2km)
 m81 = glm (log (HL+1) ~ DBN_2km + %AG_2km)
 m82 = glm (log (HL+1) ~ NFN_2km + %AG_2km)
 m83 = glm (log (HL+1) ~ NFN_2km + CON_2km)
 m84 = glm (log (HL+1) ~ NFN_2km + CON_2km + %AG_2km)

Escala de 2,5 km

m85 = glm (log (HL+1) ~ %CF_2.5km)
 m86 = glm (log (HL+1) ~ %VN_2.5km)
 m87 = glm (log (HL+1) ~ %AG_2.5km)
 m88 = glm (log (HL+1) ~ NFF_2.5km)
 m89 = glm (log (HL+1) ~ DBF_2.5km)
 m90 = glm (log (HL+1) ~ NFN_2.5km)

m91 = glm (log (HL+1) ~ DBN_2.5km)
m92 = glm (log (HL+1) ~ %CF_2.5km + %AG_2.5km)
m93 = glm (log (HL+1) ~ %CF_2.5km + DBF_2.5km)
m94 = glm (log (HL+1) ~ %CF_2.5km + NFF_2.5km)
m95 = glm (log (HL+1) ~ DBF_2.5km + %AG_2.5km)
m96 = glm (log (HL+1) ~ NFF_2.5km + %AG_2.5km)
m97 = glm (log (HL+1) ~ NFF_2.5km + COF_2.5km)
m98 = glm (log (HL+1) ~ NFF_2.5km + COF_2.5km + %AG_2.5km)
m99 = glm (log (HL+1) ~ %VN_2.5km + %AG_2.5km)
m100 = glm (log (HL+1) ~ %VN_2.5km + DBN_2.5km)
m101 = glm (log (HL+1) ~ %VN_2.5km + NFN_2.5km)
m102 = glm (log (HL+1) ~ DBN_2.5km + %AG_2.5km)
m103 = glm (log (HL+1) ~ NFN_2.5km + %AG_2.5km)
m104 = glm (log (HL+1) ~ NFN_2.5km + CON_2.5km)
m105 = glm (log (HL+1) ~ NFN_2.5km + CON_2.5km + %AG_2.5km)