

Tutorial 08.01 Análise de Conectividade

Alexandre Camargo Martensen

Contents

Introdução	1
Objetivos	2
As análises	2
Preparando os dados e sua área de trabalho	2
Cálculo de métricas	3
P.01: Faça uma breve avaliação sobre as características da paisagem avaliadas até o momento (máximo de 10 linhas).	4
P.02: Faça uma avaliação da importância dos remanescentes no tocante a conectividade da paisagem. Discuta os resultados baseados no tamanho e na forma do remanescente.	5
P.03: Pense também em estudos de Avaliação de Impacto Ambiental, como uma ferramenta igual a essa pode ser utilizada.	8
P.04: Agora explore 3 outras capacidades de dispersão (Altere lá no início, na entrada do mapa: max_dist). E faça uma breve avaliação de como esses resultados variam em função da capacidade de dispersão (máximo de 20 linhas). Deixe claro quais são as capacidades de dispersão utilizadas, e como os resultados variam (mencione os resultados). Aborde o número de agrupamentos, a quantidade de fragmentos por agrupamento, mas não discuta ainda a questão da importância dos remanescentes (mas já avalie, pois essa será a questão seguinte).	10
P.05: Agora foque exclusivamente na importância dos remanescentes. Como a importância dos remanescentes variam em função das diferentes capacidades de dispersão?	10
P.06: Se necessário, explore mais algumas capacidades de dispersão. Como se dá a relação entre a capacidade de dispersão e as variáveis calculadas. Existe algum limiar onde as mudanças são bruscas (ou param de ocorrer)? Ou as relações são mais ou menos lineares? Discuta os resultados.	10

Introdução

Como vimos na aula teórica a conectividade de paisagens, ou seja, o grau em que a heterogeneidade das paisagens afeta a dispersão de organismos, influencia diretamente a movimentação de indivíduos e, portanto, modula o fluxo gênico, bem como a estruturação de populações, comunidades e ecossistemas.

Com o avanço da perda do habitat nativo e a consequente fragmentação do habitat remanescente, a conectividade de paisagens ganhou maior importância na conservação da biodiversidade e na manutenção dos serviços ecossistêmicos.

A movimentação de indivíduos permite por exemplo, a dispersão de juvenis, que podem assim encontrar outros locais para o estabelecimento de seus territórios. Possibilita também a recolonização de manchas de habitats desocupados/persistência de metapopulações/metacomunidades (Você deve se lembrar da Teoria da Biogeografia de Ilhas da aula 04, e na próxima aula iremos estudar em detalhes essas questões), facilitam possíveis migrações sazonais, permite a manutenção de uma maior diversidade genética, entre outros aspectos que a conectividade auxilia. Já no longo prazo a conectividade permite com que as espécies ajustem suas distribuições em função das mudanças climáticas, conservando a diversidade genética necessária para a manutenção dos processos evolutivos.

Consequentemente, a mensuração da conectividade têm recebido grande atenção científica e uma ampla gama de métodos e abordagens têm sido usados para apoiar sua avaliação. Contudo, nem sempre essas métricas são congruentes em seus resultados, e por isso, é preciso extremo cuidado para a seleção das variáveis de conectividade que serão utilizadas.

Como vimos na aula teórica, algumas opções envolvem medidas simples, que foram tomadas no tutorial passado, como o *vizinho mais próximo*, entre outros. Via de regra, essas métricas são simplistas de mais para a avaliação da conectividade em paisagens reais. No outro extremo de complexidade de análises de conectividade pode-se encontrar os *Modelos Baseados em Indivíduos* (“*Individual Based Models*” ou *IBM*) ou *Modelos Baseados em Agentes** (Agente Based Models) *que envolvem uma complexidade grande, tanto em termos de dados”de entrada” (ex. taxas de natalidade, taxas de mortalidade, etc), quanto em termos de modelagem e computação. Em uma situação intermediária podem ser encontrados os modelos baseados na “Teoria dos Grafos”** ou “*Redes*” e na “*Teoria dos Circuitos*”. Esses tipos de modelo estão se mostrando muito eficientes na descrição dos padrões de conectividade, mesmo usando um conjunto de dados muito reduzidos comparativamente aos modelos mais complexos, e por isso, tem sido amplamente empregados.

Nessa aula iremos explorar algumas possibilidades da “*Teoria dos Grafos*” na análise de conectividade em paisagens fragmentadas. Só como curiosidade, a “*Teoria dos Grafos*” é muito usada em diferentes áreas da biologia/ecologia, como por exemplo, na análise de redes tróficas.

Mãos à obra!

Objetivos

Nesse tutorial nosso objetivo é explorar uma série de métricas de conectividade baseadas na teoria dos grafos.

As análises

Preparando os dados e sua área de trabalho

Esses são os pacotes que, caso você ainda não tenha, você deve baixar (você já deve saber fazer isso dos tutoriais anteriores), e depois “ligá-los”.

```
library(lconnect)
library(rgdal)
library(sf)
library(tidyverse)
```

Você deve ter baixado os dados para esse tutorial já, ou pelo página do curso no site do **NEEDS** ou pelo Google Classroom.

Na sequência você deve colocar o endereço completo no comando *upload_land* abaixo.

Esse comando também vai lhe perguntar se você quer entrar o limite da paisagem (*bound_path*), mas nesse caso iremos deixar *NULL*, assim ele mesmo cria um polígono convexo no entorno, muito similar ao limite real (e teremos que baixar da internet menos informações).

Na sequência ele pergunta qual o valor da classe *habitat* no mapa, e esse mapa foi recategorizado para **0** tudo o que não é habitat e **1** tudo o que é habitat para uma determinada espécie. Vocês já devem ter me ouvido falar em um mapa mata/não-mata, e é basicamente isso que temos, um mapa com 2 categorias, mata e não-mata, sendo que nesse caso a mata (*i.e.*, o habitat) tem o valor de **1**.

Por último temos o argumento *max_dist* que vai indicar qual é a distância máxima que iremos considerar os polígonos conectados. Nessa exploração inicial iremos começar com **100m**, mas iremos explorar outras distâncias depois.

```
landscape <- upload_land("C:/Meu endereço/Completo/Para_o_arquivo/de_dados/buri_m.shp",  
                        bound_path = NULL, habitat = 1, max_dist = 100)
```

```
plot(landscape)
```

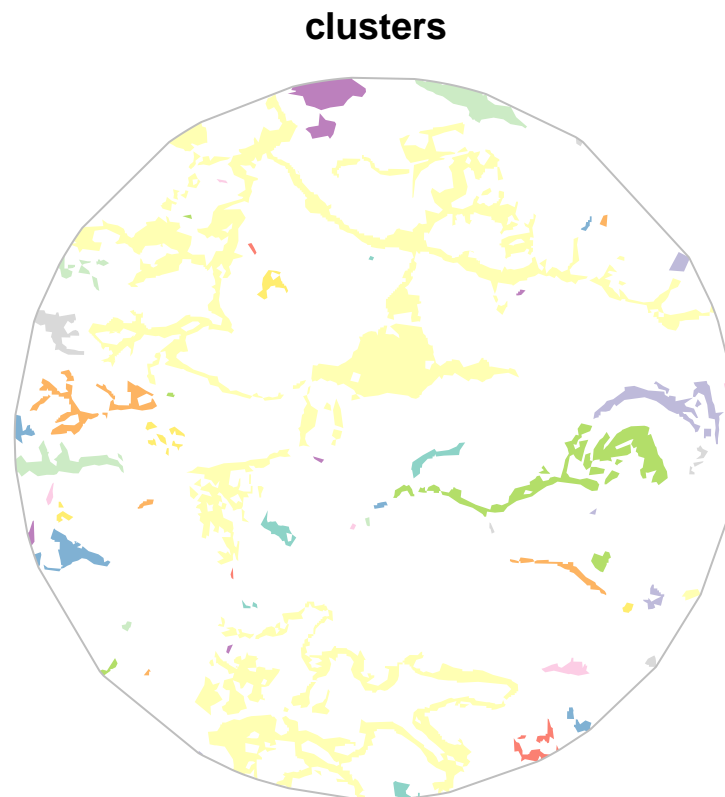


Figure 1: Mapa da paisagem dividida pelos agrupamentos

Aqui o conjunto de cores podem não ser o suficiente para usar cores diferentes para todos os remanescentes. Sempre tome cuidado com isso!

Cálculo de métricas

Agora iremos calcular diferentes métricas de conectividade.

Iremos inicialmente calcular quantos agrupamentos de fragmentos temos. Você deve se lembrar da aula teórica, que esse número de agrupamentos se refere a quantidade de conjuntos de fragmentos que estão distantes entre si a uma distância menor do que a distância máxima que nós informamos acima. Ou seja, é o conjunto de grupamentos de fragmentos que estão conectados para uma espécie que possui a capacidade de dispersão que definimos. Entre os grupamentos está mais distante do que a capacidade de dispersão, ou seja, a espécie não consegue cruzar entre os grupamentos, mas entre os fragmentos de cada agrupamento ela consegue.

```
num_de_grupamentos <- con_metric(landscape, metric = "NC")
```

o número de agrupamentos de fragmentos que temos nessa paisagem é 59, ou seja, existem 59 agrupamentos de fragmentos considerando a capacidade de dispersão para essa nossa espécie focal.

Agora iremos avaliar quantas ligações entre fragmentos temos. Quanto mais ligações em uma paisagem, mais conectada ela é. Além disso, essas ligações também se dão baseadas na capacidade de dispersão das espécies que definimos na entrada.

```
links <- con_metric(landscape, metric = "LNK")
```

Agora iremos calcular a área do maior agrupamento. Ou seja, se a espécie é capaz de percorrer uma determinada área de *não-habitat* agora iremos ver se ela consegue sobreviver pelo menos em algum agrupamento de fragmento, ou seja, se essa área é o suficiente para ela sobreviver.

```
area_maior_agrupamento <- con_metric(landscape, metric = "SLC")
```

A área em metros quadrados do maior agrupamento é 7.2759329×10^6 , para obtermos essa área em hectares, basta dividirmos por 10.000, ou seja, o maior agrupamento tem 727.59 ha.

Dependendo da espécie, essa é uma área bastante razoável para a sobrevivência. Mas e os demais agrupamentos. Iremos agora calcular a área média desses agrupamentos.

```
area_media_agrupamento <- con_metric(landscape, metric = "MSC")
```

Veja que a área média 27.63ha já é bastante reduzida comparativamente a do maior agrupamento.

Agora iremos calcular a probabilidade de escolhermos 2 pontos aleatórios em áreas de habitat (ou seja, na mata) e eles serem conectados (também depende da distância máxima que definimos).

```
class_coinc <- con_metric(landscape, metric = "CCP")
```

Verifique o objeto.

P.01: Faça uma breve avaliação sobre as características da paisagem avaliadas até o momento (máximo de 10 linhas).

Agora iremos avaliar a chance de dois pontos ao acaso escolhidos na paisagem como um todo (ou seja, podem cair no habitat ou no não-habitat) estarem conectados em habitat.

```
land_coinc <- con_metric(landscape, metric = "LCP")
```

Verifique os resultados.

Verifique no *help* das funções, que função é a **CPL**.

```
path_length <- con_metric(landscape, metric = "CPL")
```

Verifique os resultados.

“Integral Index of Connectivity” - ou Índice Integral de Conectividade, é baseado na disponibilidade de habitat (você deve lembrar da aula teórica). Ele varia entre 0 e 1, onde os valores maiores indicam uma maior conectividade. Ele também é influenciado pela capacidade de dispersão definida pela espécie, e apresenta característica binária (conectado ou não-conectado)

```
iic <- con_metric(landscape, metric = "IIC")
```

Aqui iremos avaliar a importância do patch, usando a diferença no IIC em função da retirada de cada mancha. Ou seja, aqui a função retira mancha por mancha e roda novamente a função, avaliando a redução na conectividade da paisagem em função da retirada de cada uma das manchas medida em porcentagem. Veja que a somatória não é 100%, uma vez que a quebra de conexão em um determinado local, pode ocorrer através da supressão de duas manchas igualmente (apesar delas terem áreas distintas, e por isso, resultados levemente diferentes).

```
importancia <- patch_imp(landscape, metric = "IIC")
```

```
## [1] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [7] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 1.4814815 0.000000
## [13] 13.0864198 0.2469136 1.9753086 0.7407407 0.000000 0.000000
## [19] 0.000000 0.000000 0.000000 1.9753086 3.4567901 0.000000
## [25] 1.4814815 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [31] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [37] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [43] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [49] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [55] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [61] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [67] 0.000000 0.000000 0.2469136 0.4938272 0.000000 0.000000
## [73] 0.000000 0.000000 0.000000 0.4938272 0.000000 1.2345679
## [79] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.4938272 0.000000
## [85] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.9876543
## [91] 0.9876543 0.000000 0.000000 0.000000 0.2469136 0.2469136
## [97] 0.000000 0.000000 0.2469136 0.000000 0.000000 0.000000
## [103] 0.000000 0.000000 0.4938272 0.2469136 0.000000 0.000000
## [109] 0.000000 0.2469136 0.2469136 0.2469136 0.2469136 0.000000
## [115] 0.000000 26.6666667 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [121] 0.2469136 0.2469136 0.000000 0.2469136 0.000000 0.000000
## [127] 0.000000 0.000000 2.9629630 0.000000 0.000000 0.000000
## [133] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [139] 0.000000 2.2222222 0.4938272 0.2469136 0.2469136 0.2469136
## [145] 0.000000 0.2469136 0.000000 0.4938272 1.2345679 0.9876543
## [151] 1.4814815 0.2469136 0.000000 5.1851852 1.2345679 0.4938272
## [157] 74.5679012 0.000000 0.4938272
```

P.02: Faça uma avaliação da importância dos remanescentes no tocante a conectividade da paisagem. Discuta os resultados baseados no tamanho e na forma do remanescente.

```
plot(importancia)
```

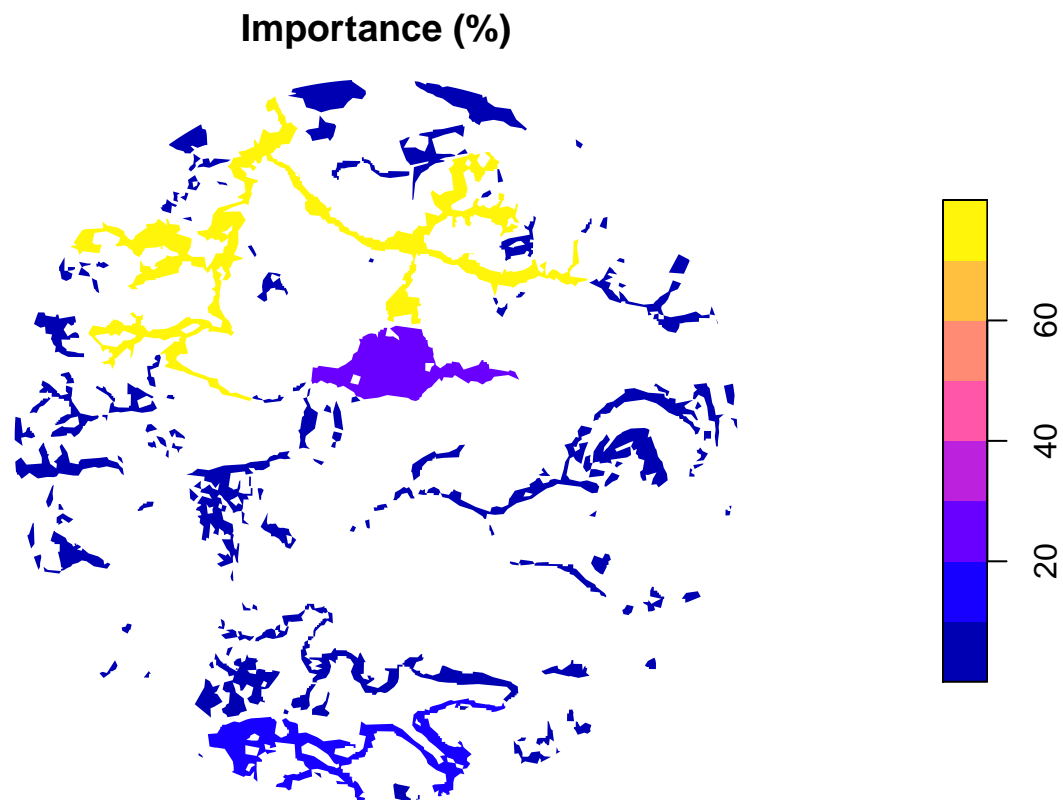


Figure 2: Importância de cada um dos fragmentos

Vamos agora explorar esse objeto que criamos

```
str(importancia)
```

```
## List of 2
## $ landscape      :Classes 'sf' and 'data.frame': 159 obs. of  3 variables:
## ..$ clusters    : int [1:159] 1 1 2 3 4 4 4 5 4 5 ...
## ..$ geometry    :sfc_POLYGON of length 159; first list element: List of 1
## .. ..$ : num [1:8, 1:2] 748807 748806 748795 748750 748751 ...
## .. ..- attr(*, "class")= chr [1:3] "XY" "POLYGON" "sfg"
## ..$ attributes: num [1:159] 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## ..- attr(*, "sf_column")= chr "geometry"
## ..- attr(*, "agr")= Factor w/ 3 levels "constant","aggregate",...: NA NA
## .. ..- attr(*, "names")= chr [1:2] "clusters" "attributes"
## $ prioritization: num [1:159] 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
## - attr(*, "class")= chr "pimp"
```

Veja que o objeto tem **importancia**landscape * * e * *importancia**prioritization**.

Vamos ver como explorar esse objeto:

```
importancia$landscape$clusters
```

```
## [1] 1 1 2 3 4 4 4 5 4 5 2 2 2 2 2 2 6 2 7 8 9 2 2 10 2
## [26] 2 2 2 2 11 2 2 2 12 13 2 13 14 15 16 17 18 18 18 17 19 17 20 21 22
## [51] 23 24 25 26 27 28 28 24 29 30 31 26 26 31 31 32 26 26 31 31 33 31 33 31 34
## [76] 35 31 26 36 33 37 36 35 38 36 36 38 39 36 31 31 36 40 41 42 38 39 38 38 42
## [101] 38 43 38 38 39 38 42 44 39 39 42 38 42 42 38 38 38 45 38 38 38 38 46 38 47
## [126] 48 47 47 38 47 47 49 50 47 51 52 53 54 55 38 38 38 38 38 56 38 38 38 38 38
## [151] 38 38 57 38 38 58 38 59 58
```

Veja que cm esse comando nos temos os 59 agrupamentos (clusters) de fragmentos que tínhamos obtido nas análises acima (tendo como definição a distância máxima que estamos usando de 100m)

Se você quiser ter certeza disso, vamos só usar um registro de cada agrupamento (as vezes que o número do agrupamento se repete acima, significa que é um outro fragmento compondo o agrupamento) e ordená-los, do menor para o maior.

```
sort(unique(importancia$landscape$clusters))
```

```
## [1] 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25
## [26] 26 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45 46 47 48 49 50
## [51] 51 52 53 54 55 56 57 58 59
```

Como a gente faz para ver quantos fragmentos temos por fragmento?

```
table(importancia$landscape$clusters)
```

```
##
## 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26
## 2 19 1 4 2 1 1 1 1 1 1 1 2 1 1 1 3 3 1 1 1 1 1 2 1 6
## 27 28 29 30 31 32 33 34 35 36 37 38 39 40 41 42 43 44 45 46 47 48 49 50 51 52
## 1 2 1 1 10 1 3 1 2 6 1 34 5 1 1 6 1 1 1 1 6 1 1 1 1 1
## 53 54 55 56 57 58 59
## 1 1 1 1 1 2 1
```

Veja que temos 45 fragmentos com importância maior que zero para a conectividade da paisagem.

```
table(importancia$prioritization>0)
```

```
##
## FALSE TRUE
## 114 45
```

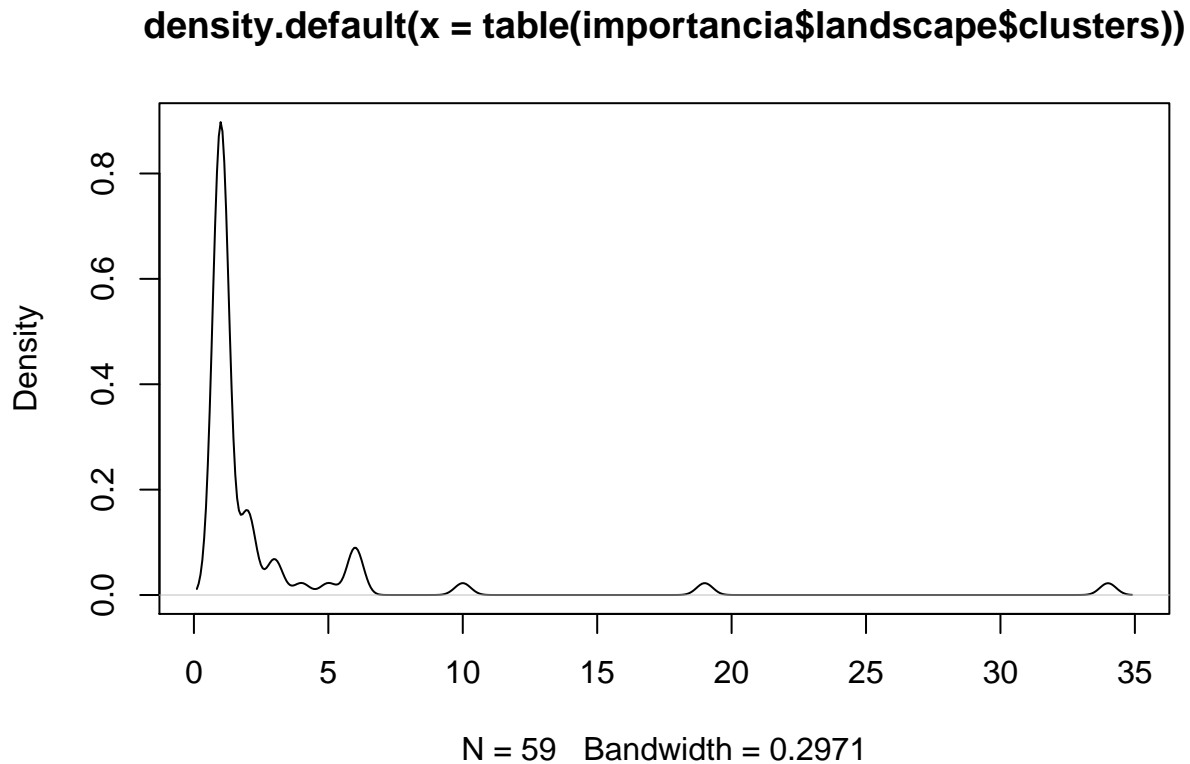
Usaremos o sort novamente para ordenar do menor para o maior. Tente você.

```
##
## 3 6 7 8 9 10 11 12 14 15 16 19 20 21 22 23 25 27 29 30 32 34 37 40 41 43
## 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1
## 44 45 46 48 49 50 51 52 53 54 55 56 57 59 1 5 13 24 28 35 58 17 18 33 4 39
## 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2 2 2 3 3 3 4 5
## 26 36 42 47 31 2 38
## 6 6 6 6 10 19 34
```

P.03: Pense também em estudos de Avaliação de Impacto Ambiental, como uma ferramenta igual a essa pode ser utilizada.

Vamos plotar para podermos ter uma idéia melhor

```
plot(density(table(importancia$landscape$clusters)))
```

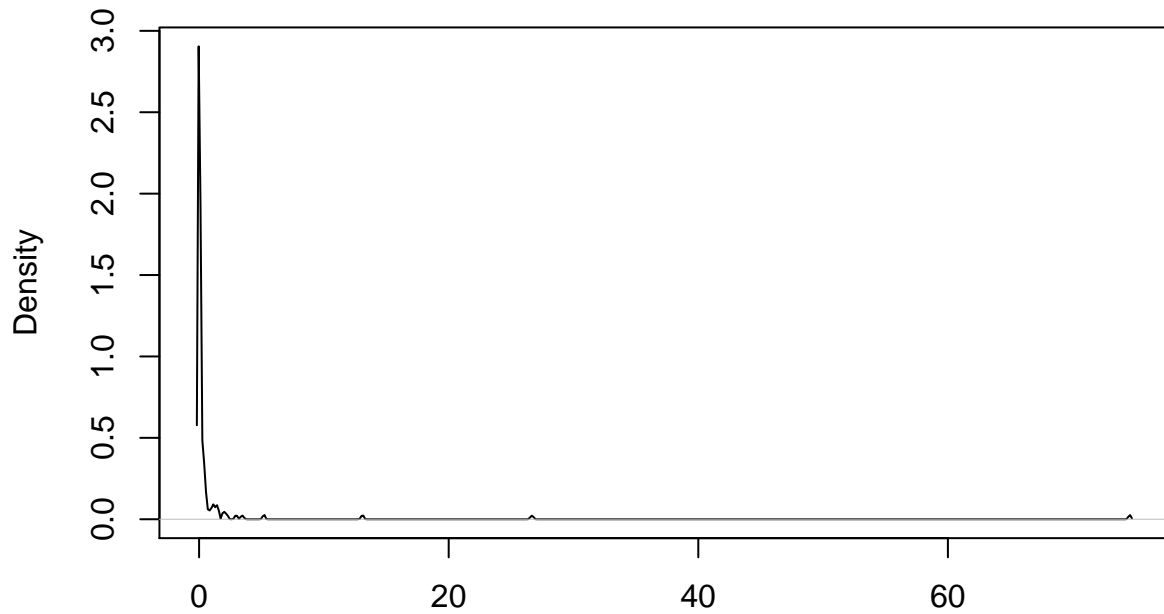


Veja que temos alguns agrupamentos compostos por muitos fragmentos (34, 19 e 10), e daí 4 agrupamentos compostos por 6 fragmentos, 1 com 5, 1 com 4, 3 com 3... 7 com 2 e montes com 1. Ou seja, a maioria dos agrupamentos são compostos por apenas 1 fragmento, porém, a somatória dos fragmentos que estão isolados de qualquer outro é 40. Porém, 87 fragmentos fazem parte de agrupamentos com muitos fragmentos (6 ou mais), ou seja, a maioria dos fragmentos na região, fazem parte de redes de fragmentos, se considerarmos que as espécies podem percorrer 100m de não-habitat.

Esse aspecto de certa maneira reflete na importância dos fragmentos.

```
plot(density(importancia$prioritization))
```


density.default(x = importancia\$prioritization)



N = 159 Bandwidth = 0.06017

```
sort(importancia$prioritization)
```

```
## [1] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [7] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [13] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [19] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [25] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [31] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [37] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [43] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [49] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [55] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [61] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [67] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [73] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [79] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [85] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [91] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [97] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [103] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [109] 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000 0.000000
## [115] 0.2469136 0.2469136 0.2469136 0.2469136 0.2469136 0.2469136
## [121] 0.2469136 0.2469136 0.2469136 0.2469136 0.2469136 0.2469136
## [127] 0.2469136 0.2469136 0.2469136 0.2469136 0.2469136 0.2469136
## [133] 0.4938272 0.4938272 0.4938272 0.4938272 0.4938272 0.4938272
```

```
## [139] 0.4938272 0.4938272 0.7407407 0.9876543 0.9876543 0.9876543
## [145] 1.2345679 1.2345679 1.2345679 1.4814815 1.4814815 1.4814815
## [151] 1.9753086 1.9753086 2.2222222 2.9629630 3.4567901 5.1851852
## [157] 13.0864198 26.6666667 74.5679012
```

P04: Agora explore 3 outras capacidades de dispersão (Altere lá no início, na entrada do mapa: `max_dist`). E faça uma breve avaliação de como esses resultados variam em função da capacidade de dispersão (máximo de 20 linhas). Deixe claro quais são as capacidades de dispersão utilizadas, e como os resultados variam (mencione os resultados). Aborde o número de agrupamentos, a quantidade de fragmentos por agrupamento, mas não discuta ainda a questão da importância dos remanescentes (mas já avalie, pois essa será a questão seguinte).

P05: Agora foque exclusivamente na importância dos remanescentes. Como a importância dos remanescentes variam em função das diferentes capacidades de dispersão?

P06: Se necessário, explore mais algumas capacidades de dispersão. Como se dá a relação entre a capacidade de dispersão e as variáveis calculadas. Existe algum limiar onde as mudanças são bruscas (ou param de ocorrer)? Ou as relações são mais ou menos lineares? Discuta os resultados.