



Universidade de Brasília - UnB

Núcleo de Medicina Tropical - NMT

Programa de Pós-graduação em Medicina Tropical - PPGMT

JOÃO PAULO ARAÚJO DA CONCEIÇÃO

**Risco de exposição a vetores da febre amarela
silvestre (Diptera: Culicidae) no Parque Nacional de
Brasília, Brasil.**

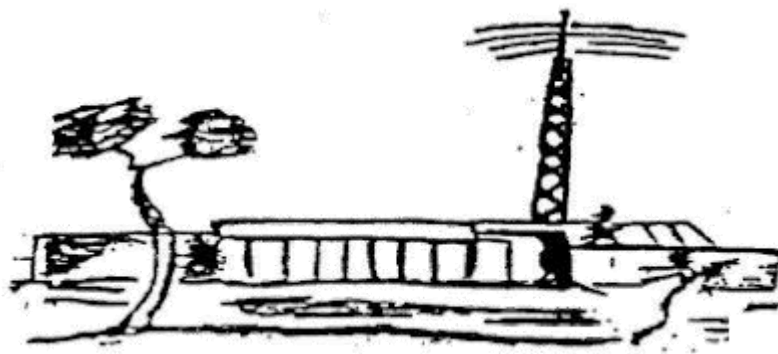
Brasília/DF

2024

Risco de exposição a vetores da febre amarela silvestre (Diptera: Culicidae) no Parque Nacional de Brasília, Brasil.

JOÃO PAULO ARAÚJO DA CONCEIÇÃO

Dissertação de
Mestrado apresentada ao
Programa de Pós-Graduação em
Medicina Tropical da Universidade
de Brasília, para a obtenção do título
de
Mestre em Medicina Tropical.
Área de concentração: Biologia
das Doenças Infecciosas e
Parasitária



Brasília/DF

2024

Autorizo a reprodução e divulgação apenas do resumo deste trabalho, por qualquer meio convencional ou eletrônico, para fins de ensino, estudo ou pesquisa, desde que citada a fonte.

Catálogo da Publicação

Ficha catalográfica elaborada automaticamente,
com os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

PC744r Paulo Araújo da Conceição, João
Risco de exposição a vetores da febre amarela silvestre
(Diptera: Culicidae) no Parque Nacional de Brasília, Brasil
/ João Paulo Araújo da Conceição; orientador Marcos Takashi
Obara. -- Brasília, 2024.
201 p.

Dissertação (Mestrado em Medicina Tropical) --
Universidade de Brasília, 2024.

1. Febre Amarela. 2. Culicidologia. 3. Entomologia Médica
. I. Takashi Obara, Marcos, orient. II. Título.

**Risco de exposição a vetores da febre amarela silvestre
(Diptera: Culicidae) no Parque Nacional de Brasília, Brasil.**

Universidade de Brasília

Data da Defesa

28 de maio de 2024

Banca examinadora

Prof. Dr. Marcos Takashi Obara (Orientador)

Universidade de Brasília UnB

Prof. Dr. Filipe Vieira Santos de Abreu (Membro externo)

Instituto Federal do Norte de Minas Gerais

Prof. Dr. Joaquim Pinto Nunes Neto (Membro externo)

Instituto Evandro Chagas

Prof. Dr. Rafael Rodrigues Franca (Membro Interno - Suplente)

Universidade de Brasília UnB

AGRADECIMENTOS

Muitas pessoas colaboraram para que eu pudesse finalizar mais essa etapa na minha formação, tanto acadêmica quanto de vida. Dentre elas, agradeço imensamente ao professor Dr. Marcos Takashi Obara por me orientar ao longo desses vários anos de mestrado mesmo diante de tantas adversidades.

Ao professor Dr. Rodrigo Gurgel Gonçalves por ter me aberto as portas do seu laboratório lá em 2017 e ter me iniciado de ato de fazer ciência.

Ao professor Dr. Fernando Abad-Franch, pela grande e essencial ajuda nas análises estatística e muitas discussões valiosas, não teria conseguido fazer um trabalho desse nível sem o senhor, professor!

À colega de curso e amiga Taís Oliveira Araújo por sempre me ajudar, estar do meu lado. Não teria conseguido sem você. Da biologia para a vida.

Aos colegas de campo Marcília de Oliveira e Rogério Andrade pela preciosa ajuda no campo. Gente, eu não teria conseguido fazer aquele campo imenso sem vocês!

Aos colegas de laboratório Larissa Rodrigues, Vinicius, Joana pelas conversas nos momentos difíceis e à técnica de laboratório Patrícia Gomes

Agradeço também a minha querida mãe, Ana Amélia, vulgo “Donana”, por todo o apoio, carinho e amor que a senhora sempre teve e tem comigo.

À minha avó Francisca Ramos de Araújo, vulgo Dona Chiquinha, minha segunda mãe. A senhora é maravilhosa e obrigado por tudo.

À CAPES pela bolsa de pesquisa e ao Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade – ICMBio pela autorização de pesquisa no Parque Nacional de Brasília.

Aos membros da banca por terem aceitado participar da banca de defesa do meu trabalho e por contribuírem com valiosas observações.

Ao meu amigo, colega, companheiro João Vitor Guedes de Souza, por me ouvir e me apoiar em todas as decisões.

SUMÁRIO

1) INTRODUÇÃO	16
1.1 Aspectos gerais da febre amarela.....	16
1.2 Histórico da febre amarela no Brasil	17
1.3 Febre amarela no Brasil no século XXI.....	19
1.4 Vigilância de epizootias em Primatas Não Humanos.....	24
1.5 Vetores Biológicos	25
1.5.1 Mosquitos do Gênero <i>Haemagogus</i> e <i>Sabethes</i>	27
1.6 Risco de exposição a mosquitos.....	30
2) JUSTIFICATIVA	32
2.1 Pergunta	33
3) OBJETIVOS	34
3.1 Geral	34
3.2 Específicos.....	34
4) METODOLOGIA.....	35
4.1 Área de estudo.....	35
4.2 Coleta entomológicas e identificação dos mosquitos.....	40
4.3 Variáveis de coleta: detecção e densidade	44
4.3.1 Variáveis dos Modelos de Densidade (λ):.....	45
4.3.2 Variáveis dos Modelos de Detecção (r):	46
4.4 Análise estatística	47
5) RESULTADOS	50
5.1 Ocorrência de culicídeos no Parque Nacional de Brasília	50
5.2 Detecção e densidade - análise exploratória e estatística.	51
5.2.1 <i>Haemagogus janthinomys</i>	52
5.2.2 <i>Haemagogus leucocelaenus</i>	55
5.2.3 <i>Sabethes albiprivus</i>	59
5.2.4 <i>Aedes albopictus</i>	62
5.2.5 <i>Aedes serratus</i>	64
5.2.6 <i>Aedes scapularis</i>	68
5.2.7 <i>Psorophora ferox</i>	71

5.3 Risco de exposição aos vetores da febre amarela no PNB de acordo com os pontos de coleta e níveis de uso humano	74
6) DISCUSSÃO	78
7) CONCLUSÕES	84
8) REFERÊNCIAS	85
9) ANEXOS.....	100
9.2 Anexo 1 - Autorização SISBIO para coleta de culicídeos	100
10) APÊNDICES.....	104
Apêndice 1. - Ficha de vigilância entomológica de mosquitos	104
Apêndice 2 - Coordenadas dos pontos de coletas.....	105
Apêndice 3 – Scripts para o R	106
<i>Haemagogus janthinomys</i>	106
<i>Haemagogus leucocelaenus</i>	116
<i>Sabethes albiprivus</i>	127
<i>Aedes albopictus</i>	138
<i>Aedes serratus</i>	148
<i>Aedes scapularis</i>	158
<i>Psorophora ferox</i>	168
Apêndice 4 – Artigo submetido à revista x	180
Risk of exposure to yellow fever vectors in Brasilia National Park	180

Lista de figuras

- Figura 1.** Localização de eventos epizoóticos confirmados e casos humanos de febre amarela, Brasil, 2008–2009. 20
- Figura 2.** Distribuição de casos confirmados em humanos e primatas não humanos (PNH) de febre amarela por período de monitoramento anual de julho de 2014 a junho de 2020, Brasil. ASRV: área sem recomendação vacinal e ACRV: área com recomendação vacinal..... 22
- Figura 3.** Distribuição de casos confirmados em humanos e primatas não humanos (PNH) de febre amarela no Brasil, julho de 2022 a junho de 2023 (Semana Epidemiológica 50). 23
- Figura 4.** Casos de febre amarela confirmados no Distrito Federal de 2020 a 2024 24
- Figura 5.** Vetores da febre amarela coletados durante o trabalho. A: *Hg. janthinomys*. B: *Hg. leucocelaenus*. C: *Sa. albiprivus* 27
- Figura 6.** Área de estudo – Parque Nacional de Brasília..... 37
- Figura 7. A:** Piscina Pedreira (ou Piscina Velha). **B:** Piscina Areal (ou Piscina Nova). Os pontos próximos a essas áreas foram identificados como locais de alto uso humano, devido ao grande número de visitantes que frequentam diariamente..... 39
- Figura 8.** Trilha da Capivara, o ponto 1 de coleta está situado às margens da Trilha da Capivara e é um ponto de alto uso humano..... 40
- Figura 9.** Áreas de baixo uso humano com acesso restrito a funcionários. As matas são bastante preservadas. 41
- Figura 10 A:** Pesquisadora coletando os mosquitos. B: Puçá, copo entomológico e capturador de Castro (seta). C: Triagem dos mosquitos no Laboratório de Parasitologia e Biologia de Vetores da Universidade de Brasília. 43
- Figura 11.** Número de fêmeas de *Hg. janthinomys* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Distância da borda da mata (em metros, contínuo). B) Tamanho da mata (em metros, contínuo). C) Tamanho da mata (categóricos, >200m) D) Curso de água (presente /ausente)..... 53
- Figura 12.** Número de fêmeas de *Hg. janthinomys* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Uso humano (baixo, médio e alto). B) Número de pássaros contados. C) Número de pássaros contados. D) Número de PNH observados..... 54
- Figura 13.** Número de fêmeas de *Hg. leucocelaenus* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Distância da borda da mata (em metros, contínuo). B)

Tamanho da mata (em metros, contínuo). C) Tamanho da mata (categóricos, >200m). D) Curso de água (presente /ausente)..... 56

Figura 14. Número de fêmeas de *Hg. leucocelaenus* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Uso humano (baixo, médio e alto). B) Número de pássaros contados. C) Número de pássaros contados (categóricos, mediana e quartis). D) Número de PNH observados. 57

Figura 15. Número de fêmeas de *Sa. albiprivus* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Distância da borda da mata (em metros, contínuo). B) Tamanho da mata (em metros, contínuo). C) Tamanho da mata (categóricos, >200m). D) Curso de água (presente /ausente)..... 59

Figura 16. Número de fêmeas de *Sa. albiprivus* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Uso humano (baixo, médio e alto). B) Número de pássaros contados. C) Número de pássaros contados (categóricos, mediana e quartis). D) Número de PNH observados 60

Figura 17. Número de fêmeas de *Ae. albopictus* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Distância da borda da mata (em metros, contínuo). B) Tamanho da mata (em metros, contínuo). C) Tamanho da mata (categóricos, >200m). D) Curso de água (presente /ausente)..... 62

Figura 18. Número de fêmeas de *Ae. albopictus* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Uso humano (baixo, médio e alto). B) Número de pássaros contados. C) Número de pássaros contados (categóricos). D) Número de PNH observados. 63

Figura 19. Número de fêmeas de *Ae. serratus* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Distância da borda da mata (em metros, contínuo). B) Tamanho da mata (em metros, contínuo). C) Tamanho da mata (categóricos, >200m). D) Curso de água (presente /ausente)..... 65

Figura 20. Número de fêmeas de *Ae. serratus* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Uso humano (baixo, médio e alto). B) Número de pássaros contados. C) Número de pássaros contados (categóricos). D) Número de PNH observados. 66

Figura 21. Número de fêmeas de *Ae. scapularis* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Distância da borda da mata (em metros, contínuo). B) Tamanho da mata (em metros, contínuo). C) Tamanho da mata (categóricos, >200m). D) Curso de água (presente /ausente)..... 68

Figura 22. Número de fêmeas de *Ae. scapularis* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Uso humano (baixo, médio e alto). B) Número de pássaros contados. C) Número de pássaros contados (categóricos). D) Número de PNH observados. 69

Figura 23. Número de fêmeas de *Ps. ferox* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Distância da borda da mata (em metros, contínuo). B)

Tamanho da mata (em metros, contínuo). C) Tamanho da mata (categóricos, >200m). D) Curso de água (presente /ausente)..... 71

Figura 24. Número de fêmeas de *Ps. ferox* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Uso humano (baixo, médio e alto). B) Número de pássaros contados. C) Número de pássaros contados (categóricos). D) Número de PNH observados 72

Figura 25. Densidade de fêmeas de mosquitos atraídas por humanos no PNB, por espécie, uso humano (verde: baixo, amarelo: intermediário e vermelho: alto) e pontos de coleta (1-30). 75

Figura 26 Ponto 19 de coleta (Bambuzal da Cibebe). O ponto está localizado numa área de uso médio humano. Seta: possível criadouro de mosquitos. 76

Lista de Tabelas

Tabela 1. Lista de variáveis de densidade e detecção de mosquitos coletados no PNB entre janeiro e fevereiro de 2020	44
Tabela 2 Distribuição das espécies de mosquitos coletados nas três áreas de uso humano no Parque Nacional de Brasília, entre janeiro e fevereiro de 2020.	50
Tabela 3. Resultados do modelo <i>n-mixture</i> mostrando os efeitos das variáveis analisadas sobre a densidade e a detecção de <i>Hg. janthinomys</i> . As variáveis em vermelho demonstraram ter um efeito positivo, enquanto as variáveis em azul mostraram um efeito negativo	55
Tabela 4. Resultados do modelo <i>n-mixture</i> mostrando os efeitos das variáveis analisadas sobre a densidade e a detecção de <i>Hg. leucocelaenus</i> . As variáveis em vermelho demonstraram ter um efeito positivo, enquanto as variáveis em azul mostraram um efeito negativo.	58
Tabela 5. Resultados do modelo <i>n-mixture</i> mostrando os efeitos das variáveis analisadas sobre a densidade e a detecção de <i>Sa. albiprivus</i> . As variáveis destacadas em vermelho demonstraram ter um efeito positivo, enquanto as variáveis em azul mostraram um efeito negativo	61
Tabela 6. Resultados do modelo <i>n-mixture</i> mostrando os efeitos das variáveis analisadas sobre a densidade e a detecção de <i>Ae. albopictus</i> . As variáveis em vermelho demonstraram ter um efeito positivo, enquanto as variáveis em azul mostraram um efeito negativo	64
Tabela 7. Resultados do modelo <i>n-mixture</i> mostrando os efeitos das variáveis analisadas sobre a densidade e a detecção de <i>Ae. serratus</i> . As variáveis em vermelho demonstraram ter um efeito positivo, enquanto as variáveis em azul mostraram um efeito negativo.	67
Tabela 8. Resultados do modelo <i>n-mixture</i> mostrando os efeitos das variáveis analisadas sobre a densidade e a detecção de <i>Ae. scapularis</i> . As variáveis em vermelho demonstraram ter um efeito positivo, enquanto as variáveis em azul mostraram um efeito negativo.	70
Tabela 9. Resultados do modelo <i>n-mixture</i> mostrando os efeitos das variáveis analisadas sobre a densidade e a detecção de <i>Ps. ferox</i> . As variáveis em vermelho demonstraram ter um efeito positivo, enquanto as variáveis em azul mostraram um efeito negativo.	73
Tabela 10. Risco de exposição a vetores primários e secundários de Febre Amarela em 30 pontos amostrados no Parque Nacional de Brasília de acordo com os valores de maior densidade e detecção estimados pelo modelo <i>n-mixture</i> , em 2024.....	77

Lista de quadros

Quadro 1. Interceptos estimados para cada variável a partir do modelo *n-mixture*. 49

Quadro 2. Influência das variáveis de densidade e detecção nas espécies analisadas usando o modelo *n-mixture*. 52

ABREVIATURAS E SIGLAS UTILIZADAS

ACRV	Área com recomendação de vacinação
ASRV	Área sem recomendação de vacinação
<i>Ae</i>	<i>Aedes</i> , gênero de mosquito
FA	Febre Amarela
GDF	Governo do Distrito Federal
<i>Hg</i>	<i>Haemagogus</i> , gênero de mosquito
LPBC	Laboratório de Parasitologia e Biologia de Vetores
P	Ponto
PNB	Parque Nacional de Brasília
PNH	Primatas não-humanos
<i>Ps</i>	<i>Psorophora</i> , gênero de mosquito
REVFA	Risco de exposição a vetores de febre amarela
<i>Sa</i>	<i>Sabethes</i> , gênero de mosquito
UnB	Universidade de Brasília
<i>Wy</i>	<i>Wyeomyia</i> , gênero de mosquito
YFV	<i>Yellow fever virus</i> (em português, vírus da febre amarela)

RESUMO

Antecedentes: A febre amarela (FA) é uma arbovirose de alta taxa de letalidade transmitida por mosquitos. Embora exista vacina, surtos de FA continuam ocorrendo na África e Américas por isso é fundamental conhecer a exposição das pessoas aos vetores da FA silvestre. Dessa forma, foi avaliado como varia e qual é o nível de exposição das pessoas aos vetores primários e secundários da FA no Parque Nacional de Brasília (PNB), Brasil. **Métodos:** Os mosquitos foram coletados durante o dia em 30 pontos com diferentes níveis de uso humano (alto, médio e baixo uso humano) no PNB em janeiro e fevereiro de 2020. Em cada ponto foram medidas variáveis ambientais como a distância até a borda da mata, a largura mínima da mata, a proximidade a cursos d'água, temperatura, umidade, presença de primatas não humanos e quantidade de pássaros. A densidade (fêmeas coletadas no sítio) e a detecção (probabilidade de coleta no sítio) foram analisadas para estimar o risco de exposição aos mosquitos utilizando o modelo de *n-mixture*. **Resultados:** Foram coletados 4077 mosquitos pertencentes a 23 espécies, principalmente *Sabethes albiprivus* em matas com alto uso humano. *Haemagogus janthinomys* foi mais coletada em matas mais largas e *Haemagogus leucocelaenus* em sítios distantes do curso d'água. As espécies *Aedes albopictus*, *Aedes scapularis*, *Aedes serratus* foram mais coletadas em matas com alto uso humano, diferente de *Psorophora ferox*. A maior exposição foi observada para *Sabethes albiprivus*, seguida de *Haemagogus leucocelaenus* e *Haemagogus janthinomys*; nos pontos onde há maior densidade de mosquitos, uma pessoa poderia ser picada por até 10 mosquitos durante 1 hora. **Conclusões:** A modelagem da densidade de mosquitos, levando em consideração variáveis ambientais e esforço de coleta, permitiu calcular o nível de exposição das pessoas no PNB. O trabalho revelou a presença de vetores e potenciais focos de FA, com um alto risco de exposição nas áreas mais frequentadas por visitantes, como as piscinas. Essas informações são fundamentais para a vigilância dos vetores e o direcionamento de medidas de prevenção mais eficazes, sendo recomendada a vacinação contra FA para garantir a segurança ao frequentar o parque.

Palavras-Chave: Culicidae; *Haemagogus*; *Sabethes*; *Aedes*; Vírus da Febre Amarela.

ABSTRACT

Background: Yellow fever (YF) is a mosquito-borne arboviral disease with high lethality rate. Although there is a vaccine, outbreaks of YF continue to occur in Africa and the Americas, so it is essential to know people's exposure to wild YF vectors. Here we analyze the effects of environmental, host and anthropic variables on sampling point-specific density of mosquitoes and estimate the risk of exposure of humans to yellow fever vectors in Brasilia National Park (PNB), Brazil. **Methods:** We captured mosquitoes during the day at 30 sites with different levels of human use in the PNB in 2020. At each site we measured environmental variables such as distance to the edge of the forest, minimum width of the forest, proximity to watercourses, temperature, humidity, presence of non-human primates and number of birds. Density (females captured at the site) and detection (probability of capture at the site) were analyzed to estimate the risk of exposure to mosquitoes using the n-mixture model. **Results:** We collected 4077 mosquitoes belonging to 23 species, mainly *Sabethes albiprivus* in forests with high human use. *Haemagogus janthinomys* was collected more in wider forests and *Hg. leucocelaenus* in sites far from the watercourse. *Aedes albopictus*, *Ae. scapularis*, *Ae. serratus* were collected more in forests with high human use, unlike *Psorophora ferox*. The highest exposure was observed for *Sa. albiprivus*, followed by *Hg. leucocelaenus* and *Hg. janthinomys*; in sites where there is a higher density of mosquitoes, a person could be bitten by up to 10 mosquitoes/hour. **Conclusions:** The modeling of mosquito density, taking into account environmental variables and collection effort, allowed for the calculation of the exposure level of people in the BNP. The study revealed the presence of vectors and potential yellow fever hotspots, with a high risk of exposure in areas most frequented by visitors, such as the pools. This information is crucial for vector surveillance and the implementation of more effective prevention measures, with yellow fever vaccination recommended to ensure safety when visiting the park.

Keywords: Culicidae; *Haemagogus*; *Sabethes*; *Aedes*; Yellow Fever Virus.

1) INTRODUÇÃO

1.1 Aspectos gerais da febre amarela

A febre amarela (FA) é uma doença infecciosa causada pelo vírus da febre amarela (do inglês *yellow fever virus*, ou também YFV), um arbovírus que pertence ao gênero *Orthoflavivirus* e à família *Flaviviridae* (VASCONCELOS *et al.*, 2002). O YFV causa sintomas variados, sendo os mais comuns dores musculares, náuseas, vômitos, perda de apetite, amarelidão pelo corpo (icterícia) e em casos mais extremos, hemorragias (GIOVANETTI *et al.*, 2019). A taxa de letalidade nas Américas é elevada podendo variar de 20% a 60% (MONATH *et al.*, 2015; VASCONCELOS *et al.*, 2015; TUELLS *et al.*, 2022). Ainda de acordo com Tuells e colaboradores (2022), a letalidade da FA na África se limita a 20% devido a fatores genéticos associados a uma coevolução mais longa do vírus com população africana.

A doença é endêmica em regiões tropicais como África e América do Sul, incluindo o Brasil, sendo mais frequente na Região Amazônica. Entretanto, nos últimos anos a FA voltou a atingir áreas onde o vírus não ocorria antigamente, como regiões do sul e sudeste brasileiro (VASCONCELOS *et al.*, 2002; GIOVANETTI *et al.*, 2023). Para prevenção e controle da doença existe uma vacina que é eficaz e segura, sendo recomendada para áreas de risco e áreas com possibilidade de transmissão (GIOVANETTI *et al.*, 2019). Por isso, a imunização em larga escala é uma importante estratégia para redução de casos e propagação para novas áreas (LOPES *et al.*, 2023).

Existem dois ciclos de transmissão do YFV: um ciclo silvestre e um ciclo urbano. No ciclo silvestre, a transmissão ocorre pela picada de mosquitos dos gêneros *Haemagogus* (Hg.) e *Sabethes* (Sa.) que atuam como vetores do YFV (HANLEY *et al.*, 2013; ABREU *et al.*, & GIOVANETTI *et al.*, 2019). Os principais hospedeiros nesse ciclo são primatas não humanos (PNH) pertencentes aos gêneros *Alouatta*, *Cebus* e *Callithrix* e os seres humanos são hospedeiros

acidentais (HERVÉ *et al.*, 1986; VASCONCELOS *et al.*, 2002; CHAME *et al.*, 2020).

Já no ciclo urbano, o mosquito *Aedes aegypti* desempenha papel de vetor primário enquanto os seres humanos são hospedeiros principais, servindo como fonte de infecção para os mosquitos *Aedes aegypti* (GOMES *et al.*, 2010; GABIANE *et al.*, 2022). Como o nome sugere, esse ciclo ocorre em áreas urbanas onde há disponibilidade de criadouros para o mosquito e a presença de uma densa população humana que juntos contribuem para o contato entre o mosquito infectado e seres humanos não imunizados. Além disso, é importante ressaltar que ambos os ciclos são complementares e se retroalimentam principalmente onde há proximidade entre áreas urbanas e silvestre e a circulação de indivíduos não vacinados nessas duas áreas (CAVALCANTE *et al.*, 2017).

1.2 Histórico da febre amarela no Brasil

A primeira epidemia de febre amarela no Brasil ocorreu em Recife, no ano de 1685 quando o vírus foi possivelmente introduzido por um navio proveniente de São Tomé, na África. A doença se espalhou rapidamente e um ano mais tarde, já havia casos em Salvador, resultando em mais de 25 mil pessoas infectadas e cerca de 900 mortes até 1692 (FRANCO, 1969).

Conforme previsto para a época, a FA foi considerada uma doença miasmática, transmitida por odores fétidos, conhecidos como miasmas (MONATH *et al.*, 2001; STAPLES *et al.*, 2008). Como resultado, foram adotadas práticas de controle, incluindo a segregação dos infectados, a purificação do ar e a limpeza de casas, ruas e portos. Essas estratégias foram eficazes na contenção dos surtos epidêmicos da época, contribuindo para a redução do número de casos (FRANCO, 1969; BENCHIMOL, 2001).

Entretanto, em 1849 a epidemia reapareceu em Salvador trazida num navio americano e se alastrou chegando até o Rio de Janeiro e outras cidades portuárias. Isso deu início à segunda campanha contra a febre semelhante à

realizada um século antes. Já no início do século XX, graças aos trabalhos de Carlos Finlay, já se tinha conhecimento que transmissão ocorria por meio da picada do mosquito *Stegomyia fasciata* (atualmente conhecido como *Aedes aegypti*) (GABIANE *et al.*, 2022; TUELLS *et al.*, 2022). Por isso, após sucessivas epidemias, pesquisadores como Oswaldo Cruz organizaram campanhas para o controle do vetor, com o apoio da Fundação Rockefeller (FRANCO, 1969). Além disso, em 1968 foi instituída a obrigatoriedade da notificação imediata da febre amarela. Medidas como essas tinham o objetivo de combater de maneira mais eficaz a propagação da doença e controlar o mosquito vetor (FRANCO, 1969; BENCHIMOL, 2001).

No início da década de 1930, foi descoberta a existência do ciclo de transmissão silvestre da FA, o que exigiu a adoção de outras medidas como: o início de estudos nas áreas dentro das matas sobre a disseminação das doenças e avaliação dos possíveis vetores e hospedeiros no ciclo de transmissão silvestre (FRANCO, 1969). Esses estudos visavam compreender melhor a dinâmica da FA no ciclo silvestre e aprimorar estratégias de controle e prevenção.

Anteriormente, em 1927 o agente etiológico foi isolado por duas equipes: a Fundação Rockefeller e o Instituto Pasteur o que possibilitou o desenvolvimento de uma vacina 10 anos mais tarde com a cepa 17D (GOTUZZO *et al.*, 2013). Eventos adversos relacionados à vacina são raras, ocorrendo em cerca de 1% dos casos. No entanto, após anos de uso da vacina, foi descoberto que o YFV poderia causar problemas neurológicos em recém-nascidos com até 6 meses de idade (MONATH *et al.*, 2008).

Devido a essa descoberta, atualmente a vacina é recomendada somente para indivíduos entre 9 meses a 59 anos de idade, não sendo recomendada para gestantes, lactantes, portadores de HIV ou pessoas com alergia a alguns dos componentes da vacina. Apesar dessas restrições, a vacina ainda é considerada uma das principais formas de prevenção e controle da doença no mundo. (BENCHIMOL, 2001; VASCONCELOS *et al.*, 2003; GOTUZZO *et al.*, 2013; LOPES *et al.*, 2023)

A vacinação, associada às ações de controle do mosquito *Ae. aegypti* eliminaram os casos humanos de FA urbana, sendo que o último caso registrado foi em 1942, na cidade de Sena Madureira, no estado do Acre. Até o final do século XX não houve surtos muito longos e significativos (CAVALCANTE *et al.*, 2017).

1.3 Febre amarela no Brasil no século XXI

Após o registro do último caso de FA urbana em 1942, o YFV passou a circular predominante em PNH e ocasionalmente por meio de infecções humanas silvestres principalmente na região amazônica. Entretanto, a partir do ano 2000, foi observada uma expansão de FA em regiões sem histórico de circulação viral, principalmente nas regiões sul e sudeste do Brasil (GIOVANETTI *et al.*, 2023; GARCIA-OLIVEIRA *et al.*, 2023).

Segundo Romano e colaboradores (2014) entre setembro de 2008 e junho de 2009, foram registrados aproximadamente 21 casos confirmados de FA no estado do Rio Grande do Sul, resultando em 9 mortes. Destes casos, 18 ocorreram em áreas com recomendação de vacinação (ASRV). No estado de São Paulo, foram registrados 28 casos, com 11 mortes, todas elas também em áreas com recomendação de vacinação. Durante esse período, houve aproximadamente 950 mortes de PNH no Rio Grande do Sul e cerca de 146 mortes em São Paulo. Além disso, uma morte foi registrada no estado do Mato Grosso, conforme mostrado na **Figura 1**. Esses surtos foram atribuídos à baixa cobertura vacinal em áreas onde não havia registro de circulação do vírus da febre amarela há mais de quatro décadas (VASCONCELOS *et al.*, 2010). Foi também nesse período que o Brasil adotou o monitoramento de epizootias em PNH, prática que fortaleceu significativamente o combate à febre amarela (ROMANO *et al.*, 2014).

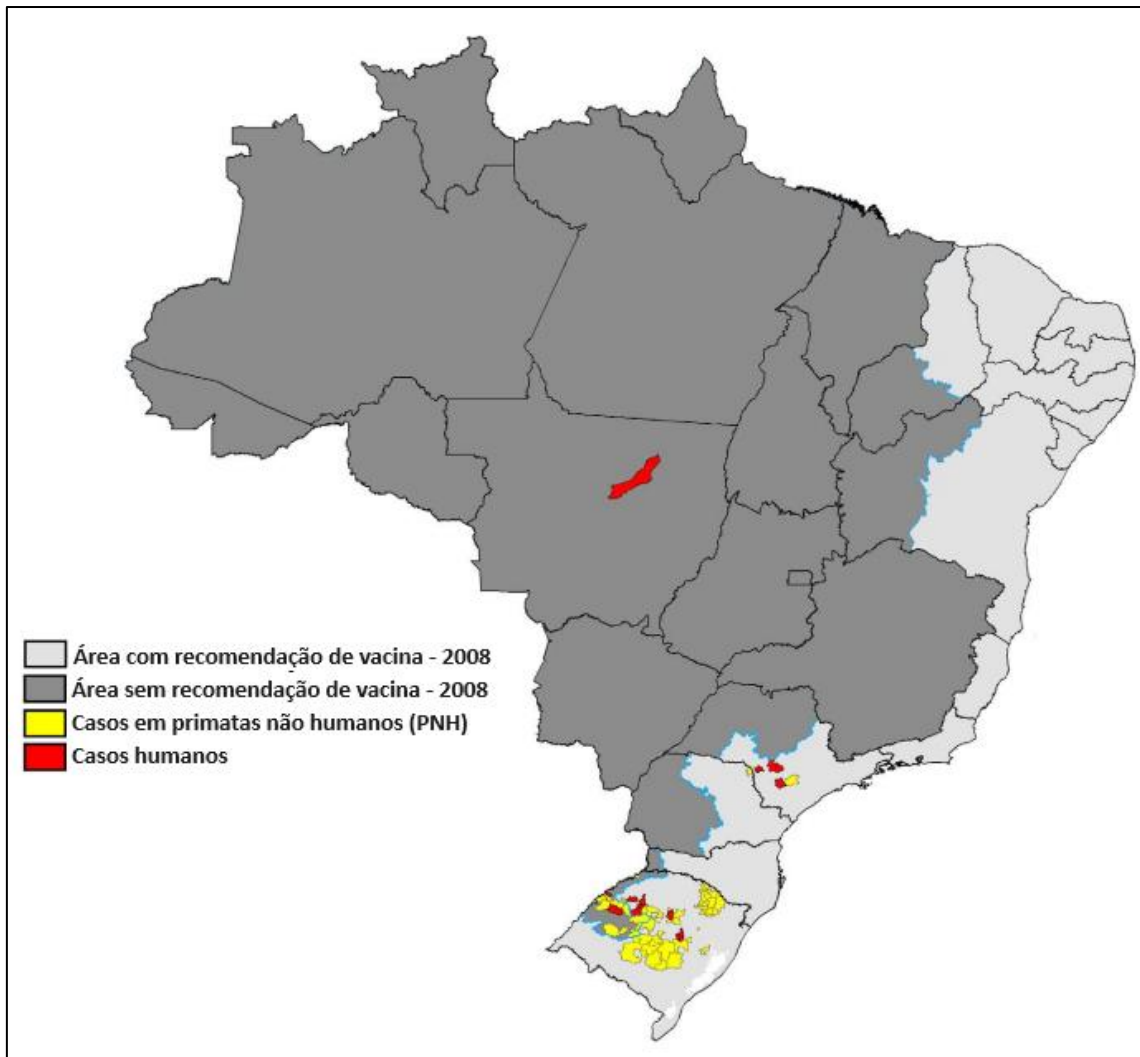


Figura 1. Localização de eventos epizoóticos confirmados e casos humanos de febre amarela, Brasil, 2008–2009.

Fonte: adaptado de ROMANO *et al.*, 2014

O período de 2017/2018 foi marcado por um dos “eventos mais expressivos da história da FA no Brasil”, conforme destacado no informe nº 15 de 2018 do Monitoramento do Período Sazonal da Febre Amarela. Em dezembro de 2016, os primeiros casos foram registrados em regiões de Mata Atlântica nos estados do Espírito Santo, Rio de Janeiro e Minas Gerais. Um ano depois, a FA havia se espalhado para o estado de São Paulo, alcançando regiões que estavam livres da circulação da doença por aproximadamente 80 anos (ABREU *et al.*, 2019).

Em 2016, a região Sudeste do Brasil foi a mais afetada. Entre 2016 e 2017, foram registrados 1.412 casos em PNH e 777 casos em humanos, resultando em cerca de 260 mortes durante esse período. Os estados do Sudeste brasileiro foram os mais afetados, com Minas Gerais apresentando 465 casos, Espírito Santo com 252 casos, Rio de Janeiro com 25 casos, e São Paulo com 22 casos confirmados. (GIOVANETTI *et al.*, 2019; MARES-GUIA *et al.*, 2020).

Já no período de 2017 a 2018, houve uma redução nos casos de epizootias, com 864 registros. Por outro lado, os casos em humanos aumentaram, totalizando 1.376 casos e 483 mortes. Novamente, os estados do Sudeste foram os mais impactados, com Minas Gerais registrando 532 casos, São Paulo com 377 casos, Rio de Janeiro com 186 casos e Espírito Santo com 6 casos confirmados (GIOVANETTI *et al.*, 2019; MARES-GUIA *et al.*, 2020).

Entre 2018 e 2019, o surto de febre amarela persistiu, embora em menor intensidade. Nesse biênio, foram confirmados apenas 20 casos em PNHs (de um total de 1.883 notificações) e 12 casos humanos, resultando em 5 mortes. Os estados mais afetados com casos humanos foram São Paulo, com 10 casos, Rio de Janeiro, com 8 casos e Minas Gerais, com 1 caso (GIOVANETTI *et al.*, 2019; MARES-GUIA *et al.*, 2020; BRASIL *et al.*, 2021). Apesar desses números, as evidências disponíveis indicam que todos os casos em humanos têm origem no ciclo silvestre de transmissão da FA (SILVA *et al.*, 2020; SACCHETTO *et al.*, 2020; GARCIA-OLIVEIRA *et al.*, 2023). A **Figura 2** ilustra como ocorreu distribuição dos casos até 2020.

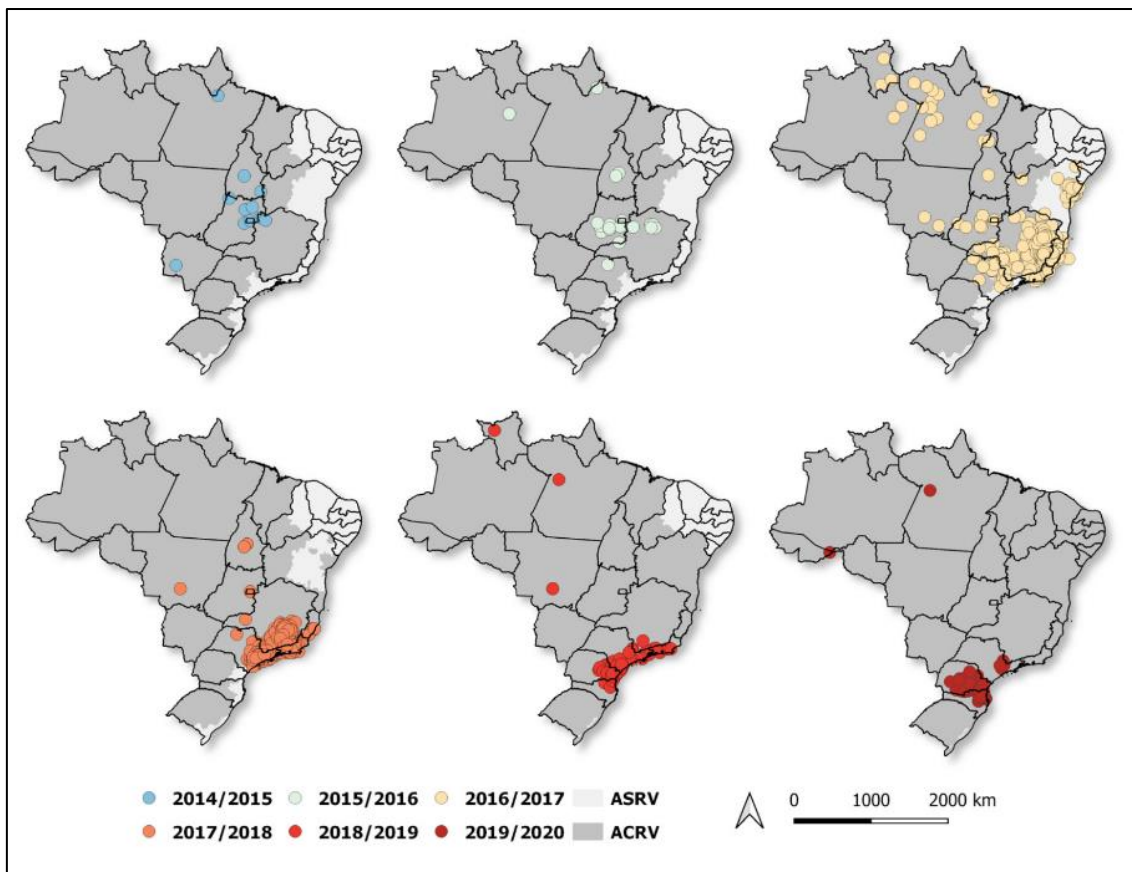


Figura 2. Distribuição de casos confirmados em humanos e primatas não humanos (PNH) de febre amarela por período de monitoramento anual de julho de 2014 a junho de 2020, Brasil. ASRV: área sem recomendação vacinal e ACRV: área com recomendação vacinal
Fonte: adaptado de Brasil (2021).

De acordo com o Boletim Epidemiológico 31, volume 52, entre 2020 e 2021, houve o registro de 1449 epizootias, com 218 confirmadas. No que diz respeito aos casos humanos, houve 287 notificações. Distribuídos regionalmente, houve 141 casos na região Sudeste, 80 na região Sul, 34 na região Centro-Oeste, 25 na região Norte e 2 na região Nordeste. (BRASIL, 2021). Dessas ocorrências, apenas cinco foram confirmadas em Santa Catarina, resultando em dois óbitos. O surto continuou avançando para o sul principalmente em casos em PNH (ANDRADE *et al.*, 2021).

No biênio 2022 a 2023, conforme registrado pelo Boletim Epidemiológico de 48, volume 53, foram notificados 686 casos de epizootias e 158 casos em humanos. No entanto, apenas duas epizootias foram confirmadas no estado do Paraná e Minas Gerais, como ilustrado na **Figura 3**.

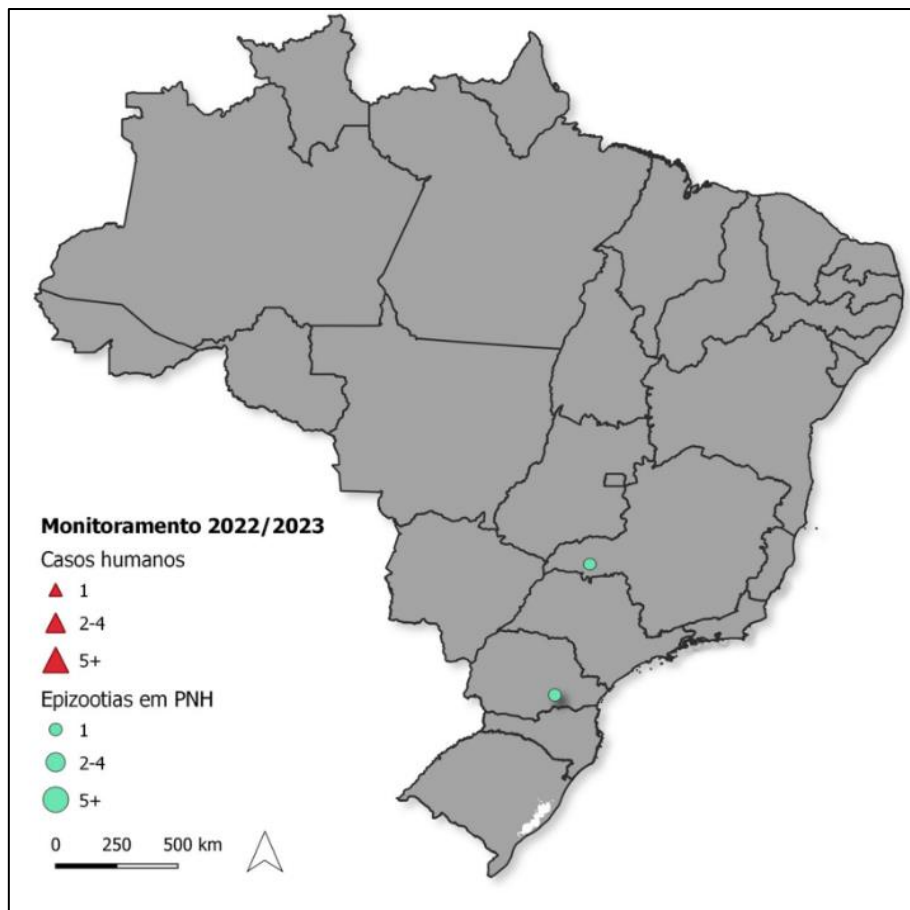


Figura 3. Distribuição de casos confirmados em humanos e primatas não humanos (PNH) de febre amarela no Brasil, julho de 2022 a junho de 2023 (Semana Epidemiológica 50).
Fonte: adaptado de Brasil (2023).

Hg. janthinomys e *Hg. leucocelaenus* atuaram como vetores primários desse surto que posteriormente se espalhou do Centro-Oeste atingindo regiões do Sul (ABREU *et al.*, 2019). Essa expansão da FA para áreas livres do YFV ocorreu principalmente devido à baixa cobertura vacinal nessas áreas. Diante desse cenário, o Brasil ampliou consideravelmente as campanhas de vacinação em populações vulneráveis e áreas endêmicas, sendo que a partir de 2018 a designação de área com recomendação de vacinação (ACRV) foi ampliada para todo o país (ABREU *et al.*, 2019).

No que diz respeito ao Distrito Federal no período de 2000 a 2024, foram registrados dois casos humanos em 2000, um caso em 2007 e dois casos em 2017. Os casos em PNH passaram a ser confirmados no Distrito Federal a partir de 2008, com 4 casos, aumentando para 5 em 2015, 7 em 2016 e atingindo 12 casos em 2020, conforme revela a **Figura 4**

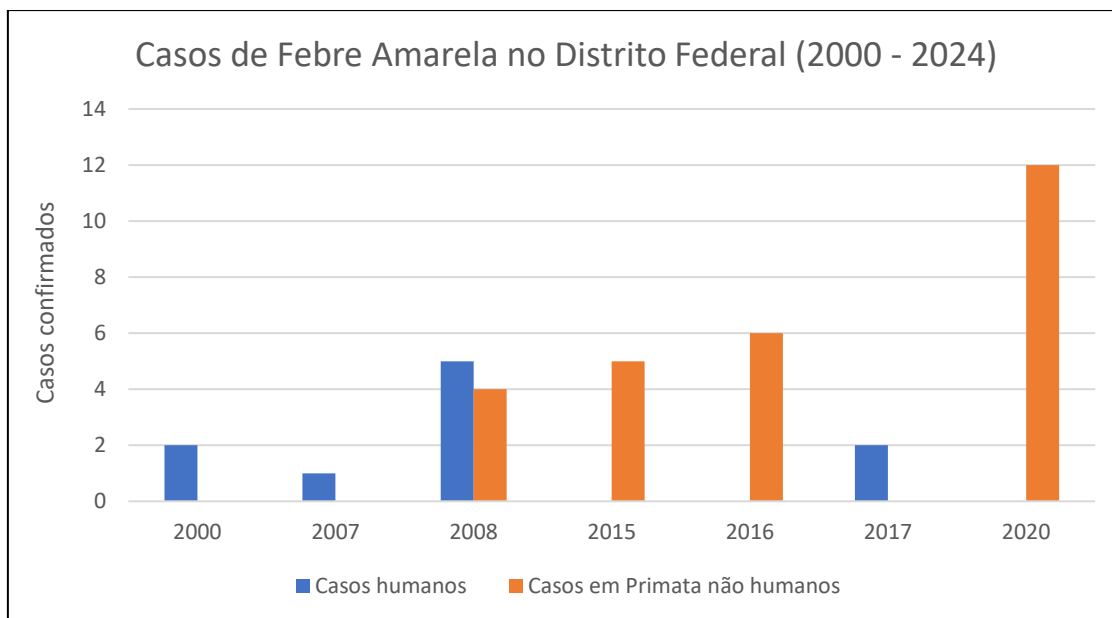


Figura 4. Casos de febre amarela confirmados no Distrito Federal de 2020 a 2024
Fonte: adaptado de TABNET/DATASUS

Frente aos surtos enfrentados não apenas no Brasil, mas também em outros países, a Organização das Nações Unidas implementou, em 2017, a estratégia EYE (do inglês, *Eliminating Yellow Fever Epidemics*) como resposta aos crescentes desafios associados à febre amarela. Para alcançar esse objetivo, a estratégia se fundamenta em três principais frentes: i) proteger populações em risco, ii) prevenir a disseminação internacional e iii) aumentar a produção de vacinas para conter surtos de forma ágil (WHO, 2018; TUELLES *et al.*, 2022).

1.4 Vigilância de epizootias em Primatas Não Humanos

Os ciclos de transmissão silvestre afetam, principalmente, os PNHs do gênero, *Cebus*, *Alouatta* e *Callithrix* (HERVÉ *et al.*, 1986; VASCONCELOS,

2002; CHAME *et al.*, 2020; MARES-GUIA *et al.*, 2020) que são bastante suscetíveis ao YFV. Esses ciclos de transmissão são ondas epizoóticas com períodos de expansão e períodos de retração. A periodicidade das epizootias aparentemente está associada ao tempo necessário para que as populações suscetíveis sejam renovadas, aproximadamente de cinco a sete anos (BRASIL, 2004). Além de ameaçar as populações de PNH, os casos de FA silvestre podem afetar seres humanos que habitam ou visitam essas áreas de risco (POSSAS *et al.*, 2018; ABREU *et al.*, 2022).

A vigilância de epizootia em PNH desempenha papel fundamental na identificação e delimitação de áreas de risco de transmissão. Desde 2006, essa prática é um evento de notificação compulsória no Brasil (BRASIL, 2006; ALMEIDA *et al.*, 2014). Essa atividade envolve uma observação sistemática de informações sobre surtos em animais adoecidos. Assim, os dados gerados pela vigilância auxiliam na identificação precoce do vírus em regiões específicas, permitindo a implementação de medidas de controle mais direcionadas (BRASIL, 2017).

Além disso, a vigilância possibilita uma melhor compreensão dos ciclos de transmissão silvestre da FA, inclusive em ASRV, e também possibilita adoção de estratégias como a intensificação das imunizações e campanhas de conscientização nessas áreas de risco. Essas campanhas têm o objetivo de conscientizar a população sobre a verdadeira relação dos PNH quanto à transmissão da FA e desmistificar as crenças que os PNHs transmitem a doença reduzindo a perseguição e morte desses animais.

1.5 Vetores Biológicos

Conforme citado por Consoli e Oliveira (1994), o termo “vetor biológico” descreve um hospedeiro intermediário que abriga um parasito durante uma etapa do seu ciclo evolutivo possibilitando assim que o parasito tenha acesso a um novo hospedeiro. Como já mencionado, no caso da FA, o vetor biológico é um mosquito que, quando infectado, pode transmitir o YFV ao picar um indivíduo. Dessa forma, a infecção por FA ocorre acidentalmente quando indivíduos não

vacinados entram em contato com esses vetores em áreas endêmicas (FRANCO, 1969; FORATTINI 2002).

As espécies do gênero *Haemagogus* e *Sabethes* desempenham papéis distintos como vetores da FA, sendo o gênero *Haemagogus* considerado o vetor primário e o gênero *Sabethes* o vetor secundário (HANLEY *et al.*, 2013; ABREU *et al.*, 2019; OLIVEIRA *et al.*, 2023). No Brasil, os principais vetores da FA são as espécies *Hg. janthinomys*, *Hg. leucocelaenus*, *Sa. chloropterus* (VASCONCELOS *et al.*, 1997; MONDET, 2002; CARDOSO *et al.*, 2010; OBARA *et al.*, 2012; OLIVEIRA *et al.*, 2023). Conforme descrito por Abreu e colaboradores (2019) as duas primeiras espécies foram os vetores primários do surto de FA no Brasil entre 2016 a 2018. Mas além dessas, há também registros de infecção o natural pelo vírus YFV em espécies como *Ae. serratus*, *Ae. fulvus*, *Ae. scapularis* e *Ps. ferox* (DÉGALLIER, 1992; VASCONCELOS *et al.*, 2003; CARDOSO *et al.*, 2010; CUNHA *et al.*, 2020; STANZANI *et al.*, 2022).

É importante ressaltar também o risco adicional de transmissão potencializado pela presença da espécie *Ae. albopictus*. Segundo Damasceno-Caldeira e colaboradores (2023), essa espécie é apontada como um potencial vetor de transmissão (YFV), além de outros vírus, devido à sua ampla distribuição geográfica e alta plasticidade ecológica.

Para Gray e colaboradores (2021), a plasticidade ecológica, por sua vez, refere-se à capacidade de uma espécie se adaptar a diferentes condições ambientais, o que possibilita à espécie *Ae. albopictus* reproduzir-se tanto em ambientes periurbanos quanto silvestres (DAMASCENO-CALDEIRA *et al.*, 2023). Essa flexibilidade torna possível que esse mosquito atue como uma ponte entre os ciclos de transmissão da FA. Além disso, a preocupação com o mosquito *Ae. albopictus* é agravada pelos registros da espécie naturalmente infectada por diversos vírus, incluindo o vírus do Nilo Ocidental, vírus da dengue, zika vírus e YFV (MARTINS *et al.*, 2012; COUTO-LIMA *et al.*, 2017; AMRAOUI *et al.*, 2018; RICAS-REZENDE *et al.*, 2020).

1.5.1 Mosquitos do Gênero *Haemagogus* e *Sabethes*

Composto por aproximadamente 28 espécies descritas, sendo 24 pertencentes ao subgênero *Haemagogus* Williston, 1896, e 4 ao subgênero *Conopostegus* Dyar, 1925 (ALI *et al.*, 2019; DA SILVA *et al.*, 2020), o gênero *Haemagogus* faz parte da família Culicidae e abrange mosquitos de hábitos diurnos e coloração brilhante. O tórax desses mosquitos é geralmente revestido por escamas que emitem reflexos metálicos, variando em tonalidades que podem ir do azulado ao esverdeado e até mesmo ao prateado (**Figura 5**) (FORATTINI, 2002; ALI *et al.*, 2019).



Figura 5. Vetores da febre amarela coletados durante o trabalho. A: *Hg. janthinomys*. B: *Hg. leucocelaenus*. C: *Sa. albiprivus*

Fonte: Autor

Enquanto isso, para Harbach e colaboradores (2018), o gênero *Sabethes* é composto por aproximadamente 40 espécies e 5 subgêneros (*Davismyia*, *Peytonulus*, *Sabethes*, *Sabethinus* e *Sabethoides*). Os mosquitos desse gênero apresentam escudos e abdomens recobertos por escamas extremamente coloridas com reflexos também metálicos (FORATTINI, 2002). Indivíduos do subgênero *Sabethes Sabethes* apresentam um tufo de escamas longas nas tíbias que dá a aparência de remo (**Figura 5C**). Em geral, os mosquitos do gênero *Sabethes* adotam uma abordagem observadora ao sobrevoar a vítima antes de atacar e preferem pousar no rosto, mais especificamente no nariz da

vítima (CONSOLI & OLIVEIRA, 1994). Curiosamente, quando ameaçados, afastam-se do hospedeiro voando para trás.

Oliveira e colaboradores (2023) destacam a importância das espécies como *Sabethes chloropterus* e *Sa. albiprivus* para o estudo da febre amarela. Esses autores descreveram que o pico de atividade dessas espécies ocorre no final da tarde. Esse comportamento foi notado no Norte de Minas. Outros autores descrevem o pico durante a manhã ou tarde (GALINDO *et al.*, 1955 DÉGALLIER *et al.*, 1998). Além disso, foi demonstrado que *Sa. chloropterus* demonstra resistência à seca, conseguindo manter sua densidade populacional mesmo em condições adversas. Isso ocorre devido ao fato de que a espécie deposita seus ovos em buracos com aberturas pequenas, o que impede a dessecação dos ovos (OLIVEIRA *et al.*, 2023).

Sa. albiprivus é outra espécie bastante frequente em estudos sobre FA (ABREU *et al.*, 2019). Essa espécie é reconhecida por sua competência na transmissão do vírus e já foi encontrada naturalmente infectada na Argentina (GOENAGA *et al.*, 2012; COUTO-LIMA *et al.*, 2017). Em 2023, Oliveira e colaboradores (2023) fizeram a primeira descrição de *Sa. albiprivus* encontrado naturalmente infectado, mais especificamente no estado de Minas Gerais. Além disso, estudos anteriores, como o de Vieira e colaboradores (2020), acrescentaram informações valiosas ao documentar o comportamento de oviposição das fêmeas de *Sa. albiprivus*. Nesse estudo, as fêmeas foram observadas depositando ovos de maneira única, simulando uma catapulta em nozes de sapucaia (*Lecythis pisonis*). Essa simulação foi realizada para reproduzir o ambiente de criadouro natural da espécie, simulando o buraco de árvore.

Dentro do gênero *Haemagogus*, as espécies mais relevantes para o estudo da FA são *Hg. janthinomys* e *Hg. leucocelaenus*, essas espécies foram as principais responsáveis pelo surto de 2018 no Brasil (ABREU *et al.*, 2019; CUNHA *et al.*, 2020; STANZANI *et al.*, 2022). Segundo Consoli e Oliveira (1994), *Hg. janthinomys* (**Figura 5A**) é uma espécie com atividade diurna, encontrada majoritariamente em florestas primárias. Seus criadores são

principalmente buracos em árvores localizados a alturas elevadas (acrodendrofilia), quase inalcançáveis, contudo, esse comportamento parece ser variável dependendo da região (FORATINNI, 2002, ALI *et al.*, 2019). Além disso, a espécie possui uma forte preferência por se alimentar de animais silvestres, indicando que a transmissão viral ocorre principalmente no interior das florestas (CONSOLI & OLIVEIRA, 1994; SILVA *et al.*, 2022)

Ainda, segundo Consoli e Oliveira (1994) e Forattinni (2002), as fêmeas têm a capacidade de realizar voos de longa distância, chegando a percorrer até 11 km, inclusive entre florestas que estão separadas por áreas de cerrado (CAUSEY *et al.*, 1950)

A espécie também é dificilmente encontrada próximo a habitações humanas por isso a importância epidemiológica desta espécie está na transmissão que ocorre em áreas florestais. Vale destacar também que esses mosquitos transmitem tradicionalmente YFV aos PNH nas copas das árvores, mas podem ocasionalmente atacar homens em resposta a desmatamento nas florestas quando estes provocam distúrbios nas matas (CONSOLI & OLIVEIRA, 1994; FORATINNI, 2002; ALI *et al.*, 2019). Adicionalmente, a espécie é altamente suscetível à infecção pelo YFV, sendo inclusive a única espécie a estar infectada em alguns estudos, inclusive por outros vírus como o Mayaro (FORATINNI, 2002, PINHEIRO *et al.*, 2019).

Uma vez infectadas, as fêmeas podem transmitir o YFV durante toda a vida, seja através da picada, seja de forma transovariana. Nessa última, os ovos juntamente com o vírus permanecem viáveis por vários meses, possibilitando o surgimento de novas epizootias em estações mais favoráveis. Isso pode explicar como o vírus se mantém na natureza durante períodos interepizóticos (PINHEIRO *et al.*, 2019)

Por outro lado, *Hg. leucocelaenus* (**Figura 5B**) é um mosquito mais generalista em relação aos hábitos alimentares, podendo se alimentar de diferentes animais. Essa espécie pode ser encontrada fora das florestas, em bosques ou áreas adjacentes (VASCONCELOS *et al.*, 2010), apresenta atividade

diurna e possui preferência por habitar no nível do solo. No entanto, também é comum encontrá-lo atacando indivíduos no nível da copa das árvores. Isso se deve ao tipo da cobertura vegetal da área e aos hábitos de forrageamento (PINHEIRO *et al.*, 1981). Além disso, *Hg. leucocelaenus* foi considerada a principal espécie responsável pelo surto de FA que ocorreu no estado do Rio Grande do Sul em 2008 (CARDOSO *et al.*, 2010)

Existem diferenças marcantes entre *Hg. leucocelaenus* e *Hg. janthinomys* em diversos aspectos, como seus hábitos alimentares. Alguns trabalhos também indicam que *Hg. leucocelaenus* é frequentemente encontrada em residências humanas, revelando uma grande tendência à domiciliação (CARDOSO *et al.*, & GOMES *et al.*, 2010; CAMARGO-NEVES *et al.*, 2005). Por isso, tem adquirido crescente relevância médica devido a sua capacidade de transmitir outras arboviroses (ARNELL, 1973; ALI *et al.*, 2019). Principalmente após o relato de detecção pelo sorotipo 1 do vírus da dengue no estado da Bahia, Brasil (FIGUEIREDO *et al.*, 2010).

1.6 Risco de exposição a mosquitos

No presente trabalho, foi considerado que o risco de exposição a vetores de FA (REVFA) está diretamente ligado a duas variáveis: (i) a interação dos vetores com os visitantes durante sua permanência nos locais em questão e (ii) a densidade dos vetores em pontos específicos.

No primeiro caso, os mosquitos podem evitar a aproximação de possíveis hospedeiros por já estarem alimentados, ou seja, não necessitam mais se alimentar naquele momento; alternativamente, podem rejeitar a presa se ela não for sua fonte alimentar preferencial. Por fim, os mosquitos podem evitar a aproximação devido a condições ambientais adversas, como temperaturas extremas ou umidade, que podem influenciar no interesse das fêmeas em buscar alimento.

No segundo caso (densidade de mosquitos no local), é necessário que haja uma presença significativa desses insetos no local para que o risco de

exposição exista. Em nosso estudo, investigamos como variáveis ambientais influenciam essa densidade, e conseqüentemente, o REVFA. Ao considerar a distância da borda da mata, consideramos que quanto mais distante dela, maior seria o REVFA, já que os mosquitos analisados possuem hábitos mais silvestres.

O mesmo padrão é esperado em relação ao tamanho da mata, uma vez que áreas maiores sugerem menos perturbação humana, favorecendo uma maior densidade de vetores. Além disso, o efeito diluição pode desempenhar um papel importante nesse contexto. A maior biodiversidade presente em áreas mais extensas e menos perturbadas pode diminuir a densidade de vetores, uma vez que a presença de múltiplas espécies dilui as interações entre hospedeiros e patógenos, reduzindo assim a transmissão.

Quanto à presença de seres humanos, esperamos que o REVFA seja reduzido para espécies como *Hg. janthinomys*, *Hg. leucocelaenus* e *Ps. ferox*, devido aos seus hábitos mais silvestres. Por outro lado, a presença de aves e pequenos mamíferos pode aumentar o risco de REVFA já que esses animais podem servir como fonte de alimento para os mosquitos estudados.

Em suma, diversas variáveis ambientais e ecológicas influenciam no REVFA, e compreender essas interações ajuda a identificar áreas de risco e fornecer recomendações sobre quais locais podem ser frequentados com segurança e quais medidas de precaução devem ser adotadas.

2) JUSTIFICATIVA

A febre amarela é uma doença de extrema importância para a saúde pública devido ao seu alto potencial epidêmico, à sua elevada letalidade nos casos graves e sobretudo devido aos impactos econômicos associados ao tratamento. Embora seja prevenível por meio da vacinação, novos surtos têm sido observados nos últimos anos, principalmente no Brasil e países na África Subsaariana.

Os surtos têm origem no ciclo silvestre da FA e o grande desafio reside na possibilidade de reurbanização da doença. Tal fato é particularmente preocupante dado que mais pessoas podem ser acometidas pela doença caso haja ciclos de transmissão urbana da FA. Neste contexto, é importante realizar estudos que descrevam o risco de exposição a vetores da febre amarela em áreas silvestres com alta frequência de visitação humana a fim de conhecer melhor o risco de transmissão de FA em áreas silvestres e prevenir a reintrodução do YFV no ciclo de transmissão urbano. Investigar parques urbanos, como é o caso do PNB, pode ser essencial para entender os riscos de reintrodução da FA urbana, pois esses parques podem servir como pontos de contato entre humanos e vetores da FA.

Além disso, esse estudo pode contribuir para o entendimento de diversos aspectos da ecologia dos vetores da FA, particularmente dos gêneros *Haemagogus* e *Sabethes* que ainda não são completamente conhecidos. Isso inclui a interação com atividades humanas, a influência do tamanho da mata, o impacto das bordas florestais, a presença de PNH e a relação com aves, entre outros aspectos.

Por fim, esse trabalho também pode auxiliar na vigilância dos vetores da FA porque ao compreender a complexa interação entre variáveis ambientais e a ecologia dos mosquitos possibilita a antecipação e identificação de padrões que podem influenciar na exposição desses vetores. Essas informações, por sua vez, podem ajudar no direcionamento de medidas de prevenção mais eficazes nas

áreas de risco, reduzindo significativamente a probabilidade de urbanização da doença.

2.1 Pergunta

Como varia e qual é o nível de exposição das pessoas aos mosquitos transmissores da febre amarela que circulam no Parque Nacional de Brasília?

Hipótese: O nível de exposição das pessoas aos mosquitos no PNB é influenciado por condições climáticas, utilização das áreas por humanos, tamanho das matas, distância da borda da mata e quantidade de pássaros e animais.

Predições

- Predição 1: O maior risco de exposição será nos dias mais quentes e úmidos.
- Predição 2: O maior risco de exposição será na borda das matas.
- Predição 3: O maior risco de exposição será nas matas com maior tamanho.
- Predição 4: O maior risco de exposição será nas áreas com maior quantidade de PNH.
- Predição 5: O maior risco de exposição será nas áreas com maior quantidade de pássaros.
- Predição 6: A exposição será maior nas áreas com maior uso humano.

3) OBJETIVOS

3.1 Geral

Caracterizar o risco de exposição de seres humanos aos mosquitos vetores da febre amarela silvestre no Parque Nacional de Brasília a partir da densidade (λ) e detecção (r) dos vetores.

3.2 Específicos

- Coletar e identificar os culicídeos no Parque Nacional de Brasília entre o período de janeiro a fevereiro de 2020;
- Caracterizar os pontos de coleta de mosquitos no PNB quanto a condições atmosféricas (temperatura, umidade), utilização das áreas por humanos, tamanho das matas, distância da borda da mata e quantidade de pássaros e PNH;
- Verificar quais variáveis mais influenciam a probabilidade de detecção (esforço amostral, período de coleta, experiência do coletor, chuva) e a densidade (temperatura média, umidade, uso humano, curso d'água, distância da borda, tamanho da mata, presença de aves, presença de PNH) de vetores da FA no PNB;
- Estimar a probabilidade de detecção dos mosquitos e a densidade de mosquitos nos pontos de coleta, assim como o nível de exposição dos visitantes a mosquitos transmissores de febre amarela no PNB.

4) METODOLOGIA

4.1 Área de estudo

O trabalho foi realizado na cidade de Brasília, capital do Brasil, localizada nas coordenadas 15° 50' 16" S 47° 42' 48" O. A cidade está situada na região Centro-Oeste do país, em uma área conhecida como Planalto Central e possui altitudes que variam de 1.000 a 1.200 metros acima do nível do mar. A vegetação predominante é do tipo savana, característica do bioma Cerrado, que é conhecido por sua elevada biodiversidade e adaptabilidade à seca e ao fogo periódico. Além disso, as árvores são pequenas, possuem galhos retorcidos e geralmente são espaçadas, permitindo a passagem do sol criando clareiras (RIBEIRO *et al.*, 1998).

Já o clima de Brasília é tropical, com uma temperatura média anual variando entre 18 e 22°C, e uma precipitação que varia de 1200mm a 1700mm. As estações do ano são bem definidas, com uma estação seca que ocorre de maio a setembro e uma estação chuvosa de outubro a abril. As coletas de mosquitos foram realizadas durante a estação chuvosa, pois nesse período a probabilidade de coletar os mosquitos é maior (SILVA *et al.*, 2020).

A área estudada foi o Parque Nacional de Brasília (PNB) (**Figura 6**), uma importante unidade de conservação localizada no noroeste do Distrito Federal. Em 2008, o PNB chegou a ser após o surgimento de cinco PNH encontrados mortos na área. Nesse mesmo período foram registrados mosquitos vetores de FA coletadas no parque (OBARA *et al.*, 2012; LIRA-VIEIRA *et al.*, 2013)

Localizado no bioma Cerrado, o PNB se caracteriza pela presença de duas fitofisionomias principais (RIBEIRO & WALTER 2008): (i) matas de galeria e (ii) uma matriz de Cerrado *sensu stricto*. Em algumas das matas de galeria existem clareiras antropogênicas; as de maiores e mais estáveis no tempo são as associadas com zonas de uso recreativo (piscinas, áreas de visitação e estacionamentos etc.) e prédios (CEMAVE - Base Avançada para os Biomas

Cerrado e Amazônia, Administração do Parque Nacional de Brasília e Centro de Visitantes - Parque Nacional de Brasília).

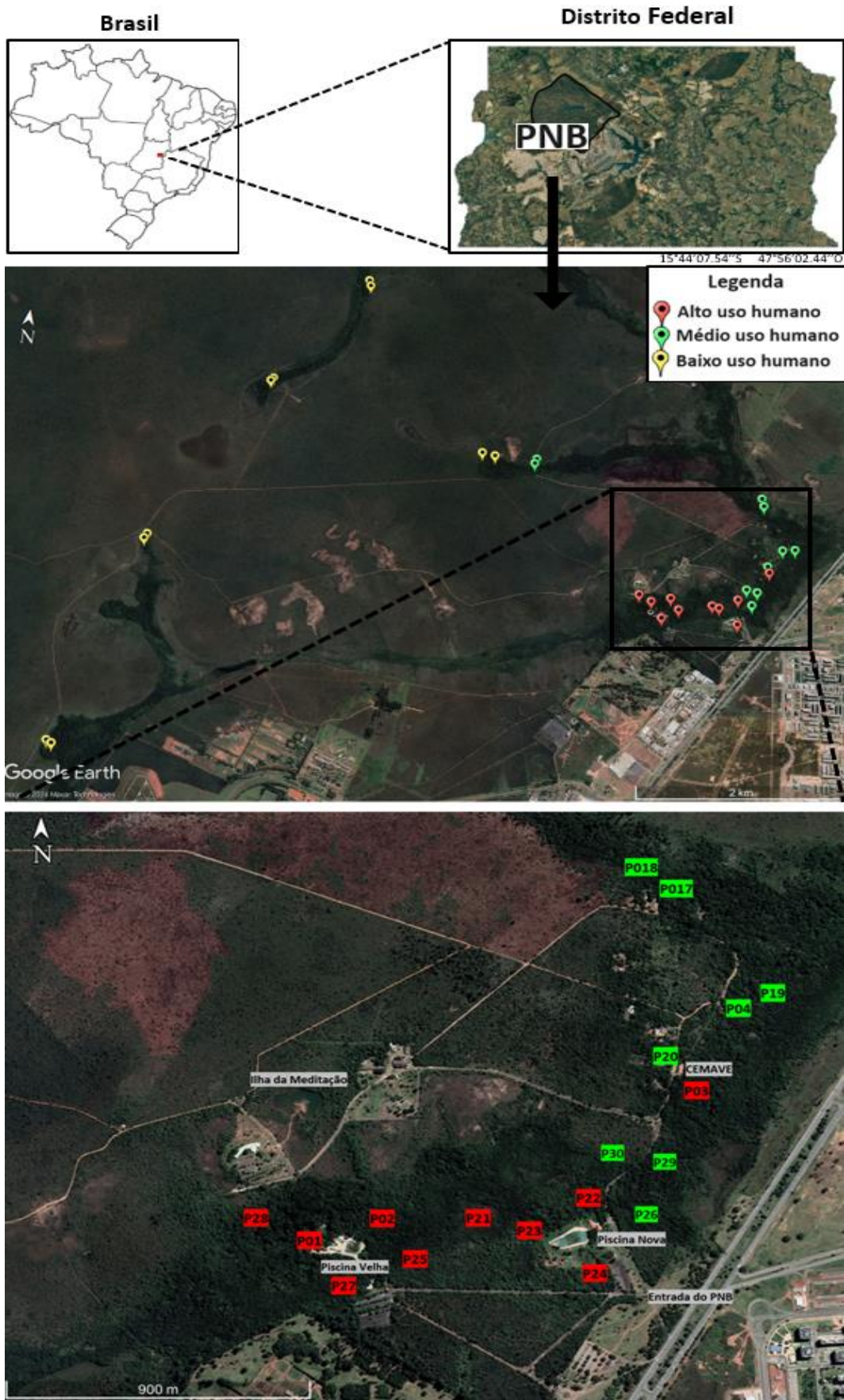


Figura 6. Área de estudo – Parque Nacional de Brasília.

Fonte: Google Earth Pro 7.3.4.8642. (maio/2020).

De acordo com GDF (2024), o PNB está situado nas coordenadas 15° 38' 28" S 48° 1' 15" O e conta com uma área de mais de 42 mil hectares. O parque engloba as regiões administrativas de Brasília, Sobradinho, Brazlândia e o município de Padre Bernardo-Goiás. E a sua criação remonta a 1961, com o objetivo de preservar ecossistemas naturais e proporcionar um espaço para a realização de pesquisas e atividades de educação ambiental de escolas.

Além de sua importância como área de preservação e pesquisa, o PNB também é um destino popular para recreação e turismo ecológico. Com paisagens deslumbrantes, áreas para banho, trilhas para caminhadas, rios e cachoeiras que oferecem uma experiência única de contato com a natureza. Atualmente, a capacidade de lotação do PNB é de 2.000 pessoas por dia (ICMBIO, 2024)

As principais atrações turísticas da região são as duas piscinas naturais de água corrente, conhecidas como Piscina Pedreira (ou Piscina Velha) e Piscina Areal (ou Piscina Nova) (**Figura 7**). Essas piscinas são formadas a partir de poços d'água e atraem muitos visitantes diariamente. No entanto, um desafio presente nessa área é a presença de PNHs como o *Cebus libidinosus* (Macaco-Prego). Esses primatas são altamente suscetíveis ao YFV e, em algumas circunstâncias, podem se tornar agressivos e atacar seres humanos quando se sentem ameaçados ou contrariados (SAITO *et al.*, 2010).



Figura 7. A: Piscina Pedreira (ou Piscina Velha). **B:** Piscina Areal (ou Piscina Nova). Os pontos próximos a essas áreas foram identificados como locais de alto uso humano, devido ao grande número de visitantes que frequentam diariamente.

Fonte: Autor

Além das piscinas naturais, no PNB, os visitantes têm a oportunidade de explorar duas trilhas: a Trilha Cristal e a Trilha da Capivara (**Figura 8**) (GDF & ICMBIO, 2024). Essas trilhas permitem a prática de caminhada, corrida e ciclismo. Ao percorrer essas trilhas, os visitantes também podem apreciar campos de murundus e diversas fitofisionomias do cerrado bem como diversas nascentes e córregos que se juntam para formar a represa de abastecimento de Santa Maria-DF.



Figura 8. Trilha da Capivara, o ponto 1 de coleta está situado às margens da Trilha da Capivara e é um ponto de alto uso humano.

Fonte: autor

4.2 Coleta entomológicas e identificação dos mosquitos

As coletas do presente estudo foram realizadas entre janeiro e fevereiro de 2020 no PNB (**Figura 6**), com autorização do SisBio, sob o número de inscrição 70533-1 (**Anexo 1**). As coletas foram realizadas em 30 pontos localizados em matas de galeria; em cada um deles, medimos (i) a distância mais

curta até a borda da mata e (ii) a largura mínima da mata de galeria ao redor do ponto, todos próximos a cursos d'água. Os pontos foram espaçados por pelo menos 100 metros entre si e categorizados em três tipos de áreas, de acordo com o nível de uso humano: baixo, médio e alto, totalizando 10 pontos em cada área.

Áreas naturalmente preservadas com elevada cobertura de árvores e arbustos, restritas à visitação e com acesso limitado a funcionários foram consideradas de baixo uso humano (**Figura 9**). Áreas próximas a trilhas com permissão de acesso aos visitantes foram consideradas como uso médio enquanto matas com menor cobertura arbustiva e próximas a pontos recreativos foram classificadas como áreas de uso humano alto.



Figura 9. Áreas de baixo uso humano com acesso restrito a funcionários. As matas são bastante preservadas.

Fonte: Autor

Em cada ponto, dois pesquisadores realizaram as coletas entre o período das 9h às 16h, horário de maior atividade dos vetores (FORATTINI, 2002). Houve um intervalo para o almoço entre 12h e 13h. No dia seguinte esse mesmo ponto foi revisitado por outros dois pesquisadores para garantir uma amostra

mais representativa de cada ponto e reduzir a influência do efeito coletor no número de mosquitos coletados. As coletas aconteceram semanalmente até a amostragem de todos os pontos, totalizando 30 dias de trabalho de campo.

Durante as coletas, foram registrados dados como a presença de PNH, aves, temperatura e umidade, que foram anotados na Ficha de Investigação Entomológica (Apêndice 1), para posterior avaliação do efeito dessas variáveis na ocorrência dos mosquitos.

Para as coletas dos mosquitos, foram utilizados puçá entomológico e coletador de Castro (**Figura 10B**). Com essa técnica o próprio pesquisador atua como atrativo, já que essas são hematófagas e são atraídas pelo dióxido de carbono (CO₂) e ácido láctico emitidos naturalmente por sua pele (**Figura 10A**). Todas as amostras entomológicas foram coletadas de acordo com as normas de biossegurança (BRASIL, 2019) e a minimização de risco durante as rotinas de coleta foi a vacinação obrigatória contra FA para todos os coletores. Após as coletas, os mosquitos foram colocados em recipientes plásticos, etiquetados com dados de procedência, e armazenados em isopores refrigerados com gelox até a chegada ao laboratório.



Figura 10 A: Pesquisadora coletando os mosquitos. B: Puçá, copo entomológico e capturador de Castro (seta). C: Triagem dos mosquitos no Laboratório de Parasitologia e Biologia de Vetores da Universidade de Brasília.

Ao final de todos os dias de coleta, os mosquitos foram transportados vivos para o Laboratório de Parasitologia Médica e Biologia de Vetores da Universidade de Brasília (LPBV/UnB) para a identificação (**Figura 10C**). Os mosquitos foram mortos por congelamento e identificados por meio de estereomicroscópios usando chaves dicotômicas contidas em Consoli e Oliveira (1994) e Forattini (2002). Os dados dos mosquitos foram registrados para o

cálculo da densidade e riqueza de espécies. Essas medidas foram calculadas separadamente para cada uma das áreas de uso humano.

4.3 Variáveis de coleta: detecção e densidade

A metodologia de amostragem dos mosquitos adotada neste estudo foi a amostragem estratificada já que as áreas de coleta foram divididas em três estratos (alto, médio e baixo uso). A escolha desse método permitiu obter uma visão abrangente da distribuição dos vetores de FA silvestre nessas áreas, assim como compreender a influência da atividade humana nessa distribuição. Além disso, é importante notar que a amostragem foi do tipo “amostragem de não reposição” já que os mosquitos coletados não foram devolvidos à mata.

Detecção (r) é a probabilidade de que uma fêmea de mosquito em busca de alimento seja coletada por um humano, ou de se aproximar o suficiente para isso ocorrer, ou seja, probabilidade per capita de coleta. Para a avaliação de r , foram consideradas seis variáveis de amostragem (**Tabela 1**).

Já a densidade (λ) é definida como a quantidade de mosquitos fêmeas disponíveis para serem coletados em um determinado local, ou seja, refere-se às fêmeas de mosquito que estavam ativamente buscando alimento. Para avaliar λ desses mosquitos foram consideradas seis variáveis (**Tabela 1**). Tanto as variáveis de densidade como de detecção foram registradas no momento da coleta utilizando a ficha de coleta (Apêndice 1) e estão descritas mais à frente.

Tabela 1. Lista de variáveis de densidade e detecção de mosquitos coletados no PNB entre janeiro e fevereiro de 2020

Variáveis de densidade (λ)	Variáveis de detecção (r)
a) Uso humano	a) Esforço amostral
b) Curso d'água	b) Período de coleta
c) Distância da borda (m)	c) Experiência do coletor
d) Tamanho da mata (m)	d) Chuva
e) Presença de aves	e) Temperatura (°C)
f) Presença de PNH	f) Umidade (%)

4.3.1 Variáveis dos Modelos de Densidade (λ):

a) **Uso Humano:** refere à utilização das áreas por seres humanos, seja para recreação, atividades físicas, entre outros. Por isso, como mencionado anteriormente, as áreas foram divididas em três categorias: baixo, médio e alto uso humano. Em cada uma dessas áreas, foram selecionados 10 pontos para análise. As áreas de baixo uso humano foram classificadas como sendo os locais com elevada cobertura de árvores e arbustos, restritas à visitação e com acesso limitado a funcionários. Por outro lado, as áreas de médio uso foram aquelas próximas a trilhas com permissão de acesso aos visitantes e as áreas de alto uso humano foram as matas com menor cobertura arbustiva e próximas a pontos recreativos com elevada circulação humana. Essa categorização foi estabelecida com o objetivo de analisar como a presença humana influencia na distribuição dos vetores e para avaliar a exposição dos seres humanos a esses vetores.

b) **Curso d'água:** A presença de um curso d'água próximo ao ponto de coleta é uma variável importante pois pode oferecer condições para a reprodução de mosquitos, impactando diretamente na densidade populacional.

c) **Distância da Borda:** é uma variável que indica a distância mais curta entre um ponto de coleta até a borda da mata. A "borda da mata" foi considerada como uma zona linear de transição, geralmente abrupta, entre uma mata e uma área aberta (natural ou artificial). Diante disso, a variável distância da borda foi escolhida pois pode ajudar a entender a influência da proximidade da borda na densidade de mosquitos, sendo um fator de grande relevância na ecologia populacional. Para a aplicação desta variável, os pontos foram categorizados em duas classes: aqueles situados a até 50 metros da borda e os que se encontram a uma distância superior a 50 metros. Estas medidas foram realizadas usando imagens (maio 2020) e ferramentas do Google Earth Pro 7.3.4.8642.

d) **Tamanho da mata:** a variável diz respeito à largura mínima da mata onde o ponto de coleta está localizado. Essa variável pode ajudar na compreensão do comportamento de determinados mosquitos que possuem preferência por ambientes mais silvestres em detrimento de ambientes peridomiciliares. Para a aplicação dessa variável, os pontos foram categorizados em duas classes:

pontos localizados em matas de até 200 metros de largura e pontos localizados em matas maiores que 200 metros. Estas medidas foram realizadas usando imagens (maio 2020) e ferramentas do Google Earth Pro 7.3.4.8642.

e) **Presença de aves:** refere-se à contagem do número de pássaros observados pelos coletores. As aves podem ser fontes alimentares para os mosquitos e sua presença pode influenciar na disponibilidade de alimentos e, conseqüentemente, na densidade dos mosquitos.

f) **Presença de PNH:** refere-se à presença de PNH no ponto de coleta durante os trabalhos de coleta, dado que esses animais são considerados como as principais fontes alimentares dos mosquitos transmissores da febre amarela, e a sua presença pode indicar uma densidade maior de mosquitos na área.

4.3.2 Variáveis dos Modelos de Detecção (r):

a) **Esforço Amostral:** é definido como a quantidade de tempo, em horas, dedicada a cada coleta. Essa variável desempenha um papel crucial na precisão das estimativas, uma vez que dias com interrupções podem diminuir a duração da coleta e, conseqüentemente, o número de espécimes coletados. Além disso, foi criada a unidade de medida "mosquitos coletados por hora de esforço" para quantificar esta variável.

b) **Período da Coleta:** Refere-se ao momento do dia em que as coletas foram realizadas, sendo manhã ou tarde. Diferentes espécies de mosquitos têm padrões de atividade distintos, tornando esta variável fundamental para entender a probabilidade de coleta e a densidade dos mosquitos em diferentes momentos do dia.

c) **Experiência do Coletor:** é um indicador da habilidade e experiência do coletor na coleta de mosquitos, pois a técnica de coleta empregada requer certa destreza manual. Neste estudo, participaram coletores com distintos níveis de habilidade e experiência em coletas de mosquitos. Essa disparidade de experiência pode ter um impacto direto sobre a taxa de coleta. Para ilustrar, o pesquisador Marcos Takashi Obara foi classificado como o mais experiente

(expert) devido à sua extensa experiência profissional, enquanto os demais pesquisadores foram categorizados como menos experientes (inexperientes). Essa diferenciação na experiência dos coletores se mostra como uma variável pertinente para a compreensão e interpretação dos resultados da coleta de mosquitos.

d) **Chuva:** a variável indica se houve ocorrência de precipitação no dia da coleta. A presença de chuva pode influenciar a atividade dos mosquitos, afetando diretamente a probabilidade de detecção durante as coletas. Além disso, em dias chuvosos, as coletas foram interrompidas até que a chuva cessasse. Por esses motivos, esta variável foi considerada um fator ambiental significativo.

e) **Temperatura Média:** representa a temperatura média registrada no dia da coleta, expressa em graus Celsius. Esse dado é essencial, pois a temperatura desempenha um papel determinante na biologia dos mosquitos e pode influenciar diretamente na atividade e no comportamento desses insetos, o que, por sua vez, impacta nos padrões de detecção dos mosquitos. A medição foi realizada com o uso de termo-higrômetros disponibilizados pelo LPBV.

f) **Umidade Relativa:** representa a umidade relativa registrada no dia da coleta, expressa em porcentagem. Essa condição climática é importante pois assim como a temperatura desempenha um papel determinante na biologia dos mosquitos e pode impactar na detecção dos vetores. Da mesma forma que a temperatura, a umidade relativa foi aferida com o uso de termo-higrômetros disponibilizados pelo LPBV.

4.4 Análise estatística

Com o intuito de investigar o impacto das variáveis ambientais na densidade e detecção dos vetores de FA, a análise estatística incluiu as espécies *Hg. leucocelaenus*, *Hg. janthinomys* e *Sabethes albiprivus*, reconhecidas como vetores da febre amarela silvestre no Brasil, juntamente com as espécies *Aedes albopictus*, *Aedes scapularis*, *Aedes serratus* e *Psorophora ferox*, uma vez que já foram encontradas naturalmente infectadas com YFV.

Para a análise estatística dos dados, foram empregados os modelos de amostragem por remoção (já que os mosquitos eram retirados e não eram devolvidos para a população original), mais especificamente os modelos *n-mixture* (ROYLE, 2004; JOSEPH, 2009; HAINES, 2020; GOLDSTEIN, 2022). Com esses modelos é possível estimar a densidade a partir da distribuição de Poisson e detecção dos mosquitos a partir de uma distribuição multinomial. Esses modelos consistem em dois "componentes" ou "submodelos" hierárquicos: um que modela o processo biológico que contribui para a variação na densidade de mosquitos, e outro que modela o processo de observação que contribui para a variação na detecção de mosquitos (ou seja, a probabilidade de coleta quando presente).

É importante ressaltar que a λ de mosquitos não pode ser observada diretamente, devido à complexidade de coletar ou contar todas as fêmeas de mosquito em busca de alimento em um local. Além disso, para estimar λ é necessário saber qual é a probabilidade de que um mosquito presente no local seja coletado, por isso, é preciso conhecer r .

Dado o método de coleta, isso pode ser interpretado como a probabilidade de uma fêmea de mosquito em busca de alimento interagir com um ser humano. Isso serve como uma estimativa aproximada da frequência de picadas e, conseqüentemente, do risco de transmissão, especialmente na ausência de repelentes, entre outros fatores.

A variável dependente consiste na contagem de mosquitos fêmeas coletados em quatro ocasiões de coleta: dia 1/manhã, dia 1/tarde, dia 2/manhã e dia 2/tarde. Essa abordagem se justifica pelo fato de que mosquitos coletados por um coletor em um local e ocasião não podem ser recoletados por outro coletor; portanto, as coletas simultâneas de dois observadores no mesmo local e na mesma ocasião não são independentes, o que levou à agregação das duas coletas. Para modelar λ , utilizou-se uma função de ligação logarítmica, enquanto para r , foi empregada uma função de ligação logit. Essas análises foram realizadas com o auxílio do pacote R (R CORE TEAM, 2022). Os dados e o código usados estão disponíveis no Apêndice 3 .

Ao concluir a análise dos dados, um intercepto foi estimado para avaliar as relações entre as variáveis. Cada intercepto possui uma interpretação, e no **Quadro 1** estão detalhados os significados de cada um em relação às variáveis do estudo.

Quadro 1. Interceptos estimados para cada variável a partir do modelo *n-mixture*.

Variável	Intercepto
Densidade (λ)	
Uso humano	Mostra a densidade média de fêmeas de mosquitos em locais de baixo uso humano. Dessa forma, o efeito do uso humano intermediário é resultante da diferença na densidade entre locais de uso baixo e intermediário enquanto o efeito do alto uso humano é resultante de uma diferença na densidade entre locais de baixo e alto uso.
Curso d'água	Expressa que densidade média de fêmeas do mosquito forrageando em locais sem cursos de água nas proximidades
Distância da borda (m)	Indica uma densidade média de mosquitos fêmeas forrageando a uma distância próxima da borda da mata (até 50m, considerado próximo e acima de 50m, distante)
Tamanho da mata (m)	Expressa a densidade média de fêmeas do mosquito forrageando em estreitas manchas de mata de galeria (até 200 m de largura)
Presença de aves	Para a variável “aves” foram analisados dois interceptos. O primeiro considerou a densidade média de fêmeas de mosquitos forrageando em locais com baixa contagem de aves (até 12 aves contadas). O segundo considerou a densidade média de fêmeas de mosquitos forrageando em locais com poucas (até 8), moderada (9-19) e muitas aves (>19).
Presença de PNH	Representa a densidade média de fêmeas de mosquitos forrageando em locais onde macacos não foram vistos.
Deteção (r)	
Esforço amostral	Representa a probabilidade de que um mosquito seja coletado por uma pessoa (em uma equipe de 2 pessoas) por amostragem durante um período de 3,64 (pessoa-hora). Ou seja, ele expressa a proporção da população local de mosquitos que será coletada por uma pessoa (em uma equipe de 2 pessoas) durante um período de 3,6 horas].
Período de coleta	Representa a probabilidade de um mosquito individual ser coletado no período da tarde
Experiência do coletor	Dois observadores (Marcos ou Rodrigo) foram considerados “experts” e a presença de qualquer um deles tem um efeito positivo. Nesse caso, o intercepto (valor = 0) representa a probabilidade de um mosquito individual ser coletado por uma equipe que não incluía nem Rodrigo, nem Marcos. Em outras palavras, ele indica a proporção da população local de mosquitos que será coletada por uma equipe que não tenha nenhum deles. Além disso, Marcos, por si só, foi considerado o “top expert” e sua presença tem efeito positivo, para esse caso, o intercepto indica a probabilidade de um mosquito individual ser coletado por uma equipe que não inclui Marcos, ou seja, a proporção da população local de mosquitos que será coletada por uma equipe sem a presença dele.
Chuva	Indica a probabilidade de um mosquito individual ser coletado em um dia sem chuva

Temperatura média (°C)	Indica a probabilidade de um mosquito individual ser coletado em um dia com temperatura típica (média) (26,25°C média, 23,41°C mínimo, 29,09°C máximo)
Umidade (%)	Indica a probabilidade de um mosquito individual ser coletado em um dia com Umidade relativa (média de 79,39%, mínimo de 61,93%, máximo de 84,84%).

5) RESULTADOS

5.1 Ocorrência de culicídeos no Parque Nacional de Brasília

No PNB foram coletados 4.077 culicídeos pertencentes a 10 gêneros distribuídos em 23 espécies. A maioria dos mosquitos foi coletada durante a manhã, representando 56% do total, principalmente em áreas de baixo uso humano. Nas áreas de alto e médio uso humano a porcentagem de mosquitos foi de 30,07% e 34,68%, respectivamente, conforme a **Tabela 2**.

Tabela 2 Distribuição das espécies de mosquitos coletados nas três áreas de uso humano no Parque Nacional de Brasília, entre janeiro e fevereiro de 2020.

	Uso Humano			Total	
	Alto	Médio	Baixo	n	%
Anophelinae					
<i>Anopheles (Nyssorhynchus) parvus</i> Chagas, 1907	0	1	0	1	0,02
<i>Anopheles (Nyssorhynchus) lutzi</i> Cruz, 1901	3	2	5	10	0,25
<i>Anopheles (Stethomyia) kompi</i> Edwards, 1930	16	8	0	24	0,59
Culicinae					
<i>Aedes (Howardina) fulvithorax</i> Lutz, 1904	1	0	1	2	0,05
<i>Aedes (Ochlerotatus) fluviatilis</i> Lutz, 1904	1	2	0	3	0,07
<i>Aedes (Ochlerotatus) scapularis</i> Rondani, 1848	86	53	33	172	4,22
<i>Aedes (Ochlerotatus) serratus</i> Theobald, 1901	214	584	49	847	20,78
<i>Aedes (Protomacleaya) argyrothorax</i> Bonne, 1919	0	1	6	7	0,17
<i>Aedes (Stegomyia) albopictus</i> Skuse, 1864	12	5	4	21	0,52
<i>Coquillettidia (Fasciolata) lynch</i> Arribáizaga, 1891	5	4	0	9	0,22
<i>Coquillettidia (Rhynchotaenia) shannoni</i> Lane, 1937	4	6	0	10	0,25
<i>Culex (Culex) nigripalpus</i> Theobald, 1901	4	1	0	5	0,12
<i>Haemagogus (Conopostegus) leucocelaenus</i> Dyar, 1924	114	117	107	338	8,29
<i>Haemagogus (Haemagogus) janthinomys</i> Dyar, 1921	18	12	9	39	0,96
<i>Limatus durhamii</i> Theobald, 1901	273	193	164	630	15,45
<i>Limatus</i> sp2.	2	1	3	6	0,15
<i>Psorophora (Janthinosoma) discrucians</i> Walker, 1856	4	3	1	8	0,20
<i>Psorophora (Janthinosoma) ferox</i> Von Humboldt, 1819	17	62	20	99	2,43
<i>Psorophora</i> sp1.	0	2	0	2	0,04
<i>Sabethes (Sabethes) albiprivus</i> Theobald, 1903	408	322	273	1003	24,60
<i>Sabethes (Sabethes) belisarioi</i> Neiva, 1908	1	3	3	7	0,17
<i>Toxorhynchites</i> sp. (macho)	0	0	2	2	0,05
<i>Wyeomyia (Wyeomyia) oblita</i> Lutz, 1904	43	32	757	832	20,41
Total	1226	1414	1437	4077	100

Os pontos de maior coleta de mosquitos foram o P16 (n=502, 12,31%), P15(n=405, 9,93%), P2 (n=273, 6,7%) e P3 (n=260, 6,38%); os dois primeiros situam-se em áreas de baixo uso humano e enquanto os dois últimos correspondem a pontos de médio e alto uso humano, respectivamente. Já os pontos com menor densidades de mosquitos foram o P29 (n=39, 0,96%), P14 (n=27, 0,66 %), P30 (n=24, 0,59%) e P13 (n=7, 0,17%), sendo que dentre esses, o primeiro e o segundo são pontos em áreas de médio uso humano e o terceiro e quarto são de baixo uso humano (**Tabela 2**).

No que diz respeito às espécies mais frequentes, *Sa. albiprivus* foi a que apresentou maior densidade, totalizando 1003 espécimes coletados, principalmente em áreas de alto uso humano. Em seguida, destacaram-se *Aedes serratus*, com 847 exemplares coletados, *Wy. oblita* com 832, *Li. durhamii* com 630, *Hg. leucocelaenus* com 338, *Ae. scapularis* com 172, *Ps. ferox* com 99 e *Hg. janthinomys* com 39 indivíduos (**Tabela 2**).

Ao analisar as áreas de uso humano, *Sa. albiprivus* foi a espécie mais frequente na área de alto uso humano com 408 exemplares. Nas áreas de médio e baixo uso, as espécies *Aedes serratus* e *Wyeomyia oblita* foram as mais abundantes, respectivamente. *Hg. leucocelaenus* apresentou uma amostragem uniforme entre as três áreas com uma média de 114 mosquitos. *Hg. janthinomys* foi mais encontrado nas áreas de alto uso com 18 exemplares, em comparação com 12 e 9 exemplares nas áreas de médio e baixo uso humano.

5.2 Detecção e densidade - análise exploratória e estatística.

O **Quadro 2** foi elaborado para representar um panorama geral da influência das variáveis de densidade e detecção de mosquitos a partir do modelo *n-mixture*. Posteriormente, são detalhados os resultados das análises estatísticas sobre a influência dessas variáveis para cada uma das espécies estudadas.

Quadro 2. Influência das variáveis de densidade e detecção nas espécies analisadas usando o modelo n-mixture.

Espécies	Densidade (λ)							Detecção (r)						
	Uso humano médio	Uso humano alto	Curso de água	Distância da borda	Largura da floresta	Presença de PNH	Presença de aves	Esforço amostral	Experiência alta	Manhã	Chuva	Temperatura mínima	Umidade mínima	Total de mosquitos
<i>Hg. janthinomys</i>	0	0	0	0	+	0	+	0	0	0	0	-	0	39
<i>Hg. leucocelaenus</i>	0	0	-	+	0	0	0	+	+	0	0	0	0	338
<i>Sa. albiprivus</i>	-	+	-	-	+	+	+	+	+	0	-	0	-	1003
<i>Ae. albopictus</i>	0	+	-	0	-	-	0	0	0	0	0	-	+	21
<i>Ae. serratus</i>	+	+	0	+	0	+	0	+	+	0	0	0	0	847
<i>Ae. scapularis</i>	+	+	-	+	0	-	0	0	+	0	-	0	0	172
<i>Ps. ferox</i>	0	-	-	-	+	+	+	+	-	-	-	0	-	99

5.2.1 *Haemagogus janthinomys*

Hg. janthinomys parece picar mais em matas mais largas, porém a presença de cursos d'água e distância da borda não mostraram evidentes associações (**Figura 11**). A contagem de PNH e pássaros não mostrou clara associação com o número de fêmeas de *Hg. janthinomys*, mas observou-se uma discreta ocorrência da espécie *Hg. janthinomys* em áreas com médio uso humano (**Figura 12**).

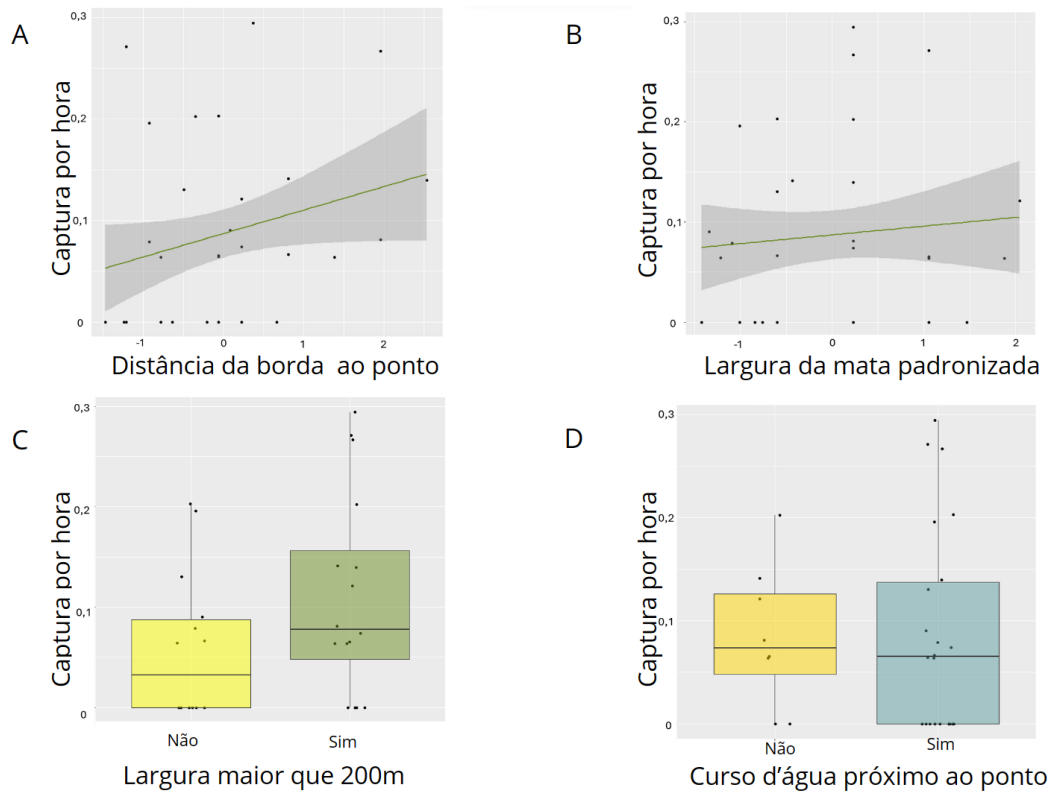


Figura 11. Número de fêmeas de *Hg. janthinomys* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Distância da borda da mata (em metros, contínuo). B) Tamanho da mata (em metros, contínuo). C) Tamanho da mata (categóricos, >200m) D) Curso de água (presente /ausente)

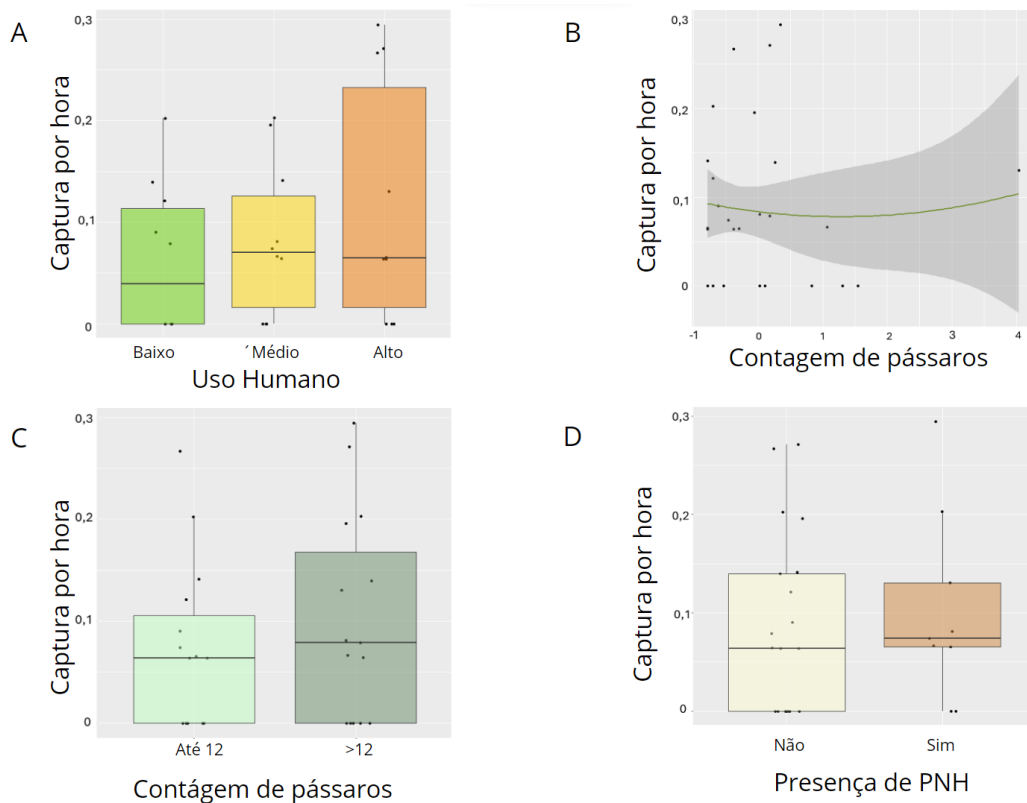


Figura 12. Número de fêmeas de *Hg. janthinomys* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Uso humano (baixo, médio e alto). B) Número de pássaros contados. C) Número de pássaros contados. D) Número de PNH observados

O modelo *n-mixture* para a espécie *Hg. janthinomys* revelou que λ é principalmente influenciada pela largura da mata, presença de aves e temperatura. Enquanto a largura da mata e a presença de aves têm um efeito positivo na densidade, a temperatura mínima exerce um efeito negativo, sugerindo que a espécie possui limitações de atividade durante temperaturas mais frias (**Tabela 3**).

Tabela 3. Resultados do modelo *n-mixture* mostrando os efeitos das variáveis analisadas sobre a densidade e a detecção de *Hg. janthinomys*. As variáveis em vermelho demonstraram ter um efeito positivo, enquanto as variáveis em azul mostraram um efeito negativo

		Estimativa	Erro padrão	IC (85%)		IRR	IC (85%)	
Densidade (λ)	Intercepto	0,137	0,644	-0,790	1,064	1,15	0,45	2,90
	Uso humano médio	0,244	0,457	-0,414	0,902	1,28	0,66	2,46
	Uso humano alto	0,497	0,463	-0,170	1,164	1,64	0,84	3,20
	Curso de água	0,246	0,465	-0,423	0,915	1,28	0,66	2,50
	Distância da borda	0,180	0,170	-0,065	0,425	1,20	0,94	1,53
	Largura da mata	0,813	0,401	0,235	1,390	2,25	1,26	4,01
	Presença de PNH	0,149	0,355	-0,363	0,660	1,16	0,70	1,93
	Presença de aves	0,617	0,366	0,091	1,144	1,85	1,10	3,14
		Estimativa	Erro padrão	IC (85%)		OR	IC (85%)	
Detecção (r)	Intercepto	-1,249	0,652	-2,187	-0,311	0,29	0,11	0,73
	Esforço	-0,072	0,254	-0,437	0,293	0,93	0,65	1,34
	Experiência alta	-0,259	0,480	-0,950	0,432	0,77	0,39	1,54
	Manhã	-0,042	0,447	-0,685	0,601	0,96	0,50	1,82
	Chuva	0,935	0,835	-0,267	2,137	2,55	0,77	8,47
	Temperatura mínima	-0,370	0,204	-0,663	-0,076	0,69	0,52	0,93
	Umidade mínima	-0,123	0,270	-0,265	0,510	0,88	0,77	1,67

IC: Intervalo de confiança.

IRR (incidência de razão relativa): porcentagem de densidade de mosquitos.

OR (odds ratio): probabilidade per capita de mosquito ser coletado.

Quando comparamos matas grandes (>200m) com matas menores, a probabilidade de encontrar *Hg. janthinomys* é 125% maior. Da mesma forma, o modelo revela que a presença de aves aumenta em 85% a probabilidade de encontrar essa espécie. No entanto, uma temperatura mínima (23,41°C) resulta em uma probabilidade de detecção 30% menor. O modelo não identificou efeitos significativos para a detecção. Diante disso, o intercepto (0,137) representa o número de fêmeas de mosquitos em uma mata larga, com a presença de aves e temperatura alta.

5.2.2 *Haemagogus leucocelaenus*

Hg. leucocelaenus possui uma preferência aparentemente maior por áreas mais largas e desprovidas de cursos d'água (**Figura 13**). A análise das contagens de PNH e aves não demonstrou uma associação clara com o número de fêmeas da espécie *Hg. leucocelaenus*. A distância da borda e a largura da floresta também não apresentaram associações claras. No entanto, foi

observada uma tendência discreta de coleta da espécie *Hg. leucocelaenus* em regiões com uso humano moderado a baixo (**Figura 14**)

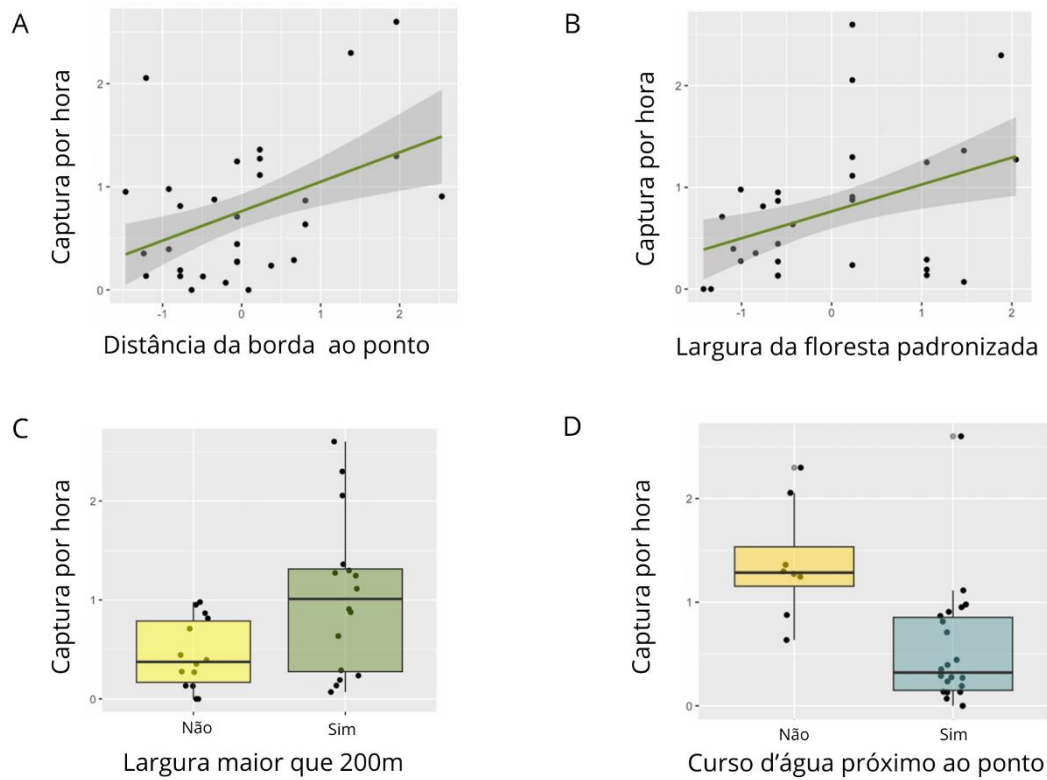


Figura 13. Número de fêmeas de *Hg. leucocelaenus* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Distância da borda da mata (em metros, contínuo). B) Tamanho da mata (em metros, contínuo). C) Tamanho da mata (categóricos, >200m). D) Curso de água (presente /ausente)

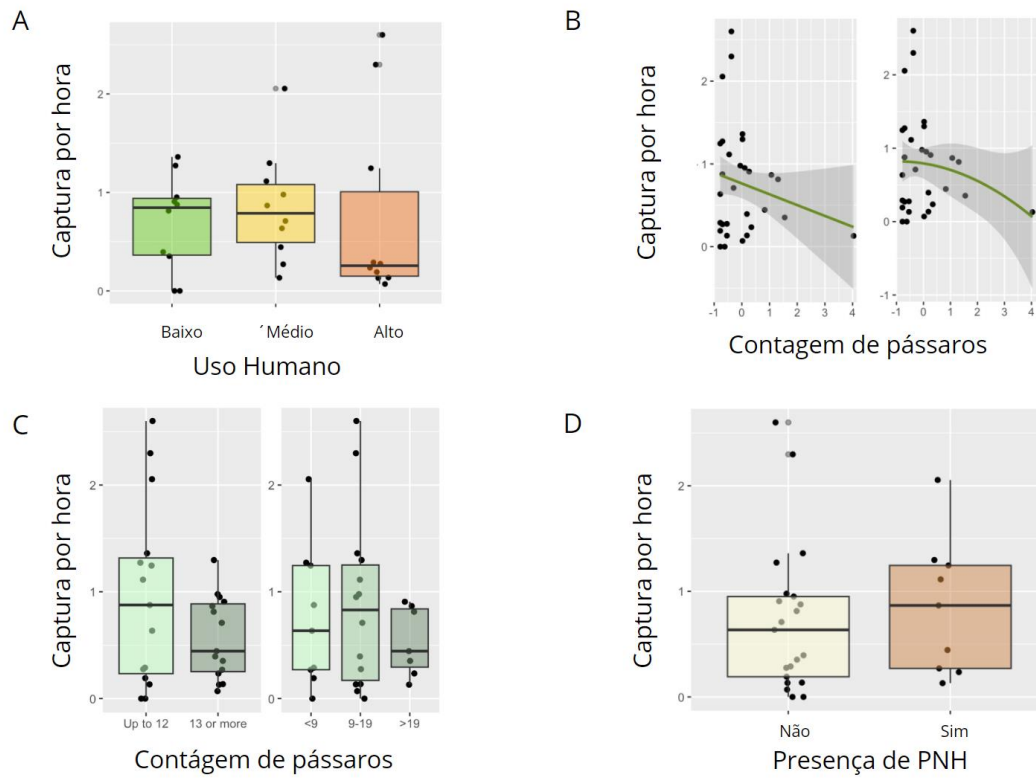


Figura 14. Número de fêmeas de *Hg. leucocelaenus* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Uso humano (baixo, médio e alto). B) Número de pássaros contados). C) Número de pássaros contados (categóricos, mediana e quartis). D) Número de PNH observados.

O modelo *n-mixture* aplicado à espécie *Hg. leucocelaenus* revelou que λ é principalmente influenciada de forma positiva pela distância da borda. Por outro lado é negativamente influenciada pela presença de curso d'água e aves. Para r , apenas o esforço amostral e a experiência do coletor demonstraram efeitos significativos, os quais foram positivos (**Tabela 4**).

Tabela 4. Resultados do modelo *n-mixture* mostrando os efeitos das variáveis analisadas sobre a densidade e a detecção de *Hg. leucocelaenus*. As variáveis em vermelho demonstraram ter um efeito positivo, enquanto as variáveis em azul mostraram um efeito negativo.

		Estimativa	Erro padrão	IC (85%)		IRR	IC (85%)	
Densidade (λ)	Intercepto	3,799	0,416	3,200	4,397	44,66	24,53	81,21
	Uso humano médio	0,020	0,139	-0,180	0,220	1,02	0,84	1,25
	Uso humano alto	0,049	0,144	-0,158	0,256	1,05	0,85	1,29
	Curso de água	-0,706	0,133	-0,897	-0,514	0,49	0,41	0,60
	Distância da borda	0,260	0,056	0,179	0,341	1,30	1,20	1,41
	Largura da mata	0,152	0,176	-0,101	0,405	1,16	0,90	1,50
	Presença de PNH	-0,029	0,130	-0,216	0,158	0,97	0,81	1,17
	Presença de aves	-0,206	0,130	-0,393	-0,018	0,81	0,68	0,98
		Estimativa	Erro padrão	IC (85%)		OR	IC (85%)	
Detecção (r)	Intercepto	-2,271	0,572	-3,094	-1,448	0,10	0,05	0,24
	Esforço	0,109	0,070	0,009	0,209	1,12	1,01	1,23
	Experiência alta	0,397	0,125	0,217	0,576	1,49	1,24	1,78
	Manhã	0,135	0,136	-0,061	0,330	1,14	0,94	1,39
	Chuva	0,038	0,192	-0,238	0,315	1,04	0,79	1,37
	Temperatura mínima	0,086	0,077	-0,024	0,196	1,09	0,98	1,22
	Umidade mínima	-0,042	0,078	-0,154	0,070	0,96	0,86	1,07

IC: Intervalo de confiança

IRR (incidência de razão relativa): porcentagem de densidade de mosquitos

OR (odds ratio): probabilidade per capita de mosquito ser coletado

O modelo também mostrou que em áreas mais distantes da borda, a densidade da espécie *Hg. leucocelaenus* é 30% maior. Contudo, na presença de curso d'água, a densidade da espécie é reduzida pela metade em comparação com áreas sem curso d'água. Além disso, na presença de aves, essa densidade diminuiu em 20% a sua probabilidade de ocorrência.

Na análise da probabilidade de detecção, observa-se que quanto maior o esforço de coleta, isto é, períodos de coleta superiores a 3,6 horas, a probabilidade per capita de detectar fêmeas é 12% maior em comparação com períodos menores. Além disso, essa probabilidade também aumenta pela metade conforme a experiência do coletor aumenta.

Finalmente, com base no modelo, pode-se considerar que o intercepto (3,79) representa o número estimado de fêmeas da espécie *Hg. leucocelaenus* em um ponto com curso d'água e presença de aves localizado mais próximo da borda (<50m).

5.2.3 *Sabethes albiprivus*

Sa. albiprivus possui uma preferência aparente por áreas de matas mais estreitas e desprovidas de cursos d'água. A largura da mata e a distância da borda não apresentaram associações evidentes com a atividade de picada (**Figura 15**). No entanto, a contagem de PNH e aves mostrou uma possível associação com o número de fêmeas de *Sa. albiprivus*, assim como o grau de atividade humana. Ou seja, a espécie em questão parece preferir picar em áreas com maior alteração antrópica (**Figura 16**).

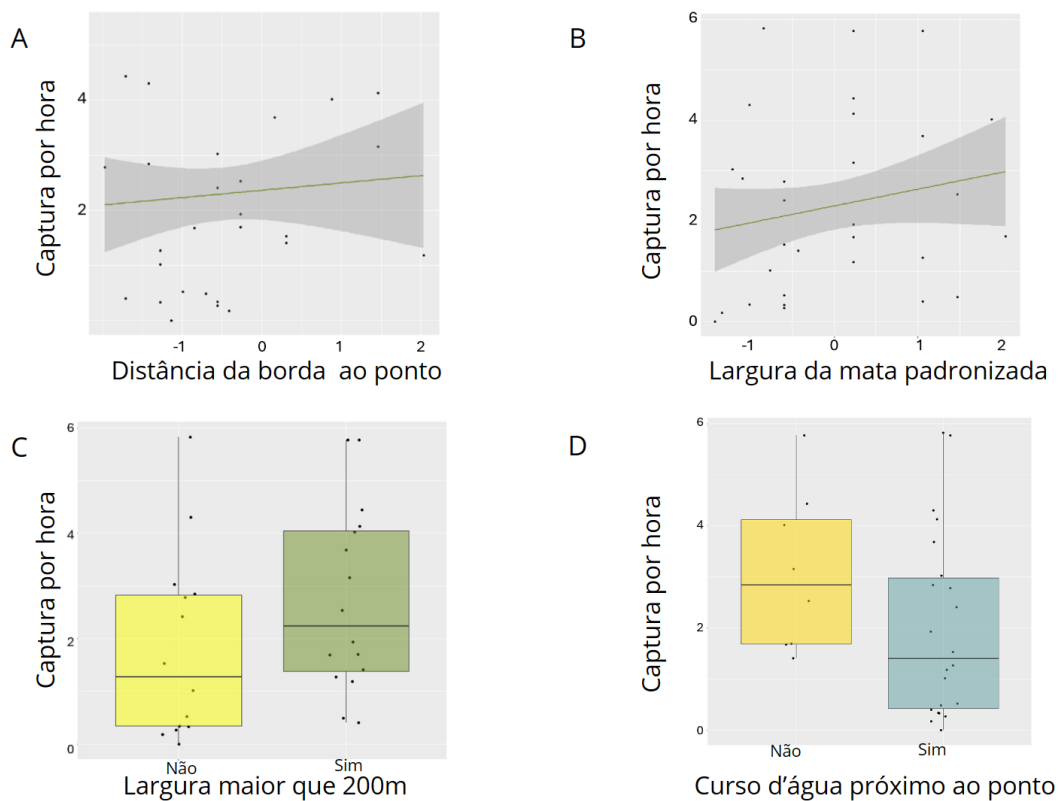


Figura 15. Número de fêmeas de *Sa. albiprivus* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Distância da borda da mata (em metros, contínuo). B) Tamanho da mata (em metros, contínuo). C) Tamanho da mata (categóricos, >200m). D) Curso de água (presente /ausente)

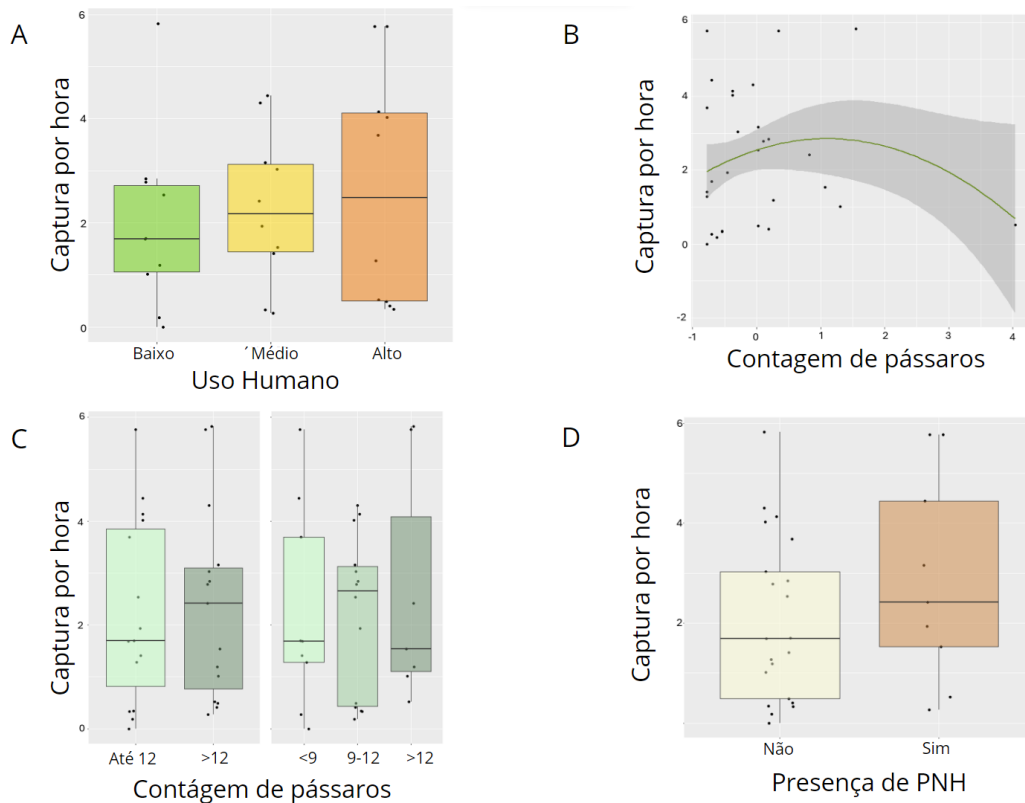


Figura 16. Número de fêmeas de *Sa. albiprivus* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Uso humano (baixo, médio e alto). B) Número de pássaros contados). C) Número de pássaros contados (categóricos, mediana e quartis). D) Número de PNH observados

O modelo *n-mixture* para a espécie *Sa. albiprivus* revelou que λ é influenciada pela presença de PNH, humanos, aves, largura da mata, distância da borda e curso d'água. Enquanto as quatro primeiras tiveram efeito positivo, as duas últimas variáveis tiveram efeito negativo para λ . Já para r , o esforço amostral e a experiência do coletor tiveram efeitos positivos, diferentemente da chuva e umidade relativa que tiveram efeito negativo (**Tabela 5**).

Tabela 5. Resultados do modelo *n-mixture* mostrando os efeitos das variáveis analisadas sobre a densidade e a detecção de *Sa. albiprivus*. As variáveis destacadas em vermelho demonstraram ter um efeito positivo, enquanto as variáveis em azul mostraram um efeito negativo

		Estimativa	Erro padrão	IC (85%)		IRR	IC (85%)	
Densidade (λ)	Intercepto	4,834	0,323	4,370	5,298	125,71	79,04	199,9
	Uso humano médio	-0,001	0,111	-0,160	0,158	1,00	0,85	1,17
	Uso humano alto	0,593	0,108	0,438	0,748	1,81	1,55	2,11
	Curso de água	-0,492	0,115	-0,658	-0,327	0,61	0,52	0,72
	Distância da borda	-0,162	0,078	-0,275	-0,049	0,85	0,76	0,95
	Largura da mata	0,156	0,099	0,014	0,298	1,17	1,01	1,35
	Presença de PNH	0,285	0,097	0,145	0,425	1,33	1,16	1,53
	Presença de aves	0,286	0,097	0,146	0,426	1,33	1,16	1,53
		Estimativa	Erro padrão	IC (85%)		OR	IC (85%)	
Detecção (r)	Intercepto	-2,750	0,399	-0,324	-2,176	0,06	0,72	0,11
	Esforço	0,151	0,043	0,089	0,212	1,16	1,09	1,24
	Experiência alta	0,373	0,077	0,263	0,483	1,45	1,30	1,62
	Manhã	0,080	0,097	-0,219	0,059	1,08	0,80	1,06
	Chuva	-0,285	0,115	-0,450	-0,120	0,75	0,64	0,89
	Temperatura mínima	0,033	0,061	-0,055	0,120	1,03	0,95	1,13
	Umidade máxima	-0,239	0,051	-0,312	-0,166	0,79	0,73	0,85

IC: Intervalo de confiança

IRR (incidência de razão relativa): porcentagem de densidade de mosquitos

OR (odds ratio): probabilidade per capita de mosquito ser coletado

O modelo também revelou que em áreas com alto uso humano em comparação com áreas de baixo uso humano, a densidade de *Sa. albiprivus* é 81% maior. Na presença de aves e PNH, a densidade da espécie aumentará em cerca de 30% em comparação com áreas sem a presença desses animais. Além disso, em matas amplas (>200m), a densidade será 17% maior.

Para a probabilidade de detecção, observa-se que quanto maior o esforço de coleta, isto é, períodos de coleta superiores a 3,6 horas, a probabilidade per capita de detectar fêmeas é 17% maior em comparação com períodos menores. Além disso, essa probabilidade também aumenta pela metade conforme a experiência do coletor aumenta. No entanto, em condições de alta pluviosidade e umidade, a detecção diminui em quase 25%.

Finalmente, com base no modelo, é possível considerar que o intercepto (4,83) representa o número estimado de fêmeas de *Sa. albiprivus* em um ponto caracterizado por baixo uso humano, ausência de curso d'água, distante da

borda da mata, em uma área de mata pequena (< 200 metros), e sem a presença de aves e PNH.

5.2.4 *Aedes albopictus*

Ae. albopictus não possui uma preferência evidente por áreas largas ou estreitas, nem parece haver influência significativa da presença de cursos de água. A distância da borda teve uma ligeira associação negativa (**Figura 17**). Além disso, a presença de PNH, aves e atividade humana também não pareceu ter efeito sobre a densidade e detecção desses mosquitos (**Figura 18**).

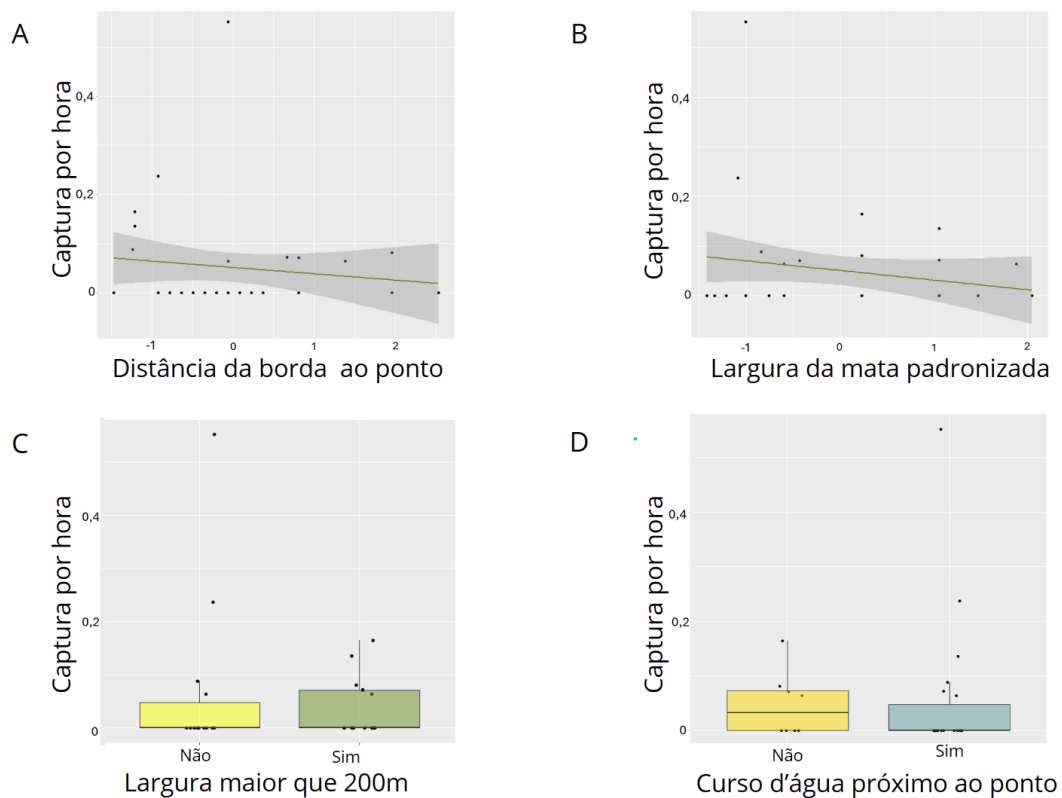


Figura 17. Número de fêmeas de *Ae. albopictus* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Distância da borda da mata (em metros, contínuo). B) Tamanho da mata (em metros, contínuo). C) Tamanho da mata (categóricos, >200m). D) Curso de água (presente /ausente)

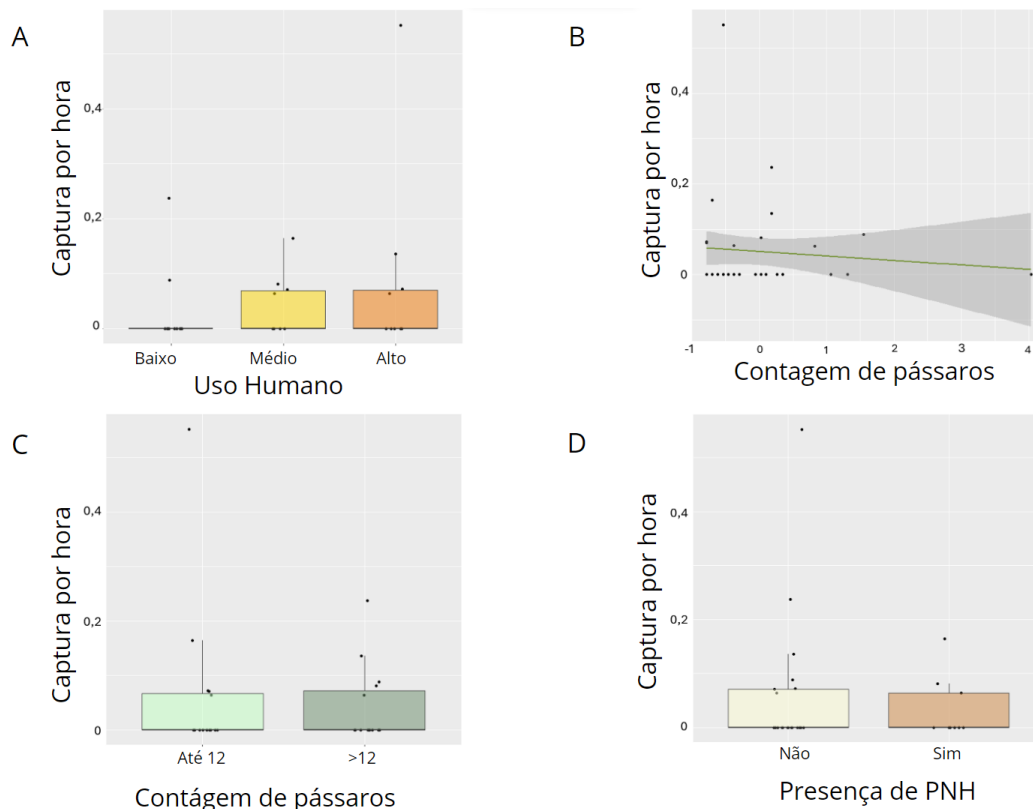


Figura 18. Número de fêmeas de *Ae. albopictus* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Uso humano (baixo, médio e alto). B) Número de pássaros contados. C) Número de pássaros contados (categóricos). D) Número de PNH observados.

O modelo *n-mixture* aplicado à espécie *Ae. albopictus* revelou que λ dessa espécie é influenciada principalmente pelo uso humano alto. No entanto, o efeito negativo sobre λ é observado em relação à largura da mata e à presença de PNH. Por outro lado, em relação a r , a temperatura mínima demonstrou um efeito negativo, enquanto a umidade mínima apresentou um efeito positivo. (Tabela 6).

Tabela 6. Resultados do modelo *n-mixture* mostrando os efeitos das variáveis analisadas sobre a densidade e a detecção de *Ae. albopictus*. As variáveis em vermelho demonstraram ter um efeito positivo, enquanto as variáveis em azul mostraram um efeito negativo

		Estimativa	Erro padrão	IC (85%)		IRR	IC (85%)	
Densidade (λ)	Intercepto	-0,413	0,983	-1,828	1,001	0,66	0,16	2,72
	Uso humano médio	0,457	0,763	-0,626	1,644	1,58	0,53	5,18
	Uso humano alto	1,924	0,941	1,110	3,178	6,85	3,03	24,00
	Curso de água	-0,864	1,006	-2,800	-0,438	0,42	0,06	0,65
	Distância da borda	-0,131	0,289	-1,023	0,049	0,88	0,36	1,05
	Largura da mata	-1,007	0,438	-1,615	-0,490	0,37	0,20	0,61
	Presença de PNH	-0,396	0,650	-1,995	-0,087	0,67	0,14	0,92
	Presença de aves	-0,109	0,217	-0,718	0,027	0,90	0,49	1,03
		Estimativa	Erro padrão	IC (85%)		OR	IC (85%)	
Detecção (r)	Intercepto	-1,178	0,916	-2,497	0,142	0,31	0,08	1,15
	Esforço	-0,012	0,143	-0,702	0,484	0,99	0,50	1,62
	Experiência alta	0,041	0,272	-0,685	1,388	1,04	0,50	4,01
	Manhã	0,080	0,317	-0,415	1,463	1,08	0,66	4,32
	Chuva	-0,269	0,684	-2,568	0,298	0,76	0,08	1,35
	Temperatura mínima	-0,379	0,772	-2,664	-0,125	0,68	0,07	0,88
	Umidade mínima	0,550	0,808	0,044	2,356	1,73	1,04	10,55

IC: Intervalo de confiança

IRR (incidência de razão relativa): porcentagem de densidade de mosquitos

OR (odds ratio): probabilidade per capita de mosquito ser coletado

Adicionalmente, o modelo revela que em áreas com alto uso humano, a densidade de *Ae. albopictus* é 585% maior do que em áreas de baixo uso humano. No entanto, na presença de PNH, a densidade da espécie diminui em cerca de 30% em comparação com áreas onde esses animais não estão presentes. Além disso, em matas estreitas (>200m), a densidade será aproximadamente 60% menor.

5.2.5 *Aedes serratus*

Ae. serratus não demonstrou uma preferência evidente por áreas largas ou estreitas, mas parece possuir uma ligeira preferência por áreas próximas sem cursos d'água. A largura da mata e a distância da borda não apresentaram um efeito significativo sobre a espécie (**Figura 19**). Por outro lado, a presença de PNH apresentou forte relação com a densidade da espécie, enquanto que não houve associação com a presença de aves e o uso humano. Em relação à

presença de humanos, *Ae. serratus* aparentemente preferem áreas com um uso humano moderado (**Figura 20**).

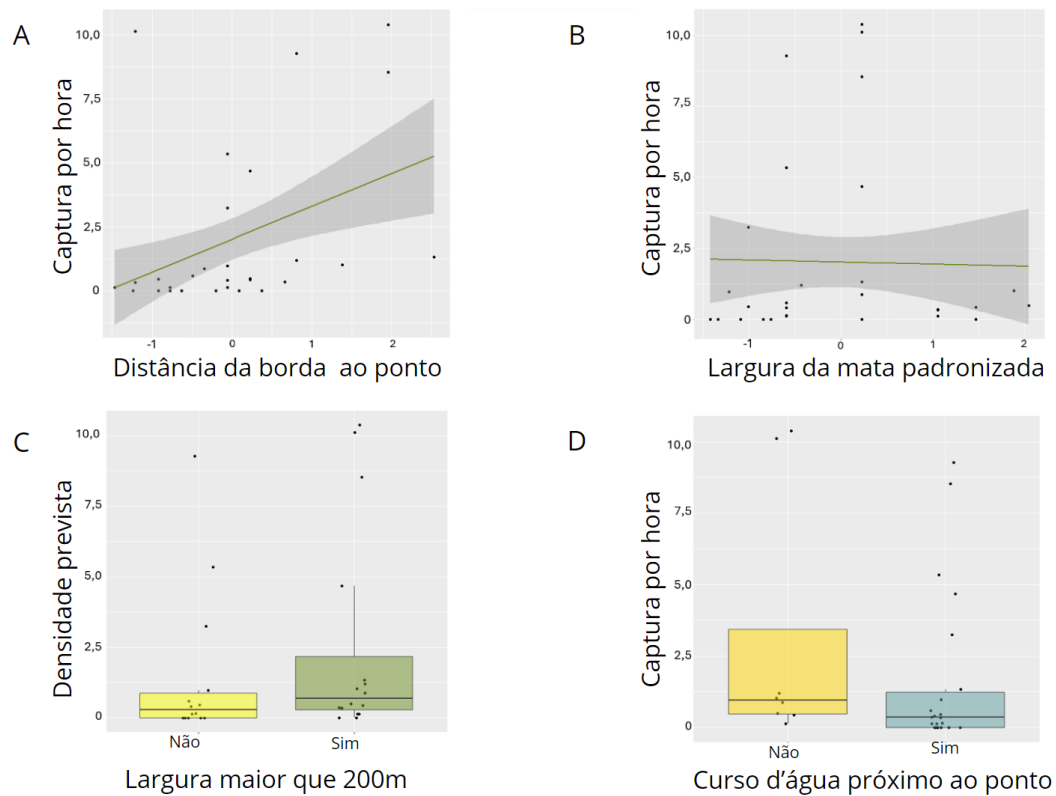


Figura 19. Número de fêmeas de *Ae. serratus* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Distância da borda da mata (em metros, contínuo). B) Tamanho da mata (em metros, contínuo). C) Tamanho da mata (categóricos, >200m). D) Curso de água (presente /ausente).

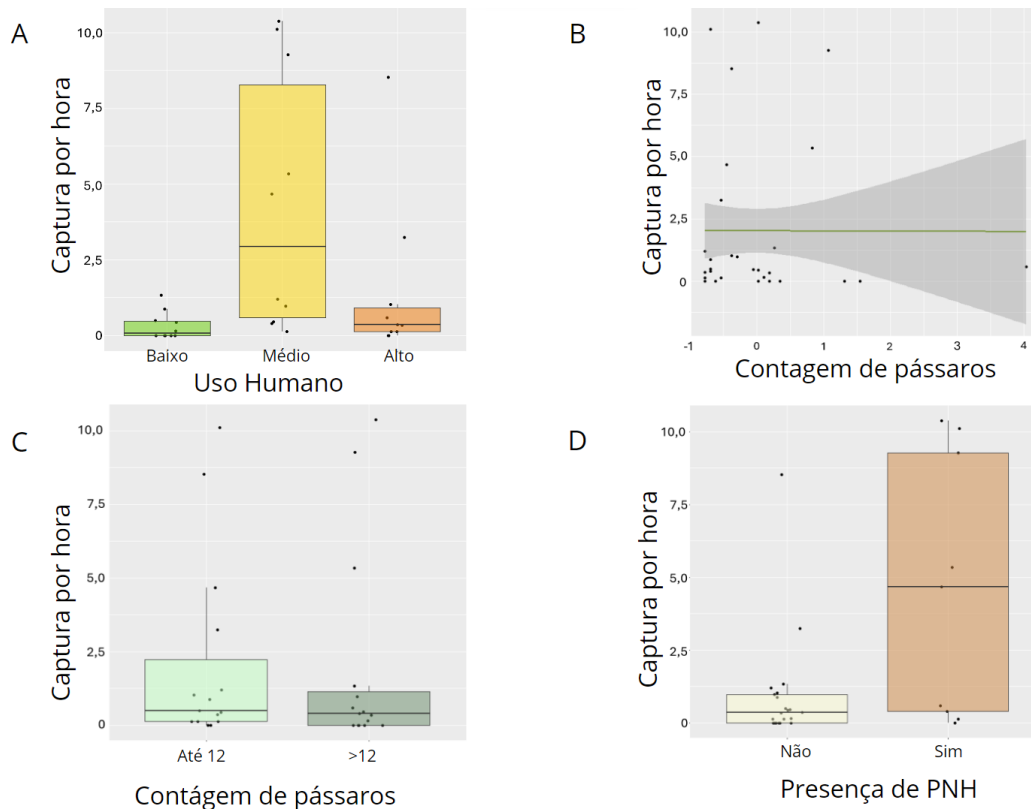


Figura 20. Número de fêmeas de *Ae. serratus* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Uso humano (baixo, médio e alto). B) Número de pássaros contados. C) Número de pássaros contados (categóricos). D) Número de PNH observados.

O modelo *n-mixture* para a espécie *Ae. serratus* indicou que λ é positivamente influenciada por quase todas as variáveis. Por outro lado, r foi positivamente influenciada apenas pelo esforço amostral e pela experiência do coletor. Não foi observada influência negativa para λ ou r na espécie *Ae. serratus* (Tabela 7).

Tabela 7. Resultados do modelo *n-mixture* mostrando os efeitos das variáveis analisadas sobre a densidade e a detecção de *Ae. serratus*. As variáveis em vermelho demonstraram ter um efeito positivo, enquanto as variáveis em azul mostraram um efeito negativo.

		Estimativa	Erro padrão	IC (85%)		IRR	IC (85%)	
Densidade (λ)	Intercepto	2,962	0,573	2,137	3,787	19,34	8,47	44,12
	Uso humano médio	2,038	0,179	1,780	2,295	7,68	5,93	9,92
	Uso humano alto	1,226	0,166	0,987	1,466	3,41	2,68	4,33
	Curso de água	-0,004	0,035	-0,174	0,110	1,00	0,84	1,12
	Distância da borda	0,544	0,045	0,479	0,609	1,72	1,61	1,84
	Largura da mata	0,065	0,120	-0,001	0,387	1,07	1,00	1,47
	Presença de PNH	0,605	0,098	0,463	0,745	1,83	1,59	2,11
	Presença de aves	0,018	0,059	-0,020	0,277	1,02	0,98	1,32
		Estimativa	Erro padrão	IC (85%)		OR	IC (85%)	
Detecção (r)	Intercepto	-2,984	0,630	-3,891	-2,077	0,05	0,02	0,13
	Esforço	0,198	0,046	0,133	0,263	1,22	1,14	1,30
	Experiência alta	0,359	0,085	0,241	0,479	1,43	1,27	1,61
	Manhã	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
	Chuva	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
	Temperatura mínima	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
	Umidade mínima	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

IC: Intervalo de confiança

IRR (incidência de razão relativa): porcentagem de densidade de mosquitos

OR (odds ratio): probabilidade per capita de mosquito ser coletado

-----: Valores não foram considerados pelo modelo

As análises revelaram que em áreas com alto uso humano em comparação com áreas de baixo uso humano, a densidade de *Ae. serratus* aumenta quase 250%. Na presença de aves e PNH, a densidade da espécie aumentará em cerca de 80% em comparação com áreas sem a presença desses animais. Além disso, em pontos mais distantes da borda (>50m), a densidade será 72% maior.

Para a probabilidade de detecção, nota-se que quanto maior o esforço de coleta, isto é, períodos de coleta superiores a 3,6 horas, a probabilidade per capita de detectar fêmeas é 22% maior em comparação com períodos menores. Além disso, essa probabilidade também aumenta quase pela metade conforme a experiência do coletor aumenta.

Por fim, com base no modelo, é possível considerar que o intercepto (2,96) representa o número estimado de fêmeas de *Ae. serratus* em um ponto

caracterizado por baixo uso humano, ausência de PNHs, distante da borda da mata.

5.2.6 *Aedes scapularis*

Ae. scapularis demonstrou uma discreta preferência por áreas mais largas e sem a presença de cursos d'água. A distância da borda parece ter tido um efeito significativo sobre a espécie, ou seja, quanto mais distante da borda, maior a quantidade de mosquitos coletados (**Figura 21**). Por outro lado, a presença de PNH, aves e seres humanos não teve forte associação (**Figura 22**).

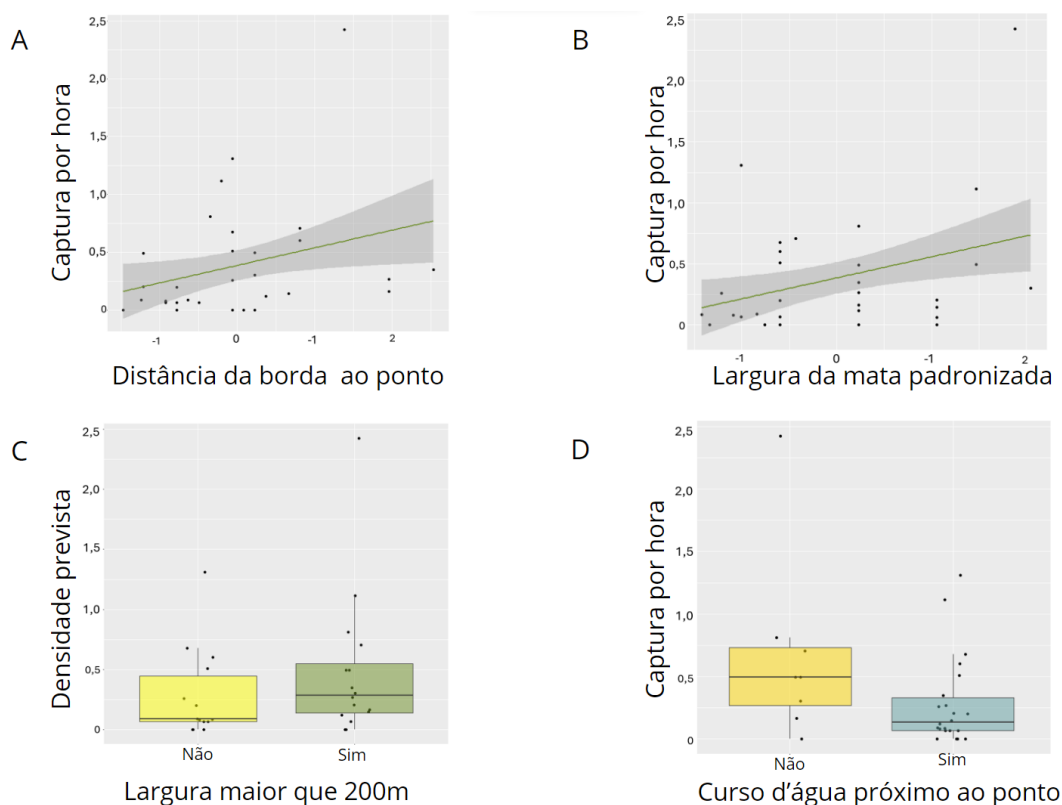


Figura 21. Número de fêmeas de *Ae. scapularis* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Distância da borda da mata (em metros, contínuo). B) Tamanho da mata (em metros, contínuo). C) Tamanho da mata (categóricos, >200m). D) Curso de água (presente /ausente)

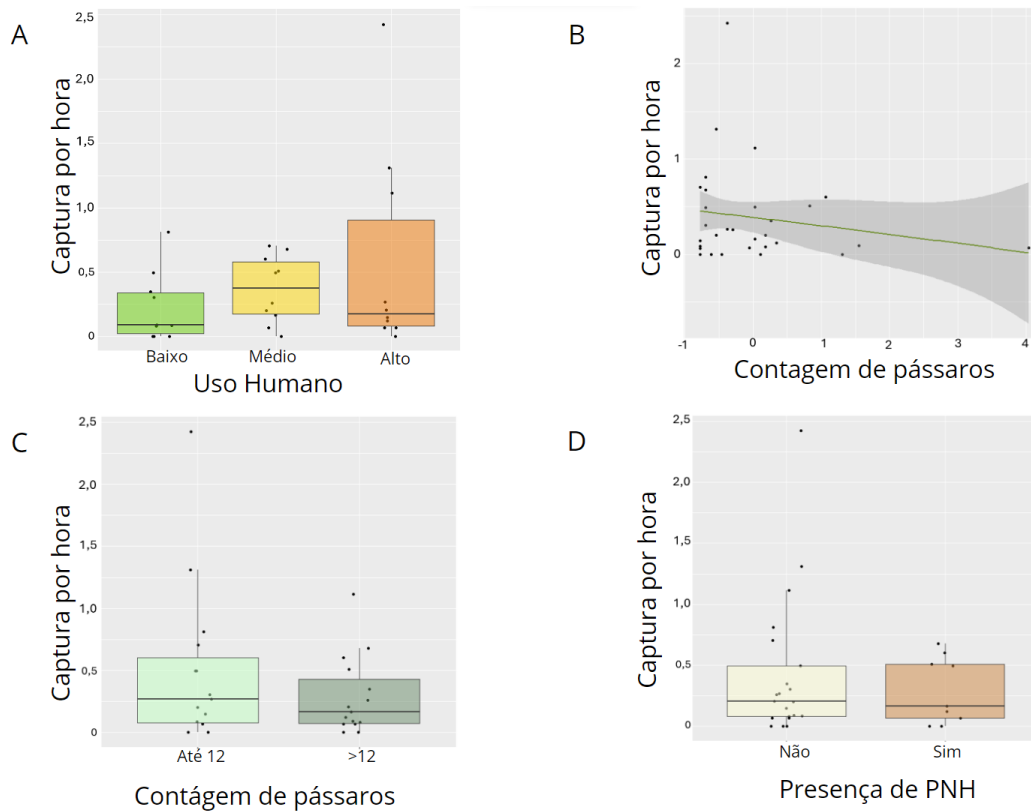


Figura 22. Número de fêmeas de *Ae. scapularis* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Uso humano (baixo, médio e alto). B) Número de pássaros contados). C) Número de pássaros contados (categóricos). D) Número de PNH observados.

As análises do modelo *n-mixture* aplicado à espécie *Ae. scapularis* revelaram que λ é influenciada positivamente pelo uso humano e pela distância da borda. Por outro lado, o curso d'água e a presença PNH demonstraram ter efeitos negativos sobre λ (**Tabela 8**).

Tabela 8. Resultados do modelo *n-mixture* mostrando os efeitos das variáveis analisadas sobre a densidade e a detecção de *Ae. scapularis*. As variáveis em vermelho demonstraram ter um efeito positivo, enquanto as variáveis em azul mostraram um efeito negativo.

		Estimativa	Erro padrão	IC (85%)		IRR	IC (85%)	
Densidade (λ)	Intercepto	3,300	1,036	1,808	4,792	27,11	6,10	120,54
	Uso humano médio	0,830	0,243	0,480	1,181	2,29	1,62	3,26
	Uso humano alto	1,236	0,227	0,908	1,563	3,44	2,48	4,77
	Curso de água	-0,879	0,210	-1,180	-0,579	0,42	0,31	0,56
	Distância da borda	0,115	0,115	0,071	0,316	1,12	1,07	1,37
	Largura da mata	0,002	0,042	-0,170	0,202	1,00	0,84	1,22
	Presença de PNH	-0,778	0,211	-1,079	-0,482	0,46	0,34	0,62
	Presença de aves	0,053	0,143	-0,044	0,572	1,05	0,96	1,77
		Estimativa	Erro padrão	IC (85%)		OR	IC (85%)	
Detecção (r)	Intercepto	-2,960	1,170	-4,965	-1,276	0,05	0,01	0,28
	Esforço	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
	Experiência alta	0,383	0,234	0,210	0,712	1,47	1,23	2,04
	Manhã	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
	Chuva	-0,695	0,347	-1,170	-0,364	0,50	0,31	0,69
	Temperatura mínima	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
	Umidade mínima	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

IC: Intervalo de confiança

IRR (incidência de razão relativa): porcentagem de densidade de mosquitos

OR (odds ratio): probabilidade per capita de mosquito ser coletado

-----: Valores não foram considerados pelo modelo

O modelo também revelou que em áreas com alto uso humano, a densidade de *Ae. scapularis* aumenta quase 244% em comparação com áreas de baixo uso humano. Além disso, em pontos mais distantes da borda haveria uma densidade 18% maior em comparação com áreas próximas. Por outro lado, na presença de PNHs e curso d'água, a densidade diminuiria para quase a metade em comparação com pontos sem a presença dessas variáveis.

Para a probabilidade de detecção da espécie *Ae. scapularis* verificou-se que aumenta pela metade à medida que a experiência do coletor aumenta. No entanto, em condições de alta pluviosidade, a detecção também diminui pela metade.

Por fim, com base no modelo, pode-se considerar que o intercepto (3,30) representa o número estimado de fêmeas de *Ae. scapularis* em um ponto caracterizado por baixo uso humano, próximo à borda da mata, com a presença de PNHs e curso d'água.

5.2.7 *Psorophora ferox*

Os resultados exploratórios para a espécie *Ps. ferox* mostram que a espécie não demonstrou uma preferência evidente por áreas largas ou estreitas, mas com ligeira preferência por áreas próximas sem cursos d'água. A distância da borda não parece ter tido um efeito ligeiramente positivo sobre a espécie (**Figura 23**). Por outro lado, a presença de PNH apresentou uma forte relação com a densidade da espécie, porém baixa associação com a presença de aves e o uso humano. Em relação à presença de humanos, os mosquitos aparentemente preferem áreas com um uso humano moderado (**Figura 24**).

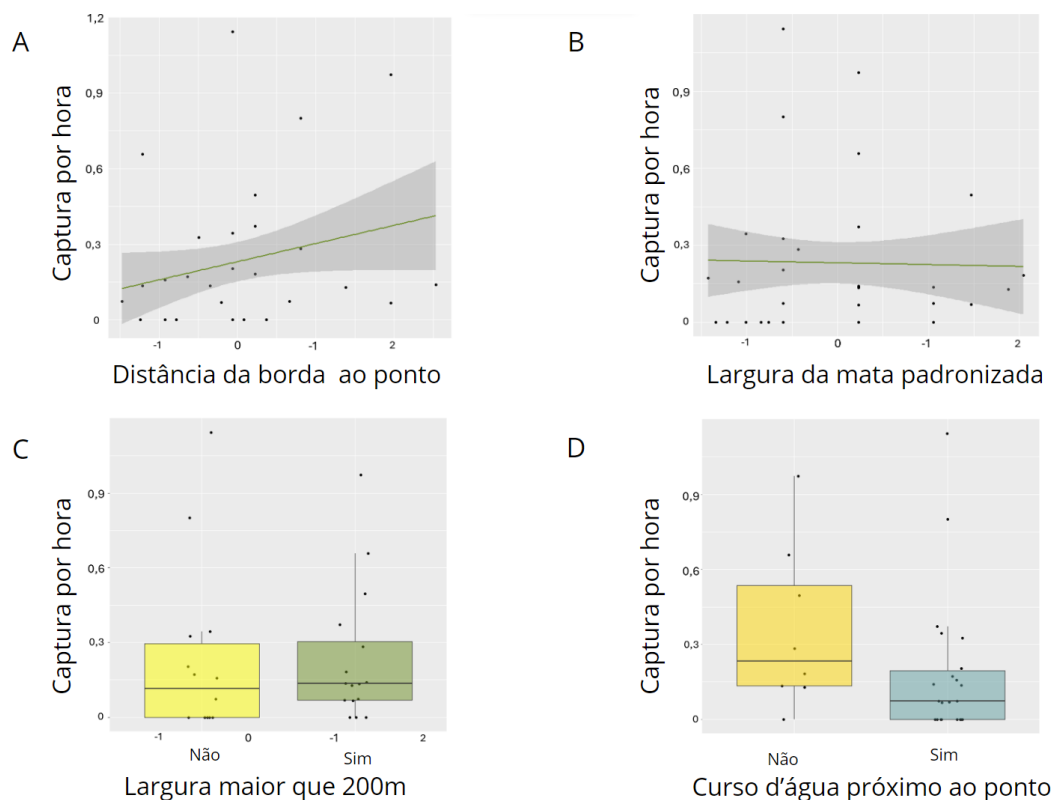


Figura 23. Número de fêmeas de *Ps. ferox* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Distância da borda da mata (em metros, contínuo). B) Tamanho da mata (em metros, contínuo). C) Tamanho da mata (categóricos, >200m). D) Curso de água (presente /ausente).

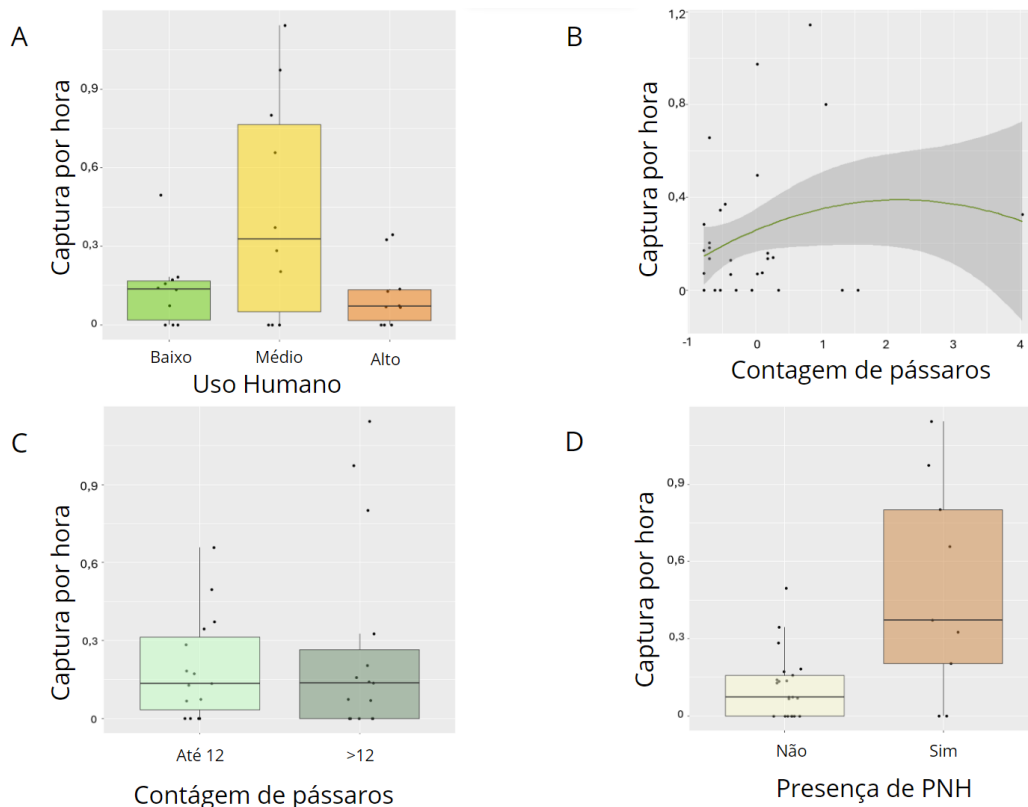


Figura 24. Número de fêmeas de *Ps. ferox* coletadas em 30 pontos de amostragem no PNB. A) Uso humano (baixo, médio e alto). B) Número de pássaros contados. C) Número de pássaros contados (categóricos). D) Número de PNH observados

O modelo *n-mixture* aplicado à espécie *Ps. ferox* revelou que λ é influenciada positivamente pela presença de PNHs, aves e largura da mata. Por outro lado, é influenciada negativamente pelo uso humano, curso d'água e distância da borda. Em relação a r , o esforço amostral foi a única variável que apresentou efeitos positivos, ao passo que a chuva e a coleta no turno da manhã tiveram efeitos negativos (**Tabela 9**).

Tabela 9. Resultados do modelo *n-mixture* mostrando os efeitos das variáveis analisadas sobre a densidade e a detecção de *Ps. ferox*. As variáveis em vermelho demonstraram ter um efeito positivo, enquanto as variáveis em azul mostraram um efeito negativo.

		Estimativa	Erro padrão	IC (85%)		IRR	IC (85%)	
Densidade (λ)	Intercepto	2,344	1,074	0,798	3,889	10,42	2,22	48,86
	Uso humano médio	0,620	0,455	-0,029	1,277	1,86	0,97	3,59
	Uso humano alto	-0,700	0,411	-1,292	-0,117	0,50	0,27	0,89
	Curso de água	-0,657	0,361	-1,139	-0,405	0,52	0,32	0,67
	Distância da borda	-0,551	0,395	-1,134	-0,301	0,58	0,32	0,74
	Largura da mata	0,095	0,203	0,061	0,726	1,10	1,06	2,07
	Presença de PNH	0,687	0,455	0,362	1,343	1,99	1,44	3,83
	Presença de aves	0,452	0,143	0,247	0,658	1,57	1,28	1,93
		Estimativa	Erro padrão	IC (85%)		OR	IC (85%)	
Detecção (r)	Intercepto	-2,031	1,272	-3,862	-0,199	0,13	0,02	0,82
	Esforço	0,179	0,231	0,071	0,657	1,20	1,07	1,93
	Experiência alta	-0,008	0,061	-0,474	0,165	0,99	0,62	1,18
	Manhã	-0,197	0,331	-1,037	-0,123	0,82	0,35	0,88
	Chuva	-0,201	0,267	-1,198	-0,135	0,82	0,30	0,87
	Temperatura mínima	0,017	0,072	-0,045	0,422	1,02	0,96	1,53
	Umidade mínima	-0,033	0,095	-0,416	-0,009	0,97	0,66	0,99

IC: Intervalo de confiança

IRR (incidência de razão relativa): porcentagem de densidade de mosquitos

OR (odds ratio): probabilidade per capita de mosquito ser coletado

O modelo também revelou que em áreas com presença de PNH, a densidade dobraria e na presença de aves, ela aumentaria pela metade em comparação com áreas sem a presença dessas variáveis. Em contraste, a presença de seres humanos, curso d'água e pontos distantes da borda reduziria a densidade pela metade.

Para a probabilidade de detecção, observa-se que quanto maior o esforço de coleta, isto é, períodos de coleta superiores a 3,6 horas, a probabilidade per capita de detectar fêmeas é 20% maior em comparação com períodos menores. No entanto, em condições de alta pluviosidade e coletas realizadas no turno da manhã, a detecção diminui em quase 20%.

Finalmente, com base no modelo, é possível considerar que o intercepto (2,34) representa o número estimado de fêmeas de *Ps. ferox* em um ponto caracterizado por alto uso humano, presença de curso d'água, distante da borda da mata, em uma área de mata pequena (< 200 metros), e sem a presença de aves e PNH.

5.3 Risco de exposição aos vetores da febre amarela no PNB de acordo com os pontos de coleta e níveis de uso humano

Os resultados sobre a busca por hospedeiros das fêmeas dos mosquitos coletados no PNB em áreas com diferentes usos humanos (baixo, intermediário, alto) revelaram clara variação na densidade de mosquitos entre as áreas de acordo com o uso humano e entre os pontos dentro de uma categoria de uso humano (**Figura 25**). Observou-se que as espécies dos gêneros *Haemagogus* e *Sabethes* apresentaram maior densidade em regiões de intensa atividade humana, destacando-se, em particular, o ponto (P) 2 para *Hg. janthinomys* e *Sa. albiprivus*. Este local encontra-se próximo a Piscina Velha (**Figura 7A**), a qual atrai um fluxo constante de visitantes diariamente.

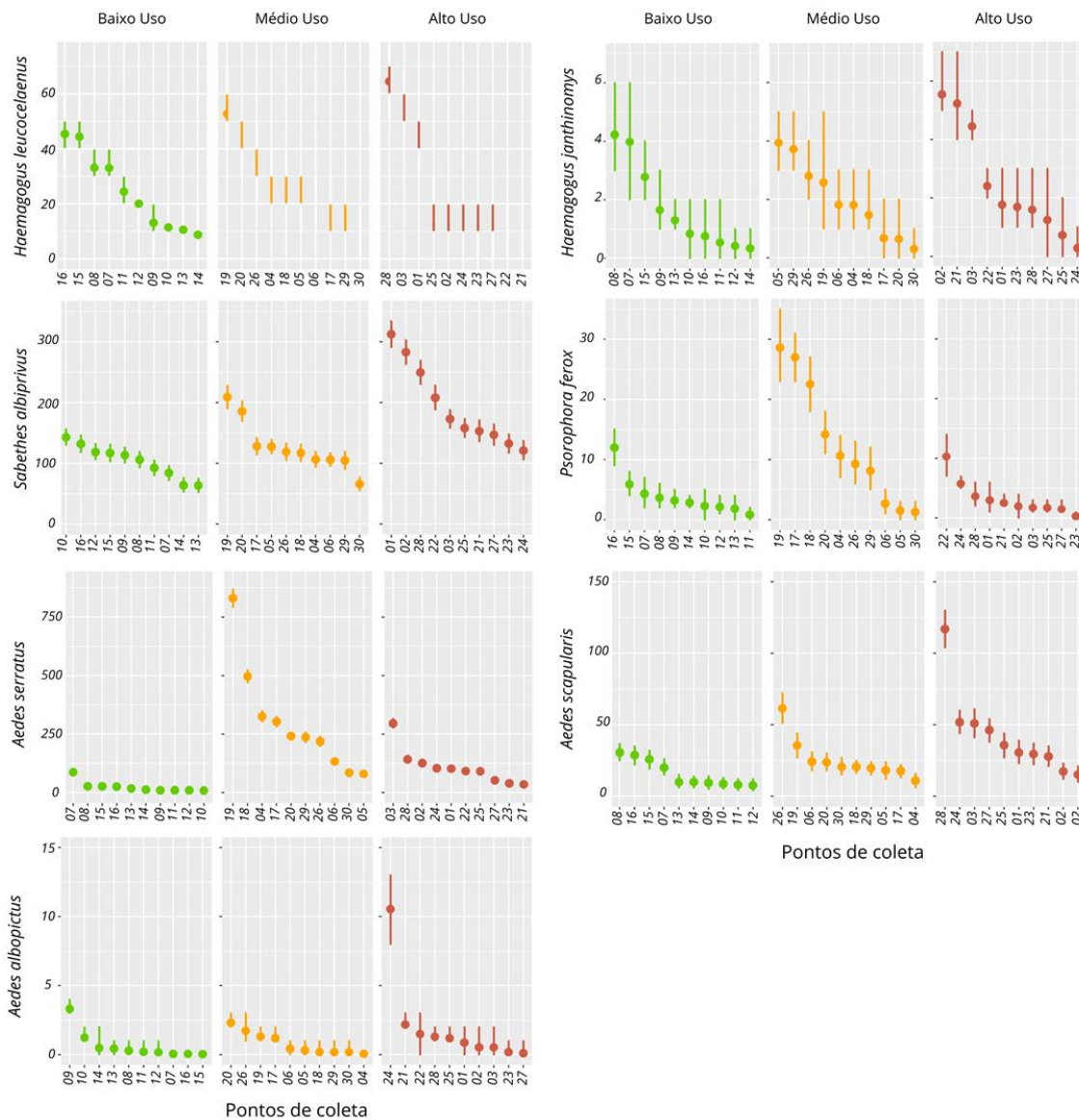


Figura 25. Densidade de fêmeas de mosquitos atraídas por humanos no PNB, por espécie, uso humano (verde: baixo, amarelo: intermediário e vermelho: alto) e pontos de coleta (1-30).

A maior densidade das espécies *Ae. serratus* e *Ps. ferox* ocorre em áreas com uso humano intermediário, principalmente no P19. Esse ponto é situado ao lado de uma edificação abandonada sendo visitado ocasionalmente pelos funcionários do PNB (**Figura 26**). Por outro lado, *Ae. scapularis* e *Ae. albopictus* tiveram maior densidade em pontos específicos de alto uso (28 e 24, respectivamente). O P28 fica próximo à Piscina Velha e o P24 fica próximo à

Piscina Nova (**Figura 7**). De forma geral, nas áreas de baixo uso humano as densidades foram geralmente menores.



Figura 26 Ponto 19 de coleta (Bambuzal da Cibele). O ponto está localizado numa área de uso médio humano. Seta: possível criadouro de mosquitos.

Os modelos *n-mixture* baseados em densidade e detecção permitiram estimar o REVFA, ou seja, o número médio de fêmeas de mosquitos que se aproximam de uma pessoa após uma hora de exposição. Por exemplo, no P24 (Estacionamento da piscina nova), o modelo estimou a densidade de 10,5 fêmeas de *Ae. albopictus*. Dessas fêmeas, apenas 22.3% chegam perto o suficiente de uma pessoa. Isso gerou uma estimativa de $10,5 \times 0,223 = 2,34$ fêmeas que se aproximam de uma pessoa. Levando em conta que a amostragem foi realizada por dois coletores, o valor corrigido é reduzido pela metade, resultando em 1,17 fêmeas. Considerando também um período de coleta (ou "exposição") de 1,82 horas, a correção para 1 hora é de 0,64 fêmeas de *Ae. albopictus*, ou pelo menos uma fêmea se aproximando de uma pessoa em um ponto de alta densidade após 2 horas de exposição (**Tabela 10**).

Ao considerar os níveis de exposição para cada espécie, percebemos que as pessoas no PNB são expostas principalmente a *Ae. serratus* (15 mosquitos/hora) no P19 (Bambuzal da Cibebe), seguido de *Sa. albiprivus* (7 mosquito/hora) no P01 (Trilha da Capivara). As análises também revelam que o risco de exposição para a espécie *Hg. leucocelaenus* é maior do que *Hg. janthinomys* e que a maior exposição dessas espécies está localizada em áreas de alto uso humano, principalmente próximo à Trilha da Capivara e à Piscina Velha (**Tabela 10**). Nessas áreas, um visitante pode ser picado por até 10 mosquitos por hora, ficando exposto a pelo menos três espécies de vetores da FA.

Tabela 10. Risco de exposição a vetores primários e secundários de Febre Amarela em 30 pontos amostrados no Parque Nacional de Brasília de acordo com os valores de maior densidade e detecção estimados pelo modelo *n-mixture*, em 2024.

Espécie	Ponto	λ	p	RE
<i>Hg. leucocelaenus</i>	P01: Trilha da capivara	64,0	0,16	2,81
<i>Hg. janthinomys</i>	P02: Piscina velha	5,5	0,29	0,44
<i>Sa. albiprivus</i>	P01: Trilha da capivara	312,0	0,085	7,29
<i>Ae. albopictus</i>	P24: EstacionamentoPiscinaNova	10,5	0,23	0,64
<i>Ae. serratus</i>	P19: Bambuzal da Cibebe	830,0	0,067	15,28
<i>Ae. scapularis</i>	P01: Trilha da capivara	117,0	0,075	2,41
<i>Ps. ferox</i>	P19: Bambuzal da Cibebe	28,6	0,20	1,57

λ: Densidade de mosquitos estimada pelo modelo *n-mixture*..

p: Detecção: probabilidade média de coleta de uma fêmea presente no ponto.

RE: Risco de exposição, ou seja, o número médio de fêmeas de mosquitos que se aproximam de uma pessoa após uma hora de exposição nos pontos de alta densidade de mosquitos amostrados no PNB.

6)DISCUSSÃO

O presente estudo avaliou o REVFA considerando variáveis ambientais dos pontos de coleta e variáveis de amostragem para estimar a probabilidade de detecção e a densidade de mosquitos no PNB utilizando o modelo de *n-mixture*. Observou-se que diferentes variáveis exercem influências distintas sobre as espécies de mosquitos. Por exemplo, identificou-se que a densidade da maioria dos mosquitos estudados é afetada positivamente pelo uso humano e o tamanho da mata. No entanto, a presença de curso d'água obteve efeito negativo sobre a densidade dos mosquitos. As análises em conjunto permitiram modelar o REVFA em áreas silvestres com baixa, média e alta frequência de alteração antrópica e circulação humana indicando que o risco de exposição às espécies *Hg. janthinomys*, *Hg. leucocelaenus* e *Sa. albiprivus* foi maior nos pontos de alto uso humano. Esses resultados permitiram estimar o potencial risco de transmissão de FA, em áreas naturais com elevada circulação de pessoas, contribuindo para a melhoria da vigilância entomológica dos vetores de FA.

Uma das variáveis mais importantes para avaliar o risco de exposição aos mosquitos é o contato homem-vetor (THONGSRIPONG *et al.*, 2020). As análises mostraram que a densidade de das espécies das espécies *Sa. albiprivus* e espécies de *Ae. serratus* e *Ae. scapularis* foi maior nas áreas de alto uso humano. Esse resultado pode estar associado a uma maior adaptação em áreas modificadas pelo homem e/ou maior capacidade de desenvolvimento em criadouros. *Sa. albiprivus* foi a espécie de mosquito mais frequente no nosso estudo o que também tem sido observado outras áreas de surtos de FA (SILVA *et al.*, 2024; LIRA-VIEIRA *et al.*, 2013). As fêmeas da espécie *Sa. albiprivus* ovipõem lançando ovos em frutos da árvore *Lecythis pisonis* (VIEIRA *et al.*, 2020) e existe possibilidade da espécie ovipor em outros buracos de árvores presentes na nossa área de estudo o que poderia explicar a maior densidade associada ao alto uso humano. Esses resultados são relevantes, pois *Sa. albiprivus* foi encontrado naturalmente infectado pelo YFV em altas abundância durante a seca no Brasil (OLIVEIRA *et al.*, 2023). Forattini e colaboradores (1977) mostraram que *Ae. scapularis* pode se desenvolver em vários tipos de recipientes artificiais, demonstrando a adaptação dessa espécie em ambientes

modificados pelo homem. Além disso, a presença humana implica na presença de animais (primatas, aves, roedores etc.) que são atraídos pelos restos de alimentos deixados por humanos. Por exemplo, nas áreas das piscinas é muito comum a presença de macaco-prego os quais também devem ser fontes de alimento para *Ae. scapularis* e *Ae. serratus* considerando os dados de comportamento alimentar que indicam fontes alimentares de animais peridomésticos e PNH (MUCCI *et al.*, 2015; PALERMO *et al.*, 2016). Muito embora, *Ae. serratus* tenha sido identificado com o YFV no Rio Grande do Sul (CARDOSO *et al.*, 2011), o papel dessa espécie no ciclo de transmissão da FA ainda é desconhecido. Para as espécies *Hg. janthinomys* e *Hg. leucocelaenus*, não se observou forte associação entre a densidade de mosquitos e presença humana o que pode ser explicado pela tendência dessas espécies em manterem comportamentos mais adaptados a ambientes silvestres (MONDE *et al.*, 2002, CARDOSO *et al.*, 2010; TUBAKI *et al.*, 2010; ABREU *et al.*, 2019; SILVA *et al.*, 2022). Durante a epidemia de FA, entre 2016 e 2018, essas espécies foram incriminadas como vetores responsáveis pela transmissão da FA, em cinco estados brasileiros, devido a sua ampla distribuição, elevada abundância e altas taxas de infecção natural. Salienta-se que a espécie *Hg. janthinomys* foi detectada em fragmentos naturais pequenos (7 hectares), localizados em vales florestais recentemente antropizados (ABREU *et al.*, 2019). Em se tratando de *Ae. albopictus*, a densidade da espécie foi afetada positivamente, tal fato é preocupante devido à sua capacidade de se reproduzir em ambientes periurbanos e silvestres (LWANDE *et al.*, 2020; DAMASCENO-CALDEIRA *et al.*, 2023). Além disso, *Ae. albopictus* já foi documentada naturalmente infectada por YFV (MARTINS *et al.*, 2012; COUTO-LIMA *et al.*, 2017; AMRAOU *et al.*, 2018; RICAS-REZENDE *et al.*, 2020). Por fim, Chen e colaboradores (2020) consideram a espécie como cosmopolita em sua dieta, o que significa que *Ae. albopictus* é capaz de se alimentar tanto de seres humanos quanto de animais. Essa característica poderia contribuir para o papel de ponte na reurbanização da FA. Por outro lado, para a espécie *Psorophora ferox*, a presença humana resultou em um efeito negativo evidente, enquanto a presença de PNH foi associada positivamente. Isso sugere uma preferência mais acentuada por

fontes alimentares encontradas em ambientes menos alterados pela presença humana. Uma evidência que fortalece essa hipótese é que *Ps. ferox* apresentou menor frequência de sangue humano entre as espécies mais abundantes em uma área de transmissão silvestre de FA no estado de São Paulo, Brasil (MUCCI *et al.*,2015).

Outro aspecto importante foi a largura da mata. Essa variável demonstrou ter um efeito predominantemente positivo para maioria das espécies coletadas, indicando que quanto maior a largura da mata, maior a influência positiva sobre os resultados observados. Alencar e colaboradores (2018) demonstraram que a cobertura florestal influencia diretamente na abundância dos vetores silvestres de FA, ou seja, a presença de vegetação em um raio de 250 a 1000m afetou a composição de *Haemagogus* e *Sabethes*, na Chapada dos Guimarães, Mato Grosso, Brasil. Uma possível explicação para esse fenômeno é a provável correlação entre a largura da mata e a densidade de fontes alimentares disponíveis para os mosquitos em questão. No entanto, entre as espécies analisadas, foi observado um efeito negativo da largura da mata especificamente para a espécie *Ae. albopictus*. Essa espécie é conhecida por sua preferência por ambientes periurbanos e rurais (LWANDE *et al.*, 2020), e provavelmente a maior largura da mata influenciou na redução da presença e/ou viabilidade de habitats e criadouros adequados para esta espécie, resultando em um efeito negativo sobre sua abundância ou distribuição. Existem evidências de que a composição das comunidades de mosquitos muda substancialmente com o aumento da distância da borda. *Ae. albopictus* penetra pelo menos 100 m na floresta, enquanto mosquitos dos gêneros *Haemagogus* e *Sabethes* foram detectados em números reduzidos a menos de 100 m da borda da floresta (HENDY *et al.*,2020).

A variável de distância da borda teve um impacto positivo na densidade dos mosquitos, principalmente para as espécies *Hg. leucocelaenus*, *Ae. serratus* e *Ae. scapularis*. Esse resultado pode ser atribuído ao fato de que em áreas mais distantes das bordas os mosquitos estão mais protegidos dos ventos fortes, em comparação com as bordas. As árvores atuam como barreiras contra o vento, proporcionando um ambiente mais estável para a locomoção dos mosquitos, que são leves e pequenos. Além disso, a menor exposição ao sol, especialmente em

áreas com dossel, permite um microclima com maior umidade e sombreamento, favorecendo a reprodução. No entanto, para espécies como *Sa. albiprivus* e *Ps. ferox*, essa variável teve um efeito negativo. Por exemplo, levando em consideração que machos e fêmeas da espécie *Ps. ferox* reproduzem-se por exames a baixa altitude sobre o solo, e em locais com clareiras de 1-2m de diâmetro durante o crepúsculo (NIELSEN *et al.*, 1964), as áreas mais distantes do interior das matas apresentam vegetação mais baixa e sem árvores podem contribuir de forma mais favorável para o maior sucesso reprodutivo dessa espécie. *Sabethes cloropterus* também apresenta esse tipo de comportamento (GALINDO *et al.*, 1958).

Diferente do que se esperava, a variável curso d'água teve um efeito negativo tanto na densidade dos mosquitos (TUBAKI *et al.*, 2010; LIRA-VIEIRA *et al.*, 2013). Esse fenômeno pode ser atribuído a diversos fatores. Primeiramente, em áreas próximas a corpos d'água, os mosquitos enfrentam uma maior predação por parte de seus inimigos naturais, como peixes e libélulas, que consomem suas larvas, limitando assim o número de adultos disponíveis (SINGH *et al.*, 2003; CHANDRA *et al.*, 2008; SHAALAN *et al.*, 2009; HAN *et al.*, 2015; VAN DUONG *et al.*, 2021). Além disso, há espécies do gênero *Aedes* que preferem águas paradas, o que pode tornar locais com água corrente menos atrativos para esse gênero (ABREU *et al.*, 2015; BERMUDI *et al.*, 2017). Adicionalmente, a presença de corpos d'água pode influenciar na umidade do local, e embora os mosquitos prefiram locais mais úmidos para evitar a dessecação, a proximidade do curso d'água pode afetar o microclima local, os padrões de vento dispersando os mosquitos para longe (CARDÉ *et al.*, 2023; SAN ALBERTO *et al.*, 2023). Esses achados mostraram que a presença de cursos d'água nas matas de galeria não é uma condição necessária e relevante para explicar uma alta densidade de mosquitos e dessa forma a exposição aos mosquitos não seria maior em sítios de matas de galeria próximos a curso d'água.

Ao contrário do que se esperava, a densidade de mosquitos das espécies *Hg. janthinomys* e *Hg. leucocelaenus* não foi significativamente alterada devido

à presença de PNH no ambiente. Uma possível explicação para esse resultado é que, quando a presença de PNH era registrada durante o estudo, os pesquisadores optavam por interromper temporariamente a coleta de amostras, visando evitar acidentes, uma vez que havia registros de ataques desses primatas aos pesquisadores e a visitantes do PNB (SAITO *et al.*, 2010). A presença de aves foi associada com a densidade de *Hg. janthinomys*. Alencar e colaboradores (2005) descobriram que as aves foram as principais fontes alimentares dessa espécie, reforçando os nossos resultados.

Conforme esperado, tanto o esforço amostral quanto a experiência do coletor tiveram impactos positivos na detecção dos mosquitos, indicando que quanto maiores essas variáveis, maior foi a detecção. No entanto, a variável chuva teve um impacto negativo nas espécies *Sa albiprivus*, *Ae. scapularis* e *Ps. ferox*. Isso pode ser explicado pelo fato de que os mosquitos possuem mecanismos de percepção que lhes permitem antecipar mudanças no clima. Em ambientes úmidos, onde a probabilidade de chuva é maior, os mosquitos tendem a se abrigar em locais seguros, em vez de se exporem em busca de alimento. A precipitação é um fator que pode contribuir para o aumento do risco de exposição a picadas de mosquitos, principalmente para as espécies *Ae. scapularis*, *Ae. serratus* e *Ps. ferox*, conforme pesquisas realizadas no Vale do Ribeira/SP (LAPORTA *et al.*, 2012). Para a temperatura e umidade, não foi observada uma influência significativa na detecção dos mosquitos, exceto no caso de *Hg. janthinomys* e *Ae. albopictus*, que foram afetados negativamente. Por exemplo, valores de temperatura abaixo de 23°C resultaram em uma probabilidade de detecção 30% menor. Esses resultados corroboram os achados de Alencar e colaboradores (2008), que descreveram uma maior densidade de *Hg. janthinomys* em médias de temperatura variando entre 24-30°C e umidade relativa maior que 70% na Amazônia. Isso sugere que, em geral, temperaturas mais baixas têm pouco impacto na detecção dos mosquitos e, quando ocorre, esse efeito tende a ser negativo.

O modelo estimou que a densidade e a detecção são significativamente maiores do que as observadas, dependendo de certas variáveis. Não se pode afirmar que o número observado de mosquitos representa o número real

presente no ambiente. Isso porque no momento da coleta, as fêmeas podem já ter se alimentado e não necessitarem mais de alimentação, a habilidade do pesquisador também pode influenciar, assim como a cautela da espécie em se alimentar, o que pode afetar a coleta dos indivíduos. Além disso, a coleta dos mosquitos pode ter sido afetada pela diversidade de fatores que podem estar envolvidos nos diferentes cenários de coleta, dentre eles, diversidade dos ambientes, tipo de vegetação, presença de vertebrados e disponibilidade de fontes de alimento (DE JESUS *et al.*, 2019; HOPKEN *et al.*, 2021).

Nossos resultados revelaram que nas áreas com maior alteração e circulação humana um visitante pode ser exposto a pelo menos 10 mosquitos transmissores (*Sa. albiprivus*, *Hg. leucocelaenus* e *Hg. janthinomys*) do YFV por hora., FA por hora. Essas informações são de fundamental importância para estimar o REVFA em novas áreas com diferentes paisagens e biomas, a fim de adotar medidas de proteção mais rigorosas, assim como direcionar as ações de imunização contra a FA.

Uma das limitações presente no estudo é que as coletas de mosquitos ocorreram em apenas dois meses: janeiro e fevereiro que são meses de elevados índices de precipitação na região centro-oeste. Conseqüentemente, a influência das variáveis observadas nos meses de janeiro e fevereiro não pode ser extrapolada para todos os meses do ano, pois esses períodos podem exibir padrões climáticos e de pluviosidade distintos. Em outras palavras, os padrões observados durante os meses de janeiro e fevereiro podem não ser representativos do comportamento da espécie ao longo de todo o ano. Por isso a fim de obter uma visão mais abrangente e precisa da ecologia das espécies recomenda-se a ampliação das coletas ao longo do ano.

Além da exposição das pessoas aos mosquitos transmissores, é crucial que esses mosquitos estejam infectados para que ocorram casos de FA. Portanto, uma segunda limitação do estudo foi a falta de análises da infecção natural dos mosquitos coletados, visto que a presença do YFV é essencial para a ocorrência da doença. Diante disso, recomendamos que nos próximos estudos seja realizada, em paralelo, a avaliação da infecção natural dos mosquitos coletados.

7) CONCLUSÕES

Os modelos permitiram estimar o número médio de fêmeas de mosquitos que se aproximam de uma pessoa após uma hora de exposição nos pontos amostrados no PNB. Ao considerar os níveis de exposição para cada espécie descobrimos os sítios do PNB onde há maior risco de exposição aos potenciais vetores da FA. Esses dados permitem indicar aos visitantes exatamente em que locais do PNB há maior risco de contato com esses mosquitos, uma informação relevante para a prevenção da FA entre os trabalhadores e visitantes do parque. Apesar de pontos de coletas reduzidos (30 pontos), o modelo escolhido permitiu estimar a densidade dos mosquitos assim como a probabilidade de coleta com uma boa precisão. Isso indica que mesmo em condições de amostragem limitada, o modelo ainda é capaz de fornecer estimativas confiáveis. Por isso, recomenda-se explorar sua aplicabilidade em outras regiões e contextos. Pesquisas como essa ajudam no aprimoramento das estratégias de monitoramento e controle de vetores de doenças transmitidas por mosquitos.

No presente estudo mostramos como varia e qual é o nível de exposição das pessoas aos mosquitos transmissores da FA que circulam no PNB. Por fim, foi possível concluir que:

- As variáveis que tiveram maior influência na detecção e a densidade das espécies *Hg. janthinomys*, *Hg. leucocelaenus* e *Sa. albiprivus* foram largura da mata, distância da borda e uso humano, respectivamente
- A densidade das espécies de mosquitos foi afetada positivamente pelo uso humano, esforço amostral e experiência do coletor;
- Com exceção de *Ae. albopictus*, a variável largura da mata também influencia positivamente na densidade de algumas espécies. Isso provavelmente se deve à maior disponibilidade de criadouros artificiais e fontes alimentares atraídas pelos resíduos de comida deixados pelos humanos.
- A presença de curso d'água teve um efeito negativo na densidade e detecção de mosquitos, possivelmente devido à predação por inimigos naturais e preferências específicas de espécies.

- A densidade de *Hg. janthinomys* foi maior em pontos com grande quantidade de aves e *Ps. ferox* foi mais capturada em sítios onde havia PNH;
- Nos sítios onde há maior densidade de mosquitos, um visitante poderia ser picado por até 10 mosquitos/hora sendo exposto à pelos menos três espécies de vetores da FA.

Diante do exposto, o trabalho mostrou que o PNB possui vetores e potenciais vetores de FA. Além disso, há um alto risco de exposição a esses vetores, especialmente nas áreas mais frequentadas por visitantes, como as áreas das piscinas. Portanto, é recomendável a vacinação contra febre amarela para garantir a segurança ao frequentar o parque.

8) REFERÊNCIAS

ABREU, Filipe Vieira Santos de *et al.* Ecological and environmental factors affecting transmission of sylvatic yellow fever in the 2017–2019 outbreak in the Atlantic Forest, Brazil. **Parasites & Vectors**, v. 15, n. 1, p. 1-18, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1186/s13071-021-05143-0>

ABREU, Filipe Vieira Santos de *et al.* *Haemagogus leucocelaenus* and *Haemagogus janthinomys* are the primary vectors in the major yellow fever outbreak in Brazil, 2016–2018. **Emerging microbes & infections**, v. 8, n. 1, p. 218-231, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1080/22221751.2019.1568180>

ABREU, Filipe Vieira Santos de *et al.* Influence of breeding site availability on the oviposition behaviour of *Aedes aegypti*. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 110, p. 669-676, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1590/0074-02760140490>

ALENCAR, Jeronimo *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. DOI: <https://doi.org/10.2987/18-6739.1>

ALENCAR, Jeronimo *et al.* Feeding patterns of *Haemagogus janthinomys* (Diptera: Culicidae) in different regions of Brazil. **Journal of medical entomology**, v. 42, n. 6, p. 981-985, 2005. DOI: [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, Jeronimo *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, n. 2, p. 389-392, 2008. DOI: <https://doi.org/10.3376/1081-1710-33.2.389>

ALI, Renee *et al.* Changing patterns in the distribution of the Mayaro virus vector *Haemagogus* species in Trinidad, West Indies. **Acta tropica**, v. 199, p. 105108, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2019.105108>

ALMEIDA, Marco AB *et al.* Surveillance for yellow fever virus in non-human primates in Southern Brazil, 2001–2011: A tool for prioritizing human populations for vaccination. **PLoS neglected tropical diseases**, v. 8, n. 3, p. e2741, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0002741>

AMRAOUI, Fadila *et al.* Experimental adaptation of the yellow fever virus to the mosquito *Aedes albopictus* and potential risk of urban epidemics in Brazil, South America. **Scientific Reports**, v. 8, n. 1, p. 14337, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-018-32198-4>

ANDRADE, Miguel de S. *et al.* Real-time genomic surveillance during the 2021 re-emergence of the yellow fever virus in Rio Grande do Sul State, Brazil. **Viruses**, v. 13, n. 10, p. 1976, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3390/v13101976>

ARNELL, J. Hal. Mosquito studies (Diptera: Culicidae). XXXII. A revision of the genus *Haemagogus*. 1973.

ARREGUÍN-SÁNCHEZ, Francisco. Catchability: a key parameter for fish stock assessment. **Reviews in fish biology and fisheries**, v. 6, p. 221-242, 1996. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF00182344>

BENCHIMOL, Jaime Larry (Ed.). Febre amarela: a doença e a vacina, uma história inacabada. **SciELO-Editora FIOCRUZ**, 2001.

BRASIL. Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde e Ambiente. Boletim Epidemiológico 31 v 52. Estrutura e Atividades das Unidades de Vigilância de Zoonoses no Brasil. **Ministério da Saúde**, 2021. Disponível em https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/boletins/epidemiologicos/edicoes/2021/boletim_epidemiologico_svs_31.pdf/view. Acesso em 30 abr 2024

BRASIL. Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde e Ambiente. Boletim Epidemiológico 48 v 53. Estrutura e Atividades das Unidades de Vigilância de Zoonoses no Brasil. **Ministério da Saúde**, 2022 [Boletim Epidemiológico Vol. 53 - nº 48 — Ministério da Saúde \(www.gov.br\)](https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/boletins/epidemiologicos/edicoes/2022/boletim_epidemiologico_vol_53_n_48) Acesso em 30 abr 2024

BRASIL. Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde e Ambiente. Boletim Epidemiológico 01 v 54. Estrutura e Atividades das Unidades de Vigilância de Zoonoses no Brasil. **Ministério da Saúde**, 2023. Disponível em <https://www.gov.br/saude/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/boletins/epidemiologicos/edicoes/2023/boletim-epidemiologico-volume-54-no-01/view>. Acesso em 30 abr 2024

BRASIL. Ministério da Saúde. Guia de Vigilância de Epizootias em Primatas Não Humanos e Entomologia aplicada à Vigilância da febre Amarela. 2. ed. atualizada. Brasília, DF: MS, 2017. Disponível em: https://bvsms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/guia_vigilancia_epizootias_primatas_entomologia.pdf . Acesso em: 15 fev 2023

BRASIL. Ministério da Saúde. Guia de Vigilância em saúde. 1ª ed. atual. Brasília: Ministério da Saúde; 2016.

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Imunização e Doenças Transmissíveis. Guia para o Planejamento das Ações de Coleta de Anofelinos pela Técnica de Atração por Humano Protegido (TAHP)

e Acompanhamento dos Riscos à Saúde do Profissional Coletador. **Ministério da Saúde**, 2019. Disponível em https://bvsms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/guia_planejamento_acoes_coleta_anofelinos_tecnica_atracao_humano_protegido.pdf . Acesso em 15/01/2023

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Imunização e Doenças Transmissíveis. Manual de manejo clínico da febre amarela. **Ministério da Saúde**, 2020. Disponível em [Manual de manejo clínico da febre amarela](#) . Acesso em 29 fev 2023

BRASIL. Ministério da Saúde. Manual de vigilância epidemiológica de febre amarela. **Fundação Nacional de Saúde**, 2004. Disponível em [manual de vigilância epidemiológica de febre amarela](#) . Acesso em 29 mar 2024

https://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/svs/2006/prt0005_21_02_2006_com_p.html

BRASIL, Ministério Da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde, Portaria nº 5, de 21 de Fevereiro de 2006. Disponível em: https://bvsms.saude.gov.br/bvs/saudelegis/svs/2006/prt0005_21_02_2006_com_p.html

CAMARGO-NEVES, Vera LF *et al.* Entomological investigation of a sylvatic yellow fever area in São Paulo State, Brazil. **Cadernos de Saúde Pública**, v. 21, p. 1278-1286, 2005. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0102-311X2005000400031>

CARDÉ, Ring T. Wind Tunnels and Airflow-Driven Assays: Methods for Establishing the Cues and Orientation Mechanisms That Modulate Female Mosquito Attraction to Human Hosts. **Cold Spring Harbor Protocols**, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1101/pdb.over107675>

CARDOSO, Jáder da C et al. Ecological aspects of mosquitoes (Diptera: Culicidae) in an Atlantic forest area on the north coast of Rio Grande do Sul State, Brazil. **Journal of Vector Ecology**, v. 36, n. 1, p. 175-186, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1948-7134.2011.00155.x>

CARDOSO, Juscélio Donizete *et al.* Yellow fever virus in *Haemagogus leucocelaenus* and *Aedes serratus* mosquitoes, southern Brazil, 2008. **Emerging infectious diseases**, v. 16, n. 12, p. 1918, 2010. <https://doi.org/10.3201/eid1612.100608>

CAUSEY, Ottis R *et al.* Dispersion of Forest Mosquitoes in Brazil: further studies. 1950.

CAVALCANTE, Karina Ribeiro Leite Jardim *et al.* Risco de reintrodução da febre amarela urbana no Brasil. **Epidemiologia e Serviços de Saúde**, v. 26, p. 617-620, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.5123/s1679-49742017000300018>

CHAME, Marcia *et al.* Primates in SISS-Geo: potential contributions of mobile technology, health surveillance and citizen science to support species conservation in Brazil. **Neotropical Primates**, v. 26, n. 2, p. 80-89, 2020. DOI: <https://doi.org/10.62015/np.2020.v26.42>

CHANDRA, G. *et al.* Mosquito control by larvivorous fish. **Indian Journal of Medical Research**, v. 127, n. 1, p. 13-27, 2008.

CHEN, L. H.; WILSON, M. E. Yellow fever control: current epidemiology and vaccination strategies. **Trop Dis Travel Med Vaccines**. 2020; 6: 1. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40794-020-0101-0>

CHIPPAUX, A., V. Deubel, J. P. Moreau, and J. M. Reynes. (1993). Current situation of yellow fever in Latin America. Bull. **Soc. Pathol.** 86:460-464

CONSOLI, Rotraut A. G. B.; OLIVEIRA, Ricardo Lourenço de. Principais mosquitos de importância sanitária no Brasil. **Editores Fiocruz**, 1994.

COUTO-LIMA, Dinair *et al.* Potential risk of re-emergence of urban transmission of Yellow Fever virus in Brazil facilitated by competent *Aedes* populations. **Scientific reports**, v. 7, n. 1, p. 1-12, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-017-05186-3>

CUNHA, Mariana Sequetin et al. Genomic evidence of yellow fever virus in *Aedes scapularis*, southeastern Brazil, 2016. **Acta tropica**, v. 205, p. 105390, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2020.105390>

DA SILVA, Fábio Silva et al. Mitochondrial genome sequencing and phylogeny of *Haemagogus albomaculatus*, *Haemagogus leucocelaenus*, *Haemagogus spegazzinii*, and *Haemagogus tropicalis* (Diptera: Culicidae). **Scientific Reports**, v. 10, n. 1, p. 16948, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-020-73790-x>

DAMASCENO-CALDEIRA, Rossela 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, p. 1019, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/v15041019>

DE JESÚS CRESPO et al. Linking wetland ecosystem services to vector-borne disease: Dengue fever in the San Juan Bay estuary, Puerto Rico. **Wetlands**, v. 39, n. 6, p. 1281-1293, 2019. DOI : <https://doi.org/10.1007/s13157-017-0990-5>

DEGALLIER, N et al. A comparative study of yellow fever in Africa and South America. **Ciênc. cult.(São Paulo)**, p. 143-51, 1992

DÉGALLIER, Nicolas et al. Release–recapture experiments with canopy mosquitoes in the genera *Haemagogus* and *Sabihius* (Diptera: Culicidae) in Brazilian Amazonia. *Journal of medical entomology*, v. 35, n. 6, p. 931-936, 1998. DOI: <https://doi.org/10.1093/jmedent/35.6.931>

FÉ, Nelson Ferreira et al. Fauna de Culicidae em municípios da zona rural do Estado do Amazonas, com incidência de febre amarela. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 36, p. 343-348, 2003. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0037-86822003000300005>

FIGUEIREDO, Patrícia de Oliveira et al. “Detection and Molecular Characterization of Yellow Fever Virus, 2017, Brazil.” **EcoHealth** 15 (2018): 864-870. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10393-018-1364-z>

FORATTINI, Oswaldo Paulo. Culicidologia Médica, vol.2: Identificação, Biologia, Epidemiologia. São Paulo: **Editora da Universidade de São Paulo**, 2002

FRANCO, J. F. (1969). Epidemiologia das doenças transmissíveis. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan.

FRANCO, Odair. A história da febre amarela no Brasil. Rio de Janeiro: Ministério da Saúde; 1969.

GABIANE, Gaelle *et al.* *Aedes* mosquitoes in the emerging threat of urban yellow fever transmission. **Reviews in Medical Virology**, v. 32, n. 4, p. e2333, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1002/rmv.2333>

GALINDO, Pedro; CARPENTER, Stanley J.; TRAPIDO, Harold. A contribution to the ecology and biology of tree hole breeding mosquitoes of Panama. **Annals of the Entomological Society of America**, v. 48, n. 3, p. 158-164, 1955. DOI: <https://doi.org/10.1093/aesa/48.3.158>

GALINDO, Pedro *et al.* Bionomics of *Sabethes chloropterus* Humboldt, a vector of sylvan yellow fever in middle America. **American Journal of Tropical Medicine and Hygiene**, v. 1, n. 4, 1958. DOI: <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1958.7.429>

GARCIA-OLIVEIRA, Gabriela *et al.* YELLOW ALERT: Persistent Yellow Fever Virus Circulation among Non-Human Primates in Urban Areas of Minas Gerais State, Brazil (2021–2023). *Viruses*, v. 16, n. 1, p. 31, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/v16010031>

GIOVANETTI, Marta *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, p. 9204, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1126/sciadv.adg9204>

GIOVANETTI, Marta *et al.* Yellow fever virus reemergence and spread in Southeast Brazil, 2016–2019. **Journal of Virology**, v. 94, n. 1, p. 1-12, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1128/jvi.01623-19>

GOENAGA, Silvina *et al.* Isolation of yellow fever virus from mosquitoes in Misiones province, Argentina. **Vector-borne and Zoonotic Diseases**, v. 12, n. 11, p. 986-993, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1089/vbz.2011.0730>

GOLDSTEIN, Benjamin *et al.* Comparing *N-mixture* models and GLMMs for relative abundance estimation in a citizen science dataset. **Scientific Reports**, v. 12, n. 1, p. 12276, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-022-16368-z>

GOMES, Almério de Castro *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, p. 101-113, 2010. DOI: <http://dx.doi.org/10.5123/S1679-49742010000200003>

GOTUZZO, Eduardo *et al.* Efficacy and duration of immunity after yellow fever vaccination: systematic review on the need for a booster every 10 years. **The American journal of tropical medicine and hygiene**, v. 89, n. 3, p. 434, 2013. DOI: <https://doi.org/10.4269/ajtmh.13-0264>

Governo do Distrito Federal (GDF). 2024. Água Mineral. Disponível em [Água Mineral – GOVERNO DO DISTRITO FEDERAL \(www.df.gov.br\)](https://www.df.gov.br). Acesso em 21 abr 2024.

GRAY, Clare *et al.* Ecological plasticity governs ecosystem services in multilayer networks. **Communications Biology**, v. 4, n. 1, p. 75, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1038/s42003-020-01547-3>

HAINES, Linda *et al.* Multinomial *N-mixture* models for removal sampling. **Biometrics**, v. 76, n. 2, p. 540-548, 2020. <https://doi.org/10.1111/biom.13147>

HAN, Wai Wai *et al.* Efficacy and community effectiveness of larvivorous fish for dengue vector control. **Tropical Medicine & International Health**, v. 20, n. 9, p. 1239-1256, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1111/tmi.12538>

HANLEY, Kathryn *et al.* Fever versus fever: the role of host and vector susceptibility and interspecific competition in shaping the current and future distributions of the sylvatic cycles of dengue virus and yellow fever virus.

Infection, **Genetics and Evolution**, v. 19, p. 292-311, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2013.03.008>

HARBACH, Ralph *et al.* Two new species of the subgenus *Sabethinus* of *Sabethes* (Diptera: Culicidae) from Costa Rica, first confirmation of members of the subgenus in Central America. **Zootaxa**, v. 4429, n. 2, p. 269–280-269–280, 2018. <https://doi.org/10.11646/ZOOTAXA.4429.2.3>

HOPKEN, Matthew *et al.* Temporal and spatial blood feeding patterns of urban mosquitoes in the San Juan Metropolitan Area, Puerto Rico. **Insects**, v. 12, n. 2, p. 129, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3390/insects12020129>

ICMBio. Parque Nacional de Brasília. DF. 03 de abr. de 2020. Disponível em: <<https://www.icmbio.gov.br/portal/visitacao1/unidades-abertas-a-visitacao/213-parque-nacional-de-brasilia.html> > acesso em : 03/04/2020.

Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio). 2024. Informações Sobre Visitaç o – Parna de Bras lia. Disponível em: [Informa  es Sobre Visita  o – Parna de Bras lia — Instituto Chico Mendes de Conserva  o da Biodiversidade \(www.gov.br\)](https://www.gov.br/parna/pt-br/informacoes-sobre-visitacao) . Acesso em 21/04/2024

JOSEPH, Liana *et al.* Modeling abundance using N-mixture models: the importance of considering ecological mechanisms. **Ecological Applications**, v. 19, n. 3, p. 631-642, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1890/07-2107.1>

LAPORTA, Gabriel Zorello *et al.* Spatial distribution of arboviral mosquito vectors (Diptera, Culicidae) in Vale do Ribeira in the South-eastern Brazilian Atlantic Forest. *Cadernos de Sa de P blica*, v. 28, p. 229-238, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0102-311X2012000200003>

LWANDE, Olivia Wesula *et al.* Globe-trotting *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*: risk factors for arbovirus pandemics. **Vector-Borne and Zoonotic Diseases**, v. 20, n. 2, p. 71-81, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1089/vbz.2019.2486>

LINES, J. The effects of climatic and land-use changes on insect vectors of human disease. **Insects in a changing environment**, n. 17, p. 157, 1995.

LIRA-VIEIRA, Ana Raquel *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, p. 566-574, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1590/0037-8682-0136-2013>

LITVOC, Marcelo Nóbrega *et al.* Yellow fever. **Rev. Assoc. Med. Bras.**, v. 64, p. 106–113, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1590/1806-9282.64.02.106>

LOPES, Vanessa da Silva *et al.* Hesitação da vacina da febre amarela e sua relação com influências contextuais, individuais ou de grupo e questões específicas da vacina: uma revisão de escopo. **Ciência & Saúde Coletiva**, v. 28, p. 1717-1727, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1590/1413-81232023286.13522022>

MARCONDES CB. Entomologia Médica e Veterinária. 2.ed. São Paulo: Atheneu, 2011:526

MARTINS, Victor Emanuel Pessoa *et al.* Occurrence of natural vertical transmission of dengue-2 and dengue-3 viruses in *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* in Fortaleza, Ceará, Brazil. **PLoS one**, v. 7, n. 7, p. e41386, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0041386>

MONATH Thomas *et al.* (2015). Yellow Fever. **J Clin Virol**, 64:160-73.

MONATH Thomas *et al.* Yellow fever vaccine. In: Plotkin SA, Orenstein WA, Offit PA, editors. Vaccines, 5th ed. **Philadelphia: Elsevier**; 2008. p. 959- 1055. DOI: <https://doi.org/10.1586/14760584.4.4.553>

MONDET, B. *et al.* Isolation of yellow fever virus from nulliparous *Haemagogus (Haemagogus) janthinomys* in eastern Amazonia. **Vector Borne and Zoonotic Diseases**, v. 2, n. 1, p. 47-50, 2002. DOI: <https://doi.org/10.1089/153036602760260779>

MUCCI, Luis Filipe *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, p. 1-10, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40409-015-0005-z>

NIELSEN, Hedvig Tetens. Swarming and some other habits of *Mansonia perturbans* and *Psorophora ferox* (Diptera: Culicidae). **Behaviour**, p. 67-89, 1964. DOI: <https://doi.org/10.1163/156853964x00229>

OBARA, Marcos Takashi *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. DOI: <http://dx.doi.org/10.5123/S1679-49742012000300011>

OLIVEIRA, Cirilo *et al.* Yellow Fever Virus Maintained by Sabethes Mosquitoes during the Dry Season in Cerrado, a Semi-arid Region of Brazil, in 2021. **Viruses**, v. 15, n. 3, p. 757, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/v15030757>

PALERMO, Pedro *et al.* Identification of blood meals from potential Arbovirus mosquito vectors in the peruvian amazon basin. **The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene**, v. 95, n. 5, p. 1026, 2016. DOI: <https://doi.org/10.4269/ajtmh.16-0167>

PINHEIRO, Guilherme Garcia *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. 5, p. 136, 2019. DOI: <https://doi.org/10.3390/insects10050136>

PINTO, Claudeth *et al.* Ecology of *Haemagogus sp.* and *Sabethes sp.* (Diptera: Culicidae) in relation to the microclimates of the Caxiuanã National Forest, Pará, Brazil. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, v. 104, p. 592-598, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0074-02762009000400010>

POSSAS, Cristina *et al.* Yellow fever outbreak in Brazil : the puzzle of rapid viral spread and challenges for immunisation. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**. 2018;113:1–12. DOI: <https://doi.org/10.1590/0074-02760180278>

ROMANO, Alessandro Pecego Martins *et al.* Yellow fever outbreaks in unvaccinated populations, Brazil, 2008–2009. *PLoS neglected tropical diseases*, v. 8, n. 3, p. e2740, 2014.

R Core Team (2023). *_R: A Language and Environment for Statistical Computing_*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em <<https://www.R-project.org/>>.

RIBEIRO, José Felipe Ribeiro; WALTER, Bruno Machado Teles. As principais fitofisionomias do bioma Cerrado, p. 151-212 in Sano SM, Almeida SP, Ribeiro JF (Eds.) Cerrado. **Ecologia e flora. Brasília: Embrapa; 2008**

RICAS-REZENDE, Helder *et al.* First report of *Aedes albopictus* infected by Dengue and Zika virus in a rural outbreak in Brazil. **PLoS One**, v. 15, n. 3, p. e0229847, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0229847>

ROYLE, J. Andrew. *N-mixture* models for estimating population size from spatially replicated counts. **Biometrics**, v. 60, n. 1, p. 108-115, 2004. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.0006-341X.2004.00142.x>

SACCHETTO, Livia *et al.* Neighbor danger: Yellow fever virus epizootics in urban and urban-rural transition areas of Minas Gerais state, during 2017-2018 yellow fever outbreaks in Brazil. *PLoS neglected tropical diseases*, v. 14, n. 10, p. e0008658, 2020. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0008658>

SAITO, Carlos Hiroo *et al.* Conflitos entre macacos-prego e visitantes no Parque Nacional de Brasília: possíveis soluções. **Soc. nat. (Online)**, Uberlândia , v. 22, n. 3, p. 515-524, Dec. 2010 . <https://doi.org/10.1590/S1982-45132010000300008>

SAN ALBERTO, Diego Alonso *et al.* Experiments and Analysis of Mosquito Flight Behaviors in a Wind Tunnel: An Introduction. **Cold Spring Harbor Protocols**, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1101/pdb.top107674>

SHAALAN, Essam Abdel-Salam *et al.* Aquatic insect predators and mosquito control. 2009.

SILVA, Bruno Sérgio Alves *et al.* Entomovirological investigation of mosquitoes (Diptera: culicidae) in areas with yellow fever epizootics in Goiânia, Goiás, Brazil. **Revista de Patologia Tropical/Journal of Tropical Pathology**, v. 53, n. 1, p. 7-20, 2024. DOI: <https://doi.org/10.5216/rpt.v53i1.78819>

SILVA, Natalia Ingrid Oliveira *et al.* Recent sylvatic yellow fever virus transmission in Brazil: the news from an old disease. **Virology journal**, v. 17, p. 1-12, 2020. DOI : <https://doi.org/10.1186/s12985-019-1277-7>

SILVA, Shayenne Olsson Freitas *et al.* Occurrence of the Sylvatic Yellow Fever Vector Mosquito *Haemagogus leucocelaenus* (Diptera: Culicidae) in an Atlantic Forest Fragment of the Touristic State of Rio de Janeiro, Brazil. **Journal of Medical Entomology**, v. 59, n. 6, p. 1891-1897, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1093/jme/tjac153>

SINGH, R. K *et al.* Laboratory studies on the predatory potential of dragon-fly nymphs on mosquito larvae. **The Journal of communicable diseases**, v. 35, n. 2, p. 96-101, 2003.

STAPLES, J. Erin *et al.* Yellow fever: 100 years of discovery. *Jama*, v. 300, n. 8, p. 960-962, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1001/jama.300.8.960>

STANZANI, Luciana Matos de Abreu *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, p. 2805, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/v14122805>

THONGSRIPONG, Panpim *et al.* An investigation of human–mosquito contact using surveys and its application in assessing dengue viral transmission risk. **Journal of Medical Entomology**, v. 57, n. 6, p. 1942-1954, 2020. DOI : <https://doi.org/10.1093/jme/tjaa134>

TUBAKI, Rosa M. *et al.* Observations on *Haemagogus janthinomys* Dyar (Diptera: Culicidae) and other mosquito populations within tree holes in a gallery forest in the northwestern region of Sao Paulo state, Brazil. **Neotropical**

entomology, v. 39, p. 664-670, 2010. <https://doi.org/10.1590/S1519-566X2010000400030>

TUELLS, Jose *et al.* The Perennial Threat of Yellow Fever. **Archives of Medical Research**, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.arcmed.2022.10.005>

VAN DUONG, Cuong *et al.* Predator selection and predator-prey interactions for the biological control of mosquito dengue vectors in northern Vietnam. **Journal of Vector Ecology**, v. 46, n. 2, p. 163-172, 2021. DOI: <https://doi.org/10.52707/1081-1710-46.2.163>

VASCONCELOS, Pedro Fernando da Costa *et al.* Febre amarela: reflexões sobre a doença, as perspectivas para o século XXI e o risco da reurbanização. **Rev Bras Epidemiol [Internet]**. 2002;5(3):244–58. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1415-790X2002000300004>

VASCONCELOS, Pedro Fernando da Costa *et al.* Yellow fever in Brazil: thoughts and hypotheses on the emergence in previously free areas. **Revista de saúde pública**, v. 44, p. 1144-1149, 2010. <https://doi.org/10.1590/S0034-89102010005000046>

VASCONCELOS, Pedro Fernando da Costa *et al.* An epidemic of sylvatic yellow fever in the southeast region of Maranhão State, Brazil, 1993–1994: epidemiologic and entomologic findings. **The American journal of tropical medicine and hygiene**, v. 57, n. 2, p. 132-137, 1997. DOI: <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1997.57.132>

VASCONCELOS, Pedro Fernando da Costa *et al.* Yellow fever. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 36, n. 2, p. 275-293, 2003^a <https://doi.org/10.1590/S0037-86822003000200012>

VASCONCELOS, Pedro Fernando da Costa. Yellow fever in Brazil: thoughts and hypotheses on the emergence in previously free areas. **Revista de saúde pública**, v. 44, p. 1144-1149, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0034-89102010005000046>

VASCONCELOS, Pedro Fernando da Costa *et al.* Yellow fever. **Infectious Tropical Diseases and One Health in Latin America**, p. 1-17, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0037-86822003000200012>

VIEIRA, Genilton *et al.* High speed video documentation of the mosquito *Sabethes albiprivus* egg-catapulting oviposition behavior (Diptera: Culicidae). **Neotropical Entomology**, v. 49, p. 662-667, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13744-020-00782-x>

WHITMORE, Timothy Charles *et al.* An introduction to tropical rain forests. Clarendon Press, 1990.

WORLD HEALTH ORGANIZATION *et al.* A global strategy to eliminate yellow fever epidemics (EYE) 2017–2026. 2018.

9) ANEXOS

9.2 Anexo 1 - Autorização SISBIO para coleta de culicídeos



Ministério do Meio Ambiente - MMA
Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade - ICMBio
Sistema de Autorização e Informação em Biodiversidade - SISBIO

Autorização para atividades com finalidade científica

Número: 70533-1	Data da Emissão: 20/09/2019 09:38:19	Data da Revalidação*: 20/09/2020
De acordo com o art. 28 da IN 03/2014, esta autorização tem prazo de validade equivalente ao previsto no cronograma de atividades do projeto, mas deverá ser revalidada anualmente mediante a apresentação do relatório de atividades a ser enviado por meio do Sisbio no prazo de até 30 dias a contar da data do aniversário de sua emissão.		

Dados do titular

Nome: Marcos Takashi Obara	CPF: 260.281.688-40
Título do Projeto: HÁBITO ALIMENTAR E INFECÇÃO NATURAL DE MOSQUITOS (DIPTERA: CULICIDAE) TRANSMISSORES DO VÍRUS DA FEBRE AMARELA SILVESTRE NO DISTRITO FEDERAL, BRASIL	
Nome da Instituição: Fundação Universidade de Brasília	CNPJ: 00.038.174/0001-43

Cronograma de atividades

#	Descrição da atividade	Início (mês/ano)	Fim (mês/ano)
1	Captura de Culicidae	10/2019	03/2020
2	Identificação das amostras	10/2019	03/2020
3	Identificação das fontes alimentares	12/2019	02/2020
4	Estimativa de infecção natural	01/2020	02/2020
5	Envio do relatório final	03/2020	03/2020

Equipe

#	Nome	Função	CPF	Nacionalidade
1	Vinícius Lima de Miranda	Pesquisador	037.150.363-87	Brasileira
2	João Paulo Araújo da Conceição	Pesquisador	047.376.751-13	Brasileira
3	Marcelhia de Oliveira	Pesquisador	036.936.921-14	Brasileira
4	Taís Oliveira de Araújo	Pesquisador	059.361.841-01	Brasileira
5	Rodrigo Gurgel Gonçalves	Pesquisador	864.037.531-34	Brasileira
6	crisiano torres silva	Estagiário Voluntário	619.357.511-15	Brasileira
7	Fernando Abad Franch	Pesquisador	530.162.382-68	Estrangeira

Este documento foi expedido com base na Instrução Normativa nº 03/2014. Através do código de autenticação abaixo, qualquer cidadão poderá verificar a autenticidade ou regularidade deste documento, por meio da página do Sisbio/ICMBio na Internet (www.icmbio.gov.br/sisbio).

Código de autenticação: 0705330120190920

Página 1/4



Ministério do Meio Ambiente - MMA
Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade - ICMBio
Sistema de Autorização e Informação em Biodiversidade - SISBIO

Autorização para atividades com finalidade científica

Número: 70533-1	Data da Emissão: 20/09/2019 09:38:19	Data da Revalidação*: 20/09/2020
De acordo com o art. 28 da IN 03/2014, esta autorização tem prazo de validade equivalente ao previsto no cronograma de atividades do projeto, mas deverá ser revalidada anualmente mediante a apresentação do relatório de atividades a ser enviado por meio do Sisbio no prazo de até 30 dias a contar da data do aniversário de sua emissão.		

Dados do titular

Nome: Marcos Takashi Obara	CPF: 260.281.688-40
Título do Projeto: HÁBITO ALIMENTAR E INFECÇÃO NATURAL DE MOSQUITOS (DIPTERA: CULICIDAE) TRANSMISSORES DO VÍRUS DA FEBRE AMARELA SILVESTRE NO DISTRITO FEDERAL, BRASIL	
Nome da Instituição: Fundação Universidade de Brasília	CNPJ: 00.038.174/0001-43

Observações e ressalvas

1	A autorização não eximirá o pesquisador da necessidade de obter outras anuências, como: I) do proprietário, arrendatário, posseiro ou morador quando as atividades forem realizadas em área de domínio privado ou dentro dos limites de unidade de conservação federal cujo processo de regularização fundiária encontra-se em curso; II) da comunidade indígena envolvida, ouvido o órgão indigenista oficial, quando as atividades de pesquisa forem executadas em terra indígena; III) do Conselho de Defesa Nacional, quando as atividades de pesquisa forem executadas em área indispensável à segurança nacional; IV) da autoridade marítima, quando as atividades de pesquisa forem executadas em águas jurisdicionais brasileiras; V) do Departamento Nacional da Produção Mineral, quando a pesquisa visar a exploração de depósitos fossilíferos ou a extração de espécimes fósseis; VI) do órgão gestor da unidade de conservação estadual, distrital ou municipal, dentre outras.
2	Em caso de pesquisa em UNIDADE DE CONSERVAÇÃO, o pesquisador titular desta autorização deverá contactar a administração da unidade a fim de CONFIRMAR AS DATAS das expedições, as condições para realização das coletas e de uso da infraestrutura da unidade.
3	O titular de autorização ou de licença permanente, assim como os membros de sua equipe, quando da violação da legislação vigente, ou quando da inadequação, omissão ou falsa descrição de informações relevantes que subsidiaram a expedição do ato, poderá, mediante decisão motivada, ter a autorização ou licença suspensa ou revogada pelo ICMBio, nos termos da legislação brasileira em vigor.
4	Este documento somente poderá ser utilizado para os fins previstos na Instrução Normativa ICMBio nº 03/2014 ou na Instrução Normativa ICMBio nº 10/2010, no que especifica esta Autorização, não podendo ser utilizado para fins comerciais, industriais ou esportivos. O material biológico coletado deverá ser utilizado para atividades científicas ou didáticas no âmbito do ensino superior.
5	As atividades de campo exercidas por pessoa natural ou jurídica estrangeira, em todo o território nacional, que impliquem o deslocamento de recursos humanos e materiais, tendo por objeto coletar dados, materiais, espécimes biológicos e minerais, peças integrantes da cultura nativa e cultura popular, presente e passada, obtidos por meio de recursos e técnicas que se destinem ao estudo, à difusão ou à pesquisa, estão sujeitas à autorização do Ministério de Ciência e Tecnologia.
6	O titular de licença ou autorização e os membros da sua equipe deverão optar por métodos de coleta e instrumentos de captura direcionados, sempre que possível, ao grupo taxonômico de interesse, evitando a morte ou dano significativo a outros grupos; e empregar esforço de coleta ou captura que não comprometa a viabilidade de populações do grupo taxonômico de interesse em condição <i>in situ</i> .
7	Esta autorização NÃO exime o pesquisador titular e os membros de sua equipe da necessidade de obter as anuências previstas em outros instrumentos legais, bem como do consentimento do responsável pela área, pública ou privada, onde será realizada a atividade, inclusive do órgão gestor de terra indígena (FUNAI), da unidade de conservação estadual, distrital ou municipal, ou do proprietário, arrendatário, posseiro ou morador de área dentro dos limites de unidade de conservação federal cujo processo de regularização fundiária encontra-se em curso.
8	Este documento não dispensa o cumprimento da legislação que dispõe sobre acesso a componente do patrimônio genético existente no território nacional, na plataforma continental e na zona econômica exclusiva, ou ao conhecimento tradicional associado ao patrimônio genético, para fins de pesquisa científica, bioprospeção e desenvolvimento tecnológico. Veja maiores informações em www.mma.gov.br/gen .

Outras ressalvas

1	O pesquisador estrangeiro, Fernando Abad Franch, possui vínculo empregatício com instituição científica brasileira, portanto fica dispensado de autorização do Ministério da Ciência e Tecnologia.	COINP
---	--	-------

Este documento foi expedido com base na Instrução Normativa nº 03/2014. Através do código de autenticação abaixo, qualquer cidadão poderá verificar a autenticidade ou regularidade deste documento, por meio da página do Sisbio/ICMBio na Internet (www.icmbio.gov.br/sisbio).

Código de autenticação: 0705330120190920

Página 2/4



Ministério do Meio Ambiente - MMA
Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade - ICMBio
Sistema de Autorização e Informação em Biodiversidade - SISBIO

Autorização para atividades com finalidade científica

Número: 70533-1	Data da Emissão: 20/09/2019 09:38:19	Data da Revalidação*: 20/09/2020
De acordo com o art. 28 da IN 03/2014, esta autorização tem prazo de validade equivalente ao previsto no cronograma de atividades do projeto, mas deverá ser revalidada anualmente mediante a apresentação do relatório de atividades a ser enviado por meio do Sisbio no prazo de até 30 dias a contar da data do aniversário de sua emissão.		

Dados do titular

Nome: Marcos Takashi Obara	CPF: 260.281.688-40
Título do Projeto: HÁBITO ALIMENTAR E INFECÇÃO NATURAL DE MOSQUITOS (DIPTERA: CULICIDAE) TRANSMISSORES DO VÍRUS DA FEBRE AMARELA SILVESTRE NO DISTRITO FEDERAL, BRASIL	
Nome da Instituição: Fundação Universidade de Brasília	CNPJ: 00.038.174/0001-43

Outras ressalvas

2	PARQUE NACIONAL DE BRASÍLIA Solicitamos que seja informado previamente a Coordenação da Gestão da Pesquisa sobre as datas do início das campanhas em campo pelo e-mail cbete.barreto@icmbio.gov.br ou pelos fones 32334553/ 3233-6897, para agendamento de visita para troca de informações acerca dos locais de instalação das armadilhas e avaliação de possíveis interferências entre atividades.	PARNA DE BRASÍLIA
---	--	-------------------

Locais onde as atividades de campo serão executadas

#	Descrição do local	Município-UF	Bioma	Caverna?	Tipo
1	PARQUE NACIONAL DE BRASÍLIA	DF	Cerrado	Não	Dentro de UC Federal

Atividades X Táxons

#	Atividade	Táxon	Qtde.
1	Coleta/transporte de amostras biológicas in situ	Culicidae	-
2	Coleta/transporte de espécimes da fauna silvestre in situ	Culicidae	1000

Materiais e Métodos

#	Tipo de Método (Grupo taxonômico)	Materiais
1	Amostras biológicas (Insetos)	Secreção
2	Método de captura/coleta (Insetos)	Armadilha luminosa, Captura manual, Coleta manual, Puçá

Destino do material biológico coletado

#	Nome local destino	Tipo destino
1	Fundação Universidade de Brasília	Laboratório

Este documento foi expedido com base na Instrução Normativa nº 03/2014. Através do código de autenticação abaixo, qualquer cidadão poderá verificar a autenticidade ou regularidade deste documento, por meio da página do Sisbio/ICMBio na Internet (www.icmbio.gov.br/sisbio).

Código de autenticação: 0705330120190920

Página 3/4



Ministério do Meio Ambiente - MMA
Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade - ICMBio
Sistema de Autorização e Informação em Biodiversidade - SISBIO

Autorização para atividades com finalidade científica

Número: 70533-1	Data da Emissão: 20/09/2019 09:38:19	Data da Revalidação*: 20/09/2020
De acordo com o art. 28 da IN 03/2014, esta autorização tem prazo de validade equivalente ao previsto no cronograma de atividades do projeto, mas deverá ser revalidada anualmente mediante a apresentação do relatório de atividades a ser enviado por meio do Sisbio no prazo de até 30 dias a contar da data do aniversário de sua emissão.		

Dados do titular

Nome: Marcos Takashi Obera	CPF: 280.281.688-40
Título do Projeto: HÁBITO ALIMENTAR E INFECÇÃO NATURAL DE MOSQUITOS (DIPTERA: CULICIDAE) TRANSMISSORES DO VÍRUS DA FEBRE AMARELA SILVESTRE NO DISTRITO FEDERAL, BRASIL	
Nome da Instituição: Fundação Universidade de Brasília	CNPJ: 00.038.174/0001-43

Registro de coleta imprevista de material biológico

De acordo com a Instrução Normativa nº03/2014, a coleta imprevista de material biológico ou de substrato não contemplado na autorização ou na licença permanente deverá ser anotada na mesma, em campo específico, por ocasião da coleta, devendo esta coleta imprevista ser comunicada por meio do relatório de atividades. O transporte do material biológico ou do substrato deverá ser acompanhado da autorização ou da licença permanente com a devida anotação. O material biológico coletado de forma imprevista, deverá ser destinado à instituição científica e, depositado, preferencialmente, em coleção biológica científica registrada no Cadastro Nacional de Coleções Biológicas (CCBIO).

Táxon*	Qtde.	Tipo de Amostra	Qtde.	Data

* Identificar o espécime do nível taxonômico possível.

Este documento foi expedido com base na Instrução Normativa nº 03/2014. Através do código de autenticação abaixo, qualquer cidadão poderá verificar a autenticidade ou regularidade deste documento, por meio da página do Sisbio/ICMBio na Internet (www.icmbio.gov.br/sisbio).

Código de autenticação: 0705330120190920

Página 4/4

10) APÊNDICES

Apêndice 1. - Ficha de vigilância entomológica de mosquitos

FICHA N°

VIGILÂNCIA ENTOMOLÓGICA DE MOSQUITOS

FICHA DE COLETA

Localização	1 Ponto de captura		2 Ponto de referência (trilha, estrada, prédio, margem de rio, etc)	
	3 Curso d'água 0 - não 1 - sim <input type="checkbox"/>	4 Distância da borda (m)	5 Ambiente - Uso frequente _____ - Uso médio..... _____ - Uso baixo..... _____	
Captura	6 Coordenadas S <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> Latitude W <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> Longitude		Chuva 0 - Não <input type="checkbox"/> 1 - Sim	
	7 Data da coleta <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/> <input type="text"/>	8 Aves (contagem) - Manhã (n°) _____ - Tarde (n°) _____	8' Aves audição (0/1) - Manhã _____ - Tarde _____	9 Primatas - Manhã <input type="checkbox"/> - Tarde <input type="checkbox"/> 0 - não 1 - sim
Dados Adicionais	10 Manhã - Horário inicial _____ - Horário final _____		11 Tarde - Horário inicial _____ - Horário final _____	
	12 Coletor <input type="text"/>		13 Temperatura - Inicial _____ - Final _____ - Máxima _____ - Mínima _____	
14 Umidade - Inicial _____ - Final _____ - Máxima _____ - Mínima _____				
19 <input type="text"/>				
20 Interrupções durante a captura (para cada uma, HORA inicial / HORA final: Hi/Hf)				
Hi _____ /Hf _____ // Hi _____ /Hf _____ // Hi _____ /Hf _____ // Hi _____ /Hf _____ // Hi _____ /Hf _____				

- As capturas devem ser realizadas em florestas com menor grau de modificação antrópica, ou seja, áreas preservadas. Contudo, tratando-se de *Hg. leucocelaenus*, a mata secundária e o peridomicílio devem ser investigados. Deve-se adentrar ao menos 100 metros da mata.
- A equipe de investigação deverá ser composta por, no mínimo, dois profissionais capacitados, devidamente imunizados contra FA e com equipamentos de biossegurança. A distância entre os capturadores em cada ponto será de 15 a 20 m.
- As capturas de mosquitos deverão ocorrer durante, pelo menos, três dias consecutivos, com início às 9 horas e estendendo-se até as 15:00 horas, a fim de produzir amostra minimamente representativa da fauna potencialmente vetora do local de estudo, nesse caso o PNB.
- A captura deverá almejar mosquitos adultos, os quais deverão ser coletados utilizando puçá entomológico e aparelho de sucção oral (com ou sem reservatório).
- No caso de aparelho de sucção oral sem reservatório, os mosquitos capturados devem ser colocados no interior de copos entomológicos que deverão estar armazenados em isopores pequenos contendo gelo, a fim de facilitar o transporte e preservar a integridade das estruturas morfológicas.
- Para aparelho de sucção oral com reservatório deve-se transferir as amostras com auxílio de capturador de Castro para os copos entomológicos a cada duas horas. Em seguida armazenar em isopor com gelo.
- Os pontos de captura devem apresentar uma distância de 100 a 200 metros um do outro.
- As amostras deverão ser separadas identificando-se o número do ponto de captura e características ambientais (mata preservada, mata alterada e peridomicílio). Cada local de captura deverá ser georreferenciado (aparelho GPS) no formato "graus, minutos, segundos" (gg°mm'ss.sss") ou "graus decimais" (gg.gggggg°), e sistema geodésico (datum) SAD89.
- A presença ou ausência de aves e primatas não humanos devem ser registrados no item 19.
- Em relação ao vestuário deve utilizar calça de brim ou de nylon rip stop, camisa manga longa, botas de couro cano longo, perneiras de couro, chapéu/boné e mochila/bolsa.
- Para os materiais para captura utilizaremos ficha de campo, puçá entomológico, capturador de sucção oral (com ou sem reservatório), banqueta (tipo pesca), aparelho GPS, termo-higrômetro digital, copos entomológicos, etiquetas (esparadrapo), caneta esferográfica, fita adesiva transparente, prancheta (madeira ou acrílico), estilete, canivete ou faca pequena, facão com bainha, cantil com água e saco de lixo.
- Sempre levar a autorização do SISBIO impressa na bolsa.

Apêndice 2 - Coordenadas dos pontos de coletas

Ponto	Uso Humano	Latitude	Longitude
01	Alto	-15.73816	-47.92779
02	Alto	-15.73761	-47.92606
03	Alto	-15.73385	-47.91736
04	Médio	-15.73385	-47.91736
05	Médio	-15.72594	-47.94015
06	Médio	-15.72546	-47.94002
07	Baixo	-15.72568	-47.94395
08	Baixo	-15.72552	-47.94518
09	Baixo	-15.72084	-47.96622
10	Baixo	-15.72055	-47.96601
11	Baixo	-15.70882	-47.95865
12	Baixo	-15.70939	-47.95843
13	Baixo	-15.73804	-47.97473
14	Baixo	-15.73849	-47.97494
15	Baixo	-15.75905	-47.97916
16	Baixo	-15.75883	-47.97965
17	Médio	-15.72730	-47.91846
18	Médio	-15.72657	-47.91870
19	Médio	-15.73129	-47.91521
20	Médio	-15.73327	-47.91756
21	Alto	-15.73782	-47.92223
22	Alto	-15.73336	-47.91208
23	Alto	-15.73795	-47.92159
24	Alto	-15.73931	-47.91979
25	Alto	-15.73862	-47.92523
26	Médio	-15.73729	-47.91865
27	Alto	-15.73964	-47.92669
28	Alto	-15.73766	-47.92896
29	Médio	-15.73596	-47.91828
30	Médio	-15.73582	-47.91927

Apêndice 3 – Scripts para o R

Haemagogus janthinomys

```
#Read and organize data
data<-read.table(file.choose(),header=TRUE) # data is "janthinomys_data"
data$human<-factor(data$human)
data$high<-as.factor(data$high)
data$interm<-as.factor(data$interm)
data$low<-as.factor(data$low)
data$water<-as.factor(data$water)
data$wide<-as.factor(data$wide)
data$edge<-as.factor(data$edge)
data$monkey<-as.factor(data$monkey)
data$bird_q<-factor(data$bird_q)
data$bird_m<-as.factor(data$bird_m)

data$rain_1<-as.factor(data$rain_1)
data$rain_3<-as.factor(data$rain_3)
data$rain_5<-as.factor(data$rain_5)
data$rain_7<-as.factor(data$rain_7)
data$morning_1<-as.factor(data$morning_1)
data$morning_3<-as.factor(data$morning_3)
data$morning_5<-as.factor(data$morning_5)
data$morning_7<-as.factor(data$morning_7)
data$experts_1<-as.factor(data$experts_1)
data$experts_3<-as.factor(data$experts_3)
data$experts_5<-as.factor(data$experts_5)
data$experts_7<-as.factor(data$experts_7)
data$top_expert_1<-as.factor(data$top_expert_1)
data$top_expert_3<-as.factor(data$top_expert_3)
data$top_expert_5<-as.factor(data$top_expert_5)
data$top_expert_7<-as.factor(data$top_expert_7)

y <- data[,2:5]
siteCovs <- data[,6:20]
obsCovs <- list(effort = data[,21:24], rain = data[,25:28], morning = data[,29:32],
experts = data[,33:36], top_expert = data[,37:40], tmax = data[,41:44], tmin =
data[,45:48], tmean = data[,49:52], rhmax = data[,53:56], rhmin = data[,
57:60], rhmean = data[,61:64])
counts<-rowSums(y)
cbind(counts)
sum(counts)
max(y)

####unmarkedFrameMPois for REMOVAL SAMPLING
```

```

#Unmarked frame (ufm) object
umf <- unmarkedFrameMPois(y = y, siteCovs = siteCovs, obsCovs = obsCovs,
type="removal")
summary(umf)

getOption("max.print")
options(max.print = 99999999)
getOption("digits")
options(digits=4)
options(na.action = "na.fail")#MuMIn needs this

####Some exploratory stuff####
#Poisson +
#"OLRE" (observation-level random effects) to account for overdispersion
(https://peerj.com/articles/616/) +
#offset log(hours)
#Null
glm0<-glmmTMB(counts~1+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm0)
exp(confint(glm0))
mean(counts)/mean(data$hours)
lme4:::dotplot.ranef.mer(ranef(glm0)$cond)
#Counts (catch per hour) vs density predictors
#Human use
ggplot(data, aes(human,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","gold","darkorange2"), alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
  xlab("Human use") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("A_low" = "Low", "B_intermediate" = "Intermediate",
"C_high" = "High"))
glm1<-glmmTMB(counts~human+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm1)
exp(confint(glm1))
lme4:::dotplot.ranef.mer(ranef(glm1)$cond)
AICctab(glm0,glm1,base=T)#No evidence of human-use level effects

#And... we may look at random-effects "conditional modes", which help us see
how lambda varied among sampling POINTS (the "id" random effect)...
randoms<-ranef(glm1, condVar = TRUE)
write_xlsx(as.data.frame(randoms), "randoms_glm1_janthinomys.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)
#This saves an excel with the random-effect conditional modes and SD (mode
+/- [1.96*SD] gives dotplot data)

#Edge
ggplot(data, aes(dist,counts/hours)) + geom_point() +

```

```

geom_smooth(method = "glm", col='olivedrab4', level=0.85) +
  xlab("Distance to forest edge (standardized)") + ylab("Catch per hour")
glm2<-glmmTMB(counts~dist+offset(log(hours))+1|id,      family="poisson",
data=data)
summary(glm2)

```

```

ggplot(data, aes(edge,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("olivedrab", "yellow"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Sampling point ≤50m from forest edge") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm2b<-glmmTMB(counts~edge+offset(log(hours))+1|id,      family="poisson",
data=data)
summary(glm2b)
AICctab(glm2,glm2b, base=T)

```

```

#Forest width
ggplot(data, aes(width,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='olivedrab4', level=0.85) +
  xlab("Forest-patch width (standardized)") + ylab("Catch per hour")
glm3<-glmmTMB(counts~width+offset(log(hours))+1|id,      family="poisson",
data=data)
summary(glm3)

```

```

ggplot(data, aes(wide,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("yellow", "olivedrab"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Wide (>200m) forest patch") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm3b<-glmmTMB(counts~wide+offset(log(hours))+1|id,      family="poisson",
data=data)
summary(glm3b)
AICctab(glm0,glm3,glm3b, base=T)

```

```

#Water
ggplot(data, aes(water,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("gold", "cadetblue"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Water course near sampling point") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm4<-glmmTMB(counts~water+offset(log(hours))+1|id,      family="poisson",
data=data)
summary(glm4)

```

```

#Hosts
ggplot(data, aes(monkey,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("lightgoldenrodyellow", "tan3"), alpha=0.5, outlier.shape =
NA) +
  xlab("NHP seen at sampling point") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))

```

```
glm6<-glmmTMB(counts~monkey+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm6)
```

```
#Birds
```

```
ggplot(data, aes(birds,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", formula = y ~ x, col='olivedrab4', level=0.85) +
  xlab("Bird counts (standardized)") + ylab("Catch per hour")
ggplot(data, aes(birds,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", formula = y ~ poly(x, 2), col='olivedrab4',
level=0.85) +
  xlab("Bird counts (standardized)") + ylab("Catch per hour")
glm5<-glmmTMB(counts~birds+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm5)
```

```
#Quartiles (bird_q)
```

```
ggplot(data, aes(bird_q,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1","darkseagreen3","darkseagreen4"),
alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Bird counts") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("a" = "<9", "b" = "9-19", "c" = ">19"))
glm5b<-glmmTMB(counts~bird_q+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm5b)
```

```
#Or a 2-level factor (median, bird_m)
```

```
ggplot(data, aes(bird_m,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1","darkseagreen4"), alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
  xlab("Bird counts") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "Up to 12", "1" = "13 or more"))
glm5c<-glmmTMB(counts~bird_m+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm5c)
AICctab(glm0,glm5,glm5b,glm5c, base=T)
```

```
#####Models#####
```

```
#Null model
```

```
mp<-multinomPois(~1~1, umf, se=TRUE)
```

```
#Sampling covariates
```

```
mp_morning<-multinomPois(~morning~1, umf, se=TRUE)
```

```
mp_effort<-multinomPois(~effort~1, umf, se=TRUE)
```

```
mp_rain<-multinomPois(~rain~1, umf, se=TRUE)
```

```
#Experts or Obara?
```

```
mp_experts<-multinomPois(~experts~1, umf, se=TRUE)
```

```

mp_top_expert<-multinomPois(~top_expert~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_experts,mp_top_expert, base=T)
#Which temperature?
mp_tmax<-multinomPois(~tmax~1, umf, se=TRUE)
mp_tmean<-multinomPois(~tmean~1, umf, se=TRUE)
mp_tmin<-multinomPois(~tmin~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_tmax,mp_tmean,mp_tmin, base=T)
#Which RH?
mp_rhmax<-multinomPois(~rhmax~1, umf, se=TRUE)
mp_rhmean<-multinomPois(~rhmean~1, umf, se=TRUE)
mp_rhmin<-multinomPois(~rhmin~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_rhmax,mp_rhmean,mp_rhmin, base=T)

#Choose alternative density covariates

##Use full detection submodel: effort + morning + rain + the alternative covariates
yielding lower AICc (tmin, rhmin, top_expert)
#Edge
mp_lambda_edge<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmin~edge,          umf,
se=TRUE)
mp_lambda_dist<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmin~dist,          umf,
se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_edge,mp_lambda_dist, base=T)
#Width of forest patch
mp_lambda_width<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmin~width,          umf,
se=TRUE)
mp_lambda_wide<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmin~wide,          umf,
se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_width,mp_lambda_wide, base=T)
#Birds
mp_lambda_birds<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmin~birds,          umf,
se=TRUE)
mp_lambda_birdq<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmin~bird_q,          umf,
se=TRUE)
mp_lambda_birdm<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmin~bird_m,          umf,
se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_birds,mp_lambda_birdq,mp_lambda_birdm, base=T)
#The alternative covariates yielding lower AICc are dist, wide, and bird_m

#A saturated model (with the alternative covariates yielding lower AICc)

```

```

mp_sat<-
multinomPois(~effort+top_expert+tmin+rhmin+rain+morning~human+bird_m+m
onkey+water+dist+wide, umf, se=TRUE)
summary(mp_sat)
confint(mp_sat, type="state", level=0.85)
confint(mp_sat, type="det", level=0.85)
unmarked::vif(mp_sat, type="state")
unmarked::vif(mp_sat, type="det")
#Dredge the model
dredsats<-dredge(mp_sat)#Fast
head(dredsats)
#Top is p(tmin),lambda(bird_m+wide); with lambda(wide), delta 0.97; with p(.),
delta 1.02; with p(rain), delta 1.12; with lambda(.), delta 1.82; rest >2
sw(dredsats)
#p: tmin 0.52; rain 0.32; rhmin 0.20; top_expert 0.19; effort 0.17; morning 0.17
#lambda: wide 0.65; bird_m 0.48; dist 0.27; water 0.21; monkey 0.18; human 0.07
summary(model.avg(dredsats))
cbind(coef(model.avg(dredsats)),confint(model.avg(dredsats),level=0.85))
####Selecting models to model average: all vs delta up to 10 ("essentially no
support from the data")####
modset1<-get.models(dredsats, subset = cumsum(weight) <= 1)
avgm1<-model.avg(modset1)
summary(avgm1)
cbind(coef(avgm1),confint(avgm1,level=0.85))
modset2<-get.models(dredsats, subset = delta <= 10)
avgm2<-model.avg(modset2)
summary(avgm2)
cbind(coef(avgm2),confint(avgm2,level=0.85))
averaged<-cbind(coef(avgm2),confint(avgm2,level=0.85))
averaged
averaged<-as.data.frame(averaged)
write_xlsx(averaged, "janth_mod_avg_coefs.xlsx", col_names=TRUE,
format_headers=F)
avg_pred_lambda <- predict(avgm2, type="state", se.fit = TRUE)
cbind(avg_pred_lambda$fit,avg_pred_lambda$se.fit,(avg_pred_lambda$fit/avg_
pred_lambda$se.fit))
cbind(avg_pred_lambda$fit,counts,(avg_pred_lambda$fit/counts))
#Averaged predictions are only weakly correlated with counts
#Some predictions are SMALLER than the corresponding count...
ggplot(data, aes(counts,avg_pred_lambda$fit)) + geom_point() +
geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)
avg_pred_r <- predict(avgm2, type="det", se.fit = TRUE)
cbind(avg_pred_r$fit,avg_pred_r$se.fit)

#Null model results
summary(mp)
#Back-transformed estimates
#Mean density

```

```

(lambda_null <- linearComb(mp, type = "state", coefficients = c(1)))
(lambda_null <- backTransform(lambda_null))#2.11 host-seeking mosquito
females per site
confint(lambda_null, level=0.85)#From 1.19 to 3.74
mean(counts)#Observed mean: 1.3 host-seeking mosquito females caught per
site
catch_null<-glmmTMB(counts~1, family="poisson", data=data)
exp(confint(catch_null))#Same as observed mean: 1.3, CI 0.95 to 1.78
#Mean (per capita) capture probability
(p_null <- linearComb(mp, type = "det", coefficients = c(1)))
(p_null <- backTransform(p_null))#0.213
confint(p_null, level=0.85)#From 0.0914 to 0.422
#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
((2.11*0.213)/2)/1.82#0.124 (about 1 per 10 hours)
prednull_lambda <- predict(mp, type="state", level=0.85, newdata=NULL)
prednull_p <- predict(mp, type="det", level=0.85, newdata=NULL)
prednull<-head(cbind(prednull_lambda,prednull_p),n=1)
#Write an Excel with null-model predictions, SEs, and 85% CIs
write_xlsx(as.data.frame(prednull), "janth_null_mod_predictions.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Top model results
mptop<-(get.models(dredsats, 1)[[1]])
predtop_lambda <- predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=NULL)
summary(predtop_lambda)
predtop_p <- predict(mptop, type="det", level=0.85, newdata=NULL)
summary(predtop_p)
summary(mptop)
confint(mptop, type="state", level=0.85)
confint(mptop, type="det", level=0.85)
#Write an Excel with top-model coefficients, SEs, and 85% CIs
#Lambda
terms_lam <- rownames(coef(mptop,type="state"))
lam <- coef(mptop,type="state")
SE_lam <- sqrt(diag(vcov(mptop,type="state")))
CI_lam <- confint(mptop,type="state",level=0.85)
averaged_lam<-cbind(lam,SE_lam,CI_lam)
averaged_lam<-as.data.frame(averaged_lam)
averaged_lam <- rownames_to_column(averaged_lam, "Terms")
#r
terms_r <- rownames(coef(mptop,type="det"))
r <- coef(mptop,type="det")
SE_r <- sqrt(diag(vcov(mptop,type="det")))
CI_r <- confint(mptop,type="det",level=0.85)
averaged_r<-cbind(r,SE_r,CI_r)
averaged_r<-as.data.frame(averaged_r)
averaged_r <- rownames_to_column(averaged_r, "Terms")

```



```

write_xlsx(list(averaged_lam,averaged_r), "janth_top_mod_coefs.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Getting top-model predictions the "predict" way...
predsites<-predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=NULL,
appendData=F)
predsites
summary(predsites)
write_xlsx(predsites, "janth_top_mod_predictions_sites.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)
ggplot(predsites, aes(counts,Predicted)) + geom_point() +
geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)

newdatpa = data.frame(bird_m=as.factor(c(0,1,0,1)), wide=as.factor(c(0,0,1,1)))
predpa<-predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=newdatpa,
appendData=T)
predpa
write_xlsx(predpa, "janth_top_mod_predictions_classes.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Back-transformed estimates
summary(mptop)
#Density
(lamb00 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients = c(1,0,0)))#Narrow,
few birds
(btlamb00 <- backTransform(lamb00))#0.833 mosquitoes
confint(btlamb00, level=0.85)#From 0.3974 to 1.745

(lamb10 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients = c(1,1,0)))#Narrow,
many birds
(btlamb10 <- backTransform(lamb10))#1.63 mosquitoes
confint(btlamb10, level=0.85)#From 0.8965 to 2.973

(lamb01 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients = c(1,0,1)))#Wide, few
birds
(btlamb01 <- backTransform(lamb01))#2.01 mosquitoes
confint(btlamb01, level=0.85)#From 1.157 to 3.488

(lamb11 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients = c(1,1,1)))#Wide,
many birds
(btlamb11 <- backTransform(lamb11))#3.94 mosquitoes
confint(btlamb11, level=0.85)#From 2.309 to 6.718

#Capture, the "predict" way
newdatp = data.frame(tmin = seq(-3.5, 3.5, 0.1))#approx. 18-29
predp<-predict(mptop, type="det", level=0.85, newdata=newdatp,
appendData=T)

```

```

write_xlsx(predp, "janth_top_mod_predictions_r.xlsx", col_names=TRUE,
format_headers=F)
ggplot(predp, aes(tmin,Predicted)) + geom_line(col='cadetblue', alpha=1,
linewidth=1.5) + geom_ribbon(aes(ymin = lower, ymax = upper), fill='cadetblue',
alpha=0.3) + ylim(0,1)
ggplot(predp, aes(tmin,Predicted)) + geom_point(pch=16, size=4,
col='cadetblue', alpha=1) + geom_linerange(aes(ymin = lower, ymax = upper),
linewidth=1, col='cadetblue', alpha=0.8) + ylim(0,1)

#Capture
(p0 <- linearComb(mptop, type = "det", coefficients = c(1,0)))#Mean tmin
(btp0 <- backTransform(p0))#0.217
confint(btp0, level=0.85)#0.1076 to 0.39
(p1 <- linearComb(mptop, type = "det", coefficients = c(1,1)))#One SD above
mean tmin
(btp1 <- backTransform(p1))#0.16
confint(btp1, level=0.85)#0.0734 to 0.3151
(p2 <- linearComb(mptop, type = "det", coefficients = c(1,-1)))#One SD below
mean tmin
(btp2 <- backTransform(p2))#0.288
confint(btp2, level=0.85)#0.144 to 0.493
#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
#Site in wide forest edge with many birds ( $\lambda=3.94$ , CI 2.31-6.72)
#r mean tmin (0.217)
((3.94*0.217)/2)/1.82#0.235 (about 1 every 4 hours)
((2.31*0.217)/2)/1.82#0.138
((6.72*0.217)/2)/1.82#0.401
#r in hotter day (0.16)
((3.94*0.16)/2)/1.82#0.173
((2.31*0.16)/2)/1.82#0.102
((6.72*0.16)/2)/1.82#1.295
#r in cooler day (0.29)
((3.94*0.29)/2)/1.82#0.314
((2.31*0.29)/2)/1.82#0.184
((6.72*0.29)/2)/1.82#1.435

#Empirical Bayes estimation of random effects
#Used by Ficetola 2018 SciReps
#See ROYLE 2004a,b
retop<-unmarked::ranef(mptop, K=15)#Need to add "unmarked::" to avoid calling
glmmTMB
plot(retop)
modetop <- bup(retop, stat="mode")
meantop <- bup(retop, stat="mean")
citop <- confint(retop, level=0.85)
cbind(counts,modetop,meantop,citop)
summary(meantop)

```

```

summary(citop)
#All together
empbayes<-
cbind(counts,modetop,meantop,citop,predtop_lambda,avg_pred_lambda$fit,avg
_pred_lambda$se.fit)
print(empbayes)
write_xlsx(empbayes,      "janth_empirical_bayes.xlsx",      col_names=TRUE,
format_headers=F)
#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
#Highest-density site: site 2 - Piscina velha ( $\lambda=5.5$ , CI 5-7)
#Maximum r (0.29)
((5.5*0.29)/2)/1.82#0.44 (about 1 per 2 hours)
((5*0.29)/2)/1.82#0.40
((7*0.29)/2)/1.82#0.56

#Observed vs empirical-Bayes plot
ggplot(data, aes(counts,meantop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85) +
  xlab("Observed counts") + ylab("Predicted density (mean, random effects)")
#Other plots vs empirical-Bayes
ggplot(data, aes(human,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","gold","darkorange2"),      alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
  xlab("Human use") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("A_low" = "Low", "B_intermediate" = "Intermediate",
"C_high" = "High"))
ggplot(data, aes(high,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","darkorange1"), alpha=0.5, outlier.shape =
NA) +
  xlab("Human use") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "Low/Intermediate", "1" = "High"))
data$water = with(data, reorder(water, meantop, median))
ggplot(data, aes(water,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("cadetblue","gold"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Water course") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(dist,meantop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85) +
  xlab("Distance to forest edge (standardized)") + ylab("Predicted density (mean,
random effects)")
data$edge = with(data, reorder(edge, meantop, median))
ggplot(data, aes(edge,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("yellow","olivedrab4"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Sampling point  $\leq 50$ m from forest edge") + ylab("Predicted density (mean,
random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(wide,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +

```

```

geom_boxplot(fill=c("yellow","olivedrab4"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
xlab("Wide (>200m) forest patch") + ylab("Predicted density (mean, random
effects)") +
scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(monkey,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
geom_boxplot(fill=c("lightgoldenrodyellow","tan3"), alpha=0.5, outlier.shape =
NA) +
xlab("NHPs seen") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(bird_m,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1","darkseagreen4"), alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
xlab("Bird counts") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
scale_x_discrete(labels = c("0" = "Up to 12", "1" = "13 or more"))

```

Haemagogus leucocelaenus

```

#Read and organize data
data<-read.table(file.choose(),header=TRUE) # data is "leucocelaenus_data"
data$human<-factor(data$human)
data$high<-as.factor(data$high)
data$interm<-as.factor(data$interm)
data$low<-as.factor(data$low)
data$water<-as.factor(data$water)
data$wide<-as.factor(data$wide)
data$edge<-as.factor(data$edge)
data$monkey<-as.factor(data$monkey)
data$bird_q<-factor(data$bird_q)
data$bird_m<-as.factor(data$bird_m)

data$rain_1<-as.factor(data$rain_1)
data$rain_3<-as.factor(data$rain_3)
data$rain_5<-as.factor(data$rain_5)
data$rain_7<-as.factor(data$rain_7)
data$morning_1<-as.factor(data$morning_1)
data$morning_3<-as.factor(data$morning_3)
data$morning_5<-as.factor(data$morning_5)
data$morning_7<-as.factor(data$morning_7)
data$experts_1<-as.factor(data$experts_1)
data$experts_3<-as.factor(data$experts_3)
data$experts_5<-as.factor(data$experts_5)
data$experts_7<-as.factor(data$experts_7)
data$top_expert_1<-as.factor(data$top_expert_1)
data$top_expert_3<-as.factor(data$top_expert_3)
data$top_expert_5<-as.factor(data$top_expert_5)
data$top_expert_7<-as.factor(data$top_expert_7)

```

```

y <- data[ ,2:5]
siteCovs <- data[ ,6:20]
obsCovs <- list(effort = data[ ,21:24], rain = data[ ,25:28], morning = data [ ,29:32],
experts = data [ ,33:36], top_expert = data [ ,37:40], tmax = data [ ,41:44], tmin =
data [ ,45:48], tmean = data [ ,49:52], rhmax = data [ ,53:56], rhmin = data [
,57:60], rhmean = data [ ,61:64])
counts<-rowSums(y)
cbind(counts)
sum(counts)
max(y)

#Unmarked frame (ufm) object
umf <- unmarkedFrameMPois(y = y, siteCovs = siteCovs, obsCovs = obsCovs,
type="removal")
summary(umf)

getOption("max.print")
options(max.print = 99999999)
getOption("digits")
options(digits=4)
options(na.action = "na.fail")#MuMIn needs this

####Some exploratory stuff####
#Poisson +
#"OLRE" (observation-level random effects) to account for overdispersion
(https://peerj.com/articles/616/) +
#offset log(hours)
#Null
glm0<-glmmTMB(counts~1+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm0)
exp(confint(glm0))
mean(counts)/mean(data$hours)
lme4:::dotplot.ranef.mer(ranef(glm0)$cond)
#Counts (catch per hour) vs density predictors
#Human use
ggplot(data, aes(human,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","gold","darkorange2"), alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
xlab("Human use") + ylab("Catch per hour") +
scale_x_discrete(labels = c("A_low" = "Low", "B_intermediate" = "Intermediate",
"C_high" = "High"))
glm1<-glmmTMB(counts~human+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm1)
exp(confint(glm1))
lme4:::dotplot.ranef.mer(ranef(glm1)$cond)
AICctab(glm0,glm1,base=T)#No evidence of human-use level effects

```

#And... we may look at random-effects "conditional modes", which help us see how lambda varied among sampling POINTS (the "id" random effect)...

```
randoms<-ranef(glm1, condVar = TRUE)
write_xlsx(as.data.frame(randoms), "leucocel_randoms_glm1.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)
#This saves an excel with the random-effect conditional modes and SD (mode
+/- [1.96*SD] gives dotplot data)
```

#Edge

```
ggplot(data, aes(dist,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='olivedrab4', level=0.85) +
  xlab("Distance to forest edge (standardized)") + ylab("Catch per hour")
glm2<-glmmTMB(counts~dist+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm2)
```

```
ggplot(data, aes(edge,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("olivedrab","yellow"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Sampling point ≤50m from forest edge") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm2b<-glmmTMB(counts~edge+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm2b)
AICctab(glm2,glm2b, base=T)
```

#Forest width

```
ggplot(data, aes(width,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='olivedrab4', level=0.85) +
  xlab("Forest-patch width (standardized)") + ylab("Catch per hour")
glm3<-glmmTMB(counts~width+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm3)#0.345, SE 0.178 (.)
```

```
ggplot(data, aes(wide,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("yellow","olivedrab"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab(">200m forest patch") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm3b<-glmmTMB(counts~wide+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm3b)#0.781, SE 0.340 (*)
AICctab(glm0,glm3,glm3b, base=T)
```

#Water

```
ggplot(data, aes(water,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("gold","cadetblue"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Water course near sampling point") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
```

```
glm4<-glmmTMB(counts~water+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm4)#-1.189, SE 0.332 (***)
```

```
#Hosts
```

```
ggplot(data, aes(monkey,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("lightgoldenrodyellow","tan3"), alpha=0.5, outlier.shape =
NA) +
  xlab("NHP seen at sampling point") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm6<-glmmTMB(counts~monkey+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm6)
```

```
#Birds
```

```
ggplot(data, aes(birds,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", formula = y ~ x, col='olivedrab4', level=0.85) +
  xlab("Bird counts (standardized)") + ylab("Catch per hour")
ggplot(data, aes(birds,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", formula = y ~ poly(x, 2), col='olivedrab4',
level=0.85) +
  xlab("Bird counts (standardized)") + ylab("Catch per hour")
glm5<-glmmTMB(counts~birds+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm5)
```

```
#Quartiles (bird_q)
```

```
ggplot(data, aes(bird_q,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1","darkseagreen3","darkseagreen4"),
alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Bird counts") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("a" = "<9", "b" = "9-19", "c" = ">19"))
glm5b<-glmmTMB(counts~bird_q+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm5b)
```

```
#Or a 2-level factor (median, bird_m)
```

```
ggplot(data, aes(bird_m,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1","darkseagreen4"), alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
  xlab("Bird counts") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "Up to 12", "1" = "13 or more"))
glm5c<-glmmTMB(counts~bird_m+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm5c)
AICctab(glm0,glm5,glm5b,glm5c, base=T)
```

```
#####Models#####
```

```

#Null model
mp<-multinomPois(~1~1, umf, se=TRUE)

#Sampling covariates
mp_morning<-multinomPois(~morning~1, umf, se=TRUE)
mp_effort<-multinomPois(~effort~1, umf, se=TRUE)
mp_rain<-multinomPois(~rain~1, umf, se=TRUE)
#Experts or Obara?
mp_experts<-multinomPois(~experts~1, umf, se=TRUE)
mp_top_expert<-multinomPois(~top_expert~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_experts,mp_top_expert, base=T)
#Which temperature?
mp_tmax<-multinomPois(~tmax~1, umf, se=TRUE)
mp_tmean<-multinomPois(~tmean~1, umf, se=TRUE)
mp_tmin<-multinomPois(~tmin~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_tmax,mp_tmean,mp_tmin, base=T)
#Which RH?
mp_rhmax<-multinomPois(~rhmax~1, umf, se=TRUE)
mp_rhmean<-multinomPois(~rhmean~1, umf, se=TRUE)
mp_rhmin<-multinomPois(~rhmin~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_rhmax,mp_rhmean,mp_rhmin, base=T)

#Choose alternative density covariates
#Use full detection submodel: effort + morning + rain + the alternative covariates
yielding lower AICc (experts, tmax, rhmax)
#Edge
mp_lambda_edge<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmax+rhmax~edge,          umf,
se=TRUE)
mp_lambda_dist<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmax+rhmax~dist, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_edge,mp_lambda_dist, base=T)
#Width of forest patch
mp_lambda_width<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmax+rhmax~width,          umf,
se=TRUE)
mp_lambda_wide<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmax+rhmax~wide,          umf,
se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_width,mp_lambda_wide, base=T)
#Birds
mp_lambda_birds<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmax+rhmax~birds,          umf,
se=TRUE)
mp_lambda_birdq<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmax+rhmax~bird_q,          umf,
se=TRUE)

```



```

mp_lambda_birdm<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmax+rhmax~bird_m,      umf,
se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_birds,mp_lambda_birdq,mp_lambda_birdm, base=T)
#The alternative covariates yielding lower AICc are dist, wide, and bird_m

#A saturated model (with the alternative covariates yielding lower AICc)
mp_sat<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmax+rhmax~human+wide+dist+w
ater+monkey+bird_m, umf, se=TRUE)
summary(mp_sat)
unmarked::vif(mp_sat, type="state")
unmarked::vif(mp_sat, type="det")
#Dredge the model
dredsatsat<-dredge(mp_sat)#Fast
head(dredsatsat, n=8)
#Top is p(experts), lambda(dist+water); bird_m, effort, morning, tmax appear in
the 5 models with delta <2
sw(dredsatsat)
#lambda(water) 1; lambda(dist) 1; p(experts) 0.96; lambda(bird_m) 0.36; p(effort)
0.35; p(tmax) 0.24; p(morning) 0.21; lambda(wide) 0.19; p(rhmax) 0.16; p(rain)
0.15; lambda(monkey) 0.15; lambda(human) 0.02
summary(model.avg(dredsatsat))
cbind(coef(model.avg(dredsatsat)),confint(model.avg(dredsatsat),level=0.85))
####Selecting models to model average: all vs delta up to 10 ("essentially no
support from the data")####
modset1<-get.models(dredsatsat, subset = cumsum(weight) <= 1)
avgm1<-model.avg(modset1)
summary(avgm1)
cbind(coef(avgm1),confint(avgm1,level=0.85))
modset2<-get.models(dredsatsat, subset = delta <= 10)
avgm2<-model.avg(modset2)
summary(avgm2)
cbind(coef(avgm2),confint(avgm2,level=0.85))
#Write an Excel with model-averaged coefficients, SEs, and 85% CIs
terms <- rownames(coef(avgm2))
SE <- sqrt(diag(vcov(avgm2)))
averaged<-cbind(coef(avgm2),SE,confint(avgm2,level=0.85))
averaged<-as.data.frame(averaged)
averaged <- rownames_to_column(averaged, "Terms")
write_xlsx(averaged, "leucocel_mod_avg_coefs.xlsx", col_names=TRUE,
format_headers=F)
avg_pred_lambda <- predict(avgm2, type="state", se.fit = TRUE)
cbind(avg_pred_lambda$fit,avg_pred_lambda$se.fit,(avg_pred_lambda$fit/avg_
pred_lambda$se.fit))
cbind(avg_pred_lambda$fit,counts,(avg_pred_lambda$fit/counts))
#Averaged predictions clearly correlated with counts
#Site 3: prediction 38.3, count 39; rest prediction > count....

```

```

ggplot(data, aes(counts,avg_pred_lambda$fit)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)
avg_pred_r <- predict(avgm2, type="det", se.fit = TRUE)
cbind(avg_pred_r$fit,avg_pred_r$se.fit)

#Null model results
summary(mp)
#Back-transformed estimates
#Mean density
(lambda_null <- linearComb(mp, type = "state", coefficients = c(1)))
(lambda_null <- backTransform(lambda_null))#21.8 host-seeking mosquito
females per site
confint(lambda_null, level=0.85)#From 16.54 to 28.8
mean(counts)#Observed mean: 11.27 host-seeking mosquito females caught per
site
catch_null<-glmmTMB(counts~1, family="poisson", data=data)
exp(confint(catch_null))#Same as observed mean: 11.27, CI 10.13 to 12.53
#Mean (per capita) capture probability
(p_null <- linearComb(mp, type = "det", coefficients = c(1)))
(p_null <- backTransform(p_null))#0.166
confint(p_null, level=0.85)#From 0.115 to 0.234
#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
((21.8*0.166)/2)/1.82#0.994 (about 1 per hour)
prednull_lambda <- predict(mp, type="state", level=0.85, newdata=NULL)
prednull_p <- predict(mp, type="det", level=0.85, newdata=NULL)
prednull<-head(cbind(prednull_lambda,prednull_p),n=1)
#Write an Excel with null-model predictions, SEs, and 85% CIs
write_xlsx(as.data.frame(prednull), "leucocel_null_mod_predictions.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Top model results
mptop<-(get.models(dredsats, 1))[[1]]
predtop_lambda <- predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=NULL)
summary(predtop_lambda)
predtop_p <- predict(mptop, type="det", level=0.85, newdata=NULL)
summary(predtop_p)
summary(mptop)
confint(mptop, type="state", level=0.85)
confint(mptop, type="det", level=0.85)
#Write an Excel with top-model coefficients, SEs, and 85% CIs
#Lambda
terms_lam <- rownames(coef(mptop,type="state"))
lam <- coef(mptop,type="state")
SE_lam <- sqrt(diag(vcov(mptop,type="state")))
CI_lam <- confint(mptop,type="state",level=0.85)
averaged_lam<-cbind(lam,SE_lam,CI_lam)
averaged_lam<-as.data.frame(averaged_lam)

```

```

averaged_lam <- rownames_to_column(averaged_lam, "Terms")
#r
terms_r <- rownames(coef(mptop,type="det"))
r <- coef(mptop,type="det")
SE_r <- sqrt(diag(vcov(mptop,type="det")))
CI_r <- confint(mptop,type="det",level=0.85)
averaged_r<-cbind(r,SE_r,CI_r)
averaged_r<-as.data.frame(averaged_r)
averaged_r <- rownames_to_column(averaged_r, "Terms")
write_xlsx(list(averaged_lam,averaged_r), "leucocel_top_mod_coefs.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Getting top-model predictions the "predict" way
predsites<-predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=NULL,
appendData=F)
predsites
summary(predsites)
write_xlsx(predsites, "leucocel_top_mod_predictions_sites.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)
ggplot(predsites, aes(counts,Predicted)) + geom_point() +
geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)

newdatp = data.frame(dist = seq(-1.5, 2.5, 0.1))
predp<-predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=newdatp,
appendData=T)
ggplot(predp, aes(dist,Predicted)) + geom_line(col='tomato3', alpha=1,
linewidth=1.5) + geom_ribbon(aes(ymin = lower, ymax = upper), fill='tomato3',
alpha=0.3) + ylim(0,150) +
xlab("Distance to forest edge (standardized)") + ylab("Predicted density")
newdatpa = data.frame(dist = seq(-1.5, 2.5, 0.1), water=as.factor(rep(0)))
predpa<-predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=newdatpa,
appendData=T)
ggplot(predpa, aes(dist,Predicted)) + geom_line(col='orange2', alpha=1,
linewidth=1.5) + geom_ribbon(aes(ymin = lower, ymax = upper), fill='gold',
alpha=0.3) + ylim(0,150) +
xlab("Distance to forest edge (standardized)") + ylab("Predicted density")
newdatpb = data.frame(dist = seq(-1.5, 2.5, 0.1), water=as.factor(rep(1)))
predpb<-predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=newdatpb,
appendData=T)
ggplot(predpb, aes(dist,Predicted)) + geom_line(col='cadetblue', alpha=1,
linewidth=1.5) + geom_ribbon(aes(ymin = lower, ymax = upper), fill='cadetblue',
alpha=0.3) + ylim(0,125) +
xlab("Distance to forest edge (standardized)") + ylab("Predicted density")
ggplot(predp, aes(dist,Predicted)) + geom_line(col='orange2', alpha=1,
linewidth=1) + geom_ribbon(aes(ymin = lower, ymax = upper), fill='gold',
alpha=0.3) + ylim(0,125) +

```

```

  geom_line(data=predpb, col='cadetblue', alpha=1, linewidth=1) +
  geom_ribbon(data=predpb, aes(ymin = lower, ymax = upper), fill='cadetblue',
  alpha=0.3) +
  xlab("Distance to forest edge (standardized)") + ylab("Predicted density")

```

```

predwater<-predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=NULL,
  appendData=T)
ggplot(predsites, aes(water,Predicted)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("gold","cadetblue"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Water course") + ylab("Predicted density") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))

```

```

predsites<-predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=NULL,
  appendData=T)
ggplot(predsites, aes(human,Predicted)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","gold","darkorange2"), alpha=0.5,
  outlier.shape = NA) +
  xlab("Human use") + ylab("Predicted density") +
  scale_x_discrete(labels = c("A_low" = "Low", "B_intermediate" = "Intermediate",
  "C_high" = "High"))

```

```

nwd<-data.frame(experts=as.factor(c(0,1)))
predr<-predict(mptop, type="det", level=0.85, newdata=nwd,appendData=T)
predr
write_xlsx(predr, "leucocel_top_mod_predictions_r.xlsx", col_names=TRUE,
  format_headers=F)

```

#Back-transformed estimates

```
summary(mptop)
```

```
#Density
```

```
(lamb0 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients = c(1,0,0)))#Sites at
mean distance (52m) from the edge of the forest and with no visible water course
```

```
(btlamb0 <- backTransform(lamb0))#39.5 mosquitoes
```

```
confint(btlamb0, level=0.85)#From 26.96 to 57.77
```

```
(lamb1 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients = c(1,1,0)))#Sites 1 SD
(34.7m) farther from the edge of the forest and with no visible water course
```

```
(btlamb1 <- backTransform(lamb1))#51.1 mosquitoes
```

```
confint(btlamb1, level=0.85)#From 35.09 to 74.55
```

```
(lamb2 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients = c(1,0,1)))#Sites at
mean distance (52m) from the edge of the forest and with visible water course
```

```
(btlamb2 <- backTransform(lamb2))#18.6
```

```
confint(btlamb2, level=0.85)#From 12.65 to 27.32
```

```
(lamb3 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients = c(1,1,1)))#Sites 1 SD
(34.7m) farther from the edge of the forest and with visible water course
```

```
(btlamb3 <- backTransform(lamb3))#24.1
```

```
confint(btlamb3, level=0.85)#16.36 to 35.49
```

```
(lamb4 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients = c(1,-1.5,1)))#Sites on
the edge of the forest and with visible water course
```

```

(btlamb4 <- backTransform(lamb4))#12.6
confint(btlamb4, level=0.85)#8.38 to 18.96
(lamb5 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients = c(1,-1.5,0)))#Sites on
the edge of the forest and with NO visible water course
(btlamb5 <- backTransform(lamb5))#26.7
confint(btlamb5, level=0.85)#17.67 to 40.49
#etc...

#Capture
(p0 <- linearComb(mptop, type = "det", coefficients = c(1,0)))#Non-expert team
(btp0 <- backTransform(p0))#0.113
confint(btp0, level=0.85)#0.068 to 0.181
(p1 <- linearComb(mptop, type = "det", coefficients = c(1,1)))#Expert in team
(btp1 <- backTransform(p1))#0.157
confint(btp1, level=0.85)#0.099 to 0.240
#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
#Site on forest edge with water ( $\lambda=12.6$ , CI 8.38-18.96)
#r from expert (0.16)
((12.6*0.16)/2)/1.82#0.55 (about 1 every 2 hours)
((8.38*0.16)/2)/1.82#0.37
((18.96*0.16)/2)/1.82#0.83
#Site on forest edge without water ( $\lambda=26.7$ , CI 17.7-40.5)
#r from expert (0.16)
((26.7*0.16)/2)/1.82#1.17 (about 1 per hour)
((17.7*0.16)/2)/1.82#0.78
((40.5*0.16)/2)/1.82#1.78

#Empirical Bayes estimation of random effects
#Used by Ficetola 2018 SciReps
#See ROYLE 2004a,b
retop<-unmarked::ranef(mptop, K=100)#Need to add "unmarked::" to avoid
calling glmmTMB
plot(retop)
modetop <- bup(retop, stat="mode")
meantop <- bup(retop, stat="mean")
citop <- confint(retop, level=0.85)
cbind(counts,modetop,meantop,citop)
summary(meantop)
summary(citop)
#All together
empbayes<-
cbind(counts,modetop,meantop,citop,predtop_lambda,avg_pred_lambda$fit,avg
_pred_lambda$se.fit)
print(empbayes)
write_xlsx(empbayes, "leucocel_empirical_bayes.xlsx", col_names=TRUE,
format_headers=F)

```

```

#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
#Highest-density site: site 28 - Trilha da Capivara ( $\lambda=64$ , CI 57-72)
#r from expert (0.16)
((64*0.16)/2)/1.82#2.81 (nearly 3 per hour)
((57*0.16)/2)/1.82#2.51
((72*0.16)/2)/1.82#3.17

#Observed vs empirical-Bayes plot
ggplot(data, aes(counts,meantop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85) +
  xlab("Observed counts") + ylab("Predicted density (mean, random effects)")
#Other plots vs empirical-Bayes
ggplot(data, aes(human,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","gold","darkorange2"), alpha=0.5,
  outlier.shape = NA) +
  xlab("Human use") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("A_low" = "Low", "B_intermediate" = "Intermediate",
  "C_high" = "High"))
ggplot(data, aes(high,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","darkorange1"), alpha=0.5, outlier.shape =
  NA) +
  xlab("Human use") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "Low/Intermediate", "1" = "High"))
data$water = with(data, reorder(water, meantop, median))
ggplot(data, aes(water,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("cadetblue","gold"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Water course") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(dist,meantop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85) +
  xlab("Distance to forest edge (standardized)") + ylab("Predicted density (mean,
  random effects)")
data$edge = with(data, reorder(edge, meantop, median))
ggplot(data, aes(edge,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("yellow","olivedrab4"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Sampling point  $\leq 50$ m from forest edge") + ylab("Predicted density (mean,
  random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(wide,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("yellow","olivedrab4"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Wide (>200m) forest patch") + ylab("Predicted density (mean, random
  effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(monkey,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("lightgoldenrodyellow","tan3"), alpha=0.5, outlier.shape =
  NA) +
  xlab("NHPs seen") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +

```

```

scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(bird_m,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1", "darkseagreen4"), alpha=0.5,
  outlier.shape = NA) +
  xlab("Bird counts") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "Up to 12", "1" = "13 or more"))

```

Sabethes albiprivus

```

#Read and organize data
data<-read.table(file.choose(),header=TRUE) # data is "albiprivus_data"
data$human<-factor(data$human)
data$high<-as.factor(data$high)
data$interm<-as.factor(data$interm)
data$low<-as.factor(data$low)
data$water<-as.factor(data$water)
data$wide<-as.factor(data$wide)
data$edge<-as.factor(data$edge)
data$monkey<-as.factor(data$monkey)
data$bird_q<-factor(data$bird_q)
data$bird_m<-as.factor(data$bird_m)

data$rain_1<-as.factor(data$rain_1)
data$rain_3<-as.factor(data$rain_3)
data$rain_5<-as.factor(data$rain_5)
data$rain_7<-as.factor(data$rain_7)
data$morning_1<-as.factor(data$morning_1)
data$morning_3<-as.factor(data$morning_3)
data$morning_5<-as.factor(data$morning_5)
data$morning_7<-as.factor(data$morning_7)
data$experts_1<-as.factor(data$experts_1)
data$experts_3<-as.factor(data$experts_3)
data$experts_5<-as.factor(data$experts_5)
data$experts_7<-as.factor(data$experts_7)
data$top_expert_1<-as.factor(data$top_expert_1)
data$top_expert_3<-as.factor(data$top_expert_3)
data$top_expert_5<-as.factor(data$top_expert_5)
data$top_expert_7<-as.factor(data$top_expert_7)

y <- data[,2:5]
siteCovs <- data[,6:20]
obsCovs <- list(effort = data[,21:24], rain = data[,25:28], morning = data[,29:32],
experts = data[,33:36], top_expert = data[,37:40], tmax = data[,41:44], tmin =
data[,45:48], tmean = data[,49:52], rhmax = data[,53:56], rhmin = data[,
57:60], rhmean = data[,61:64])
counts<-rowSums(y)
cbind(counts)

```

```

sum(counts)
max(y)

####unmarkedFrameMPois for REMOVAL SAMPLING
#Unmarked frame (ufm) object
umf <- unmarkedFrameMPois(y = y, siteCovs = siteCovs, obsCovs = obsCovs,
type="removal")
summary(umf)

getOption("max.print")
options(max.print = 99999999)
getOption("digits")
options(digits=4)
options(na.action = "na.fail")#MuMIn needs this

####Some exploratory stuff####
#Poisson +
#"OLRE" (observation-level random effect) to account for overdispersion
(https://peerj.com/articles/616/) +
#offset log(hours)
#Null
glm0<-glmmTMB(counts~1+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm0)
exp(confint(glm0))
mean(counts)/mean(data$hours)
lme4:::dotplot.ranef.mer(ranef(glm0)$cond)
#Counts vs density predictors
#Human use
ggplot(data, aes(human,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","gold","darkorange2"), alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
xlab("Human use") + ylab("Catch per hour") +
scale_x_discrete(labels = c("A_low" = "Low", "B_intermediate" = "Intermediate",
"C_high" = "High"))
glm1<-glmmTMB(counts~human+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm1)
exp(confint(glm1))
lme4:::dotplot.ranef.mer(ranef(glm1)$cond)
AICctab(glm0,glm1,base=T)#No evidence of human-use level effects

#And... we may look at random-effects "conditional modes", which help us see
how lambda varied among sampling POINTS (the "id" random effect)...
randoms<-ranef(glm1, condVar = TRUE)
write_xlsx(as.data.frame(randoms), "albiprivus_randoms_glm1.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

```



```
#This saves an excel with the random-effect conditional modes and SD (mode +/- [1.96*SD] gives dotplot data)
```

```
#Edge
```

```
ggplot(data, aes(dist,counts/hours)) + geom_point() +  
  geom_smooth(method = "glm", col='olivedrab4', level=0.85) +  
  xlab("Distance to forest edge (standardized)") + ylab("Catch per hour")  
glm2<-glmmTMB(counts~dist+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",  
data=data)  
summary(glm2)
```

```
ggplot(data, aes(edge,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +  
  geom_boxplot(fill=c("olivedrab","yellow"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +  
  xlab("Sampling point ≤50m from forest edge") + ylab("Catch per hour") +  
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))  
glm2b<-glmmTMB(counts~edge+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",  
data=data)  
summary(glm2b)  
AICctab(glm2,glm2b, base=T)
```

```
#Forest width
```

```
ggplot(data, aes(width,counts/hours)) + geom_point() +  
  geom_smooth(method = "glm", col='olivedrab4', level=0.85) +  
  xlab("Forest-patch width (standardized)") + ylab("Catch per hour")  
glm3<-glmmTMB(counts~width+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",  
data=data)  
summary(glm3)
```

```
ggplot(data, aes(wide,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +  
  geom_boxplot(fill=c("yellow","olivedrab"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +  
  xlab("Wide (>200m) forest patch") + ylab("Catch per hour") +  
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))  
glm3b<-glmmTMB(counts~wide+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",  
data=data)  
summary(glm3b)  
AICctab(glm0,glm3,glm3b, base=T)
```

```
#Water
```

```
ggplot(data, aes(water,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +  
  geom_boxplot(fill=c("gold","cadetblue"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +  
  xlab("Water course near sampling point") + ylab("Catch per hour") +  
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))  
glm4<-glmmTMB(counts~water+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",  
data=data)  
summary(glm4)
```

```
#Hosts
```

```
ggplot(data, aes(monkey,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
```

```

  geom_boxplot(fill=c("lightgoldenrodyellow","tan3"), alpha=0.5, outlier.shape =
NA) +
  xlab("NHP seen at sampling point") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm6<-glmmTMB(counts~monkey+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm6)

```

```

#Birds
ggplot(data, aes(birds,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", formula = y ~ x, col='olivedrab4', level=0.85) +
  xlab("Bird counts (standardized)") + ylab("Catch per hour")
ggplot(data, aes(birds,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", formula = y ~ poly(x, 2), col='olivedrab4',
level=0.85) +
  xlab("Bird counts (standardized)") + ylab("Catch per hour")
glm5<-glmmTMB(counts~birds+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm5)

```

```

#Quartiles (bird_q)
ggplot(data, aes(bird_q,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1","darkseagreen3","darkseagreen4"),
alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Bird counts") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("a" = "<9", "b" = "9-19", "c" = ">19"))
glm5c<-glmmTMB(counts~bird_q+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm5c)

```

```

#Or a 2-level factor (median, bird_m)
ggplot(data, aes(bird_m,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1","darkseagreen4"), alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
  xlab("Bird counts") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "Up to 12", "1" = "13 or more"))
glm5d<-glmmTMB(counts~bird_m+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm5d)
AICctab(glm0,glm5,glm5b,glm5c,glm5d, base=T)

```

#####Models#####

```

#Null model
mp<-multinomPois(~1~1, umf, se=TRUE)

```

```

#Sampling covariates
mp_morning<-multinomPois(~morning~1, umf, se=TRUE)

```

```

mp_effort<-multinomPois(~effort~1, umf, se=TRUE)
mp_rain<-multinomPois(~rain~1, umf, se=TRUE)
#Experts or Obara?
mp_experts<-multinomPois(~experts~1, umf, se=TRUE)
mp_top_expert<-multinomPois(~top_expert~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_experts,mp_top_expert, base=T)
#Which temperature?
mp_tmax<-multinomPois(~tmax~1, umf, se=TRUE)
mp_tmean<-multinomPois(~tmean~1, umf, se=TRUE)
mp_tmin<-multinomPois(~tmin~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_tmax,mp_tmean,mp_tmin, base=T)
#Which RH?
mp_rhmax<-multinomPois(~rhmax~1, umf, se=TRUE)
mp_rhmean<-multinomPois(~rhmean~1, umf, se=TRUE)
mp_rhmin<-multinomPois(~rhmin~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_rhmax,mp_rhmean,mp_rhmin, base=T)

#Choose alternative density covariates
#Use full detection submodel: effort + morning + rain + the alternative covariates
yielding lower AICc (tmean, rhmax, top_expert)
#Edge
mp_lambda_edge<-
multinomPois(~effort+top_expert+tmean+rhmax+rain+morning~edge,      umf,
se=TRUE)
mp_lambda_dist<-
multinomPois(~effort+top_expert+tmean+rhmax+rain+morning~dist,      umf,
se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_edge,mp_lambda_dist, base=T)
#Width of forest patch
mp_lambda_width<-
multinomPois(~effort+top_expert+tmean+rhmax+rain+morning~width,      umf,
se=TRUE)
mp_lambda_wide<-
multinomPois(~effort+top_expert+tmean+rhmax+rain+morning~wide,      umf,
se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_width,mp_lambda_wide, base=T)
#Birds
mp_lambda_birds<-
multinomPois(~effort+top_expert+tmean+rhmax+rain+morning~birds,      umf,
se=TRUE)
mp_lambda_birdq<-
multinomPois(~effort+top_expert+tmean+rhmax+rain+morning~bird_q,      umf,
se=TRUE)
mp_lambda_birdm<-
multinomPois(~effort+top_expert+tmean+rhmax+rain+morning~bird_m,      umf,
se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_birds,mp_lambda_birdq,mp_lambda_birdm, base=T)
#The alternative covariates yielding lower AICc are edge, wide, and bird_m

```

```

#A saturated model (with the alternative covariates yielding lower AICc)
mp_sat<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmean+rhmax~human+water+
edge+wide+bird_m+monkey, umf, se=TRUE)
summary(mp_sat)
unmarked::vif(mp_sat, type="state")
unmarked::vif(mp_sat, type="det")
#Dredge the model
dredsats<-dredge(mp_sat)#Fast
head(dredsats, n=15)
#Top is p(eff+ran+rhmax+top_exp), lambda(birdm+hmn+mnk+wtr); delta < 2: (i) no
p(ran), lam(edge); (ii) no p(ran)
sw(dredsats)
#lambda(human) 1; p(top_expert) 1; p(rhmax) 1; lambda(water) 1; p(effort) 0.97;
lambda(birdm) 0.90; lambda(monkey) 0.85; p(rain) 0.63; lambda(edge) 0.36;
lambda(wide) 0.18; p(morning) 0.09; p(tmean) 0.07
summary(model.avg(dredsats))
cbind(coef(model.avg(dredsats)),confint(model.avg(dredsats),level=0.85))
#####Selecting models to model average: all vs delta up to 10 ("essentially no
support from the data")#####
modset1<-get.models(dredsats, subset = cumsum(weight) <= 1)
avgm1<-model.avg(modset1)
summary(avgm1)
cbind(coef(avgm1),confint(avgm1,level=0.85))
modset2<-get.models(dredsats, subset = delta <= 10)
avgm2<-model.avg(modset2)
summary(avgm2)
cbind(coef(avgm2),confint(avgm2,level=0.85))
averaged<-cbind(coef(avgm2),confint(avgm2,level=0.85))
averaged
averaged<-as.data.frame(averaged)
write_xlsx(averaged, "albipriv_mod_avg_coefs.xlsx", col_names=TRUE,
format_headers=F)
avg_pred_lambda <- predict(avgm2, type="state", se.fit = TRUE)
cbind(avg_pred_lambda$fit,avg_pred_lambda$se.fit,(avg_pred_lambda$fit/avg_
pred_lambda$se.fit))
cbind(avg_pred_lambda$fit,counts,(avg_pred_lambda$fit/counts))
#Averaged predictions clearly correlated with counts
#But predictions larger than the corresponding counts...
ggplot(data, aes(counts,avg_pred_lambda$fit)) + geom_point() +
geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)
avg_pred_r <- predict(avgm2, type="det", se.fit = TRUE)
cbind(avg_pred_r$fit,avg_pred_r$se.fit)

#Null model results
summary(mp)
#Back-transformed estimates

```

```

#Mean density
(lambda_null <- linearComb(mp, type = "state", coefficients = c(1)))
(lambda_null <- backTransform(lambda_null))#59.5 host-seeking mosquito
females per site
confint(lambda_null, level=0.85)#From 51.9 to 68.25
mean(counts)#Observed mean: 33.43 host-seeking mosquito females caught per
site
catch_null<-glmmTMB(counts~1, family="poisson", data=data)
exp(confint(catch_null))#Same as observed mean: 33.43, CI 31.43 to 35.57
#Mean (per capita) capture probability
(p_null <- linearComb(mp, type = "det", coefficients = c(1)))
(p_null <- backTransform(p_null)) #0.186
confint(p_null, level=0.85)#From 0.155 to 0.2224
#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
((59.5*0.186)/2)/1.82#3.04 (about 3 per hour)
prednull_lambda <- predict(mp, type="state", level=0.85, newdata=NULL)
prednull_p <- predict(mp, type="det", level=0.85, newdata=NULL)
prednull<-head(cbind(prednull_lambda,prednull_p),n=1)
#Write an Excel with null-model predictions, SEs, and 85% CIs
write_xlsx(as.data.frame(prednull), "albipriv_null_mod_predictions.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Top model results
mptop<-(get.models(dredsatsat, 1)[[1]])
predtop_lambda <- predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=NULL)
summary(predtop_lambda)
predtop_p <- predict(mptop, type="det", level=0.85, newdata=NULL)
summary(predtop_p)
summary(mptop)
confint(mptop, type="state", level=0.85)
confint(mptop, type="det", level=0.85)
#Write an Excel with top-model coefficients, SEs, and 85% CIs
#Lambda
terms_lam <- rownames(coef(mptop,type="state"))
lam <- coef(mptop,type="state")
SE_lam <- sqrt(diag(vcov(mptop,type="state")))
CI_lam <- confint(mptop,type="state",level=0.85)
averaged_lam<-cbind(lam,SE_lam,CI_lam)
averaged_lam<-as.data.frame(averaged_lam)
averaged_lam <- rownames_to_column(averaged_lam, "Terms")
#r
terms_r <- rownames(coef(mptop,type="det"))
r <- coef(mptop,type="det")
SE_r <- sqrt(diag(vcov(mptop,type="det")))
CI_r <- confint(mptop,type="det",level=0.85)
averaged_r<-cbind(r,SE_r,CI_r)
averaged_r<-as.data.frame(averaged_r)

```

```

averaged_r <- rownames_to_column(averaged_r, "Terms")
write_xlsx(list(averaged_lam, averaged_r), "albipriv_top_mod_coefs.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Getting top-model predictions the "predict" way...
predsites<-predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=NULL,
appendData=F)
predsites
summary(predsites)
write_xlsx(predsites, "albipriv_top_mod_predictions_sites.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)
ggplot(predsites, aes(counts, Predicted)) + geom_point() +
geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)

#New data frame with all possible combinations of factor levels
combinations <- expand.grid(
  human = factor(c("A_low", "B_intermediate", "C_high")),
  water = factor(c(0, 1)),
  bird_m = factor(c(0, 1)),
  monkey = factor(c(0, 1))
)
#Rename the factors to match original names
combinations <- within(combinations, human <- factor(human, levels = c("A_low",
"B_intermediate", "C_high")))
preda<-predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=combinations,
appendData=T)
preda
write_xlsx(preda, "albipriv_top_mod_predictions_combinations.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Back-transformed estimates
summary(mptop)
#Density
(lamb0 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients = c(1,0,0,0,0,0)))#Sites
with few birds, low use, no monkeys seen, no visible water course
(bt lamb0 <- backTransform(lamb0))#128 mosquitoes
confint(bt lamb0, level=0.85)#From 81.46 to 199.9
(lamb1 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients = c(1,1,1,0,0,0)))#Sites
with many birds, intermediate use, no monkeys seen, no visible water course
(bt lamb1 <- backTransform(lamb1))#163 mosquitoes
confint(bt lamb1, level=0.85)#From 102.1 to 259.4
(lamb2 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients = c(1,1,0,1,1,0)))#Sites
with many birds, high use, monkeys seen, no visible water course
(bt lamb2 <- backTransform(lamb2))#396
confint(bt lamb2, level=0.85)#From 244.6 to 640.4
#etc...

#Capture, the "predict" way

```

```

newdatp      =      data.frame(rhmax      =      seq(-2.5,      1.5,
0.1),effort=rep(0),rain=as.factor(rep(0)),top_expert=as.factor(rep(0)))#RH  max
approx. 50-100%
predp<-predict(mptop,      type="det",      level=0.85,      newdata=newdatp,
appendData=T)
write_xlsx(predp, "albipriv_top_mod_predictions_rA.xlsx", col_names=TRUE,
format_headers=F)
ggplot(predp, aes(rhmax,Predicted)) + geom_line(col='cadetblue', alpha=1,
linewidth=1.5) + geom_ribbon(aes(ymin = lower, ymax = upper), fill='cadetblue',
alpha=0.3) + ylim(0,0.25)

```

```

newdatpB      =      data.frame(rhmax=rep(0),effort=seq(-
3,3,0.1),rain=as.factor(rep(0)),top_expert=as.factor(rep(1)))#RH  max  approx.
50-100%
predpB<-predict(mptop,      type="det",      level=0.85,      newdata=newdatpB,
appendData=T)
write_xlsx(predp, "albipriv_top_mod_predictions_rB.xlsx", col_names=TRUE,
format_headers=F)
ggplot(predpB, aes(effort,Predicted)) + geom_line(col='coral2', alpha=1,
linewidth=1.5) + geom_ribbon(aes(ymin = lower, ymax = upper), fill='coral2',
alpha=0.3) + ylim(0,0.25)

```

#In general

```

newdatp1      =      data.frame(top_expert=as.factor(c(1,0,1,0)),
rain=as.factor(c(0,0,1,1)),      effort=c(-2.39,-2.39,-2.39,-2.39),
rhmax=c(0,0,0,0))#effort of about 1h, mean rmax (84.8%)
predp<-predict(mptop,      type="det",      level=0.85,      newdata=newdatp1,
appendData=T)
predp
write_xlsx(predp, "albipriv_top_mod_predictions_r.xlsx", col_names=TRUE,
format_headers=F)

```

#If there is a continuous covariate

```

newdatp1 = data.frame(top_expert=as.factor(rep(0)), rhmax=seq(-2.5, 1.5, 0.1),
rain=as.factor(rep(0)), effort=rep(-3.39))
predp1<-predict(mptop,      type="det",      level=0.85,      newdata=newdatp1,
appendData=T)
newdatp2 = data.frame(top_expert=as.factor(rep(1)), rhmax=seq(-2.5, 1.5, 0.1),
rain=as.factor(rep(0)), effort=rep(-2.39))
predp2<-predict(mptop,      type="det",      level=0.85,      newdata=newdatp2,
appendData=T)
newdatp3 = data.frame(top_expert=as.factor(rep(0)), rhmax=seq(-2.5, 1.5, 0.1),
rain=as.factor(rep(0)), effort=rep(-1.39))
predp3<-predict(mptop,      type="det",      level=0.85,      newdata=newdatp3,
appendData=T)
newdatp4 = data.frame(top_expert=as.factor(rep(1)), rhmax=seq(-2.5, 1.5, 0.1),
rain=as.factor(rep(0)), effort=rep(-0.39))

```

```

predp4<-predict(mptop, type="det", level=0.85, newdata=newdatp4,
appendData=T)
write_xlsx(cbind(predp1,predp2,predp3,predp4),
"predictions_albipriv_detection_$_CASES.xlsx", col_names=TRUE,
format_headers=F)
ggplot(predp1, aes(rhmax,Predicted)) + geom_line(col='gold3', alpha=1, size=1)
+ geom_ribbon(aes(ymin = lower, ymax = upper), fill='gold3', alpha=0.3) +
ylim(0,0.25) +
geom_line(data=predp2, col='coral2', alpha=1, size=1) +
geom_ribbon(data=predp2, aes(ymin = lower, ymax = upper), fill='coral2',
alpha=0.3) +
geom_line(data=predp3, col='darkolivegreen3', alpha=1, size=1) +
geom_ribbon(data=predp3, aes(ymin = lower, ymax = upper),
fill='darkolivegreen3', alpha=0.3) +
geom_line(data=predp4, col='cadetblue', alpha=1, size=1) +
geom_ribbon(data=predp4, aes(ymin = lower, ymax = upper), fill='cadetblue',
alpha=0.3)

#Capture
(p0 <- linearComb(mptop, type = "det", coefficients = c(1,0,0,0,0)))#Mean effort,
mean rhmax, no rain, no top expert
(btp0 <- backTransform(p0))#0.0596 VERY LOW
confint(btp0, level=0.85)#0.0352 to 0.09932
(p1 <- linearComb(mptop, type = "det", coefficients = c(1,0,0,0,1)))#Mean effort,
mean rhmax, no rain, top expert
(btp1 <- backTransform(p1))#0.0846 also VERY LOW
confint(btp1, level=0.85)#0.0508 to 0.1376
(p2 <- linearComb(mptop, type = "det", coefficients = c(1,-2.4,0,0,1)))#1-h effort,
mean rhmax, no rain, top expert
(btp2 <- backTransform(p2))#0.0625 also VERY LOW
confint(btp2, level=0.85)#0.036 to 0.1077
#... etc...
#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
#Site of high use, no water, birds, monkeys ( $\lambda=396$ , CI 245-640)
#r from expert over mean effort, no rain, average RH (0.085)
((396*0.085)/2)/1.82#9.25
((245*0.085)/2)/1.82#5.72
((640*0.085)/2)/1.82#14.95
#r from expert over 1-h effort, no rain, average RH (0.063)
((396*0.0625)/2)#12.47
((245*0.0625)/2)#7.66
((640*0.0625)/2)#20.00

#Empirical Bayes estimation of random effects
#See ROYLE 2004a,b
#Started with K=300 but plot suggested need to increase because of Site1; used
400 but results practically the same with 350

```



```

retop<-unmarked::ranef(mptop, K=400)#Need to add "unmarked::" to avoid
calling glmmTMB
plot(retop)
modetop <- bup(retop, stat="mode")
meantop <- bup(retop, stat="mean")
citop <- confint(retop, level=0.85)
cbind(counts,modetop,meantop,citop)
summary(meantop)
summary(citop)
#All together
empbayes<-cbind(counts,modetop,meantop,citop,predtop_lambda)
print(empbayes)
write_xlsx(empbayes, "albipriv_empirical_bayes.xlsx", col_names=TRUE,
format_headers=F)
#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
#Highest-density site: site 1 - Trilha da Capivara ( $\lambda=312$ , CI 291-334)
#r from expert over mean effort, no rain, average RH (0.085)
((312*0.085)/2)/1.82#7.29
((291*0.085)/2)/1.82#6.80
((334*0.085)/2)/1.82#7.80
#r from expert over 1-h effort, no rain, average RH (0.063)
((312*0.0625)/2)#9.75
((291*0.0625)/2)#9.09
((334*0.0625)/2)#10.44

#Observed vs empirical-Bayes predicted plot
ggplot(data, aes(counts,meantop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)
#Predicted vs empirical-Bayes predicted plot
ggplot(data, aes(predsites$Predicted,meantop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)
#Other plots vs empirical-Bayes
ggplot(data, aes(human,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","gold","darkorange2"), alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
  xlab("Human use") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("A_low" = "Low", "B_intermediate" = "Intermediate",
"C_high" = "High"))
ggplot(data, aes(high,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","darkorange1"), alpha=0.5, outlier.shape =
NA) +
  xlab("Human use") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "Low/Intermediate", "1" = "High"))
data$water = with(data, reorder(water, meantop, median))
ggplot(data, aes(water,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("cadetblue","gold"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Water course") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +

```

```

scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(dist,meantop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85) +
  xlab("Distance to forest edge (standardized)") + ylab("Predicted density (mean,
random effects)")
data$edge = with(data, reorder(edge, meantop, median))
ggplot(data, aes(edge,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("yellow","olivedrab4"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Sampling point ≤50m from forest edge") + ylab("Predicted density (mean,
random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(wide,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("yellow","olivedrab4"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Wide (>200m) forest patch") + ylab("Predicted density (mean, random
effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(monkey,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("lightgoldenrodyellow","tan3"), alpha=0.5, outlier.shape =
NA) +
  xlab("NHPs seen") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(bird_m,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1","darkseagreen4"), alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
  xlab("Bird counts") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "Up to 12", "1" = "13 or more"))

```

Aedes albopictus

```

#Read and organize data
data<-read.table(file.choose(),header=TRUE) # data is "albopictus_data"
data$human<-factor(data$human)
data$high<-as.factor(data$high)
data$interm<-as.factor(data$interm)
data$low<-as.factor(data$low)
data$water<-as.factor(data$water)
data$wide<-as.factor(data$wide)
data$edge<-as.factor(data$edge)
data$monkey<-as.factor(data$monkey)
data$bird_q<-factor(data$bird_q)
data$bird_m<-as.factor(data$bird_m)

data$rain_1<-as.factor(data$rain_1)
data$rain_3<-as.factor(data$rain_3)
data$rain_5<-as.factor(data$rain_5)
data$rain_7<-as.factor(data$rain_7)
data$morning_1<-as.factor(data$morning_1)

```

```

data$morning_3<-as.factor(data$morning_3)
data$morning_5<-as.factor(data$morning_5)
data$morning_7<-as.factor(data$morning_7)
data$experts_1<-as.factor(data$experts_1)
data$experts_3<-as.factor(data$experts_3)
data$experts_5<-as.factor(data$experts_5)
data$experts_7<-as.factor(data$experts_7)
data$top_expert_1<-as.factor(data$top_expert_1)
data$top_expert_3<-as.factor(data$top_expert_3)
data$top_expert_5<-as.factor(data$top_expert_5)
data$top_expert_7<-as.factor(data$top_expert_7)

y <- data[ ,2:5]
siteCovs <- data[ ,6:20]
obsCovs <- list(effort = data[ ,21:24], rain = data[ ,25:28], morning = data [ ,29:32],
experts = data [ ,33:36], top_expert = data [ ,37:40], tmax = data [ ,41:44], tmin =
data [ ,45:48], tmean = data [ ,49:52], rhmax = data [ ,53:56], rhmin = data [
,57:60], rhmean = data [ ,61:64])
counts<-rowSums(y)
cbind(counts)
sum(counts)
max(y)

#####unmarkedFrameMPois for REMOVAL SAMPLING
#Unmarked frame (ufm) object
umf <- unmarkedFrameMPois(y = y, siteCovs = siteCovs, obsCovs = obsCovs,
type="removal")
summary(umf)

getOption("max.print")
options(max.print = 99999999)
getOption("digits")
options(digits=4)
options(na.action = "na.fail")#MuMIn needs this

#####Some exploratory stuff#####
#Poisson +
#"OLRE" (observation-level random effect) to account for overdispersion
(https://peerj.com/articles/616/) +
#offset log(hours)
#Null
glm0<-glmmTMB(counts~1+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm0)
exp(confint(glm0))
mean(counts)/mean(data$hours)
lme4:::dotplot.ranef.mer(ranef(glm0)$cond)
#Counts (catch per hour) vs density predictors

```

```

#Human use
ggplot(data, aes(human,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","gold","darkorange2"), alpha=0.5,
  outlier.shape = NA) +
  xlab("Human use") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("A_low" = "Low", "B_intermediate" = "Intermediate",
"C_high" = "High"))
glm1<-glmmTMB(counts~human+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm1)
exp(confint(glm1))
lme4:::dotplot.ranef.mer(ranef(glm1)$cond)
AICctab(glm0,glm1,base=T)#No evidence of human-use level effects

```

```

#And... we may look at random-effects "conditional modes", which help us see
how lambda varied among sampling POINTS (the "id" random effect)...
randoms<-ranef(glm1, condVar = TRUE)
write_xlsx(as.data.frame(randoms), "albop_randoms_glm1.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)
#This saves an excel with the random-effect conditional modes and SD (mode
+/- [1.96*SD] gives dotplot data)

```

```

#Edge
ggplot(data, aes(dist,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='olivedrab4', level=0.85) +
  xlab("Distance to forest edge (standardized)") + ylab("Catch per hour")
glm2<-glmmTMB(counts~dist+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm2)

```

```

ggplot(data, aes(edge,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("olivedrab","yellow"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Sampling point ≤50m from forest edge") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm2b<-glmmTMB(counts~edge+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm2b)
AICctab(glm0,glm2,glm2b, base=T)

```

```

#Forest width
ggplot(data, aes(width,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='olivedrab4', level=0.85) +
  xlab("Forest-patch width (standardized)") + ylab("Catch per hour")
glm3<-glmmTMB(counts~width+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm3)

```

```

ggplot(data, aes(wide,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +

```

```

geom_boxplot(fill=c("yellow","olivedrab"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
xlab("Wide (>200m) forest patch") + ylab("Catch per hour") +
scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm3b<-glmmTMB(counts~wide+offset(log(hours))+1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm3b)
AICctab(glm0,glm3,glm3b, base=T)

```

#Water

```

ggplot(data, aes(water,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
geom_boxplot(fill=c("gold","cadetblue"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
xlab("Water course near sampling point") + ylab("Catch per hour") +
scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm4<-glmmTMB(counts~water+offset(log(hours))+1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm4)

```

#Hosts

```

ggplot(data, aes(monkey,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
geom_boxplot(fill=c("lightgoldenrodyellow","tan3"), alpha=0.5, outlier.shape =
NA) +
xlab("NHP seen at sampling point") + ylab("Catch per hour") +
scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm6<-glmmTMB(counts~monkey+offset(log(hours))+1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm6)

```

#Birds

```

ggplot(data, aes(birds,counts/hours)) + geom_point() +
geom_smooth(method = "glm", formula = y ~ x, col='olivedrab4', level=0.85) +
xlab("Bird counts (standardized)") + ylab("Catch per hour")
ggplot(data, aes(birds,counts/hours)) + geom_point() +
geom_smooth(method = "glm", formula = y ~ poly(x, 2), col='olivedrab4',
level=0.85) +
xlab("Bird counts (standardized)") + ylab("Catch per hour")
glm5<-glmmTMB(counts~birds+offset(log(hours))+1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm5)

```

#Quartiles (bird_q)

```

ggplot(data, aes(bird_q,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1","darkseagreen3","darkseagreen4"),
alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
xlab("Bird counts") + ylab("Catch per hour") +
scale_x_discrete(labels = c("a" = "<9", "b" = "9-19", "c" = ">19"))
glm5b<-glmmTMB(counts~bird_q+offset(log(hours))+1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm5c)

```

```

#Or a 2-level factor (median, bird_m)
ggplot(data, aes(bird_m, counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1", "darkseagreen4"), alpha=0.5,
  outlier.shape = NA) +
  xlab("Bird counts") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "Up to 12", "1" = "13 or more"))
glm5d<-glmmTMB(counts~bird_m+offset(log(hours))+1|id, family="poisson",
data=data)
summary(glm5c)
AICctab(glm0,glm5,glm5b,glm5c, base=T)

#####Models#####

#Null model
mp<-multinomPois(~1~1, umf, se=TRUE)

#Sampling covariates
mp_morning<-multinomPois(~morning~1, umf, se=TRUE)
mp_effort<-multinomPois(~effort~1, umf, se=TRUE)
mp_rain<-multinomPois(~rain~1, umf, se=TRUE)
#Experts or Obara?
mp_experts<-multinomPois(~experts~1, umf, se=TRUE)
mp_top_expert<-multinomPois(~top_expert~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_experts,mp_top_expert, base=T)
#Which temperature?
mp_tmax<-multinomPois(~tmax~1, umf, se=TRUE)
mp_tmean<-multinomPois(~tmean~1, umf, se=TRUE)
mp_tmin<-multinomPois(~tmin~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_tmax,mp_tmean,mp_tmin, base=T)
#Which RH?
mp_rhmax<-multinomPois(~rhmax~1, umf, se=TRUE)
mp_rhmean<-multinomPois(~rhmean~1, umf, se=TRUE)
mp_rhmin<-multinomPois(~rhmin~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_rhmax,mp_rhmean,mp_rhmin, base=T)

#Choose alternative density covariates
#Use full detection submodel: effort + morning + rain + the alternative covariates
yielding lower AICc (experts, tmin, rhmax)
#Edge
mp_lambda_edge<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmin+rhmax~edge, umf,
se=TRUE)
mp_lambda_dist<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmin+rhmax~dist, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_edge,mp_lambda_dist, base=T)
#Width of forest patch

```

```

mp_lambda_width<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmin+rhmax~width,          umf,
se=TRUE)
mp_lambda_wide<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmin+rhmax~wide, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_width,mp_lambda_wide, base=T)
#Birds
mp_lambda_birds<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmin+rhmax~birds, umf, se=TRUE)
mp_lambda_birdq<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmin+rhmax~bird_q,          umf,
se=TRUE)
mp_lambda_birdm<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmin+rhmax~bird_m,          umf,
se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_birds,mp_lambda_birdq,mp_lambda_birdm, base=T)
#The alternative covariates yielding lower AICc are dist, width, and birds

#A saturated model (with the alternative covariates yielding lower AICc)
mp_sat<-
multinomPois(~effort+morning+rain+experts+tmin+rhmax~width+monkey+hum
an+birds+dist+water, umf, se=TRUE)
summary(mp_sat)
unmarked::vif(mp_sat, type="state")
unmarked::vif(mp_sat, type="det")
#Dredge the model
dredsats<-dredge(mp_sat)#Fast
head(dredsats,n=20)
#Top is p(.), lambda(human,water,width); many deltas <2
sw(dredsats)#width .93; human .86; water .52; rhmax .46
summary(model.avg(dredsats))
cbind(coef(model.avg(dredsats)),confint(model.avg(dredsats),level=0.85))
####Selecting models to model average: all vs delta up to 10 ("essentially no
support from the data")####
modset1<-get.models(dredsats, subset = cumsum(weight) <= 1)
avgm1<-model.avg(modset1)
summary(avgm1)
cbind(coef(avgm1),confint(avgm1,level=0.85))
modset2<-get.models(dredsats, subset = delta <= 10)
avgm2<-model.avg(modset2)
summary(avgm2)
cbind(coef(avgm2),confint(avgm2,level=0.85))
averaged<-cbind(coef(avgm2),confint(avgm2,level=0.85))
averaged
averaged<-as.data.frame(averaged)
write_xlsx(averaged,          "albop_mod_avg_coefs.xlsx",          col_names=TRUE,
format_headers=F)
avg_pred_lambda <- predict(avgm2, type="state", se.fit = TRUE)

```

```

cbind(avg_pred_lambda$fit,avg_pred_lambda$se.fit,(avg_pred_lambda$fit/avg_
pred_lambda$se.fit))
cbind(avg_pred_lambda$fit,counts,(avg_pred_lambda$fit/counts))
#Predictions overall SMALLER than the corresponding count...
ggplot(data, aes(counts,avg_pred_lambda$fit)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)
avg_pred_r <- predict(avgm2, type="det", se.fit = TRUE)
cbind(avg_pred_r$fit,avg_pred_r$se.fit)

#Null model results
summary(mp)
#Back-transformed estimates
#Mean density
(lambda_null <- linearComb(mp, type = "state", coefficients = c(1)))
(lambda_null <- backTransform(lambda_null))#1.1 host-seeking mosquito
females per site
confint(lambda_null, level=0.85)#From 0.53 to 2.30
mean(counts)#Observed mean: 0.7 host-seeking mosquito females caught per
site
catch_null<-glmmTMB(counts~1, family="poisson", data=data)
exp(confint(catch_null))#Same as observed mean: 0.7, CI 0.46 to 1.074
#Mean (per capita) capture probability
(p_null <- linearComb(mp, type = "det", coefficients = c(1)))
(p_null <- backTransform(p_null))#0.223
confint(p_null, level=0.85)#From 0.073 to 0.5114
#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
((1.1*0.223)/2)/1.82#0.0674
prednull_lambda <- predict(mp, type="state", level=0.85, newdata=NULL)
prednull_p <- predict(mp, type="det", level=0.85, newdata=NULL)
prednull<-head(cbind(prednull_lambda,prednull_p),n=1)
#Write an Excel with null-model predictions, SEs, and 85% CIs
write_xlsx(as.data.frame(prednull), "albop_null_mod_predictions.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Top model results
mptop<-(get.models(dredsdat, 1)[[1]])
predtop_lambda <- predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=NULL)
summary(predtop_lambda)
predtop_p <- predict(mptop, type="det", level=0.85, newdata=NULL)
summary(predtop_p)
summary(mptop)
confint(mptop, type="state", level=0.85)
confint(mptop, type="det", level=0.85)
#Write an Excel with top-model coefficients, SEs, and 85% CIs
#Lambda
terms_lam <- rownames(coef(mptop,type="state"))
lam <- coef(mptop,type="state")

```



```

SE_lam <- sqrt(diag(vcov(mptop,type="state")))
CI_lam <- confint(mptop,type="state",level=0.85)
averaged_lam<-cbind(lam,SE_lam,CI_lam)
averaged_lam<-as.data.frame(averaged_lam)
averaged_lam <- rownames_to_column(averaged_lam, "Terms")
#r
terms_r <- rownames(coef(mptop,type="det"))
r <- coef(mptop,type="det")
SE_r <- sqrt(diag(vcov(mptop,type="det")))
CI_r <- confint(mptop,type="det",level=0.85)
averaged_r<-cbind(r,SE_r,CI_r)
averaged_r<-as.data.frame(averaged_r)
averaged_r <- rownames_to_column(averaged_r, "Terms")
write_xlsx(list(averaged_lam,averaged_r),          "albop_top_mod_coefs.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Getting top-model predictions the "predict" way...
predsites<-predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=NULL,
appendData=F)
predsites
write_xlsx(predsites,          "albop_top_mod_predictions_sites.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)
ggplot(predsites, aes(counts,Predicted)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)

#New data frame with all possible combinations of factor levels
combinations <- expand.grid(
  human = factor(c("A_low", "B_intermediate", "C_high")),
  water = factor(c(0, 1)),
  width=c(-1,0,1)
)
#Rename the factors to match original names
combinations <- within(combinations, human <- factor(human, levels = c("A_low",
"B_intermediate", "C_high")))
preda<-predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=combinations,
appendData=T)
preda
write_xlsx(preda,          "albop_top_mod_predictions_combinations.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Back-transformed estimates
#Density
(lamb0 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients = c(1,0,1,0,0)))#Sites
with high human use, no water course, average-width patch (about 270m)
(bt1amb0 <- backTransform(lamb0))#9.14 mosquitoes
confint(bt1amb0, level=0.85)#From 2.95 to 28.35
(lamb1 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients = c(1,0,1,1,0)))#Sites
with high human use, water course, average-width patch

```

```

(btlamb1 <- backTransform(lamb1))#1.92 mosquitoes
confint(btlamb1, level=0.85)#From 0.85 to 4.34
(lamb2 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients = c(1,0,1,1,-1)))#Sites
with high human use, water course, narrower patch (about 150m)
(btlamb2 <- backTransform(lamb2))#6.88 mosquitoes
confint(btlamb2, level=0.85)#From 2.91 to 16.26
#etc...

#Capture
(p0 <- linearComb(mptop, type = "det", coefficients = c(1)))
(btp0 <- backTransform(p0))#0.223
confint(btp0, level=0.85)#0.073 to 0.511
predp<-predict(mptop, type="det", level=0.85)
predp
write_xlsx(head(predp,n=1), "albop_top_mod_predictions_r.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
#Site of high use, no water course, relatively narrow patch ( $\lambda=33$ , CI 7.7-139.5)
#r (0.223)
((33*0.223)/2)/1.82#2.02
((7.7*0.223)/2)/1.82#0.47
((139.5*0.223)/2)/1.82#8.55
#Site of high use, water course, relatively narrow patch ( $\lambda=6.9$ , CI 2.9-16.3)
#r (0.223)
((6.9*0.223)/2)/1.82#0.43
((2.9*0.223)/2)/1.82#0.18
((16.3*0.223)/2)/1.82#0.999

#Empirical Bayes estimation of random effects
#Used by Ficaretola 2018 SciReps
#See ROYLE 2004a,b
retop<-unmarked::ranef(mptop, K=20)#Need to add "unmarked::" to avoid calling
glmmTMB
plot(retop)
modetop <- bup(retop, stat="mode")
meantop <- bup(retop, stat="mean")
citop <- confint(retop, level=0.85)
cbind(counts,modetop,meantop,citop)
summary(meantop)
summary(citop)
#All together
cbind(counts,modetop,meantop,citop,predtop_lambda)
#All together
empbayes<-cbind(counts,modetop,meantop,citop,predtop_lambda)
print(empbayes)

```

```

write_xlsx(empbayes, "albop_empirical_bayes.xlsx", col_names=TRUE,
format_headers=F)
#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
#Highest-density site: site 24 - Estacionamento Piscina Nova ( $\lambda=10.5$ , CI 8-13)
#r (0.223)
((10.5*0.223)/2)/1.82#0.64
((8*0.223)/2)/1.82#0.5
((13*0.223)/2)/1.82#0.80

#Observed vs predicted plot
ggplot(data, aes(counts,meantop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)
#Predicted vs empirical-Bayes predicted plot
ggplot(data, aes(predsites$Predicted,meantop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)
#Other plots vs empirical-Bayes
ggplot(data, aes(human,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","gold","darkorange2"), alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
  xlab("Human use") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("A_low" = "Low", "B_intermediate" = "Intermediate",
"C_high" = "High"))
ggplot(data, aes(high,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","darkorange1"), alpha=0.5, outlier.shape =
NA) +
  xlab("Human use") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "Low/Intermediate", "1" = "High"))
data$water = with(data, reorder(water, meantop, median))
ggplot(data, aes(water,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("cadetblue","gold"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Water course") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(dist,meantop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85) +
  xlab("Distance to forest edge (standardized)") + ylab("Predicted density (mean,
random effects)")
data$edge = with(data, reorder(edge, meantop, median))
ggplot(data, aes(edge,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("yellow","olivedrab4"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Sampling point  $\leq 50$ m from forest edge") + ylab("Predicted density (mean,
random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(wide,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("yellow","olivedrab4"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Wide (>200m) forest patch") + ylab("Predicted density (mean, random
effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))

```

```

ggplot(data, aes(monkey,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("lightgoldenrodyellow","tan3"), alpha=0.5, outlier.shape =
NA) +
  xlab("NHPs seen") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(bird_m,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1","darkseagreen4"), alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
  xlab("Bird counts") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "Up to 12", "1" = "13 or more"))

```

Aedes serratus

```

#Read and organize data
data<-read.table(file.choose(),header=TRUE) # data is "serratus_data"
data$human<-factor(data$human)
data$high<-as.factor(data$high)
data$interm<-as.factor(data$interm)
data$low<-as.factor(data$low)
data$water<-as.factor(data$water)
data$wide<-as.factor(data$wide)
data$edge<-as.factor(data$edge)
data$monkey<-as.factor(data$monkey)
data$bird_q<-factor(data$bird_q)
data$bird_m<-as.factor(data$bird_m)

data$rain_1<-as.factor(data$rain_1)
data$rain_3<-as.factor(data$rain_3)
data$rain_5<-as.factor(data$rain_5)
data$rain_7<-as.factor(data$rain_7)
data$morning_1<-as.factor(data$morning_1)
data$morning_3<-as.factor(data$morning_3)
data$morning_5<-as.factor(data$morning_5)
data$morning_7<-as.factor(data$morning_7)
data$experts_1<-as.factor(data$experts_1)
data$experts_3<-as.factor(data$experts_3)
data$experts_5<-as.factor(data$experts_5)
data$experts_7<-as.factor(data$experts_7)
data$top_expert_1<-as.factor(data$top_expert_1)
data$top_expert_3<-as.factor(data$top_expert_3)
data$top_expert_5<-as.factor(data$top_expert_5)
data$top_expert_7<-as.factor(data$top_expert_7)

y <- data[,2:5]
siteCovs <- data[,6:20]

```

```

obsCovs <- list(effort = data[,21:24], rain = data[,25:28], morning = data[,29:32],
experts = data[,33:36], top_expert = data[,37:40], tmax = data[,41:44], tmin =
data[,45:48], tmean = data[,49:52], rhmax = data[,53:56], rhmin = data[,
,57:60], rhmean = data[,61:64])
counts<-rowSums(y)
cbind(counts)
sum(counts)
max(y)

####unmarkedFrameMPois for REMOVAL SAMPLING
#Unmarked frame (ufm) object
umf <- unmarkedFrameMPois(y = y, siteCovs = siteCovs, obsCovs = obsCovs,
type="removal")
summary(umf)

getOption("max.print")
options(max.print = 99999999)
getOption("digits")
options(digits=4)
options(na.action = "na.fail")#MuMIn needs this

####Some exploratory stuff####
#Poisson +
#"OLRE" (observation-level random effect) to account for overdispersion
(https://peerj.com/articles/616/) +
#offset log(hours)
#Null
glm0<-glmmTMB(counts~1+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm0)
exp(confint(glm0))
mean(counts)/mean(data$hours)
lme4::dotplot.ranef.mer(ranef(glm0)$cond)
#Counts (catch per hour) vs density predictors
#Human use
ggplot(data, aes(human,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","gold","darkorange2"), alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
xlab("Human use") + ylab("Catch per hour") +
scale_x_discrete(labels = c("A_low" = "Low", "B_intermediate" = "Intermediate",
"C_high" = "High"))
glm1<-glmmTMB(counts~human+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm1)
exp(confint(glm1))
lme4::dotplot.ranef.mer(ranef(glm1)$cond)
AICctab(glm0,glm1,base=T)

```

#And... we may look at random-effects "conditional modes", which help us see how lambda varied among sampling POINTS (the "id" random effect)...

```
randoms<-ranef(glm1, condVar = TRUE)
write_xlsx(as.data.frame(randoms), "serratus_randoms_glm1.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)
#This saves an excel with the random-effect conditional modes and SD (mode +/- [1.96*SD] gives dotplot data)
```

#Edge

```
ggplot(data, aes(dist,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='olivedrab4', level=0.85) +
  xlab("Distance to forest edge (standardized)") + ylab("Catch per hour")
glm2<-glmmTMB(counts~dist+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm2)
```

```
ggplot(data, aes(edge,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("olivedrab", "yellow"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Sampling point ≤50m from forest edge") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm2b<-glmmTMB(counts~edge+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm2b)
AICctab(glm0,glm2,glm2b, base=T)
```

#Forest width

```
ggplot(data, aes(width,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='olivedrab4', level=0.85) +
  xlab("Forest-patch width (standardized)") + ylab("Catch per hour")
glm3<-glmmTMB(counts~width+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm3)
```

```
ggplot(data, aes(wide,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("yellow", "olivedrab"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Wide (>200m) forest patch") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm3b<-glmmTMB(counts~wide+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm3b)
AICctab(glm0,glm3,glm3b, base=T)
```

#Water

```
ggplot(data, aes(water,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("gold", "cadetblue"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Water course near sampling point") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
```

```
glm4<-glmmTMB(counts~water+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm4)
```

```
#Hosts
```

```
ggplot(data, aes(monkey,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("lightgoldenrodyellow","tan3"), alpha=0.5, outlier.shape =
NA) +
  xlab("NHP seen at sampling point") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm6<-glmmTMB(counts~monkey+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm6)
```

```
#Birds
```

```
ggplot(data, aes(birds,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", formula = y ~ x, col='olivedrab4', level=0.85) +
  xlab("Bird counts (standardized)") + ylab("Catch per hour")
ggplot(data, aes(birds,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", formula = y ~ poly(x, 2), col='olivedrab4',
level=0.85) +
  xlab("Bird counts (standardized)") + ylab("Catch per hour")
glm5<-glmmTMB(counts~birds+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm5)
```

```
#Quartiles (bird_q)
```

```
ggplot(data, aes(bird_q,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1","darkseagreen3","darkseagreen4"),
alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Bird counts") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("a" = "<9", "b" = "9-19", "c" = ">19"))
glm5b<-glmmTMB(counts~bird_q+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm5b)
```

```
#Or a 2-level factor (median, bird_m)
```

```
ggplot(data, aes(bird_m,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1","darkseagreen4"), alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
  xlab("Bird counts") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "Up to 12", "1" = "13 or more"))
glm5c<-glmmTMB(counts~bird_m+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm5c)
AICctab(glm0,glm5,glm5b,glm5c, base=T)
```

```
#####Models#####
```

```

#Null model
mp<-multinomPois(~1~1, umf, se=TRUE)

#Sampling covariates
mp_morning<-multinomPois(~morning~1, umf, se=TRUE)
mp_effort<-multinomPois(~effort~1, umf, se=TRUE)
mp_rain<-multinomPois(~rain~1, umf, se=TRUE)
#Experts or Obara?
mp_experts<-multinomPois(~experts~1, umf, se=TRUE)
mp_top_expert<-multinomPois(~top_expert~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_experts,mp_top_expert, base=T)
#Which temperature?
mp_tmax<-multinomPois(~tmax~1, umf, se=TRUE)
mp_tmean<-multinomPois(~tmean~1, umf, se=TRUE)
mp_tmin<-multinomPois(~tmin~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_tmax,mp_tmean,mp_tmin, base=T)
#Which RH?
mp_rhmax<-multinomPois(~rhmax~1, umf, se=TRUE)
mp_rhmean<-multinomPois(~rhmean~1, umf, se=TRUE)
mp_rhmin<-multinomPois(~rhmin~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_rhmax,mp_rhmean,mp_rhmin, base=T)

#Choose alternative density covariates
#Use full detection submodel: effort + morning + rain + the alternative covariates
yielding lower AICc (top_expert, tmin, rhmax)
#Edge
mp_lambda_edge<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmax~edge,          umf,
se=TRUE)
mp_lambda_dist<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmax~dist,          umf,
se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_edge,mp_lambda_dist, base=T)
#Width of forest patch
mp_lambda_width<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmax~width,          umf,
se=TRUE)
mp_lambda_wide<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmax~wide,          umf,
se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_width,mp_lambda_wide, base=T)
#Birds
mp_lambda_birds<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmax~birds,          umf,
se=TRUE)

```



```

mp_lambda_birdq<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmax~bird_q,      umf,
se=TRUE)
mp_lambda_birdm<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmax~bird_m,      umf,
se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_birds,mp_lambda_birdq,mp_lambda_birdm, base=T)
#The alternative covariates yielding lower AICc are dist, wide, and birdq

#A saturated model (with the alternative covariates yielding lower AICc)
mp_sat<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmax~human+dist+wide
+water+monkey+bird_q, umf, se=TRUE)#Same as above
summary(mp_sat)
#CONVERGENCE:  $\lambda$ (Intercept)=17.27, SE 487.58;  $r$ (Intercept)=-17.77, SE
487.58
#Dredge the model
dredsatsat<-dredge(mp_sat)
head(dredsatsat,n=50)
#Top is p(eff,mrn,exp,ran,tmin), lambda(human,monk,dist); rest with deltas >2
sw(dredsatsat)#lambda: human 1, dist 1, monk 1, wide .17, birdq <.01; p: morn 1,
tmin 1, topexp 1, eff .9, rain .7, rhmax .23
summary(model.avg(dredsatsat))
#After checking individual models, convergence issues arise because of
detection covariates (morning, weather)
#Simplify CAPTURE submodel: withdraw morning and weather covariates, &
leave effort and expertise
mp_sat<-
multinomPois(~effort+top_expert~human+dist+wide+water+monkey+bird_q,
umf, se=TRUE)#Same as above
summary(mp_sat)
unmarked::vif(mp_sat, type="state")
unmarked::vif(mp_sat, type="det")
#Dredge the model
dredsatsat<-dredge(mp_sat)
head(dredsatsat, n=8)
#Top is p(eff+topexp), lam(dst,hmn,mnk)
sw(dredsatsat)#All 1 but wide ,34, birdq .14, water .12
summary(model.avg(dredsatsat))
cbind(coef(model.avg(dredsatsat)),confint(model.avg(dredsatsat),level=0.85))
#####Can use all models to model average#####
modset<-get.models(dredsatsat, subset = cumsum(weight) <= 1)
avgm<-model.avg(modset)
summary(avgm)
cbind(coef(avgm),confint(avgm,level=0.85))
averaged<-cbind(coef(avgm),confint(avgm,level=0.85))
averaged
averaged<-as.data.frame(averaged)

```

```

write_xlsx(averaged, "serratus_mod_avg_coefs.xlsx", col_names=TRUE)
avg_pred_lambda <- predict(avgm, type="state", se.fit = TRUE)
cbind(avg_pred_lambda$fit,avg_pred_lambda$se.fit,(avg_pred_lambda$fit/avg_
pred_lambda$se.fit))
cbind(avg_pred_lambda$fit,counts,(avg_pred_lambda$fit/counts))

#Averaged predictions somewhat correlated with counts
ggplot(data, aes(counts,avg_pred_lambda$fit)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)
avg_pred_r <- predict(avgm, type="det", se.fit = TRUE)
cbind(avg_pred_r$fit,avg_pred_r$se.fit)

#Null model results
summary(mp)
#Back-transformed estimates
#Mean density
(lambda_null <- linearComb(mp, type = "state", coefficients = c(1)))
(lambda_null <- backTransform(lambda_null))#64.8 host-seeking mosquito
females per site
confint(lambda_null, level=0.85)#From 51.17 to 82.12
mean(counts)#Observed mean: 28.23 host-seeking mosquito females caught per
site
catch_null<-glmmTMB(counts~1, family="poisson", data=data)
exp(confint(catch_null))#Same as observed mean: 28.23, CI 26.39 to 30.2
#Mean (per capita) capture probability
(p_null <- linearComb(mp, type = "det", coefficients = c(1)))
(p_null <- backTransform(p_null))#0.133
confint(p_null, level=0.85)#From 0.099 to 0.177
#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
((65*0.133)/2)/1.82#2.38
prednull_lambda <- predict(mp, type="state", level=0.85, newdata=NULL)
prednull_p <- predict(mp, type="det", level=0.85, newdata=NULL)
prednull<-head(cbind(prednull_lambda,prednull_p),n=1)
#Write an Excel with null-model predictions, SEs, and 85% CIs
write_xlsx(as.data.frame(prednull), "serrat_null_mod_predictions.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Top model results
mptop<-(get.models(dredsats, 1)[[1]])
predtop_lambda <- predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=NULL)
summary(predtop_lambda)
predtop_p <- predict(mptop, type="det", level=0.85, newdata=NULL)
summary(predtop_p)
summary(mptop)
confint(mptop, type="state", level=0.85)
confint(mptop, type="det", level=0.85)
#Write an Excel with top-model coefficients, SEs, and 85% CIs

```

```

#Lambda
terms_lam <- rownames(coef(mptop,type="state"))
lam <- coef(mptop,type="state")
SE_lam <- sqrt(diag(vcov(mptop,type="state")))
CI_lam <- confint(mptop,type="state",level=0.85)
averaged_lam<-cbind(lam,SE_lam,CI_lam)
averaged_lam<-as.data.frame(averaged_lam)
averaged_lam <- rownames_to_column(averaged_lam, "Terms")
#r
terms_r <- rownames(coef(mptop,type="det"))
r <- coef(mptop,type="det")
SE_r <- sqrt(diag(vcov(mptop,type="det")))
CI_r <- confint(mptop,type="det",level=0.85)
averaged_r<-cbind(r,SE_r,CI_r)
averaged_r<-as.data.frame(averaged_r)
averaged_r <- rownames_to_column(averaged_r, "Terms")
write_xlsx(list(averaged_lam,averaged_r), "serrat_top_mod_coefs.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Getting predictions the "predict" way...
predsites<-predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=NULL,
appendData=F)
predsites
summary(predsites)
write_xlsx(predsites, "serratus_predictions_sites.xlsx", col_names=TRUE)
ggplot(predsites, aes(counts,Predicted)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)

#New data frame with all possible combinations of factor levels
combinations <- expand.grid(
  human = factor(c("A_low", "B_intermediate", "C_high")),
  monkey = factor(c(0, 1)),
  dist=c(-1,0,1)
)
#Rename the factors to match original names
combinations <- within(combinations, human <- factor(human, levels = c("A_low",
"B_intermediate", "C_high")))
preda<-predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=combinations,
appendData=T)
preda
write_xlsx(preda, "serrat_top_mod_predictions_combinations.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Back-transformed estimates
#Density
(lamb0 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients = c(1,0,0,0,0)))#Sites at
average distance from edge, low use, no monkeys seen
(bt lamb0 <- backTransform(lamb0))#20.8 mosquitoes

```

```

confint(btlamb0, level=0.85)#From 9.535 to 45.44
(lamb1 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients = c(1,0,0,1,0)))#Sites at
average distance from edge, high use, no monkeys seen
(btlamb1 <- backTransform(lamb1))#71.1 mosquitoes
confint(btlamb1, level=0.85)#From 32.51 to 155.5
#etc...

```

```

#Capture, the "predict" way
combinations_r <- expand.grid(
  top_expert = factor(c(0, 1)),
  effort = c(-2.4,-1,0)
)
predr<-predict(mptop, type="det", level=0.85, newdata=combinations_r,
appendData=T)
predr
write_xlsx(predr, "serrat_top_mod_predictions_combinations_r.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

```

```

#Or
newdatp1 = data.frame(top_expert=as.factor(c(1,0,1,0,1,0)), effort=c(-2.4,-2.4,-
1,-1,0,0))
predp<-predict(mptop, type="det", level=0.85, newdata=newdatp1,
appendData=T)
predp
write_xlsx(predp, "predictions_serratus_detection.xlsx", col_names=TRUE)

```

```

#If there is a continuous covariate
newdatp1 = data.frame(top_expert=as.factor(rep(0)), effort=seq(-2.4, 1, 0.1))
predp1<-predict(mptop, type="det", level=0.85, newdata=newdatp1,
appendData=T)
newdatp2 = data.frame(top_expert=as.factor(rep(1)), effort=seq(-2.4, 1, 0.1))
predp2<-predict(mptop, type="det", level=0.85, newdata=newdatp2,
appendData=T)

```

```

ggplot(predp1, aes(effort,Predicted)) + geom_line(col='gold3', alpha=1,
linewidth=1) + geom_ribbon(aes(ymin = lower, ymax = upper), fill='gold3',
alpha=0.3) + ylim(0,0.3) +
  geom_line(data=predp2, col='coral2', alpha=1, linewidth=1) +
  geom_ribbon(data=predp2, aes(ymin = lower, ymax = upper), fill='coral2',
alpha=0.3)

```

```

#Or
(p0 <- linearComb(mptop, type = "det", coefficients = c(1,-2.4,0)))
(btp0 <- backTransform(p0))#0.03 VERY LOW
confint(btp0, level=0.85)#0.0119 to 0.0735
(p1 <- linearComb(mptop, type = "det", coefficients = c(1,-2.4,1)))
(btp1 <- backTransform(p1))#0.043 also VERY LOW
confint(btp1, level=0.85)#0.0177 to 0.0991

```

```

#etc...

#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
#Site of high use, relatively close to edge, monkeys seen ( $\lambda=76$ , CI 35-164)
#r experts, average effort (0.067)
((76*0.067)/2)/1.82#1.4
((35*0.067)/2)/1.82#0.64
((164*0.067)/2)/1.82#3.02
#r experts, about 1-h effort (0.043)
((76*0.043)/2)#1.6
((35*0.043)/2)#0.75
((164*0.043)/2)#3.53
#etc...

#Empirical Bayes estimation of random effects
#See ROYLE 2004a,b
#Started with K=300 but plot suggested need to increase because of Site1; used
400 but results practically the same with 350
retop<-unmarked::ranef(mptop, K=1000)#Need to add "unmarked::" to avoid
calling glmmTMB
plot(retop)
modetop <- bup(retop, stat="mode")
meantop <- bup(retop, stat="mean")
citop <- confint(retop, level=0.85)
cbind(counts,modetop,meantop,citop)
summary(meantop)
summary(citop)
#All together
empbayes<-cbind(counts,modetop,meantop,citop,predtop_lambda)
print(empbayes)
write_xlsx(empbayes, "serratus_empirical_bayes.xlsx", col_names=TRUE,
format_headers=F)
#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
#Highest-density site: site 19 - Bambuzal da Cibebe ( $\lambda=830$ , CI 792-869)
#r experts, average effort (0.067)
((830*0.067)/2)/1.82#15.3
((792*0.067)/2)/1.82#14.6
((869*0.067)/2)/1.82#16
#r experts, about 1-h effort (0.043)
((830*0.043)/2)#17.8
((792*0.043)/2)#17.0
((869*0.043)/2)#18.7

#Observed vs predicted plot
ggplot(data, aes(counts,meantop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)

```

```

#Predicted vs empirical-Bayes predicted plot
ggplot(data, aes(predsites$Predicted,meantop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)
#Other plots vs empirical-Bayes
ggplot(data, aes(human,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","gold","darkorange2"), alpha=0.5,
  outlier.shape = NA) +
  xlab("Human use") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("A_low" = "Low", "B_intermediate" = "Intermediate",
  "C_high" = "High"))
ggplot(data, aes(high,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","darkorange1"), alpha=0.5, outlier.shape =
  NA) +
  xlab("Human use") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "Low/Intermediate", "1" = "High"))
data$water = with(data, reorder(water, meantop, median))
ggplot(data, aes(water,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("cadetblue","gold"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Water course") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(dist,meantop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85) +
  xlab("Distance to forest edge (standardized)") + ylab("Predicted density (mean,
  random effects)")
data$edge = with(data, reorder(edge, meantop, median))
ggplot(data, aes(edge,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("yellow","olivedrab4"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Sampling point ≤50m from forest edge") + ylab("Predicted density (mean,
  random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(wide,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("yellow","olivedrab4"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Wide (>200m) forest patch") + ylab("Predicted density (mean, random
  effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(monkey,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("lightgoldenrodyellow","tan3"), alpha=0.5, outlier.shape =
  NA) +
  xlab("NHPs seen") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(bird_m,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1","darkseagreen4"), alpha=0.5,
  outlier.shape = NA) +
  xlab("Bird counts") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "Up to 12", "1" = "13 or more"))

```

Aedes scapularis

```

#Read and organize data
data<-read.table(file.choose(),header=TRUE) # data is "scapularis_data"
data$human<-factor(data$human)
data$high<-as.factor(data$high)
data$interm<-as.factor(data$interm)
data$low<-as.factor(data$low)
data$water<-as.factor(data$water)
data$wide<-as.factor(data$wide)
data$edge<-as.factor(data$edge)
data$monkey<-as.factor(data$monkey)
data$bird_q<-factor(data$bird_q)
data$bird_m<-as.factor(data$bird_m)

data$rain_1<-as.factor(data$rain_1)
data$rain_3<-as.factor(data$rain_3)
data$rain_5<-as.factor(data$rain_5)
data$rain_7<-as.factor(data$rain_7)
data$morning_1<-as.factor(data$morning_1)
data$morning_3<-as.factor(data$morning_3)
data$morning_5<-as.factor(data$morning_5)
data$morning_7<-as.factor(data$morning_7)
data$experts_1<-as.factor(data$experts_1)
data$experts_3<-as.factor(data$experts_3)
data$experts_5<-as.factor(data$experts_5)
data$experts_7<-as.factor(data$experts_7)
data$top_expert_1<-as.factor(data$top_expert_1)
data$top_expert_3<-as.factor(data$top_expert_3)
data$top_expert_5<-as.factor(data$top_expert_5)
data$top_expert_7<-as.factor(data$top_expert_7)

y <- data[,2:5]
siteCovs <- data[,6:20]
obsCovs <- list(effort = data[,21:24], rain = data[,25:28], morning = data[,29:32],
experts = data[,33:36], top_expert = data[,37:40], tmax = data[,41:44], tmin =
data[,45:48], tmean = data[,49:52], rhmax = data[,53:56], rhmin = data[,57:60],
rhmean = data[,61:64])
counts<-rowSums(y)
cbind(counts)
sum(counts)
max(y)

####unmarkedFrameMPois for REMOVAL SAMPLING
#Unmarked frame (ufm) object
umf <- unmarkedFrameMPois(y = y, siteCovs = siteCovs, obsCovs = obsCovs,
type="removal")
summary(umf)

getOption("max.print")

```

```

options(max.print = 99999999)
getOption("digits")
options(digits=4)
options(na.action = "na.fail")#MuMIn needs this

####Some exploratory stuff####
#Poisson +
#"OLRE" (observation-level random effect) to account for overdispersion
(https://peerj.com/articles/616/) +
#offset log(hours)
#Null
glm0<-glmmTMB(counts~1+offset(log(hours))+(1|id),          family="poisson",
data=data)
summary(glm0)
exp(confint(glm0))
mean(counts)/mean(data$hours)
lme4::dotplot.ranef.mer(ranef(glm0)$cond)
#Counts (catch per hour) vs density predictors
#Human use
ggplot(data, aes(human,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","gold","darkorange2"),          alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
  xlab("Human use") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("A_low" = "Low", "B_intermediate" = "Intermediate",
"C_high" = "High"))
glm1<-glmmTMB(counts~human+offset(log(hours))+(1|id),    family="poisson",
data=data)
summary(glm1)
exp(confint(glm1))
lme4::dotplot.ranef.mer(ranef(glm1)$cond)
AICctab(glm0,glm1,base=T)#No evidence of human-use level effects

#And... we may look at random-effects "conditional modes", which help us see
how lambda varied among sampling POINTS (the "id" random effect)...
randoms<-ranef(glm1, condVar = TRUE)
write_xlsx(as.data.frame(randoms),          "scap_randoms_glm1.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)
#This saves an excel with the random-effect conditional modes and SD (mode
+/- [1.96*SD] gives dotplot data)

#Edge
ggplot(data, aes(dist,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='olivedrab4', level=0.85) +
  xlab("Distance to forest edge (standardized)") + ylab("Catch per hour")
glm2<-glmmTMB(counts~dist+offset(log(hours))+(1|id),    family="poisson",
data=data)
summary(glm2)

```



```

ggplot(data, aes(edge,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("olivedrab","yellow"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Sampling point ≤50m from forest edge") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm2b<-glmmTMB(counts~edge+offset(log(hours))+(1|id),      family="poisson",
data=data)
summary(glm2b)
AICctab(glm0,glm2,glm2b, base=T)

```

#Forest width

```

ggplot(data, aes(width,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='olivedrab4', level=0.85) +
  xlab("Forest-patch width (standardized)") + ylab("Catch per hour")
glm3<-glmmTMB(counts~width+offset(log(hours))+(1|id),      family="poisson",
data=data)
summary(glm3)

```

```

ggplot(data, aes(wide,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("yellow","olivedrab"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Wide (>200m) forest patch") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm3b<-glmmTMB(counts~wide+offset(log(hours))+(1|id),      family="poisson",
data=data)
summary(glm3b)
AICctab(glm0,glm3,glm3b, base=T)

```

#Water

```

ggplot(data, aes(water,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("gold","cadetblue"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Water course near sampling point") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm4<-glmmTMB(counts~water+offset(log(hours))+(1|id),      family="poisson",
data=data)
summary(glm4)

```

#Hosts

```

ggplot(data, aes(monkey,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("lightgoldenrodyellow","tan3"), alpha=0.5, outlier.shape =
NA) +
  xlab("NHP seen at sampling point") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm6<-glmmTMB(counts~monkey+offset(log(hours))+(1|id),      family="poisson",
data=data)
summary(glm6)

```

#Birds

```

ggplot(data, aes(birds,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", formula = y ~ x, col='olivedrab4', level=0.85) +

```

```

  xlab("Bird counts (standardized)") + ylab("Catch per hour")
ggplot(data, aes(birds,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", formula = y ~ poly(x, 2), col='olivedrab4',
level=0.85) +
  xlab("Bird counts (standardized)") + ylab("Catch per hour")
glm5<-glmmTMB(counts~birds+offset(log(hours))+(1|id),      family="poisson",
data=data)
summary(glm5)

```

```

#Quartiles (bird_q)
ggplot(data, aes(bird_q,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1","darkseagreen3","darkseagreen4"),
alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Bird counts") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("a" = "<9", "b" = "9-19", "c" = ">19"))
glm5b<-glmmTMB(counts~bird_q+offset(log(hours))+(1|id),    family="poisson",
data=data)
summary(glm5b)

```

```

#Or a 2-level factor (median, bird_m)
ggplot(data, aes(bird_m,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1","darkseagreen4"),      alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
  xlab("Bird counts") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "Up to 12", "1" = "13 or more"))
glm5c<-glmmTMB(counts~bird_m+offset(log(hours))+(1|id),    family="poisson",
data=data)
summary(glm5c)
AICctab(glm0,glm5,glm5b,glm5c, base=T)

```

#####Models#####

```

#Null model
mp<-multinomPois(~1~1, umf, se=TRUE)

```

```

#Sampling covariates
mp_morning<-multinomPois(~morning~1, umf, se=TRUE)
mp_effort<-multinomPois(~effort~1, umf, se=TRUE)
mp_rain<-multinomPois(~rain~1, umf, se=TRUE)
#Experts or Obara?
mp_experts<-multinomPois(~experts~1, umf, se=TRUE)
mp_top_expert<-multinomPois(~top_expert~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_experts,mp_top_expert, base=T)
#Which temperature?
mp_tmax<-multinomPois(~tmax~1, umf, se=TRUE)
mp_tmean<-multinomPois(~tmean~1, umf, se=TRUE)
mp_tmin<-multinomPois(~tmin~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_tmax,mp_tmean,mp_tmin, base=T)

```

```

#Which RH?
mp_rhmax<-multinomPois(~rhmax~1, umf, se=TRUE)
mp_rhmean<-multinomPois(~rhmean~1, umf, se=TRUE)
mp_rhmin<-multinomPois(~rhmin~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_rhmax,mp_rhmean,mp_rhmin, base=T)

#Choose alternative density covariates
#Use full detection submodel: effort + morning + rain + the alternative covariates
yielding lower AICc (experts, tmax, rhmin)
#Edge
mp_lambda_edge<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmax+rhmin~edge,          umf,
se=TRUE)
mp_lambda_dist<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmax+rhmin~dist, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_edge,mp_lambda_dist, base=T)
#Width of forest patch
mp_lambda_width<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmax+rhmin~width,          umf,
se=TRUE)
mp_lambda_wide<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmax+rhmin~wide, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_width,mp_lambda_wide, base=T)
#Birds
mp_lambda_birds<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmax+rhmin~birds, umf, se=TRUE)
mp_lambda_birdq<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmax+rhmin~bird_q,          umf,
se=TRUE)
mp_lambda_birdm<-
multinomPois(~effort+morning+experts+rain+tmax+rhmin~bird_m,          umf,
se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_birds,mp_lambda_birdq,mp_lambda_birdm, base=T)
#The alternative covariates yielding lower AICc are dist, width, and bird_m

#A saturated model (with the alternative covariates yielding lower AICc)
mp_sat<-
multinomPois(~effort+morning+rain+experts+tmin+rhmax~width+monkey+hum
an+bird_m+dist+water, umf, se=TRUE)
summary(mp_sat)
#CONVERGENCE:  $\lambda$ (Intercept)=14.3457, SE 573.4984;  $r$ (Intercept)=-14.5318,
SE 573.500
#Dredge the model
dredsatsat<-dredge(mp_sat)#Fast
head(dredsatsat,n=20)
#Top is p(exp,ran), lambda(human,monk,water,dist); many deltas <2
sw(dredsatsat)#lambda: human 1, water 1, monk .99, dist .57, birdm .17, width .09;
p: rain .84, exp .82, morn .31, rhmax .18, tmin .15, eff .13

```

```

summary(model.avg(dredsats))
cbind(coef(model.avg(dredsats)),confint(model.avg(dredsats),level=0.85))
#After checking individual models, convergence issues arise because of low-
importance (and effectively zero effect) detection covariates (morning, rh, temp,
effort)
#A quasi-saturated model (with just rain and experts on r)
mp_satb<-
multinomPois(~rain+experts~width+monkey+human+bird_m+dist+water,    umf,
se=TRUE)
summary(mp_satb)#All look fine
unmarked::vif(mp_satb, type="state")
unmarked::vif(mp_satb, type="det")
dredsatsb<-dredge(mp_satb)#Fast
head(dredsatsb,n=20)
#Top is p(exp,ran), lambda(human,monk,water,dist); many deltas <2
sw(dredsatsb)#lambda: human 1, water 1, monk .99, dist .59, birdm .2, width .1;
p: rain .91, exp .83
summary(model.avg(dredsatsb))
cbind(coef(model.avg(dredsatsb)),confint(model.avg(dredsatsb),level=0.85))
#####Can use all models to model average#####
modset<-get.models(dredsatsb, subset = cumsum(weight) <= 1)
avgm<-model.avg(modset)
summary(avgm)#lambda(Int) 4.4018, SE 35.5287; p(Int) -4.1784, SE 35.5592
cbind(coef(avgm),confint(avgm,level=0.85))
averaged<-cbind(coef(avgm),confint(avgm,level=0.85))
averaged
averaged<-as.data.frame(averaged)
write_xlsx(averaged,      "scap_mod_avg_coefs.xlsx",      col_names=TRUE,
format_headers=F)
avg_pred_lambda <- predict(avgm, type="state", se.fit = TRUE)
cbind(avg_pred_lambda$fit,avg_pred_lambda$se.fit,(avg_pred_lambda$fit/avg_
pred_lambda$se.fit))
cbind(avg_pred_lambda$fit,counts,(avg_pred_lambda$fit/counts))
#Some predictions MUCH larger than the corresponding count....
ggplot(data, aes(counts,avg_pred_lambda$fit)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)
avg_pred_r <- predict(avgm, type="det", se.fit = TRUE)
cbind(avg_pred_r$fit,avg_pred_r$se.fit)

#Null model results
summary(mp)
#Back-transformed estimates
#Mean density
(lambda_null <- linearComb(mp, type = "state", coefficients = c(1)))
(lambda_null <- backTransform(lambda_null))#25 host-seeking mosquito
females per site
confint(lambda_null, level=0.85)#From 6.6 to 93.8

```

```

mean(counts)#Observed mean: 5.73 host-seeking mosquito females caught per
site
catch_null<-glmmTMB(counts~1, family="poisson", data=data)
exp(confint(catch_null))#Same as observed mean: 5.7, CI 4.94 to 6.66
#Mean (per capita) capture probability
(p_null <- linearComb(mp, type = "det", coefficients = c(1)))
(p_null <- backTransform(p_null))#0.063
confint(p_null, level=0.85)#From 0.014 to 0.242
#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
((25*0.06)/2)/1.82#0.4
prednull_lambda <- predict(mp, type="state", level=0.85, newdata=NULL)
prednull_p <- predict(mp, type="det", level=0.85, newdata=NULL)
prednull<-head(cbind(prednull_lambda,prednull_p),n=1)
#Write an Excel with null-model predictions, SEs, and 85% CIs
write_xlsx(as.data.frame(prednull), "scap_null_mod_predictions.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Top model results
mptop<-(get.models(dredsats, 1)[[1]])
predtop_lambda <- predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=NULL)
summary(predtop_lambda)
predtop_p <- predict(mptop, type="det", level=0.85, newdata=NULL)
summary(predtop_p)
summary(mptop)
confint(mptop, type="state", level=0.85)
confint(mptop, type="det", level=0.85)
#Write an Excel with top-model coefficients, SEs, and 85% CIs
#Lambda
terms_lam <- rownames(coef(mptop,type="state"))
lam <- coef(mptop,type="state")
SE_lam <- sqrt(diag(vcov(mptop,type="state")))
CI_lam <- confint(mptop,type="state",level=0.85)
averaged_lam<-cbind(lam,SE_lam,CI_lam)
averaged_lam<-as.data.frame(averaged_lam)
averaged_lam <- rownames_to_column(averaged_lam, "Terms")
#r
terms_r <- rownames(coef(mptop,type="det"))
r <- coef(mptop,type="det")
SE_r <- sqrt(diag(vcov(mptop,type="det")))
CI_r <- confint(mptop,type="det",level=0.85)
averaged_r<-cbind(r,SE_r,CI_r)
averaged_r<-as.data.frame(averaged_r)
averaged_r <- rownames_to_column(averaged_r, "Terms")
write_xlsx(list(averaged_lam,averaged_r), "scap_top_mod_coefs.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Getting top-model predictions the "predict" way...

```

```

predsites<-predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=NULL,
appendData=F)
predsites
write_xlsx(predsites, "scap_top_mod_predictions_sites.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)
ggplot(predsites, aes(counts,Predicted)) + geom_point() +
geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)

#New data frame with all possible combinations of factor levels
combinations <- expand.grid(
human = factor(c("A_low", "B_intermediate", "C_high")),
water = factor(c(0, 1)),
monkey = factor(c(0, 1)),
dist=c(-1,0,1)
)
#Rename the factors to match original names
combinations <- within(combinations, human <- factor(human, levels = c("A_low",
"B_intermediate", "C_high")))
preda<-predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=combinations,
appendData=T)
preda
write_xlsx(preda, "scap_top_mod_predictions_combinations.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Back-transformed estimates
#Density
(lamb0 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients = c(1,0,0,0,0,0)))#Sites
with low human use, at average distance from edge, no water course, no
monkeys seen
(bt lamb0 <- backTransform(lamb0))#25.7 mosquitoes
confint(bt lamb0, level=0.85)#From 6.35 to 103.8
(lamb1 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients = c(1,-1,0,1,1,0)))#Sites
with high human use, closer to edge, no water course, monkeys seen
(bt lamb1 <- backTransform(lamb1))#32.9 mosquitoes
confint(bt lamb1, level=0.85)#From 7.9 to 137.4
#etc...

#Capture
combinations_r <- expand.grid(
experts = factor(c(0, 1)),
rain = factor(c(0, 1))
)
predr<-predict(mptop, type="det", level=0.85, newdata=combinations_r,
appendData=T)
predr
write_xlsx(predr, "scap_top_mod_predictions_combinations_r.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

```

```

(p0 <- linearComb(mptop, type = "det", coefficients = c(1,0,0)))
(btp0 <- backTransform(p0))#0.049
confint(btp0, level=0.85)#0.0104 to 0.2027
#etc...

#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
#Site of high use, relatively close to edge, no water course, monkeys seen ( $\lambda=33$ ,
CI 8-137)
#r experts, no rain (0.075)
((33*0.075)/2)/1.82#0.68
((8*0.075)/2)/1.82#0.17
((134*0.075)/2)/1.82#2.76
#etc...

#Empirical Bayes estimation of random effects
#Used by Ficetola 2018 SciReps
#See ROYLE 2004a,b
retop<-unmarked::ranef(mptop, K=200)#Need to add "unmarked::" to avoid
calling glmmTMB
plot(retop)
modetop <- bup(retop, stat="mode")
meantop <- bup(retop, stat="mean")
citop <- confint(retop, level=0.85)
cbind(counts,modetop,meantop,citop)
summary(meantop)
summary(citop)
#All together
cbind(counts,modetop,meantop,citop,predtop_lambda)
#All together
empbayes<-cbind(counts,modetop,meantop,citop,predtop_lambda)
print(empbayes)
write_xlsx(empbayes, "scap_empirical_bayes.xlsx", col_names=TRUE,
format_headers=F)
#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
#Highest-density site: site 28 - Trilha da capivara ( $\lambda=117$ , CI 104-130)
#r experts, no rain (0.075)
((117*0.075)/2)/1.82#2.41
((104*0.075)/2)/1.82#2.14
((130*0.075)/2)/1.82#2.70

#Observed vs predicted plot
ggplot(data, aes(counts,meantop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)
#Predicted vs empirical-Bayes predicted plot
ggplot(data, aes(predsites$Predicted,meantop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)

```

```

#Other plots vs empirical-Bayes
ggplot(data, aes(human,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","gold","darkorange2"), alpha=0.5,
  outlier.shape = NA) +
  xlab("Human use") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("A_low" = "Low", "B_intermediate" = "Intermediate",
"C_high" = "High"))
ggplot(data, aes(high,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","darkorange1"), alpha=0.5, outlier.shape =
NA) +
  xlab("Human use") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "Low/Intermediate", "1" = "High"))
data$water = with(data, reorder(water, meantop, median))
ggplot(data, aes(water,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("cadetblue","gold"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Water course") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(dist,meantop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85) +
  xlab("Distance to forest edge (standardized)") + ylab("Predicted density (mean,
random effects)")
data$edge = with(data, reorder(edge, meantop, median))
ggplot(data, aes(edge,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("yellow","olivedrab4"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Sampling point ≤50m from forest edge") + ylab("Predicted density (mean,
random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(wide,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("yellow","olivedrab4"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Wide (>200m) forest patch") + ylab("Predicted density (mean, random
effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(monkey,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("lightgoldenrodyellow","tan3"), alpha=0.5, outlier.shape =
NA) +
  xlab("NHPs seen") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(bird_m,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1","darkseagreen4"), alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
  xlab("Bird counts") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "Up to 12", "1" = "13 or more"))

```

Psorophora ferox

```

#Read and organize data
data<-read.table(file.choose(),header=TRUE) # data is "ferox_data"

```



```

data$human<-factor(data$human)
data$high<-as.factor(data$high)
data$interm<-as.factor(data$interm)
data$low<-as.factor(data$low)
data$water<-as.factor(data$water)
data$wide<-as.factor(data$wide)
data$edge<-as.factor(data$edge)
data$monkey<-as.factor(data$monkey)
data$bird_q<-factor(data$bird_q)
data$bird_m<-as.factor(data$bird_m)

data$rain_1<-as.factor(data$rain_1)
data$rain_3<-as.factor(data$rain_3)
data$rain_5<-as.factor(data$rain_5)
data$rain_7<-as.factor(data$rain_7)
data$morning_1<-as.factor(data$morning_1)
data$morning_3<-as.factor(data$morning_3)
data$morning_5<-as.factor(data$morning_5)
data$morning_7<-as.factor(data$morning_7)
data$experts_1<-as.factor(data$experts_1)
data$experts_3<-as.factor(data$experts_3)
data$experts_5<-as.factor(data$experts_5)
data$experts_7<-as.factor(data$experts_7)
data$top_expert_1<-as.factor(data$top_expert_1)
data$top_expert_3<-as.factor(data$top_expert_3)
data$top_expert_5<-as.factor(data$top_expert_5)
data$top_expert_7<-as.factor(data$top_expert_7)

y <- data[,2:5]
siteCovs <- data[,6:20]
obsCovs <- list(effort = data[,21:24], rain = data[,25:28], morning = data[,29:32],
experts = data[,33:36], top_expert = data[,37:40], tmax = data[,41:44], tmin =
data[,45:48], tmean = data[,49:52], rhmax = data[,53:56], rhmin = data[,
,57:60], rhmean = data[,61:64])
counts<-rowSums(y)
cbind(counts)
sum(counts)
max(y)

####unmarkedFrameMPois for REMOVAL SAMPLING
#Unmarked frame (ufm) object
umf <- unmarkedFrameMPois(y = y, siteCovs = siteCovs, obsCovs = obsCovs,
type="removal")
summary(umf)

getOption("max.print")
options(max.print = 99999999)
getOption("digits")

```

```

options(digits=4)
options(na.action = "na.fail")#MuMIn needs this

####Some exploratory stuff####
#Poisson +
#"OLRE" (observation-level random effect) to account for overdispersion
(https://peerj.com/articles/616/) +
#offset log(hours)
#Null
glm0<-glmmTMB(counts~1+offset(log(hours))+(1|id),          family="poisson",
data=data)
summary(glm0)
exp(confint(glm0))
mean(counts)/mean(data$hours)
lme4:::dotplot.ranef.mer(ranef(glm0)$cond)
#Counts (catch per hour) vs density predictors
#Human use
ggplot(data, aes(human,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","gold","darkorange2"),          alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
  xlab("Human use") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("A_low" = "Low", "B_intermediate" = "Intermediate",
"C_high" = "High"))
glm1<-glmmTMB(counts~human+offset(log(hours))+(1|id),    family="poisson",
data=data)
summary(glm1)
exp(confint(glm1))
lme4:::dotplot.ranef.mer(ranef(glm1)$cond)
AICctab(glm0,glm1,base=T)

#And... we may look at random-effects "conditional modes", which help us see
how lambda varied among sampling POINTS (the "id" random effect)...
randoms<-ranef(glm1, condVar = TRUE)
write_xlsx(as.data.frame(randoms),          "ferox_randoms_glm1.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)
#This saves an excel with the random-effect conditional modes and SD (mode
+/- [1.96*SD] gives dotplot data)

#Edge
ggplot(data, aes(dist,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='olivedrab4', level=0.85) +
  xlab("Distance to forest edge (standardized)") + ylab("Catch per hour")
glm2<-glmmTMB(counts~dist+offset(log(hours))+(1|id),    family="poisson",
data=data)
summary(glm2)

ggplot(data, aes(edge,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("olivedrab","yellow"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +

```

```

xlab("Sampling point ≤50m from forest edge") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm2b<-glmmTMB(counts~edge+offset(log(hours))+(1|id),      family="poisson",
data=data)
summary(glm2b)
AICctab(glm0,glm2,glm2b, base=T)

```

```
#Forest width
```

```

ggplot(data, aes(width,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='olivedrab4', level=0.85) +
  xlab("Forest-patch width (standardized)") + ylab("Catch per hour")
glm3<-glmmTMB(counts~width+offset(log(hours))+(1|id),      family="poisson",
data=data)
summary(glm3)

```

```

ggplot(data, aes(wide,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("yellow","olivedrab"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Wide (>200m) forest patch") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm3b<-glmmTMB(counts~wide+offset(log(hours))+(1|id),      family="poisson",
data=data)
summary(glm3b)
AICctab(glm0,glm3,glm3b, base=T)

```

```
#Water
```

```

ggplot(data, aes(water,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("gold","cadetblue"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Water course near sampling point") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm4<-glmmTMB(counts~water+offset(log(hours))+(1|id),      family="poisson",
data=data)
summary(glm4)

```

```
#Hosts
```

```

ggplot(data, aes(monkey,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("lightgoldenrodyellow","tan3"), alpha=0.5, outlier.shape =
NA) +
  xlab("NHP seen at sampling point") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
glm6<-glmmTMB(counts~monkey+offset(log(hours))+(1|id),      family="poisson",
data=data)
summary(glm6)

```

```
#Birds
```

```

ggplot(data, aes(birds,counts/hours)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", formula = y ~ x, col='olivedrab4', level=0.85) +
  xlab("Bird counts (standardized)") + ylab("Catch per hour")
ggplot(data, aes(birds,counts/hours)) + geom_point() +

```

```

geom_smooth(method = "glm", formula = y ~ poly(x, 2), col='olivedrab4',
level=0.85) +
  xlab("Bird counts (standardized)") + ylab("Catch per hour")
glm5<-glmmTMB(counts~birds+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm5)

#Quartiles (bird_q)
ggplot(data, aes(bird_q,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1","darkseagreen3","darkseagreen4"),
alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Bird counts") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("a" = "<9", "b" = "9-19", "c" = ">19"))
glm5b<-glmmTMB(counts~bird_q+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm5b)

#Or a 2-level factor (median, bird_m)
ggplot(data, aes(bird_m,counts/hours)) + geom_jitter(width = 0.1, height = 0) +
  geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1","darkseagreen4"), alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
  xlab("Bird counts") + ylab("Catch per hour") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "Up to 12", "1" = "13 or more"))
glm5c<-glmmTMB(counts~bird_m+offset(log(hours))+(1|id), family="poisson",
data=data)
summary(glm5c)
AICctab(glm0,glm5,glm5b,glm5c, base=T)

#####Models#####

#Null model
mp<-multinomPois(~1~1, umf, se=TRUE)

#Sampling covariates
mp_morning<-multinomPois(~morning~1, umf, se=TRUE)
mp_effort<-multinomPois(~effort~1, umf, se=TRUE)
mp_rain<-multinomPois(~rain~1, umf, se=TRUE)
#Experts or Obara?
mp_experts<-multinomPois(~experts~1, umf, se=TRUE)
mp_top_expert<-multinomPois(~top_expert~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_experts,mp_top_expert, base=T)
#Which temperature?
mp_tmax<-multinomPois(~tmax~1, umf, se=TRUE)
mp_tmean<-multinomPois(~tmean~1, umf, se=TRUE)
mp_tmin<-multinomPois(~tmin~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_tmax,mp_tmean,mp_tmin, base=T)
#Which RH?
mp_rhmax<-multinomPois(~rhmax~1, umf, se=TRUE)

```

```

mp_rhmean<-multinomPois(~rhmean~1, umf, se=TRUE)
mp_rhmin<-multinomPois(~rhmin~1, umf, se=TRUE)
AICctab(mp_rhmax,mp_rhmean,mp_rhmin, base=T)

#Choose alternative density covariates
#Use full detection submodel: effort + morning + rain + the alternative covariates
yielding lower AICc (experts, tmin, rhmax)
#Edge
mp_lambda_edge<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmax~edge,          umf,
se=TRUE)
mp_lambda_dist<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmax~dist,          umf,
se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_edge,mp_lambda_dist, base=T)
#Width of forest patch
mp_lambda_width<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmax~width,          umf,
se=TRUE)
mp_lambda_wide<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmax~wide,          umf,
se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_width,mp_lambda_wide, base=T)
#Birds
mp_lambda_birds<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmax~birds,          umf,
se=TRUE)
mp_lambda_birdq<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmax~bird_q,          umf,
se=TRUE)
mp_lambda_birdm<-
multinomPois(~effort+morning+top_expert+rain+tmin+rhmax~bird_m,          umf,
se=TRUE)
AICctab(mp_lambda_birds,mp_lambda_birdq,mp_lambda_birdm, base=T)
#The alternative covariates yielding lower AICc are edge, width, and birds

#A saturated abundance model
mp_sat<-
multinomPois(~effort+experts+tmin+rhmax+rain+morning~human+edge+width+
water+monkey+birds, umf, se=TRUE)
summary(mp_sat)
#NO sign of convergence issues
unmarked::vif(mp_sat, type="state")#Human_interm 4.26
unmarked::vif(mp_sat, type="det")
#Dredge the model
dredsatsat<-dredge(mp_sat)
head(dredsatsat, n=25)
#Top is      p(eff+mrrn) lmb(brd+edg+hmn+mnk+wtr)

```

```

#Delta 0.49: p(ran) lmb(brd+edg+hmn+mnk+wtr)
#Delta 0.88: p(.) lmb(brd+edg+hmn+mnk+wtr)
#Delta 1.00: p(eff) lmb(brd+edg+hmn+mnk+wtr)
#Delta 1.72: p(eff+ran) lmb(brd+edg+hmn+wtr)
#Rest delta > 2
sw(dredsats)
#lambda(human) 0.95; lambda(birds) 0.95; lambda(monkey) 0.8; lambda(water)
0.78; lambda(edge) 0.71; p(effort) 0.49; p(morning) 0.36; p(rain) 0.33;
lambda(width) 0.31; p(rhmax) 0.22; p(tmin) 0.16; p(experts) 0.11
summary(model.avg(dredsats))#lambda(Int) est 2.327, SE 3.113 ;p(Int) est -
2.155, SE 3.503 (TOO large)
cbind(coef(model.avg(dredsats)),confint(model.avg(dredsats),level=0.85))
####Selecting models to model average: all vs delta up to 10 ("essentially no
support from the data")####
modset1<-get.models(dredsats, subset = cumsum(weight) <= 1)
avgm1<-model.avg(modset1)
summary(avgm1)
cbind(coef(avgm1),confint(avgm1,level=0.85))
modset2<-get.models(dredsats, subset = delta <= 7)#This leads to moderate
(reasonable) SEs for the intercepts
avgm2<-model.avg(modset2)
summary(avgm2)
cbind(coef(avgm2),confint(avgm2,level=0.85))
averaged<-cbind(coef(avgm2),confint(avgm2,level=0.85))
averaged
averaged<-as.data.frame(averaged)
write_xlsx(averaged, "ferox_mod_avg_coefs.xlsx", col_names=TRUE)
avg_pred_lambda <- predict(avgm2, type="state", se.fit = TRUE)
cbind(avg_pred_lambda$fit,avg_pred_lambda$se.fit,(avg_pred_lambda$fit/avg_
pred_lambda$se.fit))
cbind(avg_pred_lambda$fit,counts,(avg_pred_lambda$fit/counts))

#Averaged predictions clearly correlated with counts
ggplot(data, aes(counts,avg_pred_lambda$fit)) + geom_point() +
geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)
avg_pred_r <- predict(avgm2, type="det", se.fit = TRUE)
cbind(avg_pred_r$fit,avg_pred_r$se.fit)

#Null model results
summary(mp)
#Back-transformed estimates
#Mean density
(lambda_null <- linearComb(mp, type = "state", coefficients = c(1)))
(lambda_null <- backTransform(lambda_null))#7.95 host-seeking mosquito
females per site
confint(lambda_null, level=0.85)#From 3.76 to 16.83
mean(counts)#Observed mean: 3.3 host-seeking mosquito females caught per
site

```

```

catch_null<-glmmTMB(counts~1, family="poisson", data=data)
exp(confint(catch_null))#Same as observed mean: 3.3, CI 2.71 to 4.02
#Mean (per capita) capture probability
(p_null <- linearComb(mp, type = "det", coefficients = c(1)))
(p_null <- backTransform(p_null))#0.125
confint(p_null, level=0.85)#From 0.048 to 0.2885
#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
((8*0.125)/2)/1.82#0.28
prednull_lambda <- predict(mp, type="state", level=0.85, newdata=NULL)
prednull_p <- predict(mp, type="det", level=0.85, newdata=NULL)
prednull<-head(cbind(prednull_lambda,prednull_p),n=1)
#Write an Excel with null-model predictions, SEs, and 85% CIs
write_xlsx(as.data.frame(prednull), "ferox_null_mod_predictions.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Top model results
mptop<-(get.models(dredsats, 1)[[1]])
predtop_lambda <- predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=NULL)
summary(predtop_lambda)
predtop_p <- predict(mptop, type="det", level=0.85, newdata=NULL)
summary(predtop_p)
summary(mptop)
confint(mptop, type="state", level=0.85)
confint(mptop, type="det", level=0.85)
#Write an Excel with top-model coefficients, SEs, and 85% CIs
#Lambda
terms_lam <- rownames(coef(mptop,type="state"))
lam <- coef(mptop,type="state")
SE_lam <- sqrt(diag(vcov(mptop,type="state")))
CI_lam <- confint(mptop,type="state",level=0.85)
averaged_lam<-cbind(lam,SE_lam,CI_lam)
averaged_lam<-as.data.frame(averaged_lam)
averaged_lam <- rownames_to_column(averaged_lam, "Terms")
#r
terms_r <- rownames(coef(mptop,type="det"))
r <- coef(mptop,type="det")
SE_r <- sqrt(diag(vcov(mptop,type="det")))
CI_r <- confint(mptop,type="det",level=0.85)
averaged_r<-cbind(r,SE_r,CI_r)
averaged_r<-as.data.frame(averaged_r)
averaged_r <- rownames_to_column(averaged_r, "Terms")
write_xlsx(list(averaged_lam,averaged_r), "ferox_top_mod_coefs.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Getting predictions the "predict" way...
predsites<-predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=NULL,
appendData=F)

```

```

predsites
summary(predsites)
write_xlsx(predsites, "ferox_predictions_sites.xlsx", col_names=TRUE)
ggplot(predsites, aes(counts, Predicted)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)

#New data frame with all possible combinations of factor levels
combinations <- expand.grid(
  human = factor(c("A_low", "B_intermediate", "C_high")),
  edge = factor(c(0, 1)),
  water = factor(c(0, 1)),
  monkey = factor(c(0, 1)),
  birds=c(-1,0,1)
)
#Rename the factors to match original names
combinations <- within(combinations, human <- factor(human, levels = c("A_low",
"B_intermediate", "C_high")))
preda <- predict(mptop, type="state", level=0.85, newdata=combinations,
appendData=T)
preda
write_xlsx(preda, "ferox_top_mod_predictions_combinations.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

#Back-transformed estimates
#Density
(lamb0 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients =
c(1,0,0,0,0,0,0)))#Sites far from edge, low use, average birds, no monkeys seen,
no water course
(bt lamb0 <- backTransform(lamb0))#8.73 mosquitoes
confint(bt lamb0, level=0.85)#From 4.7 to 16.2
(lamb1 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients =
c(1,0,0,0,1,0,0)))#Sites far from edge, high use, average birds, no monkeys seen,
no water course
(bt lamb1 <- backTransform(lamb1))#4.08 mosquitoes
confint(bt lamb1, level=0.85)#From 2.001 to 8.316
(lamb2 <- linearComb(mptop, type = "state", coefficients =
c(1,0,0,0,1,1,1)))#Sites far from edge, high use, average birds, monkeys seen,
water course
(bt lamb2 <- backTransform(lamb2))#3.98 mosquitoes
confint(bt lamb2, level=0.85)#From 2.003 to 7.904
#etc...

#Capture, the "predict" way
combinations_r <- expand.grid(
  morning = factor(c(0, 1)),
  effort = c(-2.4,-1,0)
)

```



```

predr<-predict(mptop, type="det", level=0.85, newdata=combinations_r,
appendData=T)
predr
write_xlsx(predr, "ferox_top_mod_predictions_combinations_r.xlsx",
col_names=TRUE, format_headers=F)

```

```

#If there is a continuous covariate
newdatp1 = data.frame(morning=as.factor(rep(0)), effort=seq(-2.5, 1, 0.1))
predp1<-predict(mptop, type="det", level=0.85, newdata=newdatp1,
appendData=T)
newdatp2 = data.frame(morning=as.factor(rep(1)), effort=seq(-2.5, 1, 0.1))
predp2<-predict(mptop, type="det", level=0.85, newdata=newdatp2,
appendData=T)

```

```

ggplot(predp1, aes(effort,Predicted)) + geom_line(col='gold3', alpha=1,
linewidth=1) + geom_ribbon(aes(ymin = lower, ymax = upper), fill='gold3',
alpha=0.3) + ylim(0,0.6) +
geom_line(data=predp2, col='coral2', alpha=1, linewidth=1) +
geom_ribbon(data=predp2, aes(ymin = lower, ymax = upper), fill='coral2',
alpha=0.3)

```

```

#Or
(p0 <- linearComb(mptop, type = "det", coefficients = c(1,-2.4,0)))
(btp0 <- backTransform(p0))#0.075 VERY LOW
confint(btp0, level=0.85)#0.03 to 0.17
(p1 <- linearComb(mptop, type = "det", coefficients = c(1,-2.4,1)))
(btp1 <- backTransform(p1))#0.04 also VERY LOW
confint(btp1, level=0.85)#0.016 to 0.1003
#etc...

```

```

#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
#Site of high use, relatively close to edge, monkeys seen, no water course,
average bird counts ( $\lambda=8.76$ , CI 4.4-17.3)
#r average effort, afternoon (0.2)
((8.8*0.2)/2)/1.82#0.48
((4.4*0.2)/2)/1.82#0.24
((17.3*0.2)/2)/1.82#0.95
#r about 1-h effort, afternoon (0.07)
((8.8*0.07)/2)#0.31
((4.4*0.07)/2)#0.15
((17.3*0.07)/2)#0.61
#Site of intermediate use, relatively close to edge, monkeys seen, no water
course, many birds ( $\lambda=46.3$ , CI 24.9-86.3)
#r average effort, afternoon (0.2)
((46.3*0.2)/2)/1.82#2.54
((24.9*0.2)/2)/1.82#1.37
((86.3*0.2)/2)/1.82#4.74

```

```

#r about 1-h effort, afternoon (0.07)
((46.3*0.07)/2)#1.62
((24.9*0.07)/2)#0.87
((86.3*0.07)/2)#3.02
#etc...

#Empirical Bayes estimation of random effects
#See ROYLE 2004a,b
#Started with K=300 but plot suggested need to increase because of Site1; used
400 but results practically the same with 350
retop<-unmarked::ranef(mptop, K=80)#Need to add "unmarked::" to avoid calling
glmmTMB
plot(retop)
modetop <- bup(retop, stat="mode")
meantop <- bup(retop, stat="mean")
citop <- confint(retop, level=0.85)
cbind(counts,modetop,meantop,citop)
summary(meantop)
summary(citop)
#All together
empbayes<-cbind(counts,modetop,meantop,citop,predtop_lambda)
print(empbayes)
write_xlsx(empbayes, "ferox_empirical_bayes.xlsx", col_names=TRUE,
format_headers=F)
#Average number of female mosquitoes that will approach the typical person in
about 1 hour of exposure
#Highest-density site: site 19 - Bambuzal da Cibebe ( $\lambda=28.6$ , CI 23-35)
#r average effort, afternoon (0.2)
((28.6*0.2)/2)/1.82#1.57
((23*0.2)/2)/1.82#1.26
((35*0.2)/2)/1.82#1.92
#r about 1-h effort, afternoon (0.07)
((28.6*0.07)/2)#1.0
((23*0.07)/2)#0.81
((35*0.07)/2)#1.23

#Observed vs predicted plot
ggplot(data, aes(counts,meantop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)
#Predicted vs empirical-Bayes predicted plot
ggplot(data, aes(predsites$Predicted,meantop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85)
#Other plots vs empirical-Bayes
ggplot(data, aes(human,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","gold","darkorange2"), alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
  xlab("Human use") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +

```

```

  scale_x_discrete(labels = c("A_low" = "Low", "B_intermediate" = "Intermediate",
"C_high" = "High"))
ggplot(data, aes(high,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("chartreuse3","darkorange1"), alpha=0.5, outlier.shape =
NA) +
  xlab("Human use") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "Low/Intermediate", "1" = "High"))
data$water = with(data, reorder(water, meantop, median))
ggplot(data, aes(water,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("cadetblue","gold"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Water course") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(dist,meantop)) + geom_point() +
  geom_smooth(method = "glm", col='tomato3', level=0.85) +
  xlab("Distance to forest edge (standardized)") + ylab("Predicted density (mean,
random effects)")
data$edge = with(data, reorder(edge, meantop, median))
ggplot(data, aes(edge,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("yellow","olivedrab4"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Sampling point ≤50m from forest edge") + ylab("Predicted density (mean,
random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(wide,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("yellow","olivedrab4"), alpha=0.5, outlier.shape = NA) +
  xlab("Wide (>200m) forest patch") + ylab("Predicted density (mean, random
effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(monkey,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("lightgoldenrodyellow","tan3"), alpha=0.5, outlier.shape =
NA) +
  xlab("NHPs seen") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "No", "1" = "Yes"))
ggplot(data, aes(bird_m,meantop)) + geom_jitter(width=0.1, height=0) +
  geom_boxplot(fill=c("darkseagreen1","darkseagreen4"), alpha=0.5,
outlier.shape = NA) +
  xlab("Bird counts") + ylab("Predicted density (mean, random effects)") +
  scale_x_discrete(labels = c("0" = "Up to 12", "1" = "13 or more"))

```

Apêndice 4 – Artigo submetido à revista x

Risk of exposure to yellow fever vectors in Brasilia National Park

Authors

Abstract (300 words)

Background: Yellow fever (YF) is a mosquito-borne arboviral disease with high lethality. Although there is a vaccine, outbreaks of YF continue to occur in Africa and the Americas, so it is essential to know people's exposure to wild YF. Here we analyze the effects of environmental, host and anthropic variables on sampling point-specific density of mosquitoes and estimate the risk of exposure of humans to yellow fever vectors in Brasilia National Park (PNB), Brazil.

Methods: We captured mosquitoes during the day at 30 sites with different levels of human use in the PNB in 2020. At each site we measured environmental variables such as distance to the edge of the forest, minimum width of the forest, proximity to watercourses, temperature, humidity, presence of non-human primates and number of birds. Density (females captured at the site) and detection (probability of capture at the site) were analyzed to estimate the risk of exposure to mosquitoes using the n-mixture model.

Results: We collected 4077 mosquitoes belonging to 23 species, mainly *Sabethes albiprivus* in forests with high human use. *Haemagogus janthinomys* was collected more in wider forests and *Hg. leucocelaenus* in sites far from the watercourse. *Aedes albopictus*, *Ae. scapularis*, *Ae. serratus* were collected more in forests with high human use, unlike *Psorophora ferox*. The highest exposure was observed for *Sa. albiprivus*, followed by *Hg. leucocelaenus* and *Hg. janthinomys*; in sites where there is a higher density of mosquitoes, a person could be bitten by up to 10 mosquitoes/hour.

Conclusions: The modeling of mosquito density, taking into account environmental variables and collection effort, allowed for the calculation of the exposure level of people in the BNP. The study revealed the presence of vectors and potential yellow fever hotspots, with a high risk of exposure in areas most frequented by visitors, such as the pools. This information is crucial for vector surveillance and the implementation of more effective prevention measures, with yellow fever vaccination recommended to ensure safety when visiting the park.

Keywords: Culicidae. *Haemagogus*. *Sabethes*. *Aedes*. Yellow Fever Virus.

Introduction

Yellow Fever (YF) is a mosquito-borne arbovirus with high lethality (MONATH & VASCONCELOS, 2015; TUELLS et al., 2022). YF is important for public health due to the high epidemic potential and economic impacts associated with hospitalizations. Although it is vaccine-preventable, outbreaks have been observed in recent years in Brazil (GIOVANETTI et al. 2019) and Africa (Tappan et al. 2022, Chopra et al. 2023). There are two cycles of YF transmission. In the wild cycle, transmission occurs through the bite of mosquitoes of the genera *Haemagogus* Williston, 1896 and *Sabethes* Robineau-Desvoidy, 1827 (HANLEY, 2013; ABREU & GIOVANETTI, 2019) and the main hosts are non-human primates belonging to the genera *Alouatta*, *Cebus* and *Callithrix* (HERVÉ, 1986; VASCONCELOS, 2002; CHAME, 2020). In the urban cycle, the *Aedes aegypti* mosquito is the main vector and humans act as accidental hosts (GOMES, 2010; GABIANE, 2022). Since 1942, there have been no records of YF urban cycles in Brazil (Benchimol, 2001).

Prevention strategies to avoid contact with mosquito vectors and large-scale immunization are important for reducing cases and spreading to new areas (LOPES et al., 2023). To prevent and control the disease, it is essential to know people's exposure to the primary and secondary vectors that circulate in peri-urban and wild environments (GIOVANETTI et al., 2019). *Haemagogus* species are considered primary vectors (HANLEY, 2013; ABREU, 2019; OLIVEIRA, 2023). In Brazil, the main vectors of YF belong to the species *Haemagogus janthinomys*, *Hg. leucocelaenus* and *Sabethes chloropterus* (VASCONCELOS, 1997, MONDET, 2002; CARDOSO, 2010; OLIVEIRA, 2023). However, there are also records of natural infection by the YF virus in species such as *Ae. serratus*, *Ae. fulvus*, *Ae. scapularis* and *Psorophora ferox* (DÉGALLIER, 1992; VASCONCELOS, 2003; CARDOSO, 2010). Outbreaks of YF originate in the sylvatic cycle involving Non-Human Primates (NHP) and mosquitoes of the *Sabethes* and *Haemagogus* genera. In this context, it is important to carry out studies that describe the risk of exposure to different species of mosquito vectors of YF in areas with a high frequency of human circulation, to better understand the potential risk of YF transmission in wild areas and prevent the reintroduction of the virus into the urban transmission cycle.

This study contributes to the understanding of aspects of the ecology of YF vectors, particularly the *Haemagogus* and *Sabethes* genera, which are not yet fully understood, including interaction with humans, the influence of forest size, forest edges, the presence of NHP and the relationship with birds. In this context, the main objective of this work is to find out how people's exposure to the YF-transmitting mosquitoes circulating in the BNP varies and what their level of exposure is. Our hypothesis is that the level of exposure of people to mosquitoes in the BNP will be higher on warmer and wetter days, in larger forests, especially on the edges, with the presence of PNH, a greater number of birds and greater human use. Here we carried out a field study collecting mosquitoes at 30 points located in gallery forests in Brasilia. We assessed the risk of exposure to YF vectors based on environmental variables for mosquito density and detection, using the n-mixture model. We observed, for example, that the density of most of the mosquitoes studied is positively affected by variables such as human use. The models based on density and detection allowed us to estimate the average number of female mosquitoes that approach a person after one hour of exposure at the points sampled in the BNP and that the level of exposure varies according to the species and capture points; at some points a visitor can be bitten by up to 8 mosquitoes/hour from at least three species of primary vector of YF. Our results help to guide surveillance and control strategies for YF vectors by understanding the complex interaction between environmental variables, land use and mosquito ecology, making it possible to anticipate and identify patterns that influence the host-seeking behavior of mosquitoes.

Material and Methods

Study area

We carried out the work in Brasília, Federal District, Brazil, in an area known as the Central Plateau with altitudes ranging from 1,000 to 1,200 meters above sea level. The predominant vegetation is of the Cerrado (Brazilian savanna), with an average annual temperature ranging from 18 to 22°C, an average annual rainfall ranging from 1200mm to 1700mm and well-defined seasons. We collected the mosquitoes during the rainy season (SILVA, 2020).

The area studied was the Brasília National Park (PNB) (Figure 1), an important conservation and leisure area that can receive up to 2000 visitors per day. The PNB is located in the northwest of the Federal District. We captured mosquitoes in gallery forests

with different levels of human use, including recreational areas (swimming pools, visitor areas and parking lots, etc.) and park buildings (CEMAVE - Advanced Base for the Cerrado and Amazon Biomes, Brasília National Park Administration and Visitor Center - Brasília National Park).

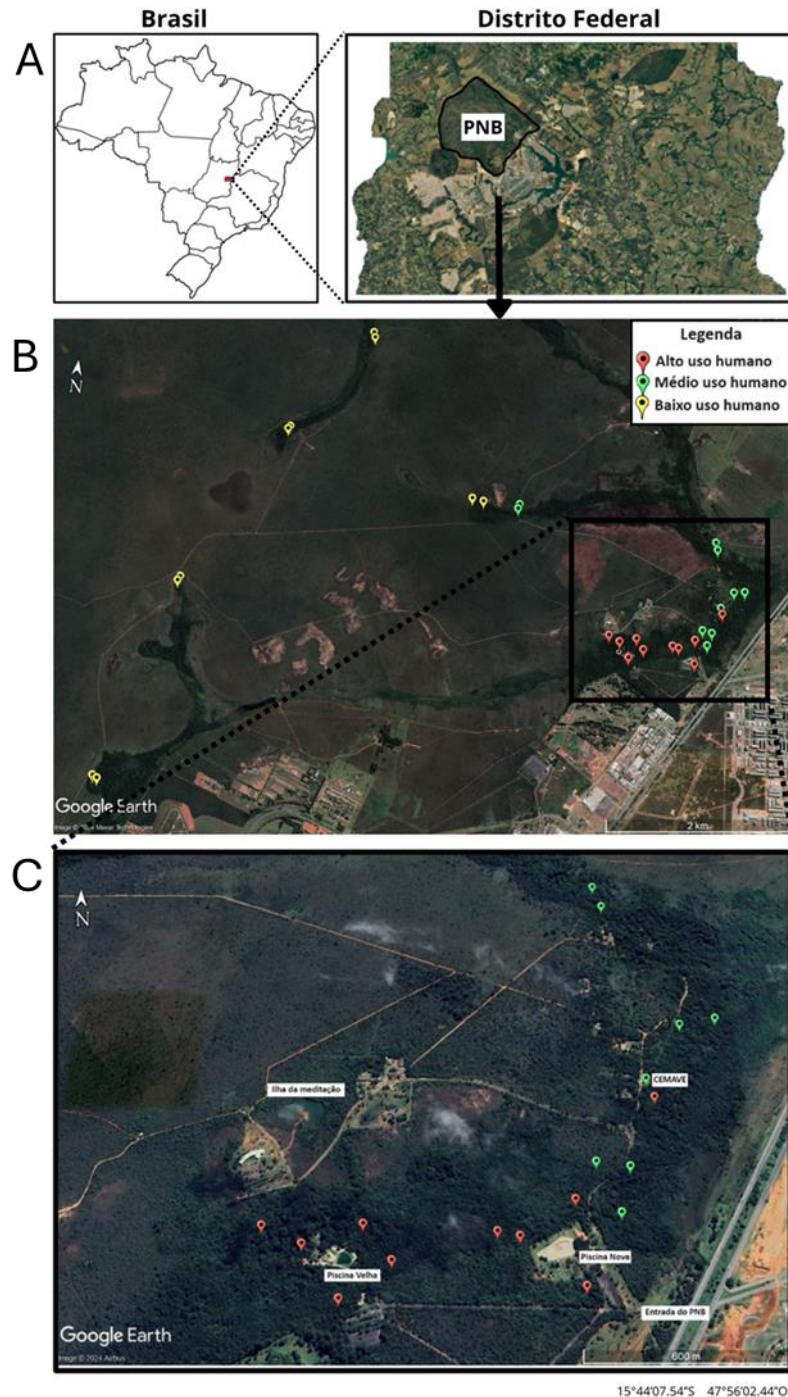


Figure 1: Study area - Brasília National Park (PNB), Brazil. A: Location of the PNB in the Federal District, Brazil. B: Location of the 30 mosquito capture points in the BNP, according to human use (high: red, intermediate: green, low: yellow). C: Details of the gallery forests, swimming pools and buildings in the BNP. Source: Google Earth Pro 7.3.4.8642 (May/2020).

Mosquito collection and identification

We collected mosquitoes between January and February 2020 at 30 points located in gallery forests in the BNP. At each of them, we measured (i) the shortest distance to the edge of the forest and (ii) the minimum width of the gallery forest around the point, (iii) the shortest distance to watercourses. The points were spaced at least 100 meters apart and categorized into three types of areas, according to the level of human use: low, intermediate, and high, totaling 10 points in each area (Figure 1). Naturally preserved areas with high tree and shrub cover, restricted to visitation and with limited access to staff were considered to have low human use. Areas close to trails with visitor access were considered intermediate use, while forests with less shrub cover and close to recreational points were classified as high human use areas.

At each point, two researchers collected specimens between 9 a.m. and 12 p.m. and between 1 p.m. and 4 p.m. using an entomological scoop and a Castro catcher (FORATTINI, 2002). The following day, the same point was revisited by two other researchers to ensure a more representative sample of each point and reduce the influence of the collector effect on the number of mosquitoes caught. Collections took place weekly until all the points had been sampled, totaling 30 days of fieldwork. All entomological samples were collected in accordance with biosafety standards (Brasil, 2019) and the minimization of risk during collection routines was mandatory vaccination against YF for all collectors. During the collections, data such as the presence of PNH, birds, temperature and humidity were recorded, to later assess the effect of these variables on the occurrence of mosquitoes. After capturing the mosquitoes, they were placed in plastic containers, labeled with origin data, and stored in refrigerated containers. The mosquitoes were frozen to death and identified using dichotomous keys contained in Consoli and Lourenço de Oliveira (1994) and Forattini (2002). Mosquito data was recorded to calculate density and species richness. These measurements were calculated separately for each of the human use areas.

Detection and density data

In this study we considered detection (r) as the probability of a female mosquito being captured by a human, or coming close enough for this to happen, i.e. per capita probability of capture. To evaluate r , six sampling variables were considered (Table 1). Density (λ) was defined as the number of female mosquitoes available to be collected at a given location, i.e. it refers to female mosquitoes that were actively searching for food. To assess λ of these mosquitoes, six variables were considered (Table 1).

To investigate the impact of environmental variables on the density and detection of YF vectors, the statistical analysis included the species *Hg. leucoceleaenus*, *Hg. janthinomys* and *Sa. albiprivus*, recognized as vectors of sylvatic YF in Brazil, along with the species *Ae. albopictus*, *Ae. scapularis*, *Ae. serratus* and *Ps. ferox*, considered potential vectors. We used n-mixture removal sampling models in which mosquitoes were removed and not returned to the original population (ROYLE, 2004). These models estimate density from a Poisson distribution and mosquito detection from a multinomial distribution. These models consist of two hierarchical "components" or "submodels": one that models the biological process that contributes to the variation in mosquito density, and another that models the observation process that contributes to the variation in mosquito detection (i.e. the probability of capture when present) (ROYLE, 2004; JOSEPH, 2009; HAINES, 2020; GOLDSTEIN, 2022).

Mosquito density cannot be observed directly, due to the complexity of capturing or counting all female mosquitoes foraging at a site. In addition, to estimate λ it is necessary to know the probability that a mosquito present at the site will be captured, so it is necessary to know r . Given the collection method, this can be interpreted as the probability of a host-seeking female mosquito interacts with humans. This serves as a rough estimate of the frequency of bites and, consequently, the risk of transmission, especially in the absence of repellents, among other factors. The dependent variable consists of the count of female mosquitoes captured on four collection occasions: day 1/morning, day 1/afternoon, day 2/morning and day 2/afternoon. This approach is justified by the fact that mosquitoes captured by one collector at one location and on one occasion cannot be recaptured by another collector; therefore, simultaneous captures by two observers at the same location and on the same occasion are not independent, which led to the aggregation of the two captures. To model λ , a logarithmic link function was used, while for r , a logit link function was employed. These analyses were carried out using the R package. Once the data had been analyzed, an intercept was estimated to assess the relationships between the variables (Supplement 1). The models were run using RStudio (R CORE TEAM, 2022) based on the mosquito density and detection variables. The data and code used are available in supplements 3 and 4, respectively.

Supplement 1: Intercepts estimated for each variable from the n-mixture model.	
Variable	Intercept
Density (λ)	

Human use	Average density of female mosquitoes in places of low human use. Thus, the effect of intermediate human use results from the difference in density between low and intermediate use sites, while the effect of high human use results from a difference in density between low and high use sites.
Watercourse	Average density of female mosquitoes foraging at sites without nearby watercourses
Distance from edge (m)	Indicates an average density of female mosquitoes foraging at a close distance from the forest edge (up to 50m, considered close and above 50m, distant)
Width of forest (m)	Average density of female mosquitoes foraging in narrow patches of gallery forest (up to 200 meters wide)
Number of birds	We analyzed two intercepts. The first analyzed the average density of female mosquitoes foraging in places with low bird counts (up to 12 birds counted). The second considered the average density of female mosquitoes foraging in places with few (up to 8), moderate (9-19) and many birds (>19).
Presence of PNH	Average density of female mosquitoes foraging in places where no monkeys were seen.
Detection (r)	
Sampling effort	Probability that a female mosquito will be captured by one person (in a team of 2 people) per sample over a period of 3.64 (person-hours).
Collection period	Probability of an individual mosquito being caught in the afternoon
Collector's experience	Two observers were considered "experts" or seniors and the presence of either of them has a positive effect. In this case, the intercept (value = 0) represents the probability of an individual mosquito being caught by a team that does not include senior observers. In other words, it indicates the proportion of the local mosquito population that will be captured by a team that has none of them. In addition, one of the observers was considered the "top expert" and his presence has a positive effect; for this case, the intercept indicates the probability of an individual mosquito being captured by a team that does not include "top expert", i.e. the proportion of the local mosquito population that will be captured by a team without his presence.
Rainfall	Probability of an individual mosquito being caught on a day without rain
Temperature (°C)	Probability of an individual mosquito being caught on a day with typical (average) temperature (26.25°C average, 23.41°C minimum, 29.09°C maximum)
Humidity (%)	Probability of an individual mosquito being caught on a day with typical relative humidity (average 79.39%, minimum 61.93%, maximum 84.84%).

Results

Mosquito species richness and abundance in the BNP

We collected 4077 mosquitoes belonging to 10 genera distributed in 23 species. Table 2 shows that *Sabethes albiprivus* was the most frequently caught species. The other most frequent species were *Aedes serratus*, *Wyeomyia oblita*, *Limatus durhamii*, *Haemagogus leucocelaenus*, *Aedes scapularis*, *Psorophora ferox* and *Haemagogus janthinomys*. In general, the percentage of mosquitoes captured in the areas of high, intermediate, and low human use was similar (Table 2), with 19 species recorded at the points of high human use, 22 at the points of intermediate use and 16 at the points of low use. However, when analyzing the areas of human use by species, we found that

Sa. albiprivus was the most frequent species in high human use areas, while in the areas of intermediate and low use, the species *Ae. serratus* and *Wy. oblita* were the most abundant, respectively (Table 2).

Table 2. Number of mosquitoes from the Anophelinae and Culicinae subfamilies collected in the three human-use areas of Brasilia National Park between January and February 2020.

	Human use			Total	
	High	Medium	Low	n	%
Anophelinae					
<i>Anopheles (Nyssorhynchus) parvus</i> Chagas, 1907	0	1	0	1	0,02
<i>Anopheles (Nyssorynchus) lutzii</i> Cruz, 1901	3	2	5	10	0,25
<i>Anopheles (Stethomyia) kompi</i> Edwards, 1930	16	8	0	24	0,59
Culicinae					
<i>Aedes (Howardina) fulvithorax</i> Lutz, 1904	1	0	1	2	0,05
<i>Aedes (Ochlerotatus) fluviatilis</i> Lutz, 1904	1	2	0	3	0,07
<i>Aedes (Ochlerotatus) scapularis</i> Rondani, 1848	86	53	33	172	4,22
<i>Aedes (Ochlerotatus) serratus</i> Theobald, 1901	214	584	49	847	20,78
<i>Aedes (Protomacleaya) argyrothorax</i> Bonne, 1919	0	1	6	7	0,17
<i>Aedes (Stegomyia) albopictus</i> Skuse, 1864	12	5	4	21	0,52
<i>Coquillettidia (Fasciolata) lynch</i> Arribáizaga, 1891	5	4	0	9	0,22
<i>Coquillettidia (Rhynchotaenia) shannoni</i> Lane, 1937	4	6	0	10	0,25
<i>Culex (Culex) nigripalpus</i> Theobald, 1901	4	1	0	5	0,12
<i>Haemagogus (Conopostegus) leucocelaenus</i> Dyar, 1924	114	117	107	338	8,29
<i>Haemagogus (Haemagogus) janthinomys</i> Dyar, 1921	18	12	9	39	0,96
<i>Limatus durhamii</i> Theobald, 1901	273	193	164	630	15,45
<i>Limatus</i> sp2.	2	1	3	6	0,15
<i>Psorophora (Janthinosoma) discrucians</i> Walker, 1856	4	3	1	8	0,20
<i>Psorophora (Janthinosoma) ferox</i> Von Humboldt, 1819	17	62	20	99	2,43
<i>Psorophora</i> sp1.	0	2	0	2	0,04
<i>Sabethes (Sabethes) albiprivus</i> Theobald, 1903	408	322	273	1003	24,60
<i>Sabethes (Sabethes) belisarioi</i> Neiva, 1908	1	3	3	7	0,17
<i>Toxorhynchites</i> sp. (macho)	0	0	2	2	0,05
<i>Wyeomyia (Wyeomyia) oblita</i> Lutz, 1904	43	32	757	832	20,41
Total	1226	1414	1437	4077	100

***Haemagogus janthinomys* gets closer to humans in wider forests with more birds**

The results of the numbers of *Hg. janthinomys* females searching for hosts at the 30 points sampled in the BNP showed that *Hg. janthinomys* comes closer to humans in wider forests. There was also a slight tendency to collect *Hg. janthinomys* in areas with intermediate human use (Figure 2). The n-mixture model for the species *Hg. janthinomys* revealed that λ is mainly influenced by the width of the forest and the amount of bird presence (Table 3). The probability of finding *Hg. janthinomys* is 125% higher in wider forests. Similarly, the model shows that the number of birds increases the probability of finding this species by 85%. However, a minimum temperature (23.41°C) results in a 30% lower probability of detection (Table 3).

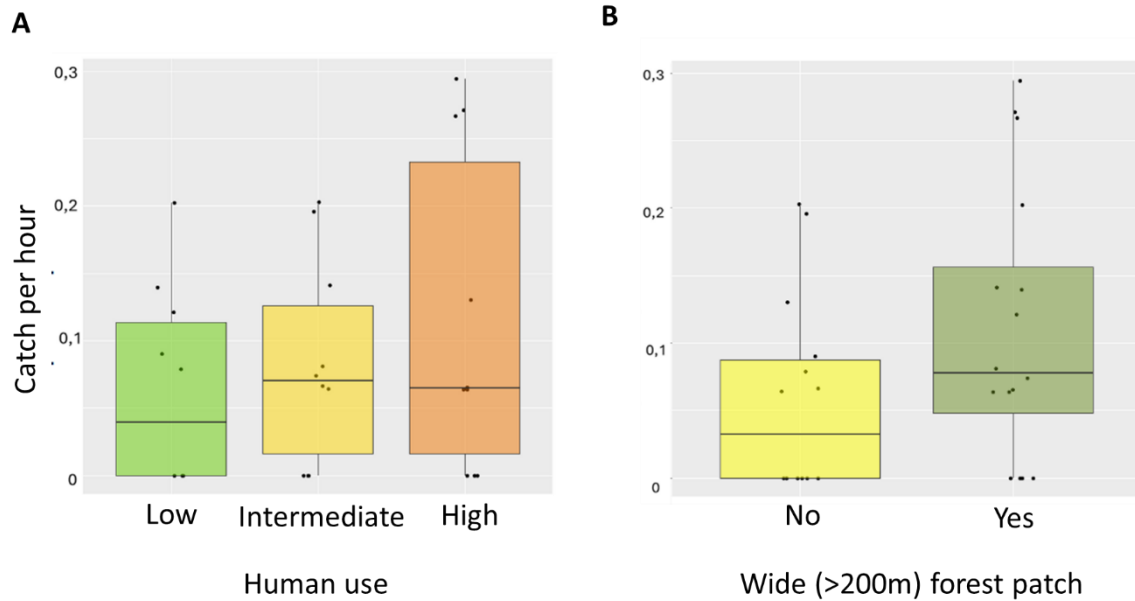


Figure 2. Number of *Haemagogus janthinomys* females captured per hour at 30 sampling points in the BNP. A) Human use (low, intermediate, and high). B) Forest width (categorical, >200m).

***Haemagogus leucocelaenus* comes closer to humans at sites further away from watercourses**

Females of the species *Hg. leucocelaenus* were more likely to be caught in wider forests devoid of watercourses (Figure 3). Analyzing the counts of PNH and birds showed no clear association with the number of females of *Hg. leucocelaenus*. The distance from the edge, the width of the forest and human use did not show clear associations with the density of mosquitoes.

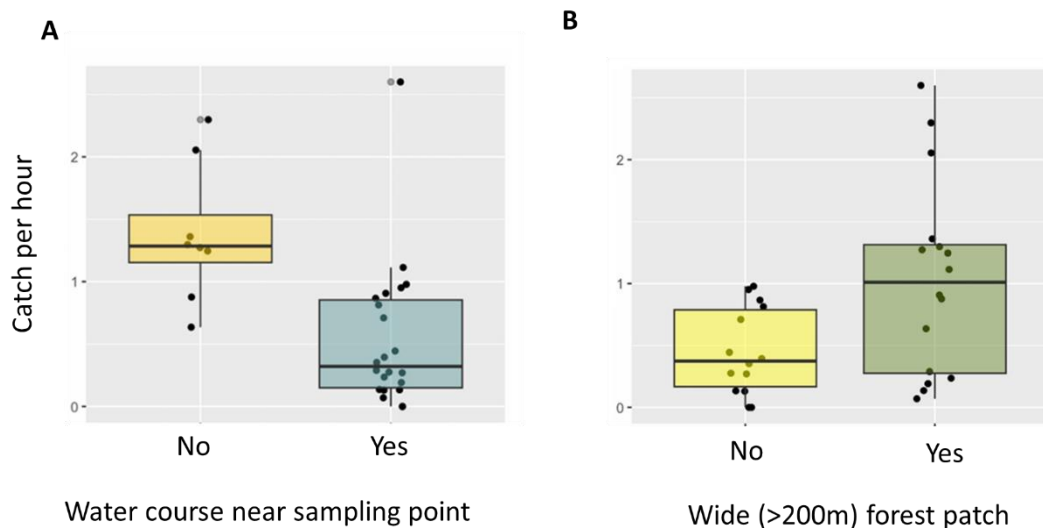


Figure 3: Number of *Haemagogus leucocelaenus* females captured per hour at 30 sampling points in the BNP. A) Watercourse near the point (present/absent), B) Width of the forest (categorical, >200m).

Table 3. Results of the n-mixture model showing the effects of the variables analyzed on the density and detection of *Haemagogus janthinomys*, *Haemagogus leucocelaenus*, *Sabethes albiprivus* and *Psorophora ferox*.

		<i>Hg. janthinomys</i>			<i>Hg. leucocelaenus</i>			<i>Sa. albiprivus</i>			<i>Ps. ferox</i>		
		Estimate	CI (85%)		Estimate	CI (85%)		Estimate	CI (85%)		Estimativa	IC (85%)	
Density (λ)	Intercept	0.137	-0.790	1.064	3.799	3.200	4.397	4.834	4.370	5.298	2.344	0.798	3.889
	Intermediate human use	0.244	-0.414	0.902	0.020	-0.180	0.220	-0.001	-0.160	0.158	0.620	-0.029	1.277
	High human use	0.497	-0.170	1.164	0.049	-0.158	0.256	0.593	0.438	0.748	-0.700	-1.292	-0.117
	Watercourse	0.246	-0.423	0.915	-0.706	-0.897	-0.514	-0.492	-0.658	-0.327	-0.657	-1.139	-0.405
	Distance from edge	0.180	-0.065	0.425	0.260	0.179	0.341	-0.162	-0.275	-0.049	-0.551	-1.134	-0.301
	Width of forest	0.813	0.235	1.390	0.152	-0.101	0.405	0.156	0.014	0.298	0.095	0.061	0.726
	Presence of PNH	0.149	-0.363	0.660	-0.029	-0.216	0.158	0.285	0.145	0.425	0.687	0.362	1.343
Detection (r)	Presence of birds	0.617	0.091	1.144	-0.206	-0.393	-0.018	0.286	0.146	0.426	0.452	0.247	0.658
	Intercept	-1.249	-2.187	-0.311	-2.271	-3.094	-1.448	-2.750	-0.324	-2.176	-2.031	-3.862	-0.199
	Effort	-0.072	-0.437	0.293	0.109	0.009	0.209	0.151	0.089	0.212	0.179	0.071	0.657
	High experience	-0.259	-0.950	0.432	0.397	0.217	0.576	0.373	0.263	0.483	-0.008	-0.474	0.165
	Morning	-0.042	-0.685	0.601	0.135	-0.061	0.330	0.080	-0.219	0.059	-0.197	-1.037	-0.123
	Rain	0.935	-0.267	2.137	0.038	-0.238	0.315	-0.285	-0.450	-0.120	-0.201	-1.198	-0.135
	Min. temperature	-0.370	-0.663	-0.076	0.086	-0.024	0.196	0.033	-0.055	0.120	0.017	-0.045	0.422
Minimum humidity	-0.123	-0.265	0.510	-0.042	-0.154	0.070	-0.239	-0.312	-0.166	-0.033	-0.416	-0.009	

CI: Confidence interval. Values in bold indicate the greatest effect on the density of each species

The n-mixture model applied to the species *Hg. leucocelaenus* revealed that λ is negatively influenced by the presence of nearby watercourses. For r , only sampling effort and collector experience showed significant effects, which were positive (Table 3). In the presence of a nearby watercourse, the density of the species is halved compared to areas without a watercourse. When analyzing the probability of detection, the greater the collection effort, i.e. collection periods of more than 3.6 hours, the per capita probability of detecting females is 12% greater compared to shorter periods. Furthermore, this probability also increases when experienced collectors catch mosquitoes.

***Sabethes albiprivus* comes closer to humans in larger forests with high human use**

The exploratory results of the numbers of females of the species *Sa. albiprivus* searching for hosts revealed a greater tendency towards areas of wider forests devoid of watercourses (Figure 3).

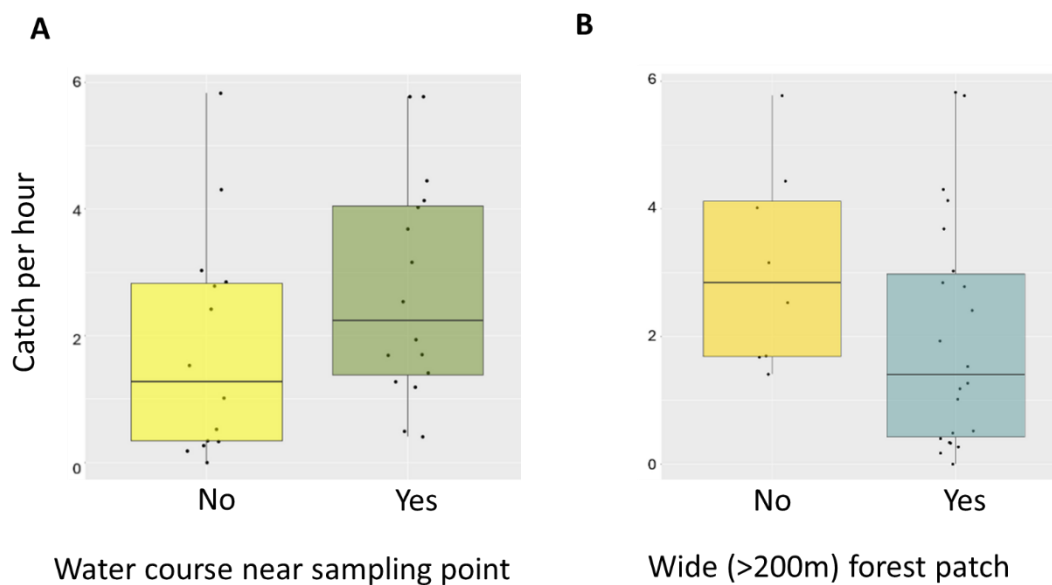


Figure 3: Number of *Sabethes albiprivus* females captured per hour at 30 sampling points in the BNP. A) Nearby watercourse (present/absent). B) Width of the forest (categorical >200m).

The n-mixture model for the species *Sa. albiprivus* revealed that λ is mainly influenced by human use. As for r , sampling effort and collector experience had positive effects, unlike rainfall and relative humidity, which had a negative effect (Table 3). The model also revealed that in areas with high human use compared to areas with low human use, the density of *Sa. albiprivus* is 81% higher. In the presence of birds and PNH, the density of the species will increase by around 30% compared to areas without the presence of these animals. Furthermore, in large forests (>200m), the density will be

17% higher (Table 3). As for the probability of detection, the greater the collection effort, i.e. collection periods longer than 3.6 hours, the per capita probability of detecting females is 17% greater compared to shorter periods. Furthermore, this probability also increases by half as the collector's experience increases. However, in conditions of high rainfall and humidity, detection decreases by almost 25%.

***Psorophora ferox* comes closer to humans in forests with the presence of PNHs and in forests with low human use**

Females of the *Ps. ferox* were more commonly caught in sites with the presence of NHP and intermediate human use (Figure 4).

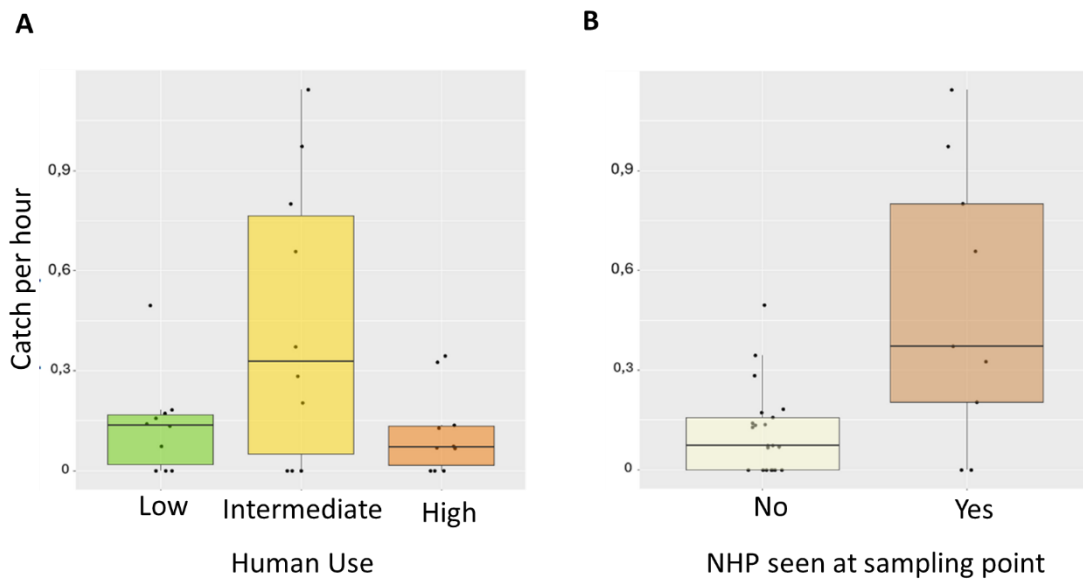


Figure 4 Number of *Psorophora ferox* females captured per hour at 30 sampling points in the BNP. A) Human use (low, intermediate, and high). B) Presence of NHP.

The n-mixture model applied to the *Ps. ferox* species revealed that λ is negatively influenced by high human use. In relation to r , sampling effort was the only variable that showed positive effects, while rainfall and collection during the morning shift had negative effects (Table 3). The model also revealed that in areas with the presence of PNH, density is 2x higher. In contrast, the presence of humans, watercourses, and points far from the edge would halve the density. For the probability of detection, the greater the collection effort, i.e. collection periods of more than 3.6 hours, the per capita probability of detecting females is 20% higher compared to shorter periods. However, in conditions of high rainfall and collections carried out during the morning shift, detection drops by almost 20%.

***Aedes albopictus* e *Ae. scapularis* come closer to humans in forests with high human use and at points further away from watercourses.**

Females of the species *Ae. albopictus* and *Ae. scapularis* were captured more often at points far from watercourses and areas with intermediate-high human use (Figure 5).

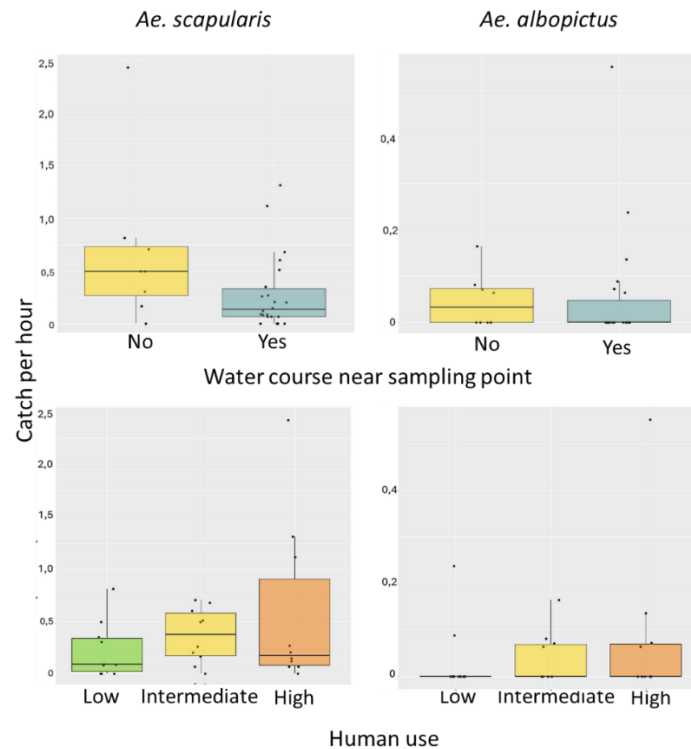


Figure 5. Number of *Aedes scapularis* and *Aedes albopictus* females captured at 30 sampling points in the BNP. A) Watercourse near the point (present/absent). B) Human use (low, intermediate, and high).

Analyses of the n-mixture model applied to *Ae. scapularis* and *Ae. albopictus* revealed that λ is positively influenced mainly by human use (Table 4). The model also revealed that in areas with high human use, the density of *Ae. scapularis* increases by almost 244% compared to areas with low human use. The probability of detection was found to increase by half with experienced collectors. However, in conditions of high rainfall, detection decreases by half. The n-mixture model applied to the *Ae. albopictus* species revealed that minimum temperature had a negative influence on detection, while minimum humidity had a positive effect (Table 4). In addition, the model showed that in areas with high human use, the density of *Ae. albopictus* is 585% higher than in areas with low human use. For the probability of detection, at minimum temperatures (<23.41°C), the per capita probability of detecting females is 40% higher compared to higher temperatures. However, r increases by around 70% compared to periods of higher humidity.

Table 5. Results of the n-mixture model showing the effects of the variables analysed on the density and detection of *Aedes albopictus*, *Aedes serratus* e *Aedes scapularis*

		<i>Ae. albopictus</i>			<i>Ae. serratus</i>			<i>Ae. scapularis</i>		
		Estimate	CI (85%)		Estimate	CI (85%)		Estimate	CI (85%)	
Density (λ)	Intercept	-0.413	-1.828	1.001	2.962	2.137	3.787	3.300	1.808	4.792
	Intermediate human use	0.457	-0.626	1.644	2.038	1.780	2.295	0.830	0.480	1.181
	High human use	1.924	1.110	3.178	1.226	0.987	1.466	1.236	0.908	1.563
	Watercourse	-0.864	-2.800	-0.438	-0.004	-0.174	0.110	-0.879	-1.180	-0.579
	Distance from edge	-0.131	-1.023	0.049	0.544	0.479	0.609	0.115	0.071	0.316
	Width of forest	-1.007	-1.615	-0.490	0.065	-0.001	0.387	0.002	-0.170	0.202
	Presence of PNH	-0.396	-1.995	-0.087	0.605	0.463	0.745	-0.778	-1.079	-0.482
	Presence of birds	-0.109	-0.718	0.027	0.018	-0.020	0.277	0.053	-0.044	0.572
Detection (ρ)	Intercept	-1.178	-2.497	0.142	-2.984	-3.891	-2.077	-2.960	-4.965	-1.276
	Effort	-0.012	-0.702	0.484	0.198	0.133	0.263	-----	-----	-----
	High experience	0.041	-0.685	1.388	0.359	0.241	0.479	0.383	0.210	0.712
	Morning	0,080	-0,415	1,463	-----	-----	-----	-----	-----	-----
	Rain	-0,269	-2,568	0,298	-----	-----	-----	-0,695	-1,170	-0,364
	Min. temperature	-0,379	-2,664	-0,125	-----	-----	-----	-----	-----	-----
	Minimum humidity	0,550	0,044	2,356	-----	-----	-----	-----	-----	-----

CI: Confidence interval. Values in bold indicate the greatest effect on the density of each species

***Aedes serratus* comes closer to humans in forests with average human use**

The females of *Ae. serratus* were more likely to be caught at points with the presence of PNH and areas with moderate human use (Figure 6).

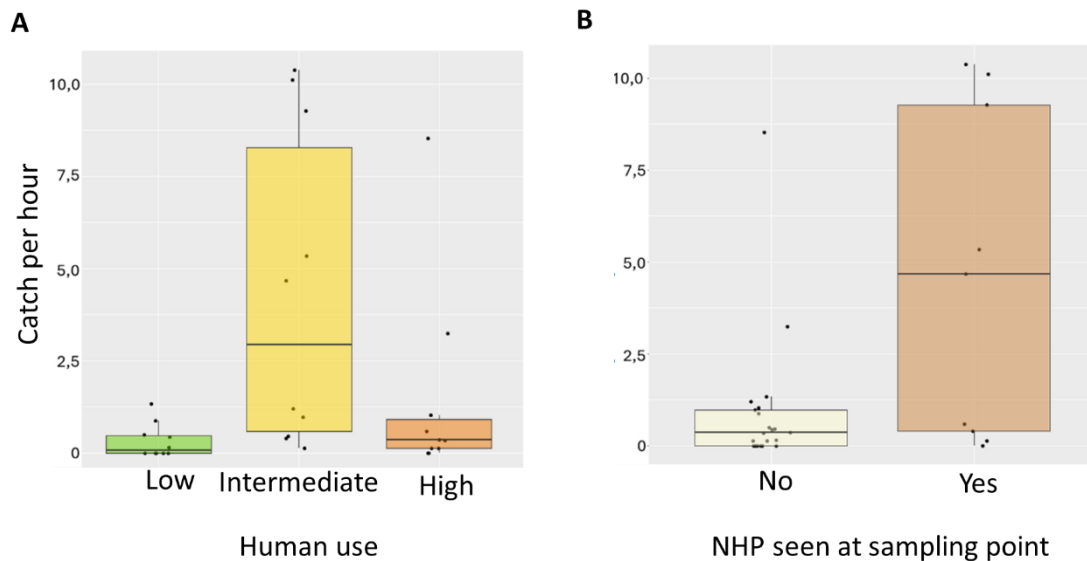


Figure 6. Number of *Ae. serratus* females captured at 30 sampling points in BNP. A) Human use (low, intermediate, and high). B) Presence of observed PNH.

The n-mixture model for the *Ae. serratus* indicated that λ is positively influenced mainly by high human use. On the other hand, r was positively influenced only by sampling effort and collector experience (Table 5). The analyses revealed that in areas with high human use compared to areas with low human use, the density of *Ae. serratus* increases by almost 250%. In the presence of PNH, the density of the species will increase by around 80% compared to areas without the presence of these animals. For the probability of detection, the greater the collection effort, i.e. collection periods of more than 3.6 hours, the per capita probability of detecting females is 22% greater compared to shorter periods. Furthermore, this probability also increases with experienced collectors.

Risk of exposure to yellow fever vectors in BNP according to collection points and levels of human use

The results of the search for hosts by female mosquitoes at the 30 points sampled in the BNP in areas with different human uses (low, intermediate, high) revealed a clear variation in mosquito density between areas according to human use and between points within a human use category. For *Sa. albiprivus*, the highest density of this species occurs in areas with higher human use and in the case of *Hg. janthinomys*, point 2 (Piscina Velha) was where there was the highest density. For *Ae. serratus* and *Ps. ferox*, the

highest density occurred in areas with intermediate human use, mainly at point 19 (abandoned building), while the density of *Ae. scapularis* and *Ae. albopictus* was higher at specific points of high use (28 and 24, points near the BNP swimming pools). On the other hand, *Ae. albopictus* showed a low density in low human use areas. In general, densities were generally lower in areas of low human use (Figure 7).

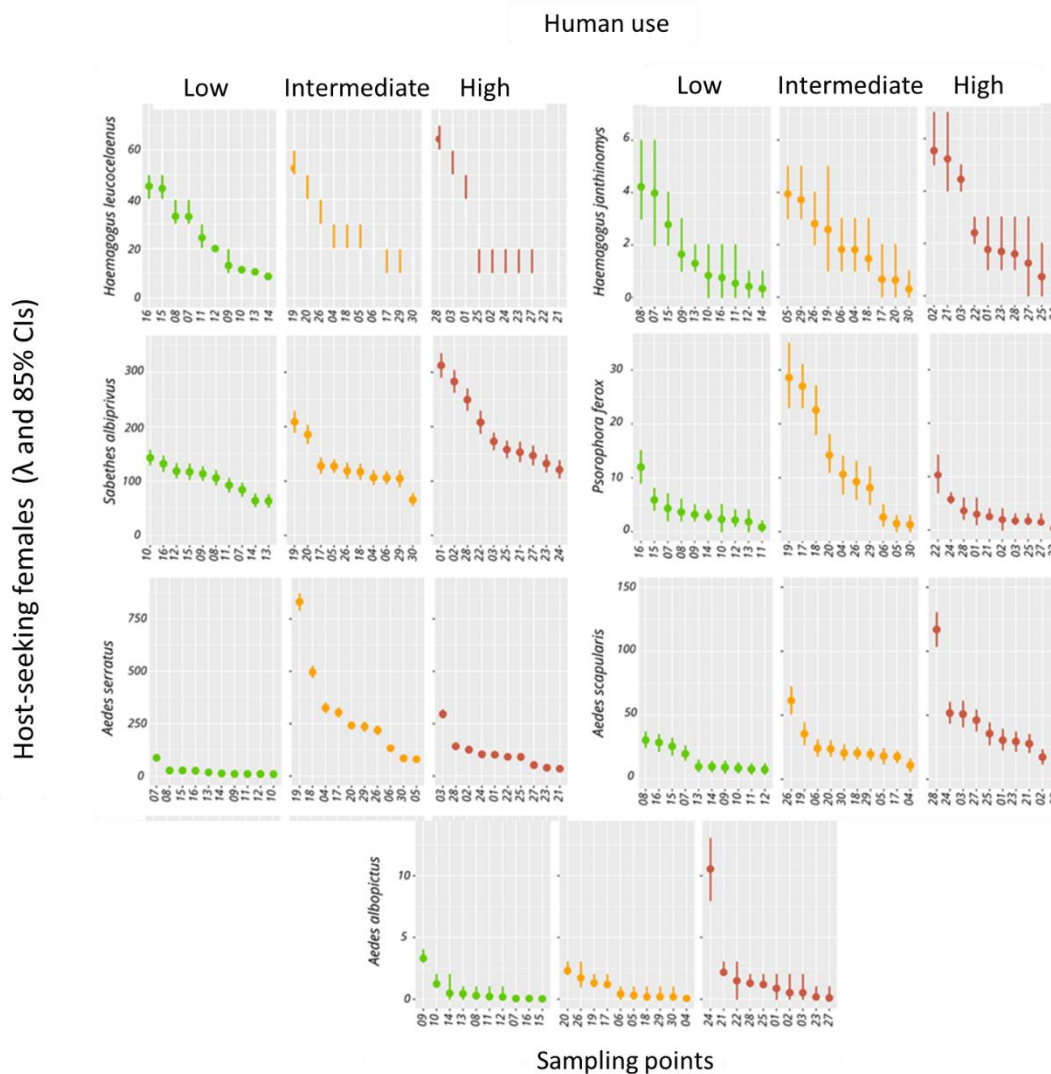


Figure 7. Sampling point-specific density of host-seeking female mosquitoes in the BNP, Brazil, January-February 2020: empirical Bayes (random-effects) estimates (modes and 85% CIs) from the top-ranking removal sampling multinomial N-mixture mode by species and human use (green: low, yellow: intermediate and red: high).

The N-mixture models based on density and detection made it possible to estimate the average number of female mosquitoes that will approach a person after one hour of exposure at the points sampled in the PNB. For example, if 22.3% of the 10.5 females come close enough to a person, the value would be $10.5 \times 0.223 = 2.34$ females. However, our sampling was based on 2 collectors and the corrected value would be half

that (1.17) considering 1.82 hours of collection (or 'exposure'). The corrected value for 1 hour is 0.64 females of *Ae. albopictus* or at least one female approaching a person at a high density point after two hours of exposure (Table 6). When considering the exposure levels for each species, we realized that people in the BNP are mainly exposed to *Ae. serratus* in the Cibeles Bamboo Grove, followed by *Sa. albiprivus* on the capybara trail. These data indicate that exposure to *Hg. leucocelaenus* is greater than to *Hg. janthinomys* and that the greatest exposure to VF vectors is on the capybara trail (Table 6), where a visitor could be bitten by up to 10 mosquitoes per hour and be exposed to at least three species of VF vectors.

Table 6. Risk of exposure to primary and secondary Yellow Fever vectors at 30 points sampled in Brasilia National Park according to the density and detection values estimated by the N-mixture model, in 2024.

Species	Site	Density (λ)	Detection (p)	Exposure*
<i>Hg. leucocelaenus</i>	Trilha da capivara	64.0	0.16	2.81
<i>Hg. janthinomys</i>	Piscina velha	5.5	0.29	0.44
<i>Sa. albiprivus</i>	Trilha da capivara	312.0	0.085	7.29
<i>Ae. albopictus</i>	Piscina nova	10.5	0.23	0.64
<i>Ae. serratus</i>	Bambuzal	830.0	0.067	15.28
<i>Ae. scapularis</i>	Trilha da capivara	117.0	0.075	2.41
<i>Ps. ferox</i>	Bambuzal	28.6	0.20	1.57

* Average number of female mosquitoes that will approach a person after one hour of exposure at the points of high mosquito density sampled in the PNB.

Discussion

This study estimated the density of host-seeking YF vectors considering environmental and sampling variables in the BNP using the n-mixture model. The results indicate that the density of most studied mosquitoes is positively influenced by factors such as human use. However, the density of some species was also influenced by environmental variables such as the presence of a watercourse and the width of the forest. Our models enabled us to estimate the risk of human exposure to YF vectors in wild areas with low, intermediate, and high frequencies of anthropogenic alteration and human circulation. This study has contributed to a better understanding of the risk of YF transmission in wild areas.

Our data indicates that *Sa. albiprivus* and *Aedes* species are more frequent in areas with high human activity. *Sa. albiprivus* was the most frequent mosquito species in our study, as has also been observed in other areas with YF outbreaks [Silva et al., 2024; Abreu...Lira-Vieira 2013...]. *Sa. albiprivus* females lay their eggs in fruits of the *Lecythis pisonis* tree [Vieira et al 2020]. It is possible that the species also oviposits in

other tree holes present in disturbed areas in our study area, which could explain the higher density associated with high human use. These findings are significant because *Sa. albiprivus* was found to be naturally infected with the YF virus in Brazil (Oliveira 2023). Forattini et al. (1977) demonstrated that *Ae. scapularis* can develop in various types of artificial containers, indicating a behavioral change in this essentially wild species as a secondary adaptation to the anthropogenic environment. Furthermore, the presence of humans attracts animals such as dogs, rodents, primates, and birds to the remains of food left by humans. For instance, capuchin monkeys are frequently found in swimming pool areas, and they may serve as a food source for *Ae. scapularis* and *Ae. serratus*. This is supported by feeding behavior data indicating that these mosquitoes feed on primates and peridomestic animals (Mucci et al. 2015, Palermo et al. 2016). Although *Ae. serratus* has been identified with YFV in Rio Grande do Sul (Cardoso et al. 2011), its role in the transmission cycle of YF remains unknown. There was no significant correlation between mosquito density and human presence for the species *Hg. janthinomys* and *Hg. leucocelaenus*. This may be due to their tendency to maintain behaviors that are better suited to wild environments (MONDE, 2002; CARDOSO & TUBAKI, 2010; ABREU, 2019; SILVA, 2022).

During the YF epidemic between 2016 and 2018, *Haemagogus* species were identified as vectors responsible for transmitting YFV in five Brazilian states due to their wide distribution, high abundance, and high rates of natural infection. It is important to note that *Hg. janthinomys* was detected in small natural fragments (7 hectares) located in recently disturbed forest valleys (Abreu et al. 2019). The study found that temperature affects the attraction of *Hg. janthinomys*. Values below 23°C resulted in a 30% lower probability of detection. Alencar et al. (2008) reported that *Hg. janthinomys* had a higher density at average temperatures ranging from 24-30°C and RH greater than 70% in the Amazon. This may explain the lower mobility of this species in the BNP areas. In contrast, the presence of humans had a clear negative effect on the *Psorophora ferox* species, while the presence of PNH had a positive association. This indicates a stronger preference for food sources found in environments that are less altered by human presence. This idea is supported by evidence that *Ps. ferox* had a lower frequency of human blood compared to other abundant species in an area of wild YF transmission in the state of São Paulo, Brazil (Mucci et al., 2015).

Specifically, the width of the forest was positively associated with mosquito density for most species. Alencar et al. (2018) demonstrated that forest cover has a direct impact on the abundance of wild mosquito vectors. The presence of vegetation within a

radius of 250 to 1000m affected the composition of *Haemagogus* and *Sabethes* in Chapada dos Guimarães, Mato Grosso, Brazil. A probable correlation between the width of the forest and the density of food sources available to the mosquitoes in question may explain this phenomenon. However, a negative effect of forest width was observed specifically for *Ae. albopictus* among the analyzed species. The mosquito discussed here is known to prefer peridomiciliary environments. It is possible that a wider forest area may reduce the presence or viability of suitable habitats for this species, leading to a negative impact on its abundance or distribution. Studies have shown that mosquito communities undergo significant changes as the distance from the edge increases. *Ae. albopictus* mosquitoes have been found to penetrate at least 100 meters into the forest, while mosquitoes of the genera *Haemagogus* and *Sabethes* have been detected in low numbers within 100 meters of the forest edge (Hendy et al. 2020). Surprisingly, the watercourse variable had a negative or zero effect on mosquito density, even though mosquitoes breed in aquatic environments (TUBAKI, 2010; LIRA-VIEIRA, 2013). This phenomenon can be attributed to several factors. In areas close to bodies of water, mosquitoes may face greater predation by fish and dragonflies, which consume their larvae, thus limiting the number of adults available (Singh, 2003; Chandra, 2008; Shaalan, 2009; Han, 2015; Van Duong, 2021). Additionally, there are species of the genus *Aedes* that prefer standing water, which can make places with running water less attractive (Abreu, 2015; Bermudi, 2017). *Sabethes* females lay their eggs in bamboo internodes or fruits where water has accumulated, rather than depending on watercourses (Bersot et al. 2023, Vieira et al. 2020). The presence of water bodies can affect humidity levels, and while mosquitoes prefer wetter areas to avoid desiccation, the proximity of a watercourse can disperse mosquitoes away from it (Cardé, 2023; San Alberto, 2023). These findings indicate that the presence of watercourses in gallery forests is not a necessary or relevant factor in explaining a high density of wild mosquitoes. Therefore, exposure to mosquitoes would not necessarily be greater in gallery forest sites close to watercourses.

The distance from the edge had a positive impact on mosquito density, specifically for species with wild habits such as *Hg. leucocelaenus*, *Ae. serratus*, and *Ae. scapularis*. This can be attributed to the fact that mosquitoes further away from the edges are more protected from the wind due to the trees acting as barriers. The trees provide a more stable environment for mosquito locomotion, as they are light and small. Furthermore, reduced exposure to sunlight, particularly in areas with a canopy, creates a microclimate that is more humid and shaded, which is conducive to reproduction.

However, for species such as *Sa. albiprivus* and *Ps. ferox*, this factor had an adverse impact. For instance, *Ps. ferox* males and females reproduce by examining the ground at low altitudes in clearings 1-2m in diameter during twilight (Nielsen 1964). The areas furthest from the interior of the forests have lower vegetation and no trees, which may contribute to the reproductive success of this species. *Sa. cloropterus* also displays similar behavior (Galindo 1958). The presence of NHP did not significantly alter the mosquito density of the primatophilic species (*Hg. janthinomya* and *Hg. leucocelaenus*), contrary to expectations. One possible explanation for this result is that the researchers chose to temporarily stop collecting mosquitoes when they recorded the presence of NHP during the study. This was due to reports of these primates attacking researchers and visitors in the BNP. The density of *Hg. janthinomya* has been found to be associated with the presence of birds. Alencar et al. (2005) reported that birds were the primary food source for this species, which supports our findings.

As predicted, both sampling effort and collector experience had a positive effect on mosquito detection, indicating that the greater the effort and the more experienced the collector, the greater the detection. Most of the analyzed species did not show a significant effect in relation to the collection shift. However, the variable of rainfall had a negative impact on the species *Sa. albiprivus*, *Ae. scapularis*, and *Ps. ferox*. Rainfall can increase the risk of exposure to host-seeking females, particularly for the species *Ae. scapularis*, *Ae. serratus*, and *Ps. ferox*, according to research conducted in São Paulo (Laporta et al. 2012). The model indicates that the density and detection of mosquitoes are significantly higher than those observed, depending on certain variables. It is not possible to determine the exact number of mosquitoes present in the environment based solely on the observed number, as there are several factors that can affect this estimation. For instance, at the time of collection, females may have already eaten and may not require additional food. Additionally, the collection of mosquitoes could have been influenced by factors such as vegetation, the presence of vertebrates, and the availability of food sources (Jesus et al., 2019; Hopken et al., 2021).

One limitation of this study is that the mosquitoes were only collected during two months, January and February, which are characterized by high rainfall rates in the central-western region. Therefore, it is not possible to generalize the influence of the environmental variables to months with different levels of rainfall. The observed patterns during the months of January and February may not be representative of the species' behavior throughout the year. To obtain a more comprehensive and accurate view of the species' ecology, it is recommended to extend collections throughout the year.

The models enabled the estimation of the average number of host-seeking female mosquitoes per hour at the points sampled in the BNP. By analyzing the levels of human exposure for each species, we identified the areas in the BNP with the highest risk of exposure to potential YF vectors. This information enables us to inform visitors of the specific locations in the BNP where there is a greater risk of contact with these mosquitoes. This is relevant information for preventing YF among park workers and visitors. Despite the limited number of collection points (30), the chosen model allowed for precise estimation of mosquito density and capture probability. This suggests that the model can provide reliable estimates even under restricted sampling conditions. Therefore, we recommend exploring its applicability in other regions and contexts. This research contributes to the development of effective strategies for monitoring and controlling mosquito-borne disease vectors.

This study demonstrates the variation in people's exposure to mosquitoes that transmit YF circulating in the BNP and the corresponding levels of exposure. We conclude that the density of mosquito species in the BNP is influenced by both environmental and collection variables. Additionally, the density of most mosquitoes in the studied sites is positively affected by human use. Some species' density is also influenced by environmental variables such as proximity to watercourses and forest width. *Hg. janthinomys* were found to be more prevalent at sites with a high bird population, while *Ps. ferox* was captured more frequently in areas with NHP. Additionally, sites with a higher mosquito density had the potential for visitors to be bitten by up to eight mosquitoes per hour and exposed to at least three species of YF vectors. These findings aid in the surveillance of YF vectors by providing insight into the complex interactions between environmental variables and mosquito ecology. This information can aid in targeting more effective prevention and control measures in areas that are at risk of AF transmission.

References

ABREU, Filipe Vieira Santos de et al. *Haemagogus leucocelaenus* and *Haemagogus janthinomys* are the primary vectors in the major yellow fever outbreak in Brazil, 2016–2018. **Emerging microbes & infections**, v. 8, n. 1, p. 218-231, 2019.

ABREU, Filipe Vieira Santos de et al. Influence of breeding site availability on the oviposition behaviour of *Aedes aegypti*. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 110, p. 669-676, 2015.

BENCHIMOL, Jaime Larry (Ed.). **Febre amarela: a doença e a vacina, uma história inacabada**. SciELO-Editora FIOCRUZ, 2001.

ALENCAR, Jeronimo et al. Feeding patterns of *Haemagogus janthinomys* (Diptera: Culicidae) in different regions of Brazil. **Journal of medical entomology**, v. 42, n. 6, p. 981-985, 2005.

ALENCAR, Jeronimo 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, n. 2, p. 389-392, 2008.

ALENCAR, Jeronimo 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.

Benchimol JL, editor. Febre amarela: a doença e a vacina, uma história inacabada [online]. Rio de Janeiro: Editora FIOCRUZ, 2001. 470 p. online. Rio de Janeiro: Fiocruz; 2001.

Brasil. Ministério da Saúde. Secretaria de Vigilância em Saúde. Departamento de Imunização e Doenças Transmissíveis. Guia para o Planejamento das Ações de Coleta de Anofelinos pela Técnica de Atração por Humano Protegido (TAHP) e Acompanhamento dos Riscos à Saúde do Profissional Coletador. Ministério da Saúde, 2019. Disponível em https://bvsmms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/guia_planejamento_acoes_coleta_anofelinos_tecnica_atracao_humano_protegido.pdf. Acesso em 12/04/2024.

CARDÉ, Ring T. Wind Tunnels and Airflow-Driven Assays: Methods for Establishing the Cues and Orientation Mechanisms That Modulate Female Mosquito Attraction to Human Hosts. **Cold Spring Harbor Protocols**, 2023.

CARDOSO, JC. et al. Yellow fever virus in *Haemagogus leucocelaenus* and *Aedes serratus* mosquitoes, southern Brazil, 2008. **Emerging infectious diseases**, v. 16, n. 12, p. 1918, 2010.

CARDOSO, Jäder da C. et al. Ecological aspects of mosquitoes (Diptera: Culicidae) in an Atlantic forest area on the north coast of Rio Grande do Sul State, Brazil. **Journal of Vector Ecology**, v. 36, n. 1, p. 175-186, 2011.

CHAME, Marcia et al. Primates in SISS-Geo: potential contributions of mobile technology, health surveillance and citizen science to support species conservation in Brazil. **Neotropical Primates**, v. 26, n. 2, p. 80-89, 2020.

CHANDRA, G. et al. Mosquito control by larvivorous fish. **Indian Journal of Medical Research**, v. 127, n. 1, p. 13-27, 2008.

Chopra H, Patel N, Sethi Y, Emran TB. Resurgence of yellow fever in Africa in 2022: a glance on protective measures. **Int J Surg**. 2023 Feb 1;109(2):112-114.

DE JESÚS CRESPO, Rebeca; MÉNDEZ LÁZARO, Pablo; YEE, Susan H. Linking wetland ecosystem services to vector-borne disease: Dengue fever in the San Juan Bay estuary, Puerto Rico. **Wetlands**, v. 39, n. 6, p. 1281-1293, 2019.

Figueiredo P, Stoffella-Dutra AG, Barbosa Costa G, Silva de Oliveira J, Dourado Amaral C, Duarte Santos J, Soares Rocha KL, Araújo Júnior JP, Lacerda Nogueira M, Zazá

Borges MA, Pereira Paglia A, Desiree LaBeaud A, Santos Abrahão J, Geessien Kroon E, Bretas de Oliveira D, Paiva Drumond B, de Souza Trindade G. Re-Emergence of Yellow Fever in Brazil during 2016-2019: Challenges, Lessons Learned, and Perspectives. *de Oliveira Viruses*. 2020 Oct 30;12(11):1233.

FORATTINI, O. P. *Culicidologia Médica*, vol. 2: Identificação, Biologia, Epidemiologia. São Paulo: **Editora da Universidade de São Paulo**, 2002

GABIANE, Gaelle; YEN, Pei-Shi; FAILLOUX, Anna-Bella. Aedes mosquitoes in the emerging threat of urban yellow fever transmission. *Reviews in Medical Virology*, v. 32, n. 4, p. e2333, 2022.

GALINDO, Pedro et al. Bionomics of *Sabethes chloropterus* Humboldt, a vector of sylvan yellow fever in middle America. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, v. 1, n. 4, 1958.

GIOVANETTI, Marta et al. Yellow fever virus reemergence and spread in Southeast Brazil, 2016–2019. *Journal of Virology*, v. 94, n. 1, p. 10.1128/jvi. 01623-19, 2019.

GOLDSTEIN, Benjamin R.; DE VALPINE, Perry. Comparing N-mixture models and GLMMs for relative abundance estimation in a citizen science dataset. *Scientific Reports*, v. 12, n. 1, p. 12276, 2022.

GOMES, Almério de Castro 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, p. 101-113, 2010.

HAINES, Linda M. Multinomial N-mixture models for removal sampling. *Biometrics*, v. 76, n. 2, p. 540-548, 2020.

HAN, W. W. et al. Efficacy and community effectiveness of larvivorous fish for dengue vector control. *Tropical Medicine & International Health*, v. 20, n. 9, p. 1239-1256, 2015.

HANLEY, KA et al. Fever versus fever: the role of host and vector susceptibility and interspecific competition in shaping the current and future distributions of the sylvatic cycles of dengue virus and yellow fever virus. *Infection, Genetics and Evolution*, v. 19, p. 292-311, 2013.

HENDY, Adam 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. 18254, 2020.

HOPKEN, Matthew W. et al. Temporal and spatial blood feeding patterns of urban mosquitoes in the San Juan Metropolitan Area, Puerto Rico. *Insects*, v. 12, n. 2, p. 129, 2021.

JOSEPH, Liana N. et al. Modeling abundance using N-mixture models: the importance of considering ecological mechanisms. *Ecological Applications*, v. 19, n. 3, p. 631-642, 2009.

LAPORTA, Gabriel Zorello et al. Spatial distribution of arboviral mosquito vectors (Diptera, Culicidae) in Vale do Ribeira in the South-eastern Brazilian Atlantic Forest. **Cadernos de Saúde Pública**, v. 28, p. 229-238, 2012.

LIRA-VIEIRA, Ana Raquel 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, p. 566-574, 2013.

LOPES, Vanessa da Silva et al. Hesitação da vacina da febre amarela e sua relação com influências contextuais, individuais ou de grupo e questões específicas da vacina: uma revisão de escopo. **Ciência & Saúde Coletiva**, v. 28, p. 1717-1727, 2023.

Monath TP, Vasconcelos PF. (2015). Yellow Fever. **J Clin Virol**, 64:160-73.

MONDET, B. et al. Isolation of yellow fever virus from nulliparous *Haemagogus (Haemagogus) janthinomys* in eastern Amazonia. **Vector Borne and Zoonotic Diseases**, v. 2, n. 1, p. 47-50, 2002.

MUCCI, Luis Filipe 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, p. 1-10, 2015.

NIELSEN, Hedvig Tetens. Swarming and some other habits of *Mansonia perturbans* and *Psorophora ferox* (Diptera: Culicidae). **Behaviour**, p. 67-89, 1964.

PALERMO, Pedro M. et al. Identification of blood meals from potential Arbovirus mosquito vectors in the peruvian amazon basin. **The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene**, v. 95, n. 5, p. 1026, 2016.

OLIVEIRA, Cirilo 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. 757, 2023.

R Core Team (2023). *_R: A Language and Environment for Statistical Computing_*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <<https://www.R-project.org/>>.

ROYLE, J. Andrew. N-mixture models for estimating population size from spatially replicated counts. **Biometrics**, v. 60, n. 1, p. 108-115, 2004.

SAN ALBERTO, Diego Alonso; RUSCH, Claire; RIFFELL, Jeffrey A. Experiments and Analysis of Mosquito Flight Behaviors in a Wind Tunnel: An Introduction. **Cold Spring Harbor Protocols**, 2023.

SHAALAN, Essam Abdel-Salam; CANYON, Deon V. Aquatic insect predators and mosquito control. 2009.

SILVA, Bruno Sérgio Alves et al. Entomovirological investigation of mosquitoes (Diptera: culicidae) in areas with yellow fever epizootics in Goiânia, Goiás, Brazil. **J Trop Pathol Vol**, v. 53, n. 1, p. 7-20, 2024.

SINGH, R. K.; DHIMAN, R. C.; SINGH, S. P. Laboratory studies on the predatory potential of dragon-fly nymphs on mosquito larvae. **The Journal of communicable diseases**, v. 35, n. 2, p. 96-101, 2003.

Tappan J. Wandering epizootics and zones of emergence: Constructing yellow fever endemicity in Africa. **Health Place**. 2022 Sep;77:102770.

TUBAKI, Rosa M. et al. Observations on *Haemagogus janthinomys* Dyar (Diptera: Culicidae) and other mosquito populations within tree holes in a gallery forest in the northwestern region of Sao Paulo state, Brazil. **Neotropical entomology**, v. 39, p. 664-670, 2010.

TUELLS, Jose; HENAO-MARTÍNEZ, Andrés F.; FRANCO-PAREDES, Carlos. The Perennial Threat of Yellow Fever. **Archives of Medical Research**, 2022.

VAN DUONG, Cuong et al. Predator selection and predator-prey interactions for the biological control of mosquito dengue vectors in northern Vietnam. **Journal of Vector Ecology**, v. 46, n. 2, p. 163-172, 2021.

Vasconcelos PFDC. Febre amarela: reflexões sobre a doença, as perspectivas para o século XXI e o risco da reurbanização. **Rev Bras Epidemiol [Internet]**. 2002;5(3):244–58

VASCONCELOS, PFC et al. An epidemic of sylvatic yellow fever in the southeast region of Maranhao State, Brazil, 1993–1994: epidemiologic and entomologic findings. **The American journal of tropical medicine and hygiene**, v. 57, n. 2, p. 132-137, 1997.

VASCONCELOS, PFC et al. Yellow fever. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 36, n. 2, p. 275-293, 2003

VIEIRA, Genilton et al. High speed video documentation of the mosquito *Sabethes albiprivus* egg-catapulting oviposition behavior (Diptera: Culicidae). **Neotropical Entomology**, v. 49, p. 662-667, 2020.