

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

RAPHAEL HENRIQUE NOVAES SALDANHA RUY DE ALMEIDA

**OTIMIZAÇÃO DAS AMOSTRAGENS DE
CUPINS**

VIÇOSA - MINAS GERAIS

2020

RAPHAEL HENRIQUE NOVAES SALDANHA RUY DE ALMEIDA

OTIMIZAÇÃO DAS AMOSTRAGENS DE CUPINS

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Ecologia, para a obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientador: Og Francisco Fonseca de Souza

VIÇOSA - MINAS GERAIS

2020

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

A447o
2020

Almeida, Raphael Henrique Novaes Saldanha Ruy de, 1993-
Otimização das amostragens de cupins / Raphael Henrique
Novaes Saldanha Ruy de Almeida. – Viçosa, MG, 2020.
49 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Inclui apêndice.

Orientador: Og Francisco Fonseca de Souza.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f.33-35.

1. Térmita. 2. Amostragem. 3. Insetos - Voo - Modelos matemáticos. 4. Coleta de dados. 5. Padrões. I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Biologia Geral. Programa de Pós-Graduação em Ecologia. II. Título.

CDD 22. ed. 595.736

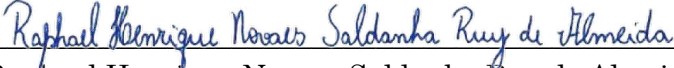
RAPHAEL HENRIQUE NOVAES SALDANHA RUY DE ALMEIDA

OTIMIZAÇÃO DAS AMOSTRAGENS DE CUPINS

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Ecologia, para a obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 28 de abril de 2020.

Assentimento:


Raphael Henrique Novaes Saldanha Ruy de Almeida
Autor



Og Francisco Fonseca de Souza
Orientador

*Aos meus avós,
Maria D'Aparecida e José Francisco,
Maria Pereira e Sebastião Tatá.
Aos meus pais,
Angela e Sebastião
e a toda minha família e amigos*

AGRADECIMENTOS

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001, do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e da Fundação de Amparo à Pesquisa de Minas Gerais (FAPEMIG).

Mais um importante ciclo se encerra na minha vida, finalmente após dois anos de muita luta, aprendizados e dedicação me tornei Mestre em Ecologia.

Agradeço imensamente todo o suporte dos meus pais e das minhas irmãs, Amanda e Ismara. A alegria transmitida pelo meu afilhado André e minhas sobrinhas Isis e Lis, e o apoio de todos meus tios, primos e demais familiares. Todas essas pessoas me ajudaram e me deram forças para superar todos os desafios que surgiram na minha trajetória.

Sou grato também a todos os professores que contribuíram para minha formação acadêmica e que serviram de exemplo para eu ser quem sou hoje. É claro, a UFV por ter me dado todo o suporte necessário, e que junto com toda a comunidade universitária, contribuiriam para meu crescimento tanto pessoal quanto profissional. Aos meus colegas de laboratório, obrigado por todas as ajudas, trocas de ideias e aprendizados.

Nunca esquecerei também o apoio que recebi de todos meus amigos. Seja vendo filmes, me ajudando em coletas de campo, passeando comigo e com a Flor, saindo pra comprar pastel na feira, jogando videogame, cozinhando uma comida gostosa, ouvindo meus desabafos, ou até mesmo simplesmente me fazendo companhia.

Todos esses pequenos momentos tornaram esses anos, de muito trabalho, repleto de boas lembranças e foram fundamentais para recarregar minhas energias e assim poder alcançar todos os meus objetivos.

Fecho esse ciclo, e também minha jornada em Viçosa, com o sentimento de dever cumprido e com uma imensa felicidade e completa gratidão. Aos meus amigos, desejo muito sucesso nas suas vidas, muito obrigado pelos incontáveis abraços, por todo o carinho e principalmente por terem sido minha família em Viçosa por quase uma década. Quando a saudade bater, vou lembrar que não importa o que aconteça: “Nós sempre teremos Viçosa!”.

Dedico esse título à minha avó, Maria D’Aparecida, a pessoa mais importante de toda minha vida, meu maior presente e meu maior orgulho. Minha avó estará sempre viva nos meus pensamentos e em todas as minhas conquistas. Por isso mais do que nunca esse título é pra ela, que foi e continua sendo a minha luz, meu guia.

À minha avó e a todos meus amigos e familiares, muito obrigado!

*“...Quanto mais difícil algo é,
mais recompensador é no final”*

Peixe Grande e suas
Histórias Maravilhosas

RESUMO

NOVAES, Raphael Henrique, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, abril de 2020. **Otimização das Amostragens de Cupins**. Orientador: Og Francisco Fonseca de Souza.

Os métodos atuais de amostragem de cupins apesar de serem bem eficazes, apresentam um elevado custo amostral, pois são necessárias muitas horas de trabalho em campo para conseguir um bom resultado. Dito isso, é preciso desenvolver um método de amostragem mais eficiente. O objetivo desse trabalho foi aperfeiçoar o atual método, e assim otimizar as amostragens de cupins, reduzindo custos, esforço e tempo de coleta em campo. Os cupins foram amostrados em 6 quadrantes (50 x 50 m), localizados arbitrariamente a uma distância > 100 m em um fragmento de floresta tropical de 200 ha no bioma Mata Atlântica no sudeste do Brasil. Subdividimos cada quadrante em 400 parcelas (2,5 x 2,5 m), escolhendo dentre estas, 121 parcelas contíguas a serem inspecionados quanto à presença de cupins. As amostras foram levadas ao laboratório, sendo os cupins presentes nas mesmas, triados e identificadas em morfo-espécies ao nível de gênero, quando possível. Após a construção da lista de espécies de cupins provenientes das 121 parcelas amostradas, selecionamos uma subamostra de 50 dessas delas. As 50 parcelas foram selecionadas por meio de dois métodos: o primeiro seguindo uma distribuição em Voos de Lévy (L) (expoente $\mu = 1,2$) e segundo uma distribuição uniforme aleatória de probabilidades (A). A partir daí, estimamos o custo/benefício de cada um dos dois tipos de subamostragens comparando o número de morfotipos detectados por essas com a amostragem uniforme completa (C). Os resultados indicam que se tratando da detecção de presença de cupins, todas as formas de amostragem foram equivalentes, mas a uniforme completa foi o método mais custoso. Com relação a riqueza de morfotipos coletados, a amostragem em voos de Lévy apresentou a maior taxa de detecção de morfotipos por ponto de amostragem, evidenciando a ótima relação custo/benefício desse novo método de amostragem.

Palavras-chave: Métodos de coleta. Voos de Lévy. Padrões de busca.

ABSTRACT

NOVAES, Raphael Henrique, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, April, 2020. **Optimization of Termite Sampling.** Advisor: Og Francisco Fonseca de Souza.

Current methods of termite sampling, despite being very effective, have a high sampling cost. Many hours of fieldwork are required to achieve good results. That said, it is necessary to develop a more efficient sampling method. The objective of this work was to modify the current method, and thus to optimize termite sampling, reducing costs, effort and time of collection in the Field. Termites were sampled within 6 quadrants (50 x 50 m) arbitrarily located > 100 m apart in a 200 ha rainforest tract within the "Atlantic Forest" biome of Southeastern Brazil. We subdivided each quadrant in 400 small plots (2.5 x 2.5 m) choosing among these, 121 contiguous points to be inspected for the presence of termites. Samples were taken to the lab and identified to morphotypes or to genus level, when appropriated. After building the list of 121 points and respective termite morphotypes therein found, we selected a subsample of 50 of these points in each quadrant to inspect how would the termite detection be impacted by such a sampling reduction, thereby measuring its cost/benefit of it in terms of (sampling effort/sampling accuracy). Points have been selected following a Lévy-walk distribution (exponent $\mu = 1.2$) and a random uniform distribution of probabilities. Here we estimate this cost/benefit comparing the number of morphotypes detected by the complete sampling (C), random-uniform subsampling (A) and the random-Lévy subsampling (L). The results of this work indicate that when it comes to termite detection, all forms of sampling were equivalent, but the complete uniform being the most expensive. Regarding the amount of collected morphotypes, sampling on Lévy flights showed the highest rate of detection of morphotypes per sampling point, showing the excellent cost/benefit ratio of this new sampling method.

Keywords: Sampling methods. Lévy walk. Search patterns.

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO.....	10
Voos de Lévy	11
OBJETIVOS	12
MÉTODOS	12
Área do Estudo.....	12
Fundamentação Lógica.....	13
Desenho experimental.....	13
Subamostragens.....	15
Análises dos dados	18
RESULTADOS.....	20
Presença de Cupim	20
Presença de Soldado	22
Riqueza de Cupim.....	24
DISCUSSÃO.....	29
CONCLUSÃO.....	31
Como aplicar esse protocolo?	31
REFERÊNCIAS	33
APÊNDICES	36

INTRODUÇÃO

Os cupins estão entre os grupos de fauna terrestre mais abundantes do planeta. Esses organismos desempenham papéis importantes nos ecossistemas como decomposição de detritos vegetais e participação na ciclagem de nutrientes (Bignell & Eggleton, 2000). As atividades hipógeas dos cupins alteram a estrutura química e física dos solos, contribuindo para infiltração de água, desenvolvimento de plantas e também oferecem novos nichos para outros grupos funcionais (Evans et al., 2011).

Apesar de serem espécies-chave para os ecossistemas, um dos maiores desafios de se trabalhar com cupins se dá na dificuldade da amostragem das populações, pois é necessário um grande tempo e esforço para conseguir amostrar uma área.

Muitos trabalhos têm proposto métodos que facilitem a amostragem de cupins. DeSouza & Brown (1994) propuseram um método em parcelas onde é gasto 1 hora para amostrar subáreas de 15 m², Jones, Verkerk & Eggleton (2000) mantiveram esse mesmo tempo de amostragem, mas reduziram o tamanho das parcelas para 10 m². Apesar de esses métodos serem eficazes eles se tornam inviáveis quando aplicados em áreas maiores, devido ao elevado tempo que é gasto na amostragem. Segundo a amostragem de Jones, Verkerk & Eggleton (2000), são gastos seis minutos para cada metro quadrado coletado.

Desse modo, os métodos de coleta de cupins atuais carecem de uma abordagem com um melhor custo-benefício. Ou seja, métodos de coletas eficazes, mas que gastem um menor tempo de coleta em campo.

Assim o desenvolvimento de um método capaz de reduzir os esforços, mantendo a eficácia da amostragem, se faz necessário para viabilizar a aplicação desses insetos no entendimento de diversos processos ecossistêmicos, tais como: ciclagem de nutrientes, melhora no balanço retenção drenagem de água no solo e até mesmo no desenvolvimento de plantas.

Voos de Lévy

Voos de Lévy é um padrão descrito pelo matemático Francês Paul Pierre Lévy (1886-1971). Tal padrão tem como característica básica ser construído por trajetórias curtas e longas, com o predomínio de pequenas distâncias (Chechkin et al., 2008).

É uma classe de movimentos aleatórios de comprimentos de passos não constantes, com distribuição de probabilidades descrita por uma lei de potência (Shlesinger, Zaslavsky & Klafter, 1993) (Equação 1).

$$y = x^{-\mu}$$

x = Tamanho do passo
 y = Número de passos
 $1 < \mu \leq 3$

Equação 1: Fórmula da Equação Voos de Lévy, onde y representa a frequência (número de passos), x representa o tamanho do passo e o expoente μ é um número entre $1 < \mu \leq 3$.

Um das propriedades dos voos de Lévy é de se comportarem como um fractal, isto é, um objeto em que suas partes separadas repetem o padrão do objeto completo (Sugihara & May, 1990; Halley et al., 2004). Ou seja, independente da escala, as trajetórias em Lévy mantêm esse padrão de construção de distâncias curtas e longas, sendo composto principalmente por trajetórias curtas (West & Seshadri, 1982).

Apesar de ser originalmente do campo da matemática, os voos de Lévy são aplicados em diversas áreas como na física, estatística e até mesmo fora das ciências exatas, como na biologia. Na Ecologia, os voos de Lévy se aplicam na ecologia comportamental, no movimento de animais e em trajetórias ao procurarem por alimentos e parceiros sexuais.

Nesse sentido, muitos organismos como albatrozes (Viswanathan et al., 1996), macacos-aranha (Ramos-Fernández et al., 2004), anchovas (Bertrand et al., 2005) e até mesmo os cupins (Miramontes et al., 2014) executam trajetórias de busca em voos de Lévy ao realizar forrageamento.

As trajetórias em voos de Lévy são frutos de seleção natural, na qual os organismos em cenários de recursos escassos, que apresentaram esse padrão de busca, tiveram vantagens em relação aos demais, que não executavam essas trajetórias, e assim obtiveram mais recursos e parceiros sexuais, aumentando seus *fitness* e assim essa característica foi selecionada (Wosniack et al., 2017).

OBJETIVOS

Considerando que coletas são formas de buscas, realizando coletas com base em voos Lévy, estaremos fazendo buscas de uma forma já otimizada através de anos de evolução. Assim sendo, temos como objetivo, desenvolver um método de coleta mais eficiente otimizando as amostragens de cupins, reduzindo assim os custos, esforço e tempo de coleta.

Nossa hipótese é que a busca em Lévy irá otimizar as amostragens de cupins, mantendo a alta eficácia dos métodos tradicionais de coleta, mas com um custo amostral muito menor.

MÉTODOS

Área do Estudo

A coleta de material biológico do presente trabalho foi realizada na Estação de Pesquisa, Treinamento e Educação Ambiental (EPTEA) Mata do Paraíso, reserva de Mata Atlântica pertencente à Universidade Federal de Viçosa, durante os meses de agosto, setembro e outubro de 2019. A Mata do Paraíso está localizada entre as coordenadas 20°41'20"S a 20°49'35"S e 42°49'36"W a 42°54'27"W no município de Viçosa, Estado de Minas Gerais no Brasil, numa altitude média de 650 metros e possui cerca de 200 hectares de área total. O fragmento florestal Mata do Paraíso é classificado como Floresta Estacional Semidecidual e se encontra em um estado avançado de regeneração (Veloso et al., 1991).

Fundamentação Lógica

Para se comparar a eficiência dos métodos distintos de amostragem, nós primeiramente realizamos uma amostragem tradicional, coletando cupins em parcelas espacialmente distribuídos no campo em uma sequência linear, simulando os tradicionais transectos usados para tal fim.

De posse da lista de pontos amostrados e respectivas amostras obtidas, simulamos subamostragens, excluindo desta amostragem tradicional alguns pontos e respectivas amostras. A seguir comparamos parâmetros de eficiência amostral entre a amostragem tradicional e as subamostragens.

Os parâmetros de 'eficiência amostral' usados foram: número de pontos com cupins, número de pontos com soldados e riqueza relativa de morfotipos encontrados.

Desenho experimental

Definimos a distância mínima entre dois pontos de coleta como sendo 2,5 m, baseado na ideia de que um amostrador consegue confortavelmente coletar num raio de aproximadamente 1 m em torno de si mesmo. Assim, se mantivermos uma distância de 2,5 m entre um centro de um ponto de coleta ao próximo ponto de coleta, estaremos minimizando a chance de sobrepor amostragens. Isto é, evitando assim amostrar duas vezes o mesmo lugar

Baseado nesta distância mínima, marcamos no campo quadrantes de 20 x 20 pontos de coleta, cujo centro de cada ponto distanciava-se 2,5 m do centro do ponto vizinho. Isso corresponde a um quadrante de 50 x 50 m contendo um total de 400 potenciais pontos de coleta (Figura 1). Estas dimensões permitem variadas distribuições espaciais de pontos amostrais num mesmo quadrante, facilitando assim o teste de padrões amostrais diferentes.

Foram marcados seis quadrantes distantes entre si por pelo menos 100 m. Dentro de cada quadrante escolhemos 121 pontos de coleta contíguos e formando um transecto linear onde um ponto era vizinho de no máximo dois outros pontos

(o anterior e o posterior) sem quaisquer vizinhos laterais. Isto simulou um deslocamento linear facilmente replicável em outras situações de campo. Ao mesmo tempo, simula buscas naturais feitas por animais no campo. Quando o transecto atingia as bordas do quadrante, sua direção era alterada para que se permanecesse dentro do quadrante, porém sem visitar pontos previamente amostrados.

Após definir os 121 pontos amostrais, executamos as coletas em cada um desses pontos (Figura 1). A esta coleta denominamos “amostragem completa”, que equivale à amostragem tradicionalmente usada para cupins.

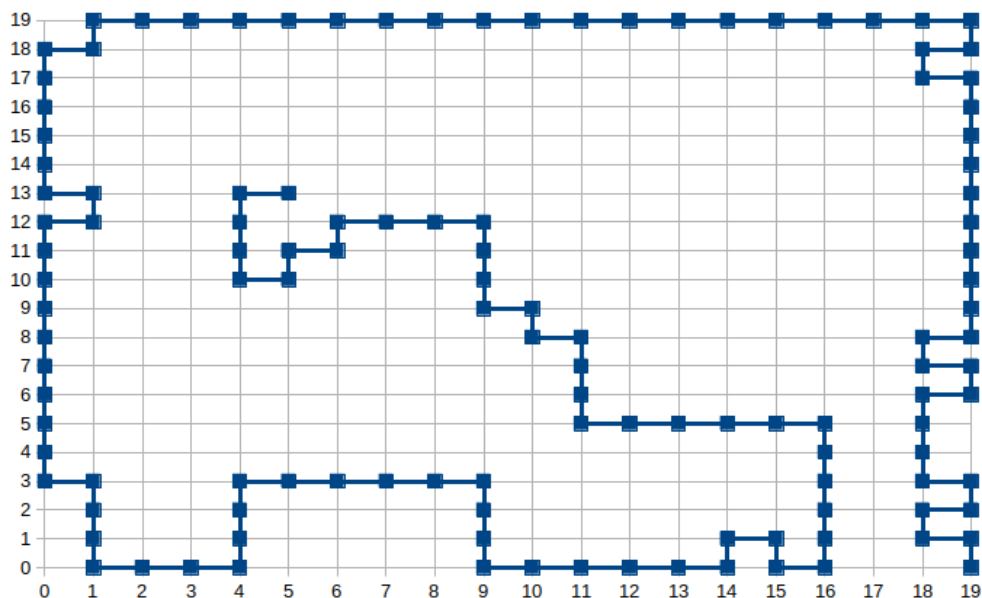


Figura 1: Desenho esquemático do mapa de coleta em campo. Os quadrados em branco representam os 400 potenciais pontos de coleta, os pontos marcados em azul, totalizando 121, são os pontos de coleta de fato. Cada um dos seis quadrantes analisados apresentava um desenho de coleta diferente, de forma aleatória.

Coleta de cupins

Utilizamos dois tubos de PVC conectados a um barbante de 2,5 m para servir como medida da distância entre os centros dos pontos de coletas. Em cada ponto foi estipulado o tempo de 1 minuto para realizar as coletas em um raio de 1,25 m em torno desse ponto, aproximadamente 5 m². Para auxiliar o processo de

cavar o solo e quebrar galhos e troncos, foram utilizadas ferramentas de jardinagem do tipo sacho. Além disso, usamos pinças para coletar os cupins e utilizamos lanternas de cabeça para facilitar a visualização dos cupins em ambientes mais escuros e sombreados.

Em cada ponto de coleta, apenas um amostrador executava a busca de cupins. Ao mesmo tempo, um anotador com posse de um mapa quadriculado, (i) indicava a direção do próximo ponto de coleta seguindo a orientação de uma bússola, garantindo a correta inclinação de um ponto ao outro, (ii) registrava se no determinado ponto havia ou não ocorrência de cupim, (iii) organizava os frascos com a identificação de cada ponto e também (iv) auxiliava os amostradores a seguir o melhor caminho para contornar possíveis obstáculos.

Subamostragens

Foram feitas duas subamostragens objetivando (i) reduzir o esforço amostral (ii) mantendo um deslocamento espacial simples no campo, mas que (iii) mantivesse a mesma eficácia da amostragem completa.

Para isso foram estabelecidas duas estratégias de exclusão de pontos de coleta da amostragem completa, de forma a criar distâncias diferentes entre pontos amostrais (ao invés da distância fixa de 2,5 m que foi usada na amostragem completa). Esta exclusão foi feita de modo a manter 50 pontos em cada subamostragem (ou seja, $50/121 = 41\%$ ou aproximadamente $2/5$ dos pontos totais).

Uma estratégia excluiu pontos à partir de um sorteio em que cada ponto tinha a mesma chance de ser sorteado, ou seja, cada ponto foi escolhido aleatoriamente dentro de uma distribuição uniforme de probabilidades. Denominamos esta estratégia como “aleatória-uniforme”.

A outra estratégia consistiu em dentro do caminhamento descrito pela amostragem completa, pontos arbitrariamente dispostos em distâncias uns dos outros de modo a formar uma distribuição exponencial do tipo ‘Lévy’. Se

denominarmos como “passo” o intervalo espacial entre o centro de um ponto e outro, estas distâncias correspondem ao ‘tamanho do passo’ entre dois pontos. Isto é, ao plotar as distâncias entre pontos (em x) *versus* o número de vezes que uma dada distância ocorreu (em y), obteríamos uma curva com decaimento exponencial, como na Figura 2.

Nesta curva, distâncias curtas entre pontos (ou passos curtos) são mais frequentes do que passos longos, um padrão típico de busca eficiente em animais. Para que tal distribuição de frequência de passos alcance o patamar de máxima eficiência na localização de alvos, esta curva teria que apresentar um expoente dentro do intervalo $1 < \mu \leq 3$, o que a caracteriza como leis de potência do tipo ‘Lévy’.

Para garantir o sorteio de pontos de coleta dentro de uma distribuição de Lévy, simulamos distribuição de frequência com passos mínimos de 2,5 m e máximo de 45 m. Estes limites evitaram (i) visitar duas vezes um mesmo ponto e (ii) extrapolar os limites do quadrante. Tais limites também impuseram restrições ao expoente da curva que, no caso específico deste trabalho, foi igual a 1,2 (portanto, dentro dos limites de Lévy).

Esta simulação gerou uma tabela de passos com suas respectivas frequências (Tabela 1). Como o somatório de todas as frequências de passos iria gerar uma grande quantidade de pontos, realizamos uma simplificação. Com base na tabela original (Tabela 1), extraímos alguns pontos de distâncias intermediárias, gerando uma nova tabela base para as coletas, com 50 pontos ao todo (Tabela 2). Mas é importante salientar que as distâncias continuavam obedecendo à mesma distribuição de frequências da tabela 1 (Figura 2).

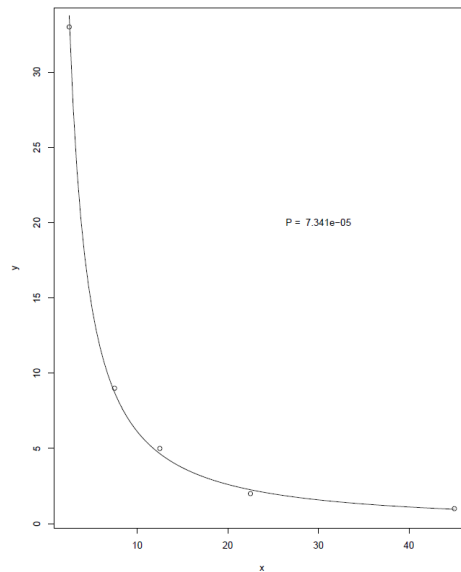


Figura 2: Gráfico do padrão de Voos de Lévy após a simplificação dos pontos. Em y temos a frequência (número de passos) e em x a distância entre os pontos de coleta.

Tabela 1: Relação entre o tamanho do passo, em metros (x) e a frequência dos passos (y) seguindo a equação de Voos de Lévy, com expoente $\mu = 1,2$.

Tamanho do Passo (metros) (x)	Frequência dos Passos (y)
2,5	0,33302
5,0	0,14496
7,5	0,08911
10,0	0,06309
12,5	0,04827
15,0	0,03879
17,5	0,03224
20,0	0,02746
22,5	0,02384
25,0	0,02101
27,5	0,01874
30,0	0,01688
32,5	0,01534
35,0	0,01403
37,5	0,01292
40,0	0,01195
42,5	0,01112
45,0	0,01038

Tabela 2: Simplificação da relação entre o tamanho do passo em metros (x) e a frequência dos passos (y) seguindo a equação de Voos de Lévy, com expoente $\mu = 1,2$.

Tamanho do Passo (metros) (x)	Frequência dos Passos (y)
2,5	33
7,5	9
12,5	5
22,5	2
45	1

Após esse sorteio comparamos os três padrões de busca: amostragem completa (C), a subamostragem aleatória-uniforme (A) subamostragem aleatória-Lévy (L), em relação à (i) abundância relativa: números de pontos com presença de cupins, e (ii) riqueza de cupins: quantidade de morfotipos encontrados em cada forma de coleta.

Nota-se que tanto a busca aleatória-uniforme quanto a busca aleatória-Lévy apresentaram a mesma quantidade de pontos (50 pontos) frente aos 121 pontos da coleta uniforme.

Análises dos dados

Presença de Cupim

Para testar se houve uma resposta diferente em relação aos métodos de coleta, criamos um modelo (m1), incluindo o tipo de amostragem como variável explicativa categórica. Como variável resposta, criamos um modelo binomial entre a proporção do número de pontos com cupins em relação ao número de pontos sem cupins e realizamos uma Análise de Deviance de m1, utilizando teste de χ^2 .

Presença de Soldados

Este teste teve como objetivo verificar se ocorreria alguma alteração na eficácia da amostragem se tratando de alvos com ocorrências mais baixas. Os soldados são uma casta com frequências de ocorrência menores do que os operários (Roisin, 2000). Podemos evidenciar ainda mais esse fato, analisando que o conjunto “pontos com soldados” é um subconjunto de “pontos com cupins”.

Primeiramente selecionamos os pontos com presença de cupins e separamos aqueles que continham apenas operários e assim montamos uma nova tabela de ocorrência dessa vez considerando como presença apenas pontos com soldados.

É importante salientar que os gêneros que não apresentam a casta soldado, não foram descontados da análise. Essa medida foi tomada com o intuito de deixar a presença de soldados ainda mais baixa, e assim verificar se os resultados das buscas, seguindo os padrões de amostragens aqui testados, sofrem alguma modificação nos seus resultados, com essas abundâncias mais baixas. A busca em vôos de Lévy teoricamente teria uma capacidade maior de detecção em alvos menos frequentes e distribuídos de forma aleatória (Viswanathan et al., 1999).

Para testar se houve uma resposta diferente em relação aos métodos de coleta, criamos um modelo (m2) incluindo o tipo de amostragem como variável explicativa. Como variável resposta, criamos um modelo binomial entre a proporção do número de pontos com soldados em relação ao número de pontos sem soldados. Houve subdispersão ($\phi = 0,28773$), logo, corrigimos construindo um modelo sob distribuição de erros quasi-binomial. Realizamos uma Análise de *Deviance*, utilizando teste *F*.

Riqueza de Cupins

Para realizar as análises primeiramente criamos um modelo nulo (m0) com distribuição binomial, entre a proporção de morfotipos encontrados em relação ao total de pontos amostrados.

Em seguida criamos o modelo 3 (m3) incluindo o tipo de amostragem como variável explicativa e criamos um modelo binomial da relação entre o número de morfotipos encontrados e o total de pontos amostrados como variável resposta. Novamente houve subdispersão ($\phi = 0,05539$) e corrigimos atualizando o modelo com distribuição de erros quasi-binomial.

Após esse processo, iniciamos a simplificação de modelos, tentando amalgamar os padrões de busca. Iniciamos testando se poderíamos juntar os padrões de amostragem completa (C) e subamostragem aleatória-uniforme (A) e assim criamos o modelo 4 (m4). Posteriormente criamos o modelo (m5), para verificar se as subamostragens aleatória-uniforme (A) e aleatória-Lévy (L) são iguais. E por fim, criamos o modelo m6 para verificar se os padrões 'Lévy' (L) e amostragem completa (C) são iguais. Todas as análises foram realizadas no programa R (R, Core Team, 2020).

RESULTADOS

Presença de Cupim

A detecção de cupins nos seis quadrantes amostrados, seguindo a amostragem completa, foi de aproximadamente 61 pontos por quadrante, ou seja, em 50% dos pontos havia presença de cupins, com uma variação entre 23 a 89 pontos, com desvio padrão (σ) = 22,61. Na subamostragem aleatória-Lévy, a detecção foi de aproximadamente 25 pontos com cupim por quadrante, ou seja, em metade dos pontos amostrados havia presença de cupins, com uma variação de 11 a 36 pontos e desvio padrão (σ) = 9,40. Já na subamostragem aleatória-uniforme, a detecção de cupins foi de aproximadamente 23,5 pontos, ou seja, em 47% dos pontos amostrados havia cupins, com uma variação de cinco a 40 pontos e desvio padrão (σ) = 11,84 (tabela 3).

Tabela 3: Número de pontos com presença de cupins encontrados em cada quadrante e através de cada forma de amostragem.

Número de pontos com presença de cupins por quadrante						
Padrão de Distribuição	Quadrante 01	Quadrante 02	Quadrante 03	Quadrante 04	Quadrante 05	Quadrante 06
Amostragem Completa (C)	49	53	23	86	89	64
Subamostragem aleatória-Lévy (L)	20	19	11	37	36	28
Subamostragem aleatória-uniforme (A)	20	18	5	37	40	22

Todas as formas de amostragem (uniforme completa (C), aleatória-uniforme (A) e aleatória-Lévy (L) obtiveram a mesma detecção de cupins ($p=0.6825$) (tabela 4 e figura 3), mesmo com uma grande diferença nos seus respectivos esforços amostrais.

Tabela 4: Resultado da Análise de Deviance de m1, utilizando teste de χ^2 .

	DF	Deviance Resid.	DF Resid.	Dev	Pr(>Chi)
NULL			17	225.827	
Tipo de Amostragem	2	0.764	15	225.063	0.6825
Identificação do Quadrante	5	218.874	10	6.189	<2e-16

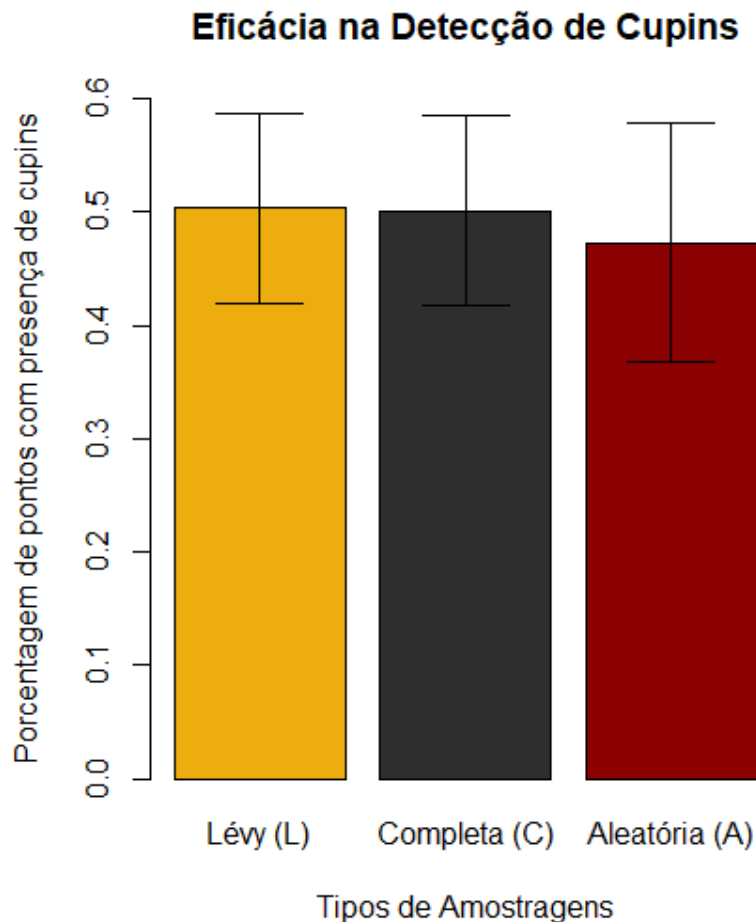


Figura 3: Gráfico da porcentagem de pontos com presença de cupins (y) em relação aos três tipos de amostragens (x). Todos os padrões de busca tiveram a mesma eficácia na detecção de cupins ($p=0.6825$).

Presença de Soldado

A detecção de soldados nos seis quadrantes amostrados, seguindo a amostragem completa, foi de aproximadamente 25 pontos, com uma variação de 43 a 11 pontos e com desvio padrão (σ) = 13,19. Ou seja, em apenas 20,8% dos pontos havia presença de soldados, uma frequência de ocorrência bem menor que os 50% de presença de cupins em geral (soldados e operários) (tabela 5).

Na subamostragem aleatória-Lévy, a detecção de soldados por quadrante foi de 10,6 pontos, ou seja, em 21% dos pontos havia presença de soldados, com uma variação de seis a 17 pontos e desvio padrão (σ) = 4,42. A mesma detecção foi encontrada na subamostragem aleatória-uniforme, com uma variação de quatro a 20 pontos e desvio padrão (σ) = 6,15 (tabela 5).

Tabela 5: Número de pontos com presença de soldados encontrados em cada quadrante e através de cada forma de amostragem.

Número de pontos com presença de soldados por quadrante						
Padrão de Distribuição	Quadrante 01	Quadrante 02	Quadrante 03	Quadrante 04	Quadrante 05	Quadrante 06
Amostragem Completa (C)	11	17	11	41	43	28
Subamostragem aleatória-Lévy (L)	6	7	7	17	16	11
Subamostragem aleatória-uniforme (A)	5	8	4	18	20	9

Todas as formas de amostragem (uniforme completa (C), aleatória-uniforme (A) e aleatória-Lévy (L) tiveram uma mesma taxa de detecção de soldados cupins ($p=0.9088$) (tabela 6 e figura 4), embora exista uma grande diferença na quantidade de pontos de coleta em cada forma de amostragem e por consequência, nos seus respectivos esforços amostrais.

Tabela 6: Resultado da Análise de *Deviance* de m2, utilizando teste F.

	DF	Deviance Resid.	DF Resid.	Dev	F	Pr(>F)
NULL			17	94.149		
Tipo de Amostragem	2	0.056	15	94.093	0.0965	0.9088
Identificação do Quadrante	5	91.215	10	2.877	62.3841	3.262e-07

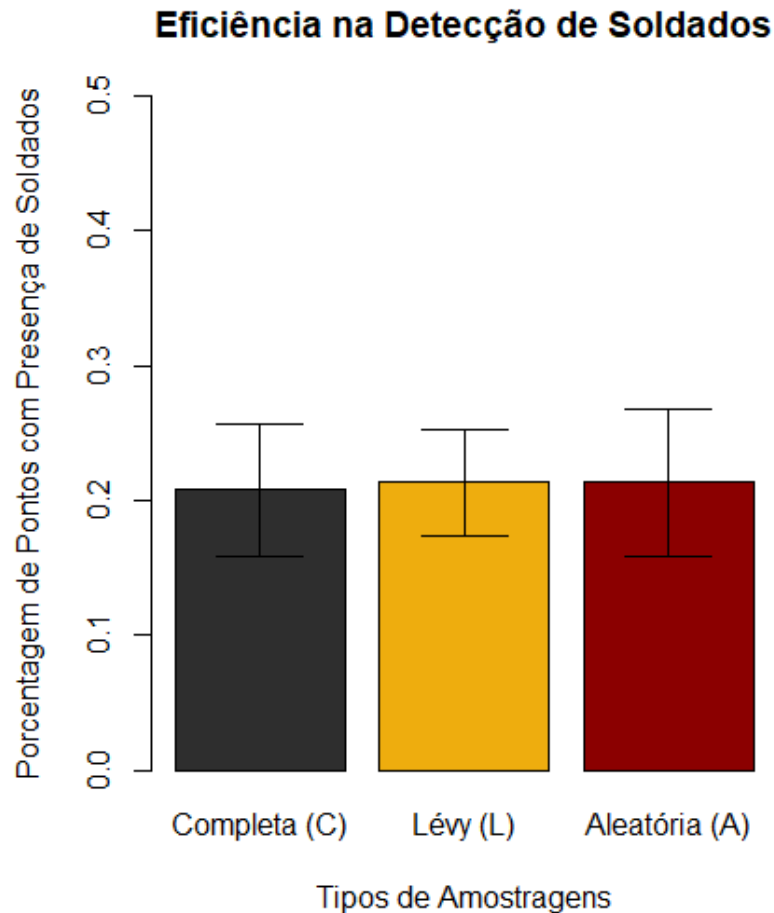


Figura 4: Gráfico da porcentagem de pontos com presença de soldados (y) em relação aos três tipos de amostragens (x). Todos os padrões de busca tiveram a mesma eficácia na detecção de soldados ($p=0.9088$).

Riqueza de Cupim

Após identificar todas as amostras de cupins coletados, conseguimos identificar seis gêneros: *Cornitermes*, *Dentispicotermes*, *Ibitermes*, *Nasutitermes*, *Neocapritermes*, *Termes* e mais dez morfotipos, totalizando uma riqueza total de 16 morfotipos (tabela 7).

Tabela 7: Presença de morfotipos encontrados em cada quadrante. Sendo que (X) indica a presença desse morfotipo e (-) a ausência desse morfotipo no respectivo quadrante.

Presença de Morfotipos por Quadrante						
Morfotipos	Quadrante 01	Quadrante 02	Quadrante 03	Quadrante 04	Quadrante 05	Quadrante 06
Morfotipo 03	X	-	-	X	-	-
Morfotipo 04	X	X	X	X	X	X
Morfotipo 05	X	X	X	X	X	X
Morfotipo 06	X	X	X	X	X	X
Morfotipo 07	X	-	X	X	X	X
Morfotipo 08	X	X	X	X	X	X
Morfotipo 09	-	X	-	X	X	X
Morfotipo 10	X	-	X	X	-	X
Morfotipo 11	-	-	-	X	X	-
Morfotipo 12	-	X	-	X	-	-
<i>Cornitermes</i>	X	X	X	X	X	X
<i>Dentispicotermes</i>	-	X	-	X	X	X
<i>Ibitermes</i>	-	-	-	X	-	X
<i>Nasutitermes</i>	X	X	X	X	X	X
<i>Neocapritermes</i>	X	X	X	X	X	X
<i>Termes</i>	-	X	-	X	-	X

A média de morfotipos nos seis quadrantes amostrados, seguindo a amostragem completa, foi de aproximadamente 12 espécies por quadrante, com uma variação de nove a 16 morfotipos e com desvio padrão (σ) = 2,40.

Na subamostragem aleatória-Lévy, a média de detecção foi de nove morfotipos por quadrante, com uma variação de seis a 12 espécies e desvio padrão (σ) = 1,91. Já na subamostragem aleatória-uniforme, a média de detecção de morfotipos foi de 7,5 espécies por quadrante, com uma variação de cinco a dez morfotipos e desvio padrão (σ) = 1,89 (tabela 8).

Tabela 8: Quantidade de morfotipos encontrados em cada quadrante por meio de cada forma de amostragem.

Padrão de Distribuição	Quantidade de morfotipos detectados por quadrante					
	Quadrante 01	Quadrante 02	Quadrante 03	Quadrante 04	Quadrante 05	Quadrante 06
Amostragem Completa (C)	10	11	9	16	14	13
Subamostragem aleatória-Lévy (L)	8	8	6	12	10	10
Subamostragem aleatória-uniforme (A)	6	7	5	10	10	7

Realizando uma análise de variância (ANOVA) do modelo m3, utilizando teste F, obtivemos que ambas as variáveis são significativas: padrões de amostragem ($p=1.173 \times 10^{-7}$) e identificação do quadrante ($p=7.416 \times 10^{-6}$) (tabela 9).

Tabela 9: Resultado da ANOVA de m3, utilizando teste F.

	DF	Deviance Resid.	DF Resid.	Dev	F	Pr(>F)
NULL			17	22.5581		
Tipo de Amostragem	2	13.0145	15	9.5436	116.655	1.173e-07
Identificação do Quadrante	5	8.9882	10	0.5554	32.226	7.416e-06

Esses resultados implicam que (i) alguns procedimentos de amostragem são mais eficazes na detecção de morfotipos de cupins do que outros e (ii) há diferença na riqueza de espécies de cupins entre os quadrantes, ou seja, existem quadrantes com mais morfotipos de cupins do que outros.

Ao realizar uma ANOVA entre o m3 e m4, com um teste F , tivemos como resultado um valor significativo ($p= 2.836 \times 10^{-6}$) (tabela 10), portanto os modelos

diferem, e assim, não podemos aceitar a simplificação. Isso significa que a amostragem completa (C) difere da subamostragem aleatória-uniforme (A).

Tabela 10: Resultado da ANOVA entre o m3 e m4, utilizando teste F.

	Resid. DF	Resid. Dev	DF	Deviance	F	Pr(>F)
m3	10	0.5554				
m4	11	5.4683	-1	-4.9129	88.073	2.836e-06

Voltamos ao modelo m3 e tentamos juntar a subamostragem aleatória-uniforme (A) e a subamostragem aleatória-Lévy (L). Ao realizar uma ANOVA entre o m3 e m5, com um teste F , tivemos como resultado um valor significativo ($p= 0.001797$) (tabela 11), evidenciando que os modelos diferem, portanto, não podemos aceitar a simplificação. Isso significa que a subamostragem aleatória-uniforme (A) difere da subamostragem aleatória-Lévy (L).

Tabela 11: Resultado da ANOVA entre o m3 e m5, utilizando teste F.

	Resid. DF	Resid. Dev	DF	Deviance	F	Pr(>F)
m3	10	0.5539				
m5	11	1.54462	-1	-0.98923	17.734	0.001797

A última opção de amalgamento testada foi em relação aos padrões ‘amostragem completa’ (C) e ‘Lévy’ (L). Mais uma vez ao realizar uma ANOVA entre o m3 e m6, com um teste F , tivemos como resultado um valor significativo ($p= 4.852 \times 10^{-8}$) (tabela 12), não podemos aceitar a simplificação, pois os padrões acima citados são diferentes.

Tabela 12: Resultado da ANOVA entre o m3 e m6, utilizando teste F.

	Resid. DF	Resid. Dev	DF	Deviance	F	Pr(>F)
m3	10	0.5554				
m6	11	12.2780	-1	-11.723	210.15	4.852e-08

Nossas opções de amalgamento terminaram, indicando, portanto, que os três padrões de amostragem: uniforme completo (U), amostragem uniforme aleatória (A) e amostragem em Voos de Lévy (L) são diferentes entre si em relação ao número médio de espécies de cupim por ponto amostral ($p=1.173 \times 10^{-7}$).

Dentre os três padrões de amostragem, a busca em voos de Lévy apresentou o maior número médio de morfotipos detectados por ponto amostral (figura 5).

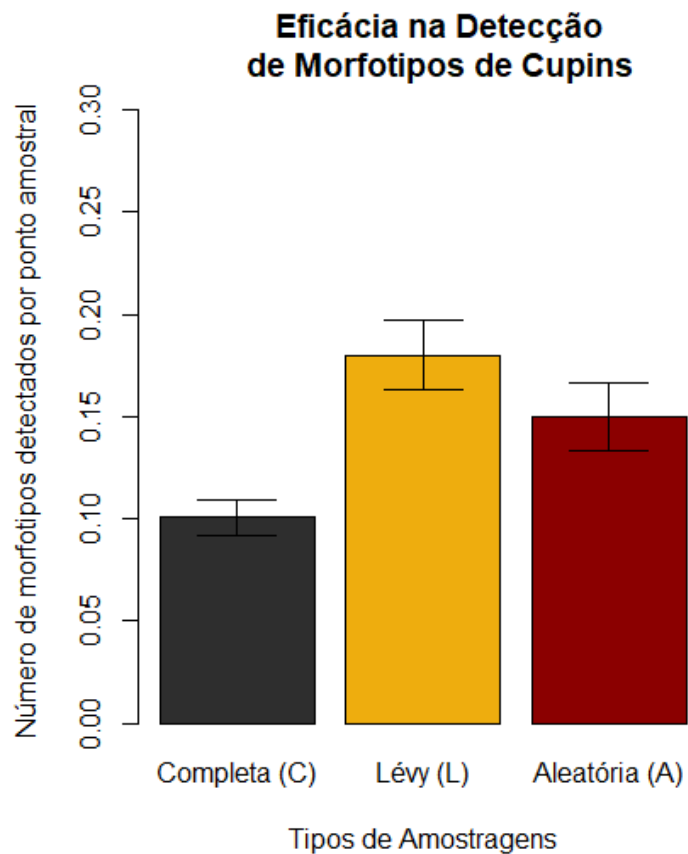


Figura 5: Número de morfotipos detectados por ponto amostral (y) em relação aos três padrões de amostragem (x). O padrão de busca aleatória-Lévy (L) detecta, em média, mais morfotipos por ponto amostral do que a amostragem completa (C) ($p= 4.852 \times 10^{-8}$) e a subamostragem aleatória-uniforme (A) ($p= 0.001797$).

DISCUSSÃO

Os resultados apresentados indicam que se tratando de detecção de cupins (soldados e operários) todas as formas de amostragem foram equivalentes.

Esse resultado pode ser explicado levando em consideração que assim como muitos organismos, os cupins não seguem um padrão de distribuição uniforme no espaço e sim, são encontrados de forma agregada (Eggleton, 2000; Kitade et al., 2004).

Tal padrão de distribuição tem como característica regiões onde há concentração de indivíduos, e outras com ausência. Fazendo uma interpretação do nosso experimento, temos quadrados (pontos de amostragem) com cupim, rodeados de pontos onde não há ocorrência. Com isso, a amostragem completa desperdiça tempo e esforço amostral nessas regiões de inexistência de cupins, por ter um tamanho de passo único (2,5 m), forçando buscas nessas regiões de ausência e assim inflando os números de pontos sem presença de alvos (cupins ou soldados).

Em contraponto, as coletas aleatórias, apresentam várias classes de tamanhos de passos e com isso, coletam em distâncias diferentes, implicando possivelmente numa redução da quantidade de pontos com ausência dos alvos. Porém é importante ressaltar que embora todas os padrões de busca tiveram uma detecção semelhante, a coleta completa (C) é extremamente custosa, pois são necessários 121 pontos e muito tempo em campo em grupos de no mínimo 3 pessoas para completar toda a amostragem.

Tanto as subamostragens aleatória-uniforme (A), como aleatória-Lévy (L), no quesito detecção de cupins (soldados e operários), apresentaram o mesmo resultado que a coleta completa (C) com um custo amostral muito menor, 50 pontos frente aos 121 da completa. Ou seja, mesmo reduzindo mais da metade do esforço amostral, as subamostragens aleatória-uniforme (A) e aleatória-Lévy (L) obtiveram a mesma detecção da amostragem completa (C), e por isso apresentaram o melhor custo-benefício.

Quando analisamos a riqueza de morfoespécies, a amostragem completa (C) e aleatória-Lévy (L) se diferem. O padrão em voos de Lévy apresentou uma maior taxa de detecção do que a coleta completa ($p= 4.852 \times 10^{-8}$). O mesmo resultado foi encontrado entre coleta aleatória-uniforme (A), com o mesmo esforço amostral de 50 pontos, o padrão em voos de Lévy apresentou uma maior taxa de detecção ($p= 0.001797$). Esses resultados evidenciam ainda mais a ótima relação custo/benefício da coleta aleatória-Lévy.

As buscas em voos de Lévy foram altamente eficientes, pois possibilitaram um resultado otimizado na detecção dos nossos alvos. Esse resultado encontrado também é observado na natureza, onde muitos animais, conseguem otimizar suas chances de encontrar recursos escassos, distribuídos de forma randômica no ambiente, ao realizarem buscas em 'Lévy' como macacos-aranha (*Ateles geoffroyi*) (Ramos-Fernández et al., 2004) e espécies marinhas como tubarão-frade (*Cetorhinus maximus*), atum-patudo (*Thunnus obesus*) e tartaruga de couro (*Dermochelys coriacea*) (Sims et al., 2008). Até mesmo nós humanos, executamos voos de Lévy em atividades rurais, como em coletas de lenhas e buscas de frutas e sementes em ambientes florestais (Reynolds et al., 2018).

As buscas aleatórias, como o padrão em 'Lévy', são estratégias ideais quando não se tem informações prévias da localização dos alvos a serem encontrados, no nosso caso os cupins. Porém, quando os alvos estão distribuídos de forma escassa, como em ambientes degradados, ou quando o buscador tem noção prévia de onde os alvos se encontram, outros padrões podem obter uma melhor estratégia de busca (Miramontes et al., 2012). Seres humanos realizando

buscas, com recursos distribuídos de forma agregada, podem adaptar suas buscas à estrutura do ambiente (Hills, Kalff & Wiener, 2013).

Esse novo método de coleta em voos de Lévy é de extrema importância, pois apresentou uma redução de quase 60% em quantidade de pontos e em esforço amostral. Diminuindo, drasticamente o tempo gasto na coleta, triagem e identificação de cupins e em consequência, na execução de projetos e experimentos científicos. Sabemos que se tratando de trabalhos em ecologia, coletas em campo são partes essenciais e críticas, pois uma grande parte do tempo e de recursos são gastos realizando coletas. Sabendo também da realidade das pesquisas brasileiras, frente aos atuais cortes de verbas e de financiamentos de projetos, reduzir esse tempo de coleta e por consequência o custo necessário para fazer boas amostragens em campo, é de grande importância.

Novos trabalhos podem ser feitos com o objetivo de expandir a aplicação desse novo método para outros grupos de animais e assim otimizar outros tipos de coleta. Portando trabalhos futuros adotando a forma de coleta em voos de Lévy, terão um desempenho otimizado, gastarão menos tempo em coletas de campo e com a mesma eficácia das coletas tradicionais.

CONCLUSÃO

Como aplicar esse protocolo?

Como mostramos, esse novo método de amostragem foi bastante eficiente na detecção de cupins, porém sua ideia de otimização de desempenho não é exclusiva desses organismos, podendo ser aplicado em coletas de outros seres vivos.

Para facilitar o uso desse método de coleta criamos esse protocolo de amostragem para guiar a construção de amostragens em Lévy em outros tipos de coleta.

O Primeiro passo para realizar uma coleta em Lévy é escolher um expoente μ compatível ($1 < \mu \leq 3$). Nesse trabalho adotamos $\mu = 1,2$ e com base nesse expoente obtivemos resultados satisfatórios.

Em sequência, é necessário criar um padrão de distribuição de passos (distâncias de coleta). No modelo criado utilizamos 2,5 m como distância mínima e os outros pontos sendo múltiplos desse valor. Essa distância irá variar conforme o objetivo de cada trabalho e da espécie estudada.

Após a escolha do expoente μ e da distância dos pontos de coleta, devemos calcular a respectiva frequência de cada classe de tamanho seguindo a fórmula:

$$y = x^{-\mu}$$

x = Tamanho do passo
 y = Número de passos
 $1 < \mu \leq 3$

Equação 2: Fórmula da Equação Voos de Lévy, onde o expoente μ é um número entre $1 < \mu \leq 3$, x representa o tamanho do passo e y é a frequência, número de passos, de cada classe de tamanho.

Após o processo de criação de cada passo e sua respectiva frequência, caso haja necessidade de simplificar as classes de tamanho, deve-se priorizar a eliminação de passos intermediários. Dessa forma, garantindo assim que a curva de Lévy permaneça com passos pequenos, médios e grandes.

Com a criação das frequências de passos, pode-se partir para a coleta de campo, realizando as amostragens em distâncias seguindo o padrão de busca em Voos de Lévy.

REFERÊNCIAS

- Bertrand, S., Burgos, J., Gerlotto, F., & Atiquipa, J. (2005). Lévy trajectories of Peruvian purse-seiners as an indicator of the spatial distribution of anchovy. *ICES Journal of Marine Science*, 62(3), 477–482. doi:10.1016/j.icesjms.2004.12.002
- Bignell, D.E. & Eggleton, P. (2000) *Termites in ecosystems. Termites: evolution, sociality, symbioses, ecology*, pp. 363–387, Springer.
- Chechkin, A. V., Metzler, R., Klafter, J., & Gonchar, V. Y. (2008) *Introduction to the Theory of Lévy Flights. Anomalous Transport*, 129–162. doi:10.1002/9783527622979.ch5
- De Souza, O., & Brown, V. (1994). Effects of habitat fragmentation on Amazonian termite communities. *Journal of Tropical Ecology*, 10(2), 197–206. doi:10.1017/S0266467400007847.
- Eggleton, P. (2000). *Global Patterns of Termite Diversity. Termites: Evolution, Sociality, Symbioses, Ecology*, 25–51. doi:10.1007/978-94-017-3223-9_2.
- Evans, T.A., Dawes, T.Z., Ward, P.R. & Lo, N. (2011) *Ants and termites increase crop yield in a dry climate. Nature communications* 2, 262–268.
- Halley, J. M., Hartley, S., Kallimanis, A. S., Kunin, W. E., Lennon, J. J., & Sgardelis, S. P. (2004). *Uses and abuses of fractal methodology in ecology. Ecology Letters*, 7(3), 254–271. doi:10.1111/j.1461-0248.2004.00568.x
- Hills, T. T., Kalff, C., & Wiener, J. M. (2013). *Adaptive Lévy Processes and Area-Restricted Search in Human Foraging. PLoS ONE*, 8(4), e60488. doi:10.1371/journal.pone.0060488
- Jones, D. T., & Eggleton, P. (2000). *Sampling termite assemblages in tropical forests: testing a rapid biodiversity assessment protocol. Journal of Applied Ecology*, 37(1), 191–203. doi:10.1046/j.1365-2664.2000.00464.x
- Jones, D. T., Verkerk, R. H. J., & Eggleton, P. *Methods for Sampling Termites. Insect Sampling in Forest Ecosystems*, 221–253. doi:10.1002/9780470750513.ch10

- Kitade, O., Hayashi, Y., Kikuchi, Y., & Kawarasaki, S. (2004). *Distribution and composition of colony founding associations of a subterranean termite, Reticulitermes kanmonensis*. *Entomological Science*, 7(1), 1–8. doi:10.1111/j.1479-8298.2003.00048.x
- Miramontes, O., DeSouza, O., Hernández, D., & Eliane, C. (2012) *Non-Lévy Mobility Patterns of Mexican Me'Phaa Peasants Searching for Fuel Wood*. *Human Ecology*, 40, 167-174 doi: 10.1007/s 10745-0 12-9465-8
- Miramontes, O., DeSouza, O., Paiva, L.R., Marins, A., Orozco, S. (2014) *Lévy Flights and Self-Similar Exploratory Behaviour of Termite Workers: Beyond Model Fitting*. *PLoS ONE* 9(10): e111183. doi:10.1371/journal.pone.0111183.
- Ramos-Fernández, G., Mateos, J.L., Miramontes, O., Cocho G., Larralde H., and Ayala-Orozco, B. (2004). Levy walk patterns in the foraging movements of spider monkeys (*Ateles geoffroyi*). *Behavioral Ecology and Sociobiology* Vol. 55, No. 3, 223-230.
- R Core Team (2020). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>.
- Reynolds, A., Cecon, E., Baldauf, C., Karina Medeiros, T., & Miramontes, O. (2018). *Lévy foraging patterns of rural humans*. *PLOS ONE*, 13(6), e0199099. doi:10.1371/journal.pone.0199099
- Roisin, Y. (2000). *Diversity and Evolution of Caste Patterns*. *Termites: Evolution, Sociality, Symbioses, Ecology*, 95–119. doi:10.1007/978-94-017-3223-9_5
- Seshadri V. & West B.L. (1982) *Fractal Dimensionality of Levy Processes*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, Vol. 79, No. 14, 4501-4505.
- Shlesinger, M. F., Zaslavsky, G. M., & Klafter, J. (1993). *Strange kinetics*. *Nature*, 363(6424), 31–37. doi:10.1038/363031a0.
- Sims, D. W., Southall, E. J., Humphries, N. E., Hays, G. C., Bradshaw, C. J. A., Pitchford, J. W., Metcalfe, J. D. (2008). *Scaling laws of marine predator search behaviour*. *Nature*, 451(7182), 1098–1102. doi:10.1038/nature06518
- Sugihara, G., & May, R. M. 1990. *Applications of fractals in ecology*. *Trends in Ecology and Evolution*, 5: 79-86.
- Veloso, H. P., Rangel-Filho, A. L. & Lima, J. C. A. (1991). *Classificação da vegetação brasileira, adaptada a um sistema universal*. *Fundação Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, Rio de Janeiro*.

Viswanathan, G. M., Afanasyev, V., Buldyrev, S. V., Murphy, E. J., Prince, P. A., & Stanley, H. E. (1996). *Lévy flight search patterns of wandering albatrosses*. *Nature*, *381*(6581), 413–415. doi:10.1038/381413a0.

Viswanathan, G. M., Buldyrev, S. V., Havlin, S., da Luz, M. G. E., Raposo, E. P., & Stanley, H. E. (1999). *Optimizing the success of random searches*. *Nature*, *401*(6756), 911–914. doi:10.1038/44831

Wosniack M.E., Santos M.C., Raposo E.P., Viswanathan G.M., da Luz M.G.E. (2017) *The evolutionary origins of Lévy walk foraging*. PLoS Comput Biol 13(10): e1005774. doi: 10.1371/journal.pcbi.1005774.

APÊNDICES

Análises Estatísticas

Sampling protocols to detect termites

Og DeSouza

20th April 2020

Abstract

Here we use Raphael Almeida's thesis data to inspect whether distinct sampling protocols would differ in their efficiency to detect termites in the field. Sampling protocols where:

- traditional sampling regime, with 121 sampling points (2.5×2.5 m) organized in contiguous linear form. The distance between the center of one point to the center of the next one was always 2.5 m.
- Lévy-like sampling regime, in which 50 points were selected from the traditional sampling regime, so that the distances between centers of contiguous points obeyed a Lévy frequency distribution with $\mu = 1.2$
- random uniform regime, in which 50 points were selected from the traditional sampling regime, so that the distances between centers of contiguous points obeyed a random uniform frequency distribution

1 Loading data

```
> dt <- read.table("termiteDetection2.csv", h = T, sep = ',')
> dt
```

	pts_termite	pts_tot	sampling	quadranteid
1	49	121	trad	q03
2	53	121	trad	q07
3	23	121	trad	q08
4	86	121	trad	q09
5	89	121	trad	q10
6	64	121	trad	q11
7	20	50	levy	q03
8	19	50	levy	q07
9	11	50	levy	q08
10	37	50	levy	q09
11	36	50	levy	q10
12	28	50	levy	q11
13	20	50	unif	q03

```

14      18      50      unif      q07
15       5      50      unif      q08
16      37      50      unif      q09
17      40      50      unif      q10
18      22      50      unif      q11

```

2 Analysis

```

> # percent of points with termites
> perc <- dt$pts_termite/dt$pts_tot
> # modeling
> m1 <- glm(perc ~ sampling + quadranteid, binomial, weights = pts_tot, data = dt)
> summary(m1)

```

```

Call:
glm(formula = perc ~ sampling + quadranteid, family = binomial,
    data = dt, weights = pts_tot)

```

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.25729  -0.45344   0.01759   0.45191   1.20588

```

Coefficients:

```

              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -0.357237   0.176078  -2.029   0.0425 *
samplingtrad -0.009274   0.149457  -0.062   0.9505
samplingunif -0.142249   0.177867  -0.800   0.4239
quadranteidq07 0.018792   0.193869   0.097   0.9228
quadranteidq08 -1.146989   0.223557  -5.131 2.89e-07 ***
quadranteidq09  1.359514   0.203690   6.674 2.48e-11 ***
quadranteidq10  1.475884   0.206796   7.137 9.55e-13 ***
quadranteidq11  0.457899   0.192248   2.382  0.0172 *
---

```

```

Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

```

Null deviance: 225.8273 on 17 degrees of freedom
Residual deviance: 6.1892 on 10 degrees of freedom
AIC: 102.42

```

Number of Fisher Scoring iterations: 4

```

> an <- anova(m1, test = "Chisq")
> an

```

Analysis of Deviance Table

Model: binomial, link: logit

Response: perc

Terms added sequentially (first to last)

	Df	Deviance	Resid. Df	Resid. Dev	Pr(>Chi)
NULL			17	225.827	
sampling	2	0.764	15	225.063	0.6825
quadranteid	5	218.874	10	6.189	<2e-16 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```
> pval <- an$`Pr(>F)`[2]
```

```
> se <- tapply(perc, dt$sampling, sd)/sqrt(tapply(perc, dt$sampling, length))
```

```
> se
```

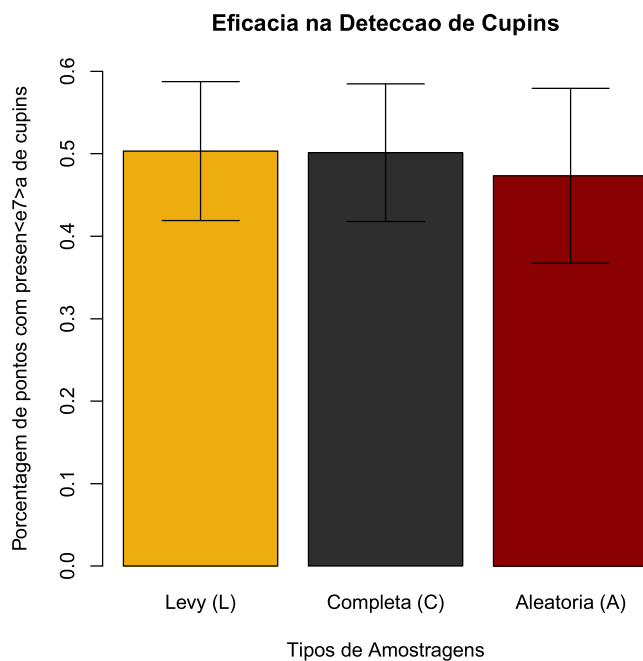
	levy	trad	unif
	0.08412953	0.08359418	0.10591401

```
> mn <- tapply(perc, dt$sampling, mean)
```

```
> mn
```

	levy	trad	unif
	0.5033333	0.5013774	0.4733333

```
> library(gplots)
> barplot2(mn
+           , plot.ci = T
+           , ci.u = mn + se
+           , ci.l = mn - se
+           , beside = T
+           , ylab = "Porcentagem de pontos com presen<e7>a de cupins"
+           , xlab = "Tipos de Amostragens"
+           , main = "Eficacia na Deteccao de Cupins"
+           , names.arg=c("Levy (L)","Completa (C)", "Aleatoria (A)")
+           , col = c("darkgoldenrod2", "Gray18", "darkred")
+           , ylim = c(0,.6)
+           )
```



Sampling protocols to detect termites

Og DeSouza

15th April 2020

Abstract

Here we use Raphael Almeida's thesis data to inspect whether distinct sampling protocols would differ in their efficiency to detect termites in the field. Sampling protocols where:

- traditional sampling regime, with 121 sampling points (2.5×2.5 m) organized in contiguous linear form. The distance between the center of one point to the center of the next one was always 2.5 m.
- Lévy-like sampling regime, in which 50 points were selected from the traditional sampling regime, so that the distances between centers of contiguous points obeyed a Lévy frequency distribution with $\mu = 1.2$
- random uniform regime, in which 50 points were selected from the traditional sampling regime, so that the distances between centers of contiguous points obeyed a random uniform frequency distribution

1 Loading data

```
> dt <- read.table("termiteDetection2.csv", h = T, sep = ',')
> dt
```

	pts_termite	pts_tot	sampling	quadranteid
1	49	121	trad	q03
2	53	121	trad	q07
3	23	121	trad	q08
4	86	121	trad	q09
5	89	121	trad	q10
6	64	121	trad	q11
7	20	50	levy	q03
8	19	50	levy	q07
9	11	50	levy	q08
10	37	50	levy	q09
11	36	50	levy	q10
12	28	50	levy	q11
13	20	50	unif	q03

```

14      18      50      unif      q07
15       5      50      unif      q08
16      37      50      unif      q09
17      40      50      unif      q10
18      22      50      unif      q11

```

2 Analysis

```

> # percent of points with termites
> perc <- dt$pts_termite/dt$pts_tot
> # modeling
> m1 <- glm(perc ~ sampling + quadranteid, binomial, weights = pts_tot, data = dt)
> summary(m1)

```

```

Call:
glm(formula = perc ~ sampling + quadranteid, family = binomial,
    data = dt, weights = pts_tot)

```

```

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-1.25729  -0.45344   0.01759   0.45191   1.20588

```

Coefficients:

```

              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept)  -0.357237   0.176078  -2.029  0.0425 *
samplingtrad -0.009274   0.149457  -0.062  0.9505
samplingunif -0.142249   0.177867  -0.800  0.4239
quadranteidq07 0.018792   0.193869   0.097  0.9228
quadranteidq08 -1.146989   0.223557  -5.131 2.89e-07 ***
quadranteidq09  1.359514   0.203690   6.674 2.48e-11 ***
quadranteidq10  1.475884   0.206796   7.137 9.55e-13 ***
quadranteidq11  0.457899   0.192248   2.382  0.0172 *
---

```

```

Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

```

Null deviance: 225.8273 on 17 degrees of freedom
Residual deviance: 6.1892 on 10 degrees of freedom
AIC: 102.42

```

Number of Fisher Scoring iterations: 4

```

> an <- anova(m1, test = "Chisq")
> an

```

Analysis of Deviance Table

Model: binomial, link: logit

Response: perc

Terms added sequentially (first to last)

	Df	Deviance	Resid.	Df	Resid. Dev	Pr(>Chi)
NULL				17	225.827	
sampling	2	0.764		15	225.063	0.6825
quadranteid	5	218.874		10	6.189	<2e-16 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```
> pval <- an$`Pr(>F)`[2]
```

```
> se <- tapply(perc, dt$sampling, sd)/sqrt(tapply(perc, dt$sampling, length))
```

```
> se
```

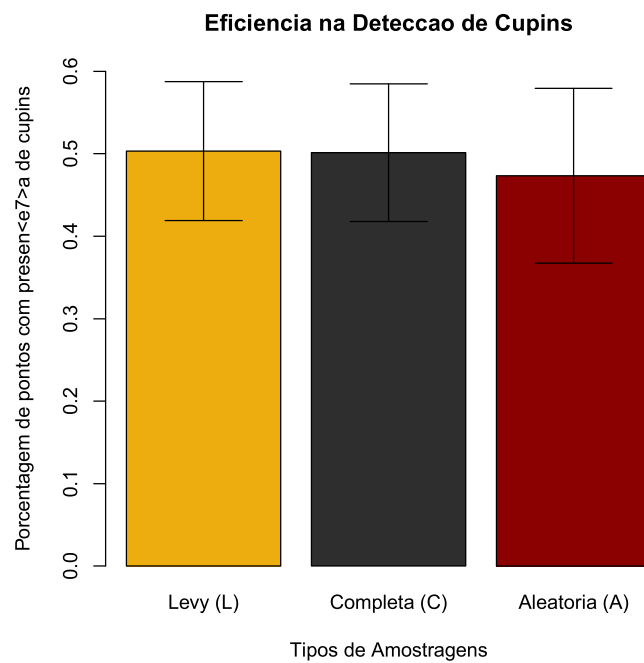
	levy	trad	unif
	0.08412953	0.08359418	0.10591401

```
> mn <- tapply(perc, dt$sampling, mean)
```

```
> mn
```

	levy	trad	unif
	0.5033333	0.5013774	0.4733333

```
> library(gplots)
> barplot2(mn
+           , plot.ci = T
+           , ci.u = mn + se
+           , ci.l = mn - se
+           , beside = T
+           , ylab = "Porcentagem de pontos com presen<e7>a de cupins"
+           , xlab = "Tipos de Amostragens"
+           , main = "Eficiencia na Deteccao de Cupins"
+           , names.arg=c("Levy (L)","Completa (C)", "Aleatoria (A)")
+           , col = c("darkgoldenrod2", "Gray18", "darkred")
+           , ylim = c(0,.6)
+           )
```



Sampling protocols to detect termites

Og DeSouza

17th April 2020

Abstract

Here we use Raphael Almeida's thesis data to inspect whether distinct sampling protocols would differ in their efficiency to detect termite morphotypes in the field. Sampling protocols where:

- complete sampling regime, with 121 sampling points (2.5×2.5 m) organized in contiguous linear form. The distance between the center of one point to the center of the next one was always 2.5 m.
- Levy-like sampling regime, in which 50 points were selected from the traditional sampling regime, so that the distances between centers of contiguous points obeyed a Levy frequency distribution with $\mu = 1.2$
- random uniform regime, in which 50 points were selected from the traditional sampling regime, so that the distances between centers of contiguous points obeyed a random uniform frequency distribution

1 Loading data

```
> dt <- read.table("morfotipo.csv", h = T, sep = ',')
> dt
```

	pts_esp	pts_tot	sampling
1	10	121	compl
2	11	121	compl
3	9	121	compl
4	16	121	compl
5	14	121	compl
6	13	121	compl
7	8	50	levy
8	8	50	levy
9	6	50	levy
10	12	50	levy
11	10	50	levy
12	10	50	levy
13	6	50	rand

```

14      7      50      rand
15      5      50      rand
16     10      50      rand
17     10      50      rand
18      7      50      rand

> qid <- rep(c('q03', 'q07', 'q08', 'q09', 'q10', 'q11'),3)
> qid <- as.factor(qid)
> qid

[1] q03 q07 q08 q09 q10 q11 q03 q07 q08 q09 q10 q11 q03 q07 q08 q09 q10 q11
Levels: q03 q07 q08 q09 q10 q11

```

2 Analysis: morphotypes per point

```

> # morfotypes
> perc <- dt$pts_esp/dt$pts_tot
> perc

[1] 0.08264463 0.09090909 0.07438017 0.13223140 0.11570248 0.10743802
[7] 0.16000000 0.16000000 0.12000000 0.24000000 0.20000000 0.20000000
[13] 0.12000000 0.14000000 0.10000000 0.20000000 0.20000000 0.14000000

> # modeling
> m1 <- glm(perc ~ sampling + qid, binomial, weights = pts_tot, data = dt)
> summary(m1)

Call:
glm(formula = perc ~ sampling + qid, family = binomial, data = dt,
     weights = pts_tot)

Deviance Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.33521 -0.12531 -0.01005  0.07838  0.40850

Coefficients:
            Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
(Intercept) -2.39692    0.23645 -10.137 < 2e-16 ***
samplinglevy  0.67961    0.19522  3.481 0.000499 ***
samplingrand  0.45953    0.20412  2.251 0.024369 *
qidq07        0.09107    0.30192  0.302 0.762929
qidq08       -0.20407    0.32022 -0.637 0.523943
qidq09        0.53901    0.28170  1.913 0.055698 .
qidq10        0.40452    0.28693  1.410 0.158600
qidq11        0.25654    0.29349  0.874 0.382057
---

```

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

(Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)

Null deviance: 22.55814 on 17 degrees of freedom
Residual deviance: 0.55539 on 10 degrees of freedom
AIC: 86.988

Number of Fisher Scoring iterations: 3

>

Correcting for subdispersion:

```
> m2 <- glm(perc ~ sampling + qid, quasibinomial, weights = pts_tot, data = dt)
> an <- anova(m2, test = "F")
> an
```

Analysis of Deviance Table

Model: quasibinomial, link: logit

Response: perc

Terms added sequentially (first to last)

	Df	Deviance	Resid.	Df	Resid. Dev	F	Pr(>F)
NULL				17	22.5581		
sampling	2	13.0145		15	9.5436	116.655	1.173e-07 ***
qid	5	8.9882		10	0.5554	32.226	7.416e-06 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```
> pval <- an$`Pr(>F)`[2]
> CR_L <- dt$sampling
> levels(CR_L)[1] <- "CR"
> levels(CR_L)[3] <- "CR"
> CR_L
```

```
[1] CR CR CR CR CR CR lev lev lev lev lev lev CR CR CR
[16] CR CR CR
Levels: CR lev
```

```
> m3 <- glm(perc ~ CR_L + qid, quasibinomial, weights = pts_tot, data = dt)
> anova(m2,m3,test="F")
```

Analysis of Deviance Table

```

Model 1: perc ~ sampling + qid
Model 2: perc ~ CR_L + qid
  Resid. Df Resid. Dev Df Deviance      F      Pr(>F)
1         10      0.5554
2         11      5.4683 -1  -4.9129 88.073 2.836e-06 ***
---

```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Models differ, therefore we can not accept the simplification. This means that complete sampling (C) differs from random uniform sampling (R). We return to model m2 and try to amalgamate random uniform sampling (R) with Levy-walk sampling (L).

```

> LR_C <- dt$sampling
> LR_C

[1] compl compl compl compl compl compl levy  levy  levy  levy  levy  levy
[13] rand  rand  rand  rand  rand  rand
Levels: compl levy rand

> levels(LR_C)[2] <- "LR"
> levels(LR_C)[3] <- "LR"
> LR_C

[1] compl compl compl compl compl compl LR    LR    LR    LR    LR    LR
[13] LR    LR    LR    LR    LR    LR
Levels: compl LR

> m4 <- glm(perc ~ LR_C + qid, quasibinomial, weights = pts_tot, data = dt)
> anova(m2,m4,test="F")

```

Analysis of Deviance Table

```

Model 1: perc ~ sampling + qid
Model 2: perc ~ LR_C + qid
  Resid. Df Resid. Dev Df Deviance      F      Pr(>F)
1         10      0.55539
2         11      1.54462 -1  -0.98923 17.734 0.001797 **
---

```

```
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Models differ, therefore we can not accept the simplification. This means that random uniform sampling (R) differs from Levy-walk sampling (L).

3 Graph

```

> LC_R <- dt$sampling
> LC_R

[1] compl compl compl compl compl compl levy levy levy levy levy
[13] rand rand rand rand rand rand
Levels: compl levy rand

> levels(LC_R)[1] <- "LC"
> levels(LC_R)[2] <- "LC"
> LC_R

[1] LC LC LC LC LC LC LC LC LC LC LC LC LC rand rand rand
[16] rand rand rand
Levels: LC rand

> m5 <- glm(perc ~ LC_R + qid, quasibinomial, weights = pts_tot, data = dt)
> anova(m2,m5,test="F")

```

Analysis of Deviance Table

```

Model 1: perc ~ sampling + qid
Model 2: perc ~ LC_R + qid
  Resid. Df Resid. Dev Df Deviance      F    Pr(>F)
1         10      0.5554
2         11     12.2780 -1  -11.723 210.15 4.852e-08 ***
---

```

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Models differ, therefore we can not accept the simplification. This means that complete sampling (C) differs from Levy-walk sampling (L). So, the model 2 is the correct model.

4 Graph

```

> se <- tapply(perc, dt$sampling, sd)/sqrt(tapply(perc, dt$sampling, length))
> se

      compl      levy      rand
0.008905361 0.017126977 0.016931233

> mn <- tapply(perc, dt$sampling, mean)
> mn

      compl      levy      rand
0.100551 0.180000 0.150000

```

```
> library(gplots)
> barplot2(mn
+           , plot.ci = T
+           , ci.u = mn + se
+           , ci.l = mn - se
+           , beside = T
+           , ylab = "N<fa>mero de morfotipos detectados por ponto amostral "
+           , xlab = "Tipos de Amostragens"
+           , main = "Eficacia na Deteccao de Morfotipos de Cupins"
+           , names.arg=c("Completa (C)","Levy (L)", "Aleatoria (A)")
+           , col = c("Gray18", "darkgoldenrod2", "darkred")
+           , ylim = c(0,.5)
+           )
```

