MINISTÉRIO DA CIÊNCIA, TECNOLOGIA, INOVAÇÕES E COMUNICAÇÕES
INSTITUTO NACIONAL DE PESQUISAS ESPACIAIS

sid.inpe.br/mtc-m21b/2016/08.03.14.11-TDI

MODELOS DE DISTRIBUIÇÃO DE ESPÉCIES DE PEIXES DEMERSAIS MARINHOS DA PLATAFORMA SUL DO BRASIL: DISTRIBUIÇÃO ATUAL E PROJEÇÕES FUTURAS EM CENÁRIOS DE MUDANÇAS CLIMÁTICAS

Sandro Klippel

Tese de Doutorado do Curso de Pós-Graduação em Ciência do Sistema Terrestre, orientada pelas Dras. Lúbia Vinhas, e Silvana Amaral Kampel, aprovada em 04 de agosto de 2016.

URL do documento original:
<http://urlib.net/8JMKD3MGP3W34P/3M7GPK5>

INPE
São José dos Campos
2016

PUBLICADO POR:

Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais - INPE
Gabinete do Diretor (GB)
Serviço de Informação e Documentação (SID)
Caixa Postal 515 - CEP 12.245-970
São José dos Campos - SP - Brasil
Tel.:(012) 3208-6923/6921
Fax: (012) 3208-6919
E-mail: pubtc@inpe.br

COMISSÃO DO CONSELHO DE EDITORAÇÃO E PRESERVAÇÃO DA PRODUÇÃO INTELECTUAL DO INPE (DE/DIR-544):
Presidente:
Maria do Carmo de Andrade Nono - Conselho de Pós-Graduação (CPG)
Membros:
Dr. Plínio Carlos Alvalá - Centro de Ciência do Sistema Terrestre (CST)
Dr. André de Castro Milone - Coordenação de Ciências Espaciais e Atmosféricas (CEA)
Dra. Carina de Barros Melo - Coordenação de Laboratórios Associados (CTE)
Dr. Evandro Marconi Rocco - Coordenação de Engenharia e Tecnologia Espacial (ETE)
Dr. Hermann Johann Heinrich Kux - Coordenação de Observação da Terra (OBT)
Dr. Marley Cavalcante de Lima Moscati - Centro de Previsão de Tempo e Estudos Climáticos (CPT)
Silvia Castro Marcelino - Serviço de Informação e Documentação (SID)
BIBLIOTECA DIGITAL:
Dr. Gerald Jean Francis Banon
Clayton Martins Pereira - Serviço de Informação e Documentação (SID)
REVISÃO E NORMALIZAÇÃO DOCUMENTÁRIA:
Simone Angélica Del Ducca Barbedo - Serviço de Informação e Documentação (SID)
Yolanda Ribeiro da Silva Souza - Serviço de Informação e Documentação (SID)
EDITORAÇÃO ELETRÔNICA:
Marcelo de Castro Pazos - Serviço de Informação e Documentação (SID)
André Luis Dias Fernandes - Serviço de Informação e Documentação (SID)

MINISTÉRIO DA CIÊNCIA, TECNOLOGIA, INOVAÇÕES E COMUNICAÇÕES
INSTITUTO NACIONAL DE PESQUISAS ESPACIAIS

sid.inpe.br/mtc-m21b/2016/08.03.14.11-TDI

MODELOS DE DISTRIBUIÇÃO DE ESPÉCIES DE PEIXES DEMERSAIS MARINHOS DA PLATAFORMA SUL DO BRASIL: DISTRIBUIÇÃO ATUAL E PROJEÇÕES FUTURAS EM CENÁRIOS DE MUDANÇAS CLIMÁTICAS

Sandro Klippel

Tese de Doutorado do Curso de Pós-Graduação em Ciência do Sistema Terrestre, orientada pelas Dras. Lúbia Vinhas, e Silvana Amaral Kampel, aprovada em 04 de agosto de 2016.

URL do documento original:
<http://urlib.net/8JMKD3MGP3W34P/3M7GPK5>

INPE
São José dos Campos
2016

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

Klippel, Sandro.

K689m Modelos de distribuição de espécies de peixes demersais marinhos da plataforma sul do Brasil: Distribuição atual e projeções futuras em cenários de mudanças climáticas / Sandro Klippel. – São José dos Campos : INPE, 2016.

xxvi + 269 p. ; (sid.inpe.br/mtc-m21b/2016/08.03.14.11-TDI)

Tese (Doutorado em Ciência do Sistema Terrestre) – Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais, São José dos Campos, 2016.

Orientadoras : Dras. Lúbia Vinhas, e Silvana Amaral Kampel.

1. Relações espécie-ambiente. 2. Habitat essencial de peixes. 3. Boosted regression trees. 4. Modelos aditivos generalizados. 5. Maxent. I.Título.

CDU 502.51(26):639

Esta obra foi licenciada sob uma Licença Creative Commons Atribuição-NãoComercial 3.0 Não Adaptada.

This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial 3.0 Unported License.

Aluno (a): ***Sandro Klippel***
Título: "MODELOS DE DISTRIBUIÇÃO DE ESPÉCIES DE PEIXES DEMERSAIS MARINHOS DA PLATAFORMA SUL DO BRASIL: DISTRIBUIÇÃO ATUAL E PROJEÇÕES FUTURAS EM CENÁRIOS DE MUDANÇAS CLIMÁTICAS".

Aprovado (a) pela Banca Examinadora em cumprimento ao requisito exigido para obtenção do Título de *Doutor(a)* em

Ciência do Sistema Terrestre

Dr. Dalton de Morisson Valeriano

Presidente / INPE / SJCampos - SP

Dra. Lúbia Vinhas

Orientador(a) / INPE / São José dos Campos - SP

Dra. Silvana Amaral Kampel

Orientador(a) / INPE / SJCampos - SP

Dr. Milton Kampel

Membro da Banca / INPE / SJCampos - SP

Dra. Roberta Aguiar dos Santos

Convidado(a) / CEPSUL / Itajaí - SC

Dr. Antônio Olinto Ávila da Silva

Convidado(a) / IP/APTA / Santos - SP

Este trabalho foi aprovado por:

( ) maioria simples

(X) unanimidade

São José dos Campos, 04 de agosto de 2016

AGRADECIMENTOS

Agradeço ao Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis – Ibama, pelo apoio institucional, às minhas orientadoras Dra. Silvana Amaral e Dra. Lúbia Vinhas, pelo estímulo, discussões, conselhos e amizade no desenvolvimento do presente trabalho, aos membros da banca examinadora Dra. Roberta Aguiar dos Santos, Dr. Antônio Olinto Ávila da Silva, Dr. Milton Kampel e Dr. Dalton de Morisson Valeriano pelas críticas, sugestões e revisão do texto que muito contribuíram para o aperfeiçoamento desta tese. À Tânia que me acompanha desde o início dessa jornada me apoiando com carinho e dedicação. Finalmente, agradeço a todos, familiares, amigos e colegas, pelo aconselhamento e discussões que direta ou indiretamente contribuíram para a realização desta tese.

RESUMO

Modelos de distribuição de espécies (MDE) são ferramentas para a obtenção de mapas de aptidão de habitat com base em ocorrências históricas das espécies e variáveis ambientais. Neste trabalho, quatro técnicas diferentes foram comparadas: O procedimento AquaMaps, o algoritmo de máxima entropia (MAXENT), modelos aditivos generalizados (GAM), e as "Boosted Regression Trees" (BRT). AquaMaps e MAXENT foram aplicados utilizando apenas dados de presença enquanto GAM e BRT utilizaram dados de presença-ausência. Usando essas técnicas, foram desenvolvidos MDEs para 65 peixes marinhos. Dados extraídos de 3.167 lances de arrasto de fundo de pesquisas científicas realizadas na plataforma sul do Brasil foram utilizados nos modelos. A capacidade preditiva dos modelos foi avaliada usando a área sob a curva característica de operação do receptor (AUC) e validação cruzada. Embora as abordagens de presença-ausência tenham produzido um número maior de modelos com boa capacidade preditiva do que as técnicas que utilizam apenas dados de presença; alguns modelos que utilizam apenas dados de presença tiveram um desempenho equivalente. MDEs foram usadas para projetar a área de distribuição de peixes demersais marinhos sob diferentes cenários de aquecimento das águas do Atlântico Sudoeste. As mudanças projetadas para 2 °C de aquecimento incluem uma redução de 15–34% no habitat adequado para três espécies comercialmente importantes de peixes marinhos na plataforma sul do Brasil, considerando preferências térmicas e de profundidade, e um deslocamento para o sul do centro da área de distribuição que chega a 200 km. A redução e o deslocamento das áreas de distribuição dessas espécies, que são os principais recursos demersais explorados pela pesca comercial na região, pode reduzir a disponibilidade das espécies para as frotas nacionais com graves consequências econômicas e sociais. Além disso, foram desenvolvidos MDEs para cinco espécies de elasmobrânquios ameaçadas, e comparados com o conhecimento atual sobre essas espécies. Esses modelos fizeram previsões razoáveis usando a grande cobertura espacial e temporal de sensoriamento remoto. Tal desempenho é particularmente útil para restringir áreas de pesca, ou mesmo para deslocar os pescadores para áreas com menor probabilidade de capturas acidentais.

Palavras-chave: relações espécie-ambiente. habitat essencial de peixes. adequabilidade ambiental relativa. espécies ameaçadas. boosted regression trees. modelos aditivos generalizados. maxent. aquamaps. sensoriamento remoto. deslocamento da distribuição.

SPECIES DISTRIBUTION MODELS OF MARINE DEMERSAL FISHES OF SOUTH BRAZIL SHELF: CURRENT DISTRIBUTION AND FUTURE PROJECTIONS UNDER CLIMATE CHANGE SCENARIOS

ABSTRACT

Species distribution models (SDM) are tools to obtain habitat suitability maps based on historical species occurrences and environmental variables. In this work, four different techniques were compared: The AquaMaps procedure, maximum entropy algorithm (MAXENT), general additive models (GAM), and Boosted Regression Trees (BRT). AquaMaps and MAXENT were applied using presence-only data whereas GAM and BRT used presence-absence data. Using these techniques, SDMs for 65 marine fishes were developed. Data drawn from 3,167 bottom trawl hauls of scientific surveys carried out on South Brazil Shelf were used in the models. The predictive ability of the models was assessed using the area under receiver operating characteristic curve (AUC) and 10-fold cross-validation. While presence-absence approaches have been found to produce more models with greater predictive ability than presence-only approaches; some presence-only models can perform almost as well. SDMs were used to project the distribution area of marine demersal fishes under different warming scenarios of the Southwestern Atlantic waters. The projected changes under 2 °C warming include a decrease of 15–34% in suitable habitat for three commercially important marine fish species in Southern Brazil, considering thermal and depth preferences, and a shift to the south of the center of the distribution area that reaches 200 km. The reduction and displacement of distribution areas of those species, which are the main demersal resources exploited by commercial fisheries in the region, may reduce the availability of those species to national fleets with serious economic and social consequences. In addition, SDMs for five endangered elasmobranchs species were developed and compared with the current knowledge about those species. Those models make reasonable predictions using the great spatial and temporal coverage of satellite data. Such performance is particularly useful to restrict fishing grounds, or even to prompt fishers to move to areas with lesser probability of incidental catches.

Keywords: species-environment relationships. essential fish habitat. relative environmental suitability. threatened species. boosted regression trees. generalized additive model. maxent. aquamaps. remote sensing. distribution shifts.

LISTA DE FIGURAS

Pág.

2.1 Área de estudos. 10
2.2 Regressão polinomial ajustada a todos os dados. 15
2.3 Dependência parcial sobre a probabilidade de ocorrência. 24
2.4 Mapas mensais da probabilidade da presença de *G. galeus* 25
2.5 Mapas mensais da probabilidade da presença de *M. schmitti* 26
2.6 Mapas mensais da probabilidade da presença de *S. guggenheim* . . . 27
2.7 Mapas mensais da probabilidade da presença de *S. occulta* 28
2.8 Mapas mensais da probabilidade da presença de *P. horkelii* 29
2.9 Probabilidade de ocorrência usando imagens de satélite 31
2.10 Erros de previsão associados ao modelo 32

3.1 Distribuição dos lances de arrasto de fundo 42
3.2 Área sob a curva ROC dos modelos ajustados para as espécies. . . . 54
3.3 Coeficiente de correlação dos modelos ajustados para as espécies. . . 55

4.1 Diferença entre a referência histórica e as temperaturas projetadas no futuro 59
4.2 Variação percentual no tamanho do habitat das espécies para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 65
4.3 Variação percentual no tamanho do habitat de *C. guatucupa*, *M. furnieri* e *U. canosai* em relação ao acréscimo da temperatura do oceano. 66
4.4 Variação percentual no tamanho do habitat de *G. galeus*, *M. schmitti* e *S. guggenheim* em relação ao acréscimo da temperatura do oceano. 67
4.5 Deslocamento latitudinal da região núcleo de *C. guatucupa*, *M. furnieri* e *U. canosai* em relação ao acréscimo da temperatura do oceano. 68
4.6 Deslocamento latitudinal da região núcleo de *G. galeus*, *M. schmitti* e *S. guggenheim* em relação ao acréscimo da temperatura do oceano. 69

A.1 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Antigonia capros* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 89
A.2 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Antigonia capros* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 90

A.3 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Antigonia capros* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 91
A.4 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Argentina striata* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 93
A.5 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Argentina striata* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 94
A.6 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Argentina striata* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 95
A.7 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Ariomma bondi* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 97
A.8 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Ariomma bondi* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 98
A.9 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Ariomma bondi* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 99
A.10 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Balistes capriscus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 101
A.11 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Balistes capriscus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 102
A.12 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Balistes capriscus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 103
A.13 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Bembrops heterurus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 105
A.14 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Bembrops heterurus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 106
A.15 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Bembrops heterurus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 107
A.16 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Coelorinchus marinii* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 109

A.17 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Coelorinchus marinii* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 110
A.18 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Coelorinchus marinii* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 111
A.19 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Conger orbignianus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 113
A.20 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Conger orbignianus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 114
A.21 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Conger orbignianus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 115
A.22 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Ctenosciaena gracilicirrhus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 117
A.23 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Ctenosciaena gracilicirrhus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 118
A.24 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Ctenosciaena gracilicirrhus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 119
A.25 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Cynoscion guatucupa* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 121
A.26 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Cynoscion guatucupa* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 122
A.27 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Cynoscion guatucupa* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 123
A.28 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Galeorhinus galeus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 125
A.29 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Galeorhinus galeus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 126

A.30 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Galeorhinus galeus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 127
A.31 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Helicolenus lahillei* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 129
A.32 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Helicolenus lahillei* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 130
A.33 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Helicolenus lahillei* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 131
A.34 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Macrodon atricauda* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 133
A.35 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Macrodon atricauda* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 134
A.36 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Macrodon atricauda* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 135
A.37 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Malacocephalus occidentalis* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 137
A.38 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Malacocephalus occidentalis* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 138
A.39 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Malacocephalus occidentalis* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 139
A.40 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Micropogonias furnieri* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 141
A.41 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Micropogonias furnieri* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 142

A.42 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Micropogonias furnieri* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 143
A.43 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Mullus argentinae* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 145
A.44 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Mullus argentinae* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 146
A.45 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Mullus argentinae* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 147
A.46 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Mustelus schmitti* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 149
A.47 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Mustelus schmitti* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 150
A.48 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Mustelus schmitti* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 151
A.49 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Paralichthys isosceles* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 153
A.50 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Paralichthys isosceles* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 154
A.51 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Paralichthys isosceles* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 155
A.52 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Paralonchurus brasiliensis* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 157
A.53 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Paralonchurus brasiliensis* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 158
A.54 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Paralonchurus brasiliensis* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 159
A.55 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Peprilus paru* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 161

A.56 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Peprilus paru* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 162
A.57 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Peprilus paru* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 163
A.58 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Porichthys porosissimus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 165
A.59 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Porichthys porosissimus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 166
A.60 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Porichthys porosissimus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 167
A.61 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Prionotus nudigula* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 169
A.62 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Prionotus nudigula* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 170
A.63 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Prionotus nudigula* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 171
A.64 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Prionotus punctatus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 173
A.65 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Prionotus punctatus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 174
A.66 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Prionotus punctatus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 175
A.67 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Rioraja agassizii* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 177
A.68 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Rioraja agassizii* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 178

A.69 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Rioraja agassizii* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 179
A.70 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Atlantoraja platana* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 181
A.71 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Atlantoraja platana* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 182
A.72 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Atlantoraja platana* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 183
A.73 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Saurida caribbaea* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 185
A.74 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Saurida caribbaea* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 186
A.75 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Saurida caribbaea* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 187
A.76 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Squalus megalops* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 189
A.77 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Squalus megalops* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 190
A.78 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Squalus megalops* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 191
A.79 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Squatina guggenheim* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 193
A.80 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Squatina guggenheim* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 194
A.81 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Squatina guggenheim* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 195
A.82 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Squatina occulta* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 197

A.83 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Squatina occulta* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 198
A.84 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Squatina occulta* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 199
A.85 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Sympterygia bonapartii* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 201
A.86 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Sympterygia bonapartii* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 202
A.87 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Sympterygia bonapartii* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 203
A.88 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Synagrops bellus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 205
A.89 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Synagrops bellus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 206
A.90 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Synagrops bellus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 207
A.91 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Synagrops spinosus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 209
A.92 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Synagrops spinosus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 210
A.93 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Synagrops spinosus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 211
A.94 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Trachurus lathami* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 213
A.95 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Trachurus lathami* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 214
A.96 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Trachurus lathami* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 215

A.97 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Trichiurus lepturus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 217
A.98 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Trichiurus lepturus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 218
A.99 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Trichiurus lepturus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 219
A.100 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Umbrina canosai* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 221
A.101 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Umbrina canosai* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 222
A.102 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Umbrina canosai* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 223
A.103 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Urophycis brasiliensis* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 225
A.104 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Urophycis brasiliensis* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 226
A.105 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Urophycis brasiliensis* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 227
A.106 Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Zenopsis conchifer* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 229
A.107 Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Zenopsis conchifer* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 230
A.108 Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Zenopsis conchifer* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano. 231

LISTA DE TABELAS

Pág.

2.1 Elasmobrânquios ameaçados de extinção para os quais foram desenvolvidos modelos de distribuição de espécies. 9
2.2 Características das redes de arrasto utilizadas. 11
2.3 Variáveis ambientais utilizadas nos modelos. 12
2.4 Capacidade discriminativa e confiabilidade dos modelos BRT, e número de co-variáveis e árvores ajustadas. 20
2.5 Contribuição de cada variável ambiental nos modelos BRT. 21
2.6 Probabilidades médias de captura das redes de arrasto. 22

3.1 Peixes marinhos demersais para os quais foram desenvolvidos modelos de distribuição de espécies. 44
3.2 Modelos calibrados para cada espécie e principais configurações. 47
3.3 Correlação entre o desempenho dos modelos na redução da desviância nula e a prevalência. 49
3.4 Número de modelos em que o AUC foi superior a 0,75 e a correlação superior a 0,3 50

A.1 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *A. capros*. 88
A.2 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *A. striata*. . . . 92
A.3 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *A. bondi*. 96
A.4 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *B. capriscus*. . . 100
A.5 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *B. heterurus*. . . 104
A.6 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *C. marinii*. . . . 108
A.7 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *C. orbignianus*. . 112
A.8 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *C. gracilicirrhus*. 116
A.9 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *C. guatucupa*. . . 120
A.10 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *G. galeus*. 124
A.11 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *H. lahillei*. . . . 128
A.12 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *M. atricauda*. . . 132
A.13 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *M. occidentalis*. 136
A.14 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *M. furnieri*. . . . 140
A.15 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *M. argentinae*. . 144
A.16 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *M. schmitti*. . . 148
A.17 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *P. isosceles*. . . 152
A.18 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *P. brasiliensis*. . 156
A.19 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *P. paru*. 160

A.20 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *P. porosissimus*. 164
A.21 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *P. nudigula*. . . 168
A.22 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *P. punctatus*. . . 172
A.23 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *R. agassizii*. . . 176
A.24 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *A. platana*. . . . 180
A.25 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *S. caribbaea*. . . 184
A.26 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *S. megalops*. . . 188
A.27 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *S. guggenheim*. . 192
A.28 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *S. occulta*. . . . 196
A.29 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *S. bonapartii*. . . 200
A.30 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *S. bellus*. 204
A.31 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *S. spinosus*. . . . 208
A.32 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *T. lathami*. . . . 212
A.33 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *T. lepturus*. . . . 216
A.34 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *U. canosai*. . . . 220
A.35 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *U. brasiliensis*. . 224
A.36 Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *Z. conchifer*. . . 228

B.1 Lista dos cruzeiros de pesquisa com arrasto de fundo na plataforma sul. . 234

C.1 Lista com nomes vulgares das espécies. 238

SUMÁRIO

Pág.

1 INTRODUÇÃO 1
1.1 Descrição do problema 1
1.2 Modelos de distribuição de espécies 2
1.3 Perguntas científicas 6

2 DESENVOLVIMENTO E AVALIAÇÃO DE MODELOS DE DISTRIBUIÇÃO DE ESPÉCIES DE CINCO ELASMOBRÂNQUIOS AMEAÇADOS 7
2.1 Introdução 7
2.2 Material e métodos 8
2.2.1 Área de estudo 8
2.2.2 Dados de pesquisa 9
2.2.3 Variáveis ambientais 11
2.2.4 Desenvolvimento e avaliação dos modelos 14
2.2.5 Mapeamento dos resultados dos modelos 18
2.3 Resultados 18
2.4 Discussão 33
2.5 Conclusões 37

3 UMA COMPARAÇÃO DE ABORDAGENS PARA MODELAR A OCORRÊNCIA DE PEIXES MARINHOS 39
3.1 Introdução 39
3.2 Material e métodos 41
3.2.1 Fonte dos dados 41
3.2.2 Desenvolvimento e avaliação dos modelos 43
3.3 Resultados 48
3.4 Discussão 49
3.5 Conclusões 52

4 ALTERAÇÕES NA DISTRIBUIÇÃO DE PEIXES MARINHOS DA PLATAFORMA SUL DO BRASIL EM CENÁRIOS DE MUDANÇAS CLIMÁTICAS 57
4.1 Introdução 57

4.2 Material e métodos 58
4.2.1 Cenários de mudanças climáticas 58
4.2.2 Modelos de distribuição de espécies 60
4.2.3 Tamanho e deslocamento do habitat 60
4.3 Resultados e discussão 62
4.4 Conclusões 64

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS 71

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 73

APÊNDICE A - MAPAS COM A DISTRIBUIÇÃO ATUAL E PROJETADA DAS ESPÉCIES 87

A.1 *Antigonia capros* 88
A.2 *Argentina striata* 92
A.3 *Ariomma bondi* 96
A.4 *Balistes capriscus* 100
A.5 *Bembrops heterurus* 104
A.6 *Coelorinchus marinii* 108
A.7 *Conger orbignianus* 112
A.8 *Ctenosciaena gracilicirrhus* 116
A.9 *Cynoscion guatucupa* 120
A.10 *Galeorhinus galeus* 124
A.11 *Helicolenus lahillei* 128
A.12 *Macrodon atricauda* 132
A.13 *Malacocephalus occidentalis* 136
A.14 *Micropogonias furnieri* 140
A.15 *Mullus argentinae* 144
A.16 *Mustelus schmitti* 148
A.17 *Paralichthys isosceles* 152
A.18 *Paralonchurus brasiliensis* 156
A.19 *Peprilus paru* 160
A.20 *Porichthys porosissimus* 164
A.21 *Prionotus nudigula* 168
A.22 *Prionotus punctatus* 172
A.23 *Rioraja agassizii* 176
A.24 *Atlantoraja platana* 180
A.25 *Saurida caribbaea* 184

A.26 *Squalus megalops* 188
A.27 *Squatina guggenheim* 192
A.28 *Squatina occulta* 196
A.29 *Sympterygia bonapartii* 200
A.30 *Synagrops bellus* 204
A.31 *Synagrops spinosus* 208
A.32 *Trachurus lathami* 212
A.33 *Trichiurus lepturus* 216
A.34 *Umbrina canosai* 220
A.35 *Urophycis brasiliensis* 224
A.36 *Zenopsis conchifer* 228

APÊNDICE B - FONTE DOS DADOS DE OCORRÊNCIA DAS ESPÉCIES 233

APÊNDICE C - LISTA COM NOMES VULGARES DAS ESPÉCIES 237

APÊNDICE D - CÓDIGOS EM R 243
D.1 fit_models.R 244
D.2 mk_background.R 260
D.3 do_models.R 261
D.4 predictions.R 263
D.5 Core_Area.R 265
D.6 Equiv_Area.R 265
D.7 Lat_Center_ByMonth.R 266
D.8 grades.R 268

1 INTRODUÇÃO

1.1 Descrição do problema

As mudanças climáticas globais já afetam os ecossistemas marinhos (WALTHER et al., 2002). Além do aquecimento da temperatura superficial do oceano, alterações em correntes oceânicas e na profundidade da camada de mistura, os efeitos em cadeia incluem alterações na produção primária e secundária, mudanças nas áreas de distribuição e na abundância relativa das espécies, alterações fenológicas e propagação de espécies invasoras (COCHRANE et al., 2009). Impactos na atividade pesqueira decorrem de alterações na disponibilidade dos recursos pesqueiros, em razão do deslocamento das áreas de distribuição e mudanças na abundância das espécies alvo das pescarias e pelo incremento de eventos climáticos extremos que reduzem o acesso aos recursos (BADJECK et al., 2010; CHEUNG et al., 2012b). O deslocamento das áreas de distribuição das espécies pode ainda elevar capturas acidentais, comprometer a efetividade das medidas de manejo dos recursos pesqueiros e até mesmo frustrar iniciativas de manejo ecossistêmico, como o estabelecimento de áreas marinhas protegidas (CHEUNG et al., 2012b; JONES et al., 2013).

Evidências dos efeitos de longo termo das mudanças climáticas sobre peixes marinhos foram observadas principalmente no Atlântico Norte (PERRY et al., 2005; SIMPSON et al., 2011). Mas há também registros de deslocamentos de diversas espécies marinhas temperadas para altas latitudes em todo o Hemisfério Norte (HOLLOWED et al., 2013a) e de mudanças na composição dos desembarques comerciais em todo o mundo, supostamente em decorrência do aquecimento global (CHEUNG et al., 2013).

Há pouca dúvida de que os impactos das mudanças climáticas nos ecossistemas marinhos aumentarão no futuro. No hemisfério norte foram projetadas alterações de até 35% na área de distribuição de algumas espécies de predadores no Pacífico Nordeste em 2100 em relação a 2001 (HAZEN et al., 2012). Ao passo que no hemisfério sul, projeções indicam um deslocamento para o sul nos padrões de distribuição das espécies e consequente mudança na composição das comunidades de peixes marinhos na costa oeste da Austrália (CHEUNG et al., 2012a). No Atlântico Sudoeste, projeções apontam para uma taxa média de aquecimento da temperatura da superfície do oceano da ordem de 0,06 °C· ano^{-1} e o deslocamento para o sul em cerca de 1° de latitude da posição média da confluência entre as correntes do Brasil e das Malvinas até 2100 (PEREIRA, 2011). É uma taxa equivalente a média de 0,05 °C· ano^{-1} observada entre 1982–2006 em áreas de rápido aquecimento como o Atlântico Norte (BELKIN, 2009). Contudo, possíveis impactos desse aquecimento

das águas do Atlântico Sudoeste sobre a ictiofauna marinha não foram projetados.

1.2 Modelos de distribuição de espécies

O primeiro passo para a definição de ações e estratégias de adaptação às mudanças climáticas é a análise de vulnerabilidade ou de impactos a essas mudanças em determinada região (CARTER et al., 1994). Os modelos de distribuição de espécies (MDEs) são frequentemente utilizados nessas análises, envolvendo espécies de importância comercial, ameaçadas ou espécies chaves dentro de um ecossistema (PAGLIA et al., 2012). MDEs são também conhecidos sob outros nomes, incluindo modelos de envelopes bio-climáticos, modelos de habitat e modelos de nichos ecológicos ou ambientais (FRANKLIN, 2009; ARAÚJO; PETERSON, 2012).

De uma forma geral, os algoritmos de modelagem de distribuição das espécies calculam a similaridade ambiental entre os locais de ocorrência conhecidos para a espécie e outras regiões ainda desconhecidas, atribuindo maior probabilidade de ocorrência da espécie aqueles locais de maior similaridade ambiental (FRANKLIN, 2009). A teoria do nicho ecológico é o principal fundamento para o desenvolvimento de MDEs ao considerar que indivíduos de uma mesma espécie estão condicionados a um mesmo conjunto de recursos e condições ambientais que limitam sua distribuição espacial (PETERSON et al., 2011).

Um grande número de algoritmos têm sido utilizados para modelar a distribuição de espécies (GUISAN; ZIMMERMANN, 2000; ELITH et al., 2006; VALAVANIS et al., 2008; ELITH; LEATHWICK, 2009; JONES et al., 2012). Esses diferentes métodos podem ser classificados como de perfil, estatísticos ou de aprendizagem por máquina. Métodos de perfil consideram somente dados de presença, enquanto métodos estatísticos e técnicas de aprendizagem por máquina utilizam dados de presença e ausência. Dados sobre a ausência de espécies podem ser substituídos por pseudo-ausências, também denominados pontos de fundo, gerados aleatoriamente dentro da área de estudo (FRANKLIN, 2009).

BIOCLIM (NIX, 1986) e DOMAIN (CARPENTER et al., 1993) são métodos de perfil amplamente utilizados na modelagem de distribuição de espécies terrestres. Enquanto os modelos DBEM (CHEUNG et al., 2008) e AquaMaps (KASCHNER et al., 2006) surgiram como modelos específicos para espécies marinhas. O algoritmo BIOCLIM calcula a distribuição multidimensional dos valores das variáveis ambientais nos locais conhecidos de ocorrência da espécie, também chamado de envelope bioclimático. Um local não amostrado é considerado mais adequado para ocorrência da

espécie quanto mais próximo da mediana dessa distribuição. O algoritmo DOMAIN por sua vez estima a adequabilidade de um local pela similaridade ambiental com localidades de ocorrência conhecida da espécie, utilizando como métrica de distância o índice de Gower (FRANKLIN, 2009). DBEM é uma variante dinâmica de um modelo de envelope bio-climático onde processos como crescimento, mortalidade, migração e dispersão larval são explicitamente representados e relacionados à adequabilidade do habitat, como determinado pelas preferências ambientais das espécies (CHEUNG et al., 2008; CHEUNG et al., 2009). No modelo AquaMaps são construídos envelopes trapezoidais unidimensionais para cada variável ambiental a partir da frequência de ocorrência das espécies. A adequabilidade ambiental relativa é obtida multiplicando-se as probabilidades de ocorrência das espécies de todos os envelopes. A facilidade de interpretação e a possibilidade de ajuste manual dos envelopes por especialistas são vantagens desse método (KASCHNER et al., 2006; READY et al., 2010).

Os métodos de perfil não incorporam algoritmos para escolha das variáveis ambientais independentes de maior importância. Normalmente estas são escolhidas de acordo com o conhecimento existente sobre sua importância relativa na ocorrência das espécies e sua disponibilidade em escalas apropriadas (FRANKLIN, 2009). Uma forma de contornar essa limitação é construir diferentes modelos retirando-se sequencialmente as variáveis ambientais e compararando suas performances por meio de estatísticas como "Area Under the Curve" (AUC) e "Point Biserial Coefficient" (PBC) (FRANKLIN, 2009).

Regressões lineares são técnicas estatísticas que relacionam uma variável de resposta a uma ou mais variáveis preditivas ambientais ou explanatórias. A regressão linear comum é teoricamente válida somente quando a variável de resposta é normalmente distribuída e a variância não é função da média. Já nos modelos lineares generalizados ("Generalized Linear Model" - GLM) não é necessário que a variável resposta seja normalmente distribuída. Ao contrário, pode-se presumir diferentes relações entre a média da variável resposta e a combinação linear das variáveis explanatórias por meio de uma função de ligação. Dessa forma, são permitidas estruturas de dados diferentes da distribuição normal, como binominal, Poisson, binomial negativa e gama. A não linearidade dos dados pode ser acomodada através de técnicas apropriadas de transformação das variáveis explanatórias. Os modelos aditivos generalizados ("Generalized Additive Models" - GAM) são extensões dos GLMs que acomodam não linearidades dos dados de forma automatizada, suavizando as variáveis explanatórias por meio de uma função de suavização. Assim como os GLMs, empregam uma função de ligação que estabelece a relação entre a média da variá-

vel de resposta e as variáveis explanatórias suavizadas. A premissa adicional é que as funções explanatórias suavizadas são aditivas. A seleção de variáveis ambientais independentes nos modelos GLM e GAM pode ser realizada em procedimentos automatizados e sequenciais de retirada de variáveis (GUISAN et al., 2002). No entanto esses modelos podem ter problemas de baixa generalização se seus parâmetros não forem corretamente avaliados e selecionados (HASTIE et al., 2009).

O método de máxima entropia (MAXENT) é um algoritmo de aprendizagem por máquina criado especificamente para modelagem da distribuição das espécies. Teoricamente é muito similar às técnicas GLM e GAM. Requer dados de presença das espécies e dados ambientais (variáveis explanatórias) de toda a área de estudo. Pseudo-ausências ou dados de fundo são gerados automaticamente caracterizando os ambientes dentro da área de estudo. Os dados de ocorrência por sua vez estabelecem sob que condições ambientais a espécie é mais propícia de ser encontrada do que na média. Possui também um método interno de regularização, que é uma abordagem moderna para seleção de variáveis explanatórias (PHILLIPS et al., 2006). Enquanto maximiza a entropia no espaço geográfico original, o MAXENT minimiza a entropia relativa entre duas densidades de probabilidade definidas no espaço de dados, uma obtida dos dados de presença e a outra a partir dos dados de fundo (ELITH et al., 2011).

"Boosted Regression Trees" (BRT) é um método de aprendizagem por máquina derivado das árvores de classificação e regressão (CART) cada vez mais utilizado em modelos de presença, abundância ou riqueza de espécies em função de variáveis ambientais (HASTIE et al., 2009).

O algoritmo CART segmenta recursivamente o espaço de dados em relação as variáveis explanatórias ou preditivas em partições binárias. O modelo ajustado consiste em simples regras de partição que são organizadas em uma estrutura hierárquica em árvore. Embora simples, é um método poderoso, indiferente a inclusão de variáveis preditivas irrelevantes e a presença de valores extremos nos dados. Sua principal vantagem é a facilidade de interpretação. Entretanto a alta variância e a falta de acurácia das previsões são suas principais desvantagens (HASTIE et al., 2009).

Devido a habilidade do algoritmo CART de identificar variáveis preditivas relevantes bem como suas interações mais importantes, este foi sugerido como forma de selecionar o subconjunto de variáveis a serem utilizadas nos envelopes bio-climáticos dos modelos de perfil (GUISAN; ZIMMERMANN, 2000) e na avaliação e seleção dos melhores modelos GLM e GAM (GUISAN et al., 2002).

O algoritmo BRT parte da ideia da aprendizagem pelo conjunto para construir um modelo preditivo que combina uma coleção de modelos individuais mais simples. No algoritmo BRT cada um desses modelos individuais consiste em uma árvore de decisão construída da mesmo forma que no algoritmo CART mas adicionadas progressivamente e ajustadas aos resíduos do modelo, ou seja a variância residual ainda não explicada. A cada ajuste aplica-se um fator de redução (taxa de aprendizagem) promovendo sua regularização. O número total de árvores de decisão utilizadas é definido por meio de validação cruzada evitando assim o sobre-ajuste aos dados. O algoritmo BRT herda as vantagens do CART, mas ao mesmo tempo reduz a variância e melhora consideravelmente sua capacidade preditiva ao custo da redução na facilidade de interpretação em relação às árvores de decisão (HASTIE et al., 2009). A interpretação de modelos BRT pode ser realizada com o auxílio de métricas como a importância relativa da variável preditiva, calculada como o número de vezes que uma determinada variável é selecionada, ponderada pela variância explicada e também por gráficos de dependência parcial (ELITH et al., 2008).

Elith et al. (2006) avaliaram o desempenho dos métodos BIOCLIM, DOMAIN, GLM, GAM, MAXENT e BRT, entre outros, em MDEs de 226 espécies em 6 regiões utilizando somente dados de presença e pseudo-ausências geradas aleatoriamente. Hijmans e Graham (2006) por sua vez avaliaram especificamente o desempenho dos algoritmos BIOCLIM, DOMAIN, GAM e MAXENT na projeção dos efeitos das mudanças climáticas. Para isso empregaram um modelo mecanicista para simular a distribuição de 200 espécies vegetais no passado, presente e futuro (HIJMANS; GRAHAM, 2006). Um modelo mecanicista é aquele em que os elementos básicos do modelo têm uma correspondência direta com os mecanismos subjacentes no sistema que está sendo modelado através da descrição matemática de processos ou fenômenos físicos, químicos ou biológicos. Enquanto Ready et al. (2010) compararam o desempenho dos métodos AquaMaps, GLM, GAM e MAXENT em MDEs de 12 espécies marinhas (9 espécies de peixes e 3 de mamíferos) em uma escala global. Cada MDE foi comparado com um conjunto independente de dados de presença e ausência ou com a distribuição simulada.

De uma forma geral, os algoritmos BIOCLIM e DOMAIN tiveram desempenho muito inferior aos métodos estatísticos ou de aprendizagem por máquina (ELITH et al., 2006; HIJMANS; GRAHAM, 2006). O desempenho do método GAM foi superior ao GLM mas inferior ao MAXENT (ELITH et al., 2006; READY et al., 2010). O AquaMaps teve um bom desempenho, ainda que inferior ao MAXENT (READY et al., 2010). MAXENT e GAM forneceram estimativas de alterações na distribuição

potencial das espécies com as alterações climáticas razoavelmente boas, sugerindo que podem ser utilizados para prever a distribuição das espécies com as mudanças climáticas (HIJMANS; GRAHAM, 2006). O melhor desempenho entre os algoritmos ajustados às espécies individualmente foi do BRT (ELITH et al., 2006).

1.3 Perguntas científicas

Três perguntas científicas orientam o presente estudo:

a) As distribuições modeladas de ocorrência e captura com essas técnicas são consistentes com o conhecimento atual das espécies?

b) Há diferença na habilidade preditiva entre as abordagens de modelagem que usam dados apenas de presença daquelas que usam dados de presença-ausência?

c) Podem ser esperadas alterações como expansão, redução ou deslocamento na distribuição das espécies de peixes marinhos da plataforma sul do Brasil em diferentes cenários de mudanças climáticas?

O Capítulo 2 aborda a primeira pergunta científica ao desenvolver modelos de distribuição de espécies para cinco elasmobrânquios ameaçados de extinção. O objetivo foi avaliar a habilidade desses modelos de prever corretamente a ocorrência e captura dessas espécies dentro da área investigada. Para avaliar a validade das relações ajustadas, mapas mensais da distribuição projetada foram comparados com a distribuição e o comportamento dessas espécies descritos na literatura. No Capítulo 3 são comparadas as abordagens de modelagem que usam apenas dados de presença com aquelas que usam dados de presença-ausência, tema da segunda pergunta científica. Nesse capítulo são levantadas duas questões importantes que podem impactar a validade das previsões dos modelos de distribuição de espécies: o problema da detecção imperfeita e o viés de seleção amostral. Por fim, o Capítulo 4 trata da terceira pergunta científica ao extrapolar modelos de distribuição de espécies em diferentes cenários de mudanças climáticas para determinar potenciais alterações na distribuição dessas espécies.

2 DESENVOLVIMENTO E AVALIAÇÃO DE MODELOS DE DISTRIBUIÇÃO DE ESPÉCIES DE CINCO ELASMOBRÂNQUIOS AMEAÇADOS[1]

2.1 Introdução

Modelos de distribuição de espécies, também conhecidos como modelos de nicho ecológico ou modelos de nicho realizado, relacionam dados de ocorrência das espécies à variáveis ambientais. Esses modelos fornecem informações sobre os requisitos ambientais das espécies e são amplamente utilizados na previsão da sua distribuição, fazendo dos mesmos importantes ferramentas no planejamento da conservação e na pesquisa em mudanças climáticas (GUISAN; ZIMMERMANN, 2000; GUISAN; THUILLER, 2005; ELITH; LEATHWICK, 2009; FRANKLIN, 2009; SILLERO, 2011).

A legislação brasileira proíbe desde 2004 a descarga, o transporte e a venda de cinco espécies de elasmobrânquios ameaçados de extinção no Brasil (VOOREN; KLIPPEL, 2005). Os residentes permanentes *Squatina guggenheim*, *S. occulta*, *Pseudobatos horkelii* e os migrantes de inverno *Galeorhinus galeus* e *Mustelus schmitti* foram reconhecidos como ameaçados após um breve período de exploração pesqueira seguido por repentino colapso em seus rendimentos (IBAMA, 1995; VOOREN, 1997; MIRANDA; VOOREN, 2003). A lei tem sido progressivamente aplicada; entretanto, estas espécies ainda são capturadas como "bycatch" em pescarias de arrasto. Portanto, são necessárias ações complementares para reduzir as capturas incidentais dessas espécies ameaçadas e protegidas, tais como áreas protegidas, onde a pesca é proibida (VOOREN; KLIPPEL, 2005). A redução das capturas acidentais de elasmobrânquios é um dos grandes desafios no manejo de pescarias, e o estabelecimento de grandes áreas marinhas protegidas é a forma mais efetiva para atingir esse objetivo (MUSICK et al., 2000a; MUSICK et al., 2000b). Nesse contexto, os modelos de distribuição de espécies são ferramentas úteis para obter mapas de adequabilidade do hábitat baseados nas ocorrências históricas das espécies e em variáveis ambientais. Esses mapas representam habitats potenciais onde as espécies podem estar presentes ou ausentes (GUISAN; THUILLER, 2005; FRANKLIN, 2009; SILLERO, 2011). Com tal informação, podemos restringir áreas de pesca ou auxiliar no planejamento e na seleção de reservas marinhas. Além disso, o conhecimento detalhado da relação entre as espécies e o seu ambiente é essencial para o entendimento de muitos aspectos de sua ecologia. Alguns exemplos relevantes incluem o trabalho de Martin et al. (2012), que ajustou modelos para dez espécies de elasmobrânquios no Canal da Mancha usando Modelos

[1] Capítulo publicado em Klippel et al. (2016)

Lineares Generalizados (GLM); Pennino et al. (2013), que empregaram um modelo hierárquico bayesiano para mapear habitats sensíveis de elasmobrânquios no oeste do Mar Mediterrâneo; e Mendoza et al. (2014), que usaram árvores de classificação para identificar fatores que afetam a presença de elasmobrânquios vulneráveis.

Muitos métodos estatísticos e de aprendizagem por máquina tem sido introduzidos para modelar a distribuição das espécies, frequentemente utilizando sistemas de informação geográfica e sensoriamento remoto (GUISAN; ZIMMERMANN, 2000; VALAVANIS et al., 2008; FRANKLIN, 2009). Embora o modelo aditivo generalizado (GAM) seja talvez o método mais comum para modelar hábitats de peixes (VALAVANIS et al., 2008), diversos estudos demonstraram que modelos baseados em conjuntos de árvores de decisão, tais como "Random Forests" (RF) e "Boosted Regression Trees" (BRT), tiveram performance superior (ELITH et al., 2006; LEATHWICK et al., 2006; KNUDBY et al., 2010; BOUSKA et al., 2015). Ambos representam o estado da arte entre os métodos para classificação supervisionada. Não obstante eles apresentem performance similar, os modelos BRT superam os modelos RF com dados simulados (HASTIE et al., 2009).

Nesse trabalho foram desenvolvidos modelos de distribuição de espécies para *S. guggenheim*, *S. occulta*, *P. horkelii*, *G. galeus*, e *M. schmitti* usando BRTs. Foram usados dados de cruzeiros de pesquisa com arrasto de fundo combinados com dados de imagens de satélite e atlas ambientais. O objetivo desse estudo foi avaliar a habilidade desses modelos de prever corretamente a ocorrência das espécies dentro da área investigada e aumentar o conhecimento sobre os requisitos ambientais dessas espécies. Além disso, com a finalidade de auxiliar pescadores e tomadores de decisão em ações operacionais e iniciativas de manejo dos recursos para evitar capturas incidentais, foi também avaliada a aplicação de dados de sensoriamento remoto em indicar áreas adequadas para a ocorrência dessas espécies.

2.2 Material e métodos

2.2.1 Área de estudo

A área de estudo foi a plataforma continental do sul do Brasil (Atlântico sudoeste) entre 28°36'S e 33°45'S. Ela possui uma área de aproximadamente 90.000 km^2 e uma largura média de 130 km (Figura 2.1). Os sedimentos de fundo são principalmente areia ao sul de 32°S, enquanto lama predomina ao norte (FIGUEIREDO JÚNIOR; MADUREIRA, 2004). A região está sob a influência da Convergência Subtropical, confluência entre a Corrente das Malvinas, que flui para o norte, e a Corrente

do Brasil, que flui para o sul, e ocorre ao longo do talude entre 30°S (inverno) e 46°S (verão). Portanto, as condições ambientais têm um forte padrão sazonal relacionado a presença de águas de origens tropical e subantártica, assim como da descarga continental proveniente do Rio da Prata (≈ 36°S) e da Lagoa dos Patos (≈ 32°S) (CIOTTI et al., 1995; LIMA et al., 1996; PIOLA et al., 2000). Nenhum padrão consistente, estatisticamente significante, seja de aumento ou decréscimo da produtividade primária foi observado na área de estudo. Além disso, a região teve somente um aumento moderado (0,02 ℃· ano^{-1}) na temperatura da superfície do oceano entre 1982 e 2006 (SHERMAN et al., 2009). Portanto, presumimos que as espécies estão em equilíbrio com o ambiente e nossos dados são representativos dessa condição.

2.2.2 Dados de pesquisa

A base de dados compreende 1.704 estações de arrasto de fundo de quatro embarcações de pesquisa realizadas entre 1972 e 2005, de onde foram retirados os dados de presença-ausência das espécies (Figura 2.1). Devido as limitações técnicas das equipes a bordo das embarcações de pesquisa, ou porque não havia o conhecimento técnico na época da amostragem, nem todas as espécies foram registradas em cada estação. Portanto, as ausências foram contabilizadas somente nos cruzeiros em que a espécie foi registrada ao menos uma vez (Tabela 2.1). A duração dos arrastos foi cerca de 30 minutos, e sete diferentes redes de arrasto foram utilizadas nesses cruzeiros (Tabela 2.2). Vooren e Klippel (2005) e Haimovici et al. (2007), Haimovici et al. (2009) fornecem descrições dessas redes e embarcações.

Tabela 2.1 - Elasmobrânquios ameaçados de extinção para os quais foram desenvolvidos modelos de distribuição de espécies. São também apresentados o número de presenças e ausências nos dados analisados, bem como sua prevalência.

Nome científico	Nome comum	Presenças/ ausências	Prevalência
Galeorhinus galeus (Linnaeus 1758)	cação-bico-de-cristal	512/758	0,40
Mustelus schmitti Springer 1939	cação-cola-fina	866/560	0,61
Squatina occulta Vooren & da Silva 1991	cação-anjo-de-asa-curta	178/311	0,36
Squatina guggenheim Marini 1936	cação-anjo-espinhoso	284/192	0,60
Pseudobatos horkelii (Müller & Henle 1841)	arraia-viola	217/360	0,38

Figura 2.1 - Área de estudos.

(a) Contornos batimétricos, e (b) localização dos arrastos de fundo (n = 1.704). Esses mapas foram produzidos usando a projeção obliqua de Mercator.

Fonte: Produção do autor.

Tabela 2.2 - Características das redes de arrasto utilizadas.

Cod	Tralha inferior	Tipo	Período	Fonte
G1	49,3 m	peixe/alta abertura vertical	1982–1983	Haimovici et al. (2007)
G2	52,9 m	peixe/baixa abertura vertical	1980–1981	Haimovici et al. (2007)
G3	28,0 m	peixe/alta abertura vertical	1972–1978	Haimovici et al. (2007)
G4	25,5 m	camarão semi-balão	1973	Haimovici et al. (2007)
G5	20,0 m	camarão	2005	Vooren e Klippel (2005)
G6	28,0 m	peixe c/rolete de aço	1986–1987	Haimovici et al. (2007)
G7	40,4 m	Engel Star c/"rockhopper"	2001–2002	Haimovici et al. (2009)

2.2.3 Variáveis ambientais

No contexto dos modelos de distribuição de espécies, as variáveis ambientais podem ser classificadas em três tipos: recurso, direta e indireta. Variáveis recurso são aquelas que são consumidas pelas espécies. Variáveis diretas são parâmetros ambientais que possuem importância fisiológica, mas não são consumidas. Variáveis indiretas são aquelas que não têm relevância fisiológica direta, mas são facilmente medidas em campo e têm boa correlação com o padrão de ocorrência das espécies, frequentemente substituem uma combinação de diferentes variáveis recurso e diretas (GUISAN; ZIMMERMANN, 2000). Foram escolhidas oito variáveis ambientais (Tabela 2.3) que supostamente têm conexão com os requisitos ecológicos das espécies (MENNI; STEHMANN, 2000; VÖGLER et al., 2008; CORTÉS et al., 2011; MARTIN et al., 2012; PENNINO et al., 2013) e para os quais a correlação Pearson entre os pares de variáveis foi inferior a 0,6, evitando assim a inclusão de muita informação redundante.

Tabela 2.3 - Variáveis ambientais utilizadas nos modelos.

Variável	Média (intervalo)	Disponibilidade	Fonte
Profundidade	119 m (7–587)	Todas as estações	*in situ*
Declividade	0,54° (0–7,4)	Todas as estações	Derivado do ETOPO1
	18,8 °C (10–26,8)	90% das estações	*in situ*
	19,9 °C (12,1–25,0)	Diariamente, desde 01/09/1982	Derivado do AVHRR
Temperatura de superfície	19,3 °C (11,6–25,8)	Climatologia mensal	WOA 2013
	15,9 °C (4–25,4)	83% das estações	*in situ*
Temperatura de fundo	16,6 °C (3–24,1)	Climatologia mensal	WOA 2013
	33,5 *psu* (22–36,7)	18% das estações	*in situ*
Salinidade de fundo	35,2 *psu* (31–36,7)	Climatologia mensal	WOA 2013
	1,28 $mg\,m^{-3}$ (0,1–5,4)	Mensalmente de 09/1997 à 12/2010	
Clorofila	1,45 $mg\,m^{-3}$ (0,1–6,5)	Climatologia mensal	Derivado do SeaWiFS
Gradiente espacial	0,06 °C km^{-1} (0–0,25)	Diariamente, desde 01/09/1982	
da temperatura de superfície	0,07 °C km^{-1} (0–0,21)	Climatologia mensal	Derivado do AVHRR
Sedimento de fundo	–	Todas as estações	Mapa digitalizado

A profundidade e a temperatura de fundo são os principais gradientes ambientais ao longo do qual os elasmobrânquios distribuem-se no Atlântico Sudoeste (MENNI et al., 2010). Temperatura e salinidade são parâmetros ambientais que possuem importância fisiológica, e tem influência direta sobre a distribuição dos elasmobrânquios em todas as escalas espaciais (SIMPFENDORFER; HEUPEL, 2004), enquanto a profundidade é um indicador indireto para diversas variáveis funcionalmente relevantes, tais como temperatura, salinidade, luz e pressão (ELITH; LEATHWICK, 2009). A concentração de clorofila é um indicativo da produtividade primária, e tal como a temperatura de superfície pode ser usada para detectar a posição de frentes termais e de locais de enriquecimento da produtividade primária (VALAVANIS et al., 2008). O gradiente espacial da temperatura de superfície indica locais onde ocorrem o encontro de massas de água. Além disso, estudos anteriores demonstraram que o tipo de fundo e a declividade do leito submarino são variáveis importantes na previsão da distribuição das espécies de elasmobrânquios (MARTIN et al., 2012; PENNINO et al., 2013). As variáveis foram obtidas de três fontes, selecionando a primeira disponível, nessa ordem: (1) dados *in situ*, (2) imagens de satélite, e (3) atlas ambientais. Dessa forma, na ausência de dados *in situ*, foram obtidos dados de imagens de satélite, e na ausência dessas, foram usados dados médios de campos climatológicos. Medidos concorrentemente com os dados de ocorrência das espécies, os dados *in situ* incluem as temperaturas de fundo e de superfície, salinidade de fundo, e a profundidade média de cada estação. A profundidade média foi sempre registrada. As temperaturas de superfície e de fundo foram medidas em 90% e 83% das estações respectivamente, enquanto a salinidade de fundo foi registrada em somente 18% das estações.

Dados de sensoriamento remoto foram obtidos dos sensores AVHRR e SeaWiFS. Valores diários de temperatura de superfície derivados do sensor AVHRR foram obtidos do "NOAA V2 High-resolution Blended Analysis of Daily SST" processadas segundo Reynolds et al. (2007). Esses dados estão disponíveis para datas desde 1º de setembro de 1981 em uma grade com resolução de $^1/_4$ de grau de latitude-longitude. A partir desses dados, foram geradas grades diárias do gradiente espacial da temperatura de superfície (sstgrad) calculando-se a diferença central. Posteriormente, foram obtidos os valores médios no período de 1981 à 2014 para construir campos climatológicos mensais. A clorofila, derivada do sensor SeaWiFS, foi obtida de NASA (2014). Concentrações mensais de clorofila estão disponíveis desde setembro de 1997 até dezembro de 2010, bem como a climatologia mensal, em uma grade com resolução espacial de 9 km.

Foram obtidos dados de temperatura e salinidade do Atlas Oceânico Mundial de

2013 (WOA 2013), que inclui campos climatológicos mensais para temperatura e salinidade a níveis padrões de profundidade, da superfície ao fundo, em uma grade com resolução espacial de $^1/_4$ de grau de latitude-longitude (LOCARNINI et al., 2013; ZWENG et al., 2013). Além disso, a declividade do leito oceânico foi derivada da grade ETOPO1 (Global Relief Model) a uma resolução espacial de $^1/_{60}$ de grau de latitude-longitude (AMANTE; EAKINS, 2009) usando o sistema de informações geográficas GRASS GIS (NETELER; MITASOVA, 2008). Por fim, o tipo de sedimento de fundo foi extraído de um mapa digitalizado. A escala original do mapa em papel era 1/1.100.000 e o mesmo foi publicado por Figueiredo Júnior e Madureira (2004). Baseado nas proporções de areia, lama e cascalho, eles classificaram os sedimentos de fundo em dez classes, a saber: areia, lama, cascalho, lama arenosa, cascalho arenoso, areia lamosa, cascalho lamoso, areia cascalhosa, lama cascalhosa, e areia/lama/cascalho.

Na relação entre a ocorrência das espécies e a temperatura de fundo, a profundidade é invariavelmente um fator de confusão. Como um dos objetivos desse estudo é identificar os principais determinantes ambientais da distribuição dessas espécies, ao invés de utilizar diretamente a temperatura de fundo como uma variável preditiva, foi utilizada a diferença entre a temperatura de fundo e a temperatura esperada à determinada profundidade (temperatura residual). A temperatura esperada foi obtida por uma regressão polinomial local (HASTIE et al., 2009) ajustada sobre as estimativas de temperatura em cada estação (Figura 2.2a). Dessa forma, se a temperatura residual resultante (tempresid) é negativa, as águas são mais frias do que o esperado para aquela profundidade. Por outro lado, se ela é positiva, as águas são mais quentes do que o esperado. Da mesma forma foi ajustada uma regressão relacionando salinidade a profundidade (Figura 2.2b), de onde foram extraídos os resíduos (salresid). Essa abordagem é semelhante a adotada por Leathwick et al. (2006).

2.2.4 Desenvolvimento e avaliação dos modelos

Todos os modelos foram ajustados e avaliados no programa R (R CORE TEAM, 2015) usando a biblioteca "gbm" (RIDGEWAY, 2015) e rotinas fornecidas por Elith et al. (2008), além de códigos especialmente desenvolvidos. Utilizando os dados de presença-ausência como variável de resposta, foi modelada a probabilidade conjunta de ocorrência e captura como função de variáveis ambientais por meio de regressões logísticas. Para ajustar as regressões logísticas foi utilizada a técnica de aprendizagem por máquina "boosted regression trees" (BRT) com uma função de perda

Figura 2.2 - Regressão polinomial ajustada a todos os dados.

Relação média entre: (a) profundidade e temperatura, e (b) profundidade e salinidade.

Fonte: Produção do autor.

binomial. Há três hiper-parâmetros nos modelos BRT: número de árvores, taxa de aprendizagem e complexidade da árvore. A profundidade da árvore (também conhecida como profundidade de interação) foi ajustada para cinco, permitindo o efeito de até cinco interações entre variáveis. Valores maiores dificilmente fornecem uma melhora significativa (HASTIE et al., 2009). O número ideal de árvores aumenta conforme a taxa de aprendizagem é diminuída. Dessa forma, a taxa de aprendizagem foi escolhida entre os valores 0,01, 0,005 ou 0,001, de forma a garantir pelo menos 1.000 árvores como foi sugerido por Elith et al. (2008). O número ideal de árvores foi identificado pela redução da desviância residual usando validação cruzada "10-fold" (HASTIE et al., 2009), e então um modelo final foi ajustado usando todos os dados.

Um modelo BRT aprende a relação entre a variável resposta e as variáveis preditivas ao invés de presumir um modelo de dados e estimar seus parâmetros. Para fazer isso, ele usa dois algoritmos em um procedimento de dois estágios. O algoritmo de aprimoramento sucessivamente adiciona uma nova árvore de decisão após a ponderação dos resíduos. O algoritmo de árvore de decisão, por sua vez, divide recursivamente o

espaço de variáveis preditivas, escolhendo a cada passo a variável preditiva e o ponto de corte que minimiza os resíduos ponderados. O modelo final é um conjunto que combina diversas árvores de decisão (ELITH et al., 2008; HASTIE et al., 2009). Dessa forma, os modelos BRT superam a maioria dos problemas descritos por Zuur et al. (2010) que podem levar a modelos estatísticos errados. Esses modelos toleram a inclusão de variáveis preditivas irrelevantes e valores extremos, lidam com diferentes tipos de variáveis preditivas e de resposta, e podem ajustar automaticamente interações entre as variáveis (ELITH et al., 2008). Além disso, diferentemente dos modelos lineares e dos modelos lineares generalizados, um modelo BRT não sofre com a multicolinearidade dos dados, uma vez que ele ignora variáveis preditivas redundantes. Por outro lado, não há valores de probabilidade para a rejeição da hipótese nula e não é possível determinar facilmente os graus de liberdade desses modelos (ELITH et al., 2008). Portanto, ao invés de examinar sua validade estatística, foi adotado uma abordagem pragmática na construção do modelo e na seleção das variáveis preditivas que enfatizou a habilidade dos modelos em fazer boas previsões. Começando com um conjunto abrangente de variáveis preditivas relevantes, modelos alternativos foram construídos pela remoção de variáveis menos influentes e pela seleção daquelas que são mais fáceis de medir em termos de esforço e custo.

Para cada espécie, três modelos alternativos foram construídos selecionando-se subconjuntos das variáveis ambientais preditivas: (1) "full", o conjunto completo de variáveis preditivas; (2) "base", sem o tipo de sedimento de fundo, que foi a variável com menor influência; e (3) "pruned", somente com a profundidade, declividade, temperatura de superfície e clorofila. Além disso, modelos nulos, sem variáveis, contra o qual todos os outros foram comparados, foram estimados usando a probabilidade média de ocorrência da espécie na área de estudo (prevalência).

Diferentes artes de pesca podem ter eficiências diferentes na captura das espécies. Portanto, para considerar a eficiência de captura das diferentes redes de arrasto empregadas, foi adotada uma abordagem pragmática usada por Leathwick et al. (2008), onde o método de pesca foi adicionado ao modelo como uma variável categórica. Nesses modelos foi adicionada uma covariável categórica com sete classes, onde cada classe representa uma rede de arrasto descrita na Tabela 2.2. Além disso, foi presumido que as diferentes embarcações de pesquisa eram equivalentes.

Foi empregada a validação cruzada "10-fold" para estimar a habilidade preditiva desses modelos com novos dados (PEARCE; FERRIER, 2000; HASTIE et al., 2009). Os valores médios e os erros padrões da desviância residual, da área sob a curva caracte-

rística de operação do receptor (AUC) e do coeficiente de correlação biserial pontual (PBC) foram calculados dos subconjuntos de dados excluídos do ajuste dos modelos. Além disso, foi também calculado a proporção da desviância explicada (D^2), que é a proporção pelo qual um modelo reduz a desviância nula. AUC, PBC e D^2 são medidas independentes de limiar; portanto, não há necessidade de transformar os valores de probabilidade em classes binárias utilizando um valor específico de corte antes do cálculo. AUC e PBC são medidas do poder discriminatório dos modelos, enquanto D^2 expressa a confiabilidade dos modelos (LIU et al., 2011).

A curva ROC foi usada para avaliar o compromisso entre as taxas de positivos verdadeiros e positivos falsos, do qual a estatística AUC é um sumário quantitativo. O AUC foi estimado usando a estatística U do teste de Mann-Whitney. Ele varia de 0,5 para modelos sem habilidade discriminativa, até 1,0 para modelos que discriminam perfeitamente entre duas classes. Valores entre 0,5 e 0,7 indicam uma baixa capacidade discriminatória porque a taxa de positivos verdadeiros não é muito maior do que a taxa de falsos positivos (PEARCE; FERRIER, 2000). O PBC foi calculado como o coeficiente de correlação de Pearson entre a variável presença-ausência e a probabilidade prevista (LIU et al., 2011). D^2 é o equivalente ao R^2 nos modelos de regressão linear, e é uma estatística útil para avaliar modelos alternativos. Ela varia de 0,0 para o modelo nulo, até 1,0 para modelos perfeitos, sem desviância residual (GUISAN; ZIMMERMANN, 2000; HOSMER; LEMESHOW, 2000; FRANKLIN, 2009).

A contribuição de cada variável ambiental no ajuste dos modelos foi avaliada usando uma função implementada na biblioteca "gbm". Essa contribuição é calculada como a influência relativa de cada variável preditiva na redução da desviância residual. Detalhes adicionais sobre esses cálculos podem ser encontrados em Hastie et al. (2009). Foram utilizados gráficos de dependência parcial para avaliar o efeito marginal de cada variável ambiental dos modelos "base" e "pruned" sobre a probabilidade de ocorrência. Para fazer isso, a co-variável "geartype" foi fixada como sendo a primeira rede de pesca (G1), e todos as outras variáveis foram mantidas constantes em seus valores médios. Esses gráficos de dependência parcial mostram o efeito de cada variável preditiva sobre a probabilidade de ocorrência contabilizando os efeitos médios de todas as outras variáveis preditivas (HASTIE et al., 2009).

Por fim, foi utilizada a probabilidade média de captura para estimar a eficiência relativa das redes de pesca empregadas. Essas probabilidades foram estimadas para cada classe "geartype" como sendo a probabilidade média de ocorrência e captura obtida pelo modelo "pruned", mantendo-se todas as variáveis ambientais em seus

valores médios.

2.2.5 Mapeamento dos resultados dos modelos

Os gráficos de dependência parcial são úteis na interpretação dos efeitos das variáveis ambientais sobre a probabilidade de ocorrência; entretanto, eles são limitados a visualizações com baixas dimensões, o que nos impede de avaliar interações de ordem elevada. Esse gráficos podem também incluir combinações de valores das variáveis ambientais que na verdade não ocorrem no espaço geográfico. Portanto, ao invés de construir representações gráficas complexas, foram construídos mapas mensais da probabilidade de ocorrência obtidos com os modelos "base" usando dados climatológicos e padronizados por uma rede de pesca comum (G1). Então, para avaliar a validade ecológica das relações ajustadas, esses mapas foram comparados com a distribuição das espécies e seu comportamento, como descrito na literatura. Foram usados dados climatológicos mensais obtidos do Altas Oceânico Mundial de 2013 (temperatura e salinidade), SeaWiFS (clorofila) e AVHRR (gradiente espacial da temperatura de superfície). Foram também usados a profundidade e a declividade do fundo oceânico obtidos do ETOPO1. As grades com maior resolução foram re-amostradas para a mesma resolução espacial do Altas Oceânico Mundial de 2013 ($^1/_4$ de grau) utilizando a média.

Adicionalmente, os modelos "pruned" foram usados para obter previsões espaciais usando dados de satélite ao invés de utilizar dados climatológicos. Foram utilizadas duas composições Aqua MODIS de oito dias (13–20 de agosto, e 19–26 de dezembro, de 2014) da temperatura de superfície e da concentração de clorofila obtidos no portal "NASA Ocean Color Web" (http://oceancolor.gsfc.nasa.gov). A profundidade e a declividade do ETOPO1 foram re-amostradas para a resolução de 4 km do MODIS.

Foi utilizado um procedimento "bootstrapping" para a quantificação da incerteza. Para isso, foram selecionadas aleatoriamente, com reposição, 1.000 amostras dos dados e a partir deles os modelos foram ajustados e previsões foram obtidas e acumuladas. Dessas previsões foram calculados os intervalos entre os percentis 5% e 95% em cada célula da grade e tomado a metade desse valor como uma estimativa do erro associado às previsões dos modelos.

2.3 Resultados

Métricas da capacidade discriminativa e da confiabilidade dos modelos são apresentadas na Tabela 2.4. Baseado nessas estatísticas obtidas com a validação cruzada

"10-fold", todos os modelos tiveram uma performance razoável (AUC > 0,7), embora os modelos de *Squatina guggenheim* tivessem uma excelente capacidade discriminativa (AUC > 0,9) e os modelos de *Pseudobatos horkelii* somente um poder discriminatório moderado (AUC 0,7-0,8). A correlação (PBC) variou de 0,40 a 0,79 e foi mínima nos modelos de *P. horkelii* e máxima nos modelos de *S. guggenheim*. Com exceção de *P. horkelii*, todos os modelos mostraram uma boa associação entre as ocorrências observadas e a probabilidade prevista (PBC > 0,5).

A proporção da desviância explicada (D^2), obtida na validação cruzada, variou de 14% a 54%. Os modelos que tiveram a maior desviância explicada foram de *S. guggenheim* com 49–54% enquanto a menor desviância explicada foram nos modelos de *P. horkelii* com 14–17%. A comparação entre as estatísticas dos três tipos de modelos concorrentes ("full", "base" e "pruned") indicou que o modelo "full" não explica uma desviância maior que o modelo "base" para *Galeorhinus galeus*, *Mustelus schmitti* e *Squatina occulta*. Além disso, para *P. horkelii* e *S. guggenheim*, o modelo "full" teve somente uma leve vantagem, explicando um a dois por cento mais desviância que o modelo "base", respectivamente. Todos os modelos "pruned" tiveram um poder preditivo ligeiramente menor que os modelos "base", explicando de um a três por cento menos desviância. No entanto, o poder discriminativo não reduziu significativamente, mantendo uma performance razoável (Tabela 2.4).

O tipo de fundo foi a variável menos relevante nos modelos "full" em todas as espécies (Tabela 2.5). Sua contribuição variou de 0,7% a 4,4% e foi maior nos modelos de *S. guggenheim*. Deixá-la de fora nos modelos "base" resultou somente em poucos ajustes no peso das variáveis restantes. Como resultado, o poder discriminativo não foi significativamente reduzido. De fato, ele até aumentou nos modelos de *M. schmitti* (Tabela 2.4). A declividade do fundo teve sua maior influência nos modelos de *S. guggenheim* enquanto a profundidade teve sua maior influência nos modelos de *S. occulta*. A temperatura de superfície e a concentração de clorofila foram as principais variáveis preditivas nos modelos de *G. galeus* e *M. schmitti* enquanto a temperatura residual (de fundo) e a salinidade residual (de fundo) tiveram seu maior peso nos modelos de *S. guggenheim*, *S. occulta* e *P. horkelii* (Tabela 2.5).

Tabela 2.4 - Capacidade discriminativa e confiabilidade dos modelos BRT, e número de co-variáveis e árvores ajustadas. Os valores médios da desviância residual, área sob a curva ROC (AUC), e correlação biserial pontual (PBC), bem como o erro padrão (SE) foram calculados usando validação cruzada "10-fold". D^2 é a proporção pelo qual o modelo reduz a desviância nula.

	Modelo	No de co-variáveis	No de árvores	Desviância residual (SE)	D^2	AUC (SE)	PBC (SE)
Galeorhinus galeus	"full"	9	1050	0,940 (0,022)	0,30	0,85 (0,008)	0,61 (0,011)
	"base"	8	2000	0,939 (0,039)	0,30	0,85 (0,013)	0,61 (0,026)
	"pruned"	5	1350	0,960 (0,032)	0,29	0,84 (0,012)	0,59 (0,022)
	"null"	0	–	1,349	0,00	0,50	–
Mustelus schmitti	"full"	9	1550	1,004 (0,029)	0,25	0,81 (0,013)	0,56 (0,020)
	"base"	8	1400	0,986 (0,019)	0,26	0,82 (0,009)	0,58 (0,014)
	"pruned"	5	1550	0,993 (0,022)	0,26	0,82 (0,010)	0,57 (0,017)
	"null"	0	–	1,340	0,00	0,50	–
Squatina occulta	"full"	9	4050	0,984 (0,039)	0,25	0,83 (0,017)	0,55 (0,029)
	"base"	8	4450	0,977 (0,044)	0,25	0,84 (0,018)	0,55 (0,034)
	"pruned"	5	3550	0,994 (0,036)	0,24	0,81 (0,015)	0,53 (0,029)
	"null"	0	–	1,311	0,00	0,50	–
Squatina guggenheim	"full"	9	5350	0,625 (0,049)	0,54	0,93 (0,009)	0,79 (0,021)
	"base"	8	4100	0,648 (0,050)	0,52	0,92 (0,013)	0,78 (0,024)
	"pruned"	5	3000	0,694 (0,052)	0,49	0.90 (0,018)	0,77 (0,027)
	"null"	0	–	1,349	0,00	0,50	–
Pseudobatos horkelii	"full"	9	2850	1,105 (0,029)	0,17	0,77 (0,017)	0,44 (0,029)
	"base"	8	2800	1,106 (0,042)	0,16	0,77 (0,023)	0,44 (0,045)
	"pruned"	5	2400	1,139 (0,017)	0,14	0,74 (0,013)	0,40 (0,021)
	"null"	0	–	1,324	0,00	0,50	–

Tabela 2.5 - Contribuição de cada variável ambiental nos modelos BRT. A influência relativa de cada variável foi ponderada para que a soma das contribuições seja igual a 100.

	G. galeus			*M. schmitti*			*S. occulta*			*S. guggenheim*			*P. horkelii*		
	full	base	pruned	full	base	pruned	full	base	pruned	full	base	pruned	full	base	pruned
Profundidade	19,0	19,6	24,5	9,7	9,5	12,6	42,8	41,9	58,0	14,1	16,4	24,5	26,6	27,1	37,9
Declividade	7,1	6,8	9,7	7,9	8,2	12,4	8,8	9,1	16,2	16,6	17,6	31,2	14,4	13,8	22,3
Temperatura de superfície	41,5	42,4	52,9	32,6	35,1	44,9	7,1	7,5	10,3	10,3	9,6	15,9	5,9	6,1	10,8
Clorofila	9,6	9,3	12,8	23,0	23,1	30,2	9	8,8	15,4	18,7	20,8	28,4	18,9	19,0	29,1
Gradiente da Temperatura	7,5	7,7	–	8,2	7,9	–	6,7	7,1	–	6,3	5,8	–	6,5	6,5	–
Temperatura residual	7,4	7,8	–	11,1	11,2	–	11	11,4	–	13,1	12,8	–	18,3	18,7	–
Salinidade residual	6,0	6,3	–	5,7	5,0	–	13,9	14,2	–	16,5	16,9	–	8,3	8,7	–
Tipo de fundo	1,8	–	–	1,8	–	–	0,7	–	–	4,4	–	–	1,1	–	–

De uma forma geral, todas as espécies foram mais comumente capturadas com redes de arrasto para peixes do que com redes de arrasto para camarões. Além disso, redes de arrasto equipadas com bobinas de aço ou discos de borracha para uso em fundos irregulares tiveram menor sucesso do que as outras redes. A captura de *G. galeus* foi aparentemente favorecida por redes de arrasto com grande abertura vertical. Em contraste, para *S. occulta*, *S. guggenheim* e *P. horkelii*, a rede de arrasto com menor abertura vertical teve um sucesso ligeiramente superior (Tabela 2.6).

Tabela 2.6 - Probabilidades médias de captura das redes de arrasto.

	G1	G2	G3	G4	G5	G6	G7
Galeorhinus galeus	0,36	0,34	0,36	–	–	0,32	–
Mustelus schmitti	0,69	0,69	0,67	0,35	0,23	0,24	–
Squatina occulta	0,31	0,43	–	–	–	0,39	0,14
Squatina guggenheim	0,85	0,86	–	–	0,10	0,21	0,21
Pseudobatos horkelii	0,35	0,37	–	–	0,27	–	0,32

Os gráficos de dependência parcial do efeito marginal sobre a probabilidade de ocorrência exibiram relações não-lineares com as variáveis explanatórias e diferiram sutilmente entre os modelos "base" e "pruned" (Figura 2.3). O efeito marginal não teve um padrão claro com a temperatura de superfície, exceto nos modelos de *G. galeus* que tiveram uma influência máxima positiva em torno de 12,5–15,0 °C. Por outro lado, em quase todos os modelos, o efeito marginal sobre a probabilidade de ocorrência teve uma relação direta ou inversa com a concentração de clorofila. Nos modelos de *M. schmitti*, *S. guggenheim* e *P. horkelii*, o efeito marginal aumentou de aproximadamente 0,5 $mg\,m^{-3}$ para aproximadamente 4,0 $mg\,m^{-3}$ de clorofila, enquanto o mesmo diminui nos modelos de *S. occulta* para o mesmo intervalo de concentração de clorofila. Os modelos *G. galeus* tiveram seus maiores valores de efeito marginal com a concentração de clorofila em torno de 2,0 $mg\,m^{-3}$. O efeito marginal sobre a probabilidade de ocorrência cresceu levemente de 0,0 à 0,2 °C km^{-1} (gradiente da temperatura de superfície) no modelo de *S. occulta* e exibiu uma tendência oposta no modelo de *P. horkelii*. Os modelos de *G. galeus* e *M. schmitti* tiveram uma relação inversa entre 0,05–0,15 °C km^{-1} e o modelo de *S. guggenheim* não teve um padrão claro com o gradiente da temperatura de superfície (Figura 2.3).

Os gráficos de dependência parcial indicaram que *G. galeus* ocorreu em profundidades abaixo de 50 metros, principalmente de 100 a 300 metros sobre o talude (declividade $> 3°$) e em águas pouco salinas e mais geladas. Eles também indicaram que

M. schmitti ocorreu em profundidades de até 300 metros embora fosse mais frequente em torno de 50 metros de profundidade sobre a plataforma continental (declividade $< 1°$). Ambos, *S. occulta* e *S. guggenheim* ocorreram mais frequentemente em águas mais quentes. No entanto, *S. guggenheim* foi principalmente encontrado em até 100 metros de profundidade sobre a plataforma continental e *S. occulta* foi encontrado em profundidades de 50 a 300 metros, principalmente sobre o talude (declividade $> 3°$). Além disso, *S. occulta* foi menos tolerante a águas de baixa salinidade do que *S. guggenheim*. *Pseudobatos horkelii* ocorreu em águas mais quentes e de baixa salinidade sobre a plataforma continental em até 150 metros de profundidade, mas principalmente em profundidades em torno de 50 metros (Figura 2.3).

Essas relações foram levadas de volta ao espaço geográfico como mapas mensais da probabilidade de ocorrência como previsto pelo modelo "base", usando dados espacialmente distribuídos que caracterizam o hábitat dessas espécies (Figuras 2.4–2.8). Como resultado, tais mapas mostraram que *G. galeus* está ausente de outubro à maio e ocorre principalmente sobre a plataforma externa (> 50 m) na porção sul da área de estudo (Figura 2.4). *Mustelus schmitti* é mais amplamente distribuído que *G. galeus*, ocorrendo em todos os meses na plataforma continental, embora ele também tenha uma padrão de deslocamento sazonal (Figura 2.5). *Squatina guggenheim* é também amplamente distribuído na plataforma continental, no entanto o padrão de distribuição exibe somente um sutil deslocamento nos meses de verão (Figura 2.6). *Squatina occulta* ocorre em todos os meses na área de estudo, mas somente na plataforma externa (Figura 2.7). Os mapas de *P. horkelii* tiveram as menores probabilidades de ocorrência sobre a área de estudo. Todavia, eles mostraram padrões espaciais distintos. De uma forma geral, na primavera e no verão os maiores valores de probabilidade de ocorrência foram junto à costa sul, enquanto no outono e no inverno estiveram espalhados na plataforma continental (Figura 2.8).

Figura 2.3 - Dependência parcial sobre a probabilidade de ocorrência.

Modelos: “base” (linha tracejada) e “pruned” (linha sólida).

Fonte: Produção do autor.

Figura 2.4 - Mapas mensais da probabilidade da presença de *G. galeus* por arrasto padronizado, obtidos do modelo “base”.

Fonte: Produção do autor.

Figura 2.5 - Mapas mensais da probabilidade da presença de *M. schmitti* por arrasto padronizado, obtidos do modelo “base”.

Fonte: Produção do autor.

Figura 2.6 - Mapas mensais da probabilidade da presença de *S. guggenheim* por arrasto padronizado, obtidos do modelo “base”.

Fonte: Produção do autor.

Figura 2.7 - Mapas mensais da probabilidade da presença de *S. occulta* por arrasto padronizado, obtidos do modelo “base”.

Fonte: Produção do autor.

Figura 2.8 - Mapas mensais da probabilidade da presença de *P. horkelii* por arrasto padronizado, obtidos do modelo “base”.

Fonte: Produção do autor.

A probabilidade de ocorrência de cada espécie foi mapeada usando os modelos "pruned" com dados de satélite para duas semanas distintas de 2014. O padrão foi similar àqueles fornecidos pelos modelos "base" mas com uma resolução mais fina (Figura 2.9). Como resultado, *G. galeus* foi previsto como sendo comum na porção mais ao sul da plataforma continental em profundidades maiores que 50 metros em agosto. Além disso, altas probabilidades de ocorrência foram previstas em algumas áreas ao longo da plataforma externa (Figura 2.9a). Em contraste, ele foi previsto como estando ausente em dezembro (Figura 2.9b). Altas probabilidades de ocorrência foram previstas em toda a plataforma continental para *M. schmitti* em agosto (Figura 2.9c). Mesmo ainda estando presente em dezembro na área de estudos, as maiores probabilidades de ocorrência foram previstas por volta de 50 metros de profundidade na área mais ao sul (Figura 2.9d). *Squatina occulta* esteve espalhado na plataforma externa em agosto. Altas probabilidades de ocorrência foram previstas somente em alguns pontos no norte da área (Figura 2.9e). Por outro lado, a espécie esteve agrupada ao longo da isóbata de 100 m em dezembro (Figura 2.9f). *Squatina guggenheim* foi prevista como comum na plataforma continental, tanto em agosto (Figura 2.9g) como em dezembro (Figura 2.9h) com sutis diferenças. As maiores probabilidades de ocorrência de *P. horkelii* em agosto foram previstas entre as latitudes sul de 30 e 32 graus, até 50 metros de profundidade (Figura 2.9i). Em dezembro essa área foi maior, estendendo-se até 34°S (Figura 2.9j). Os erros de previsão associados aos resultados dos modelos tenderam a ser maiores em áreas onde os indivíduos foram mais comumente capturados. De modo oposto, esses erros foram menores em áreas onde os indivíduos foram capturados menos frequentemente (Figura 2.10). Isto indica que há menor incerteza nos modelos com respeito à extensão das áreas onde as espécies modeladas estão ausentes.

Figura 2.9 - Probabilidade de ocorrência como previsto pelo modelo “pruned” usando imagens de satélite para duas semanas distintas: 13-20/08/2014 e 19-26/12/2014.

Fonte: Produção do autor.

Figura 2.10 - Erros de previsão associados ao modelo “pruned”, estimados por “bootstrapping”.

Fonte: Produção do autor.

2.4 Discussão

Dados provenientes de cruzeiros de pesquisa com arrasto de fundo foram usados para modelar a probabilidade conjunta de ocorrência e captura de elasmobrânquios como função de variáveis ambientais. Embora diferenças nas redes de pesca possam ser desconsideradas quando são analisados dados de presença e ausência (MENNI et al., 2010), aqui foi utilizada uma co-variável ("geartype") para acomodar a eficiência de captura das diferentes redes de arrasto empregadas. Evidentemente que essa é uma abordagem um tanto quanto pragmática e talvez o uso de variáveis para descrever cada um dos parâmetros de uma rede de arrasto poderia ser melhor, mas isso não era possível uma vez que não estão disponíveis dados detalhados de cada arrasto. Todavia, os resultados foram como o esperado, mostrando maiores probabilidades de captura em redes de arrasto para peixe (Tabela 2.6). No entanto, esses valores devem ser interpretados com cuidado porque as diferentes redes de arrasto foram empregadas em épocas diferentes. Como esses valores na verdade representam a probabilidade conjunta de ocorrência e captura e não somente a eficiência de arrasto, os valores na Tabela 2.6 podem incluir efeitos temporais tais como a sobre-explotação.

A fim de explicar mudanças anuais na probabilidade de ocorrência devido à sobre-explotação, poderia ser adicionada uma variável descrevendo o ano nos modelos, permitindo somente um decréscimo no seu efeito marginal. Tal restrição é facilmente especificada em um modelo BRT (LEATHWICK et al., 2006; RIDGEWAY, 2015). Mesmo assim, não seria possível desembaraçar os efeitos temporais da eficiência de captura. Como solução, esses efeitos não foram examinados separadamente. Ao contrário, a co-variável "geartype" foi utilizada somente para afinar o modelo. Deste modo, ela lida tanto com os efeitos temporais como com as diferenças nas rede de arrasto, e portanto esse resultado não deve ser usado para inferência. Embora simples, tal abordagem nos permite fazer uso de todos os dados disponíveis para focar nos principais determinantes ambientais da distribuição dessas espécies.

Diferentemente das conclusões apresentadas para espécies de elasmobrânquios no Mar Mediterrâneo ocidental (PENNINO et al., 2013) e no Canal da Mancha (MARTIN et al., 2012), a baixa influência relativa da variável tipo de fundo sugere que ela não é um importante determinante ambiental na distribuição dessas espécies na área e na escala espacial utilizada neste estudo. Embora a amostragem seja limitada a locais arrastáveis, e provavelmente não inclua fundos duros e irregulares, os sedimentos de fundo na plataforma sul do Brasil são compostos principalmente de areia e lama (FIGUEIREDO JÚNIOR; MADUREIRA, 2004). Portanto, não é esperado um viés

significativo.

Os resultados mostraram que a profundidade é uma forte variável preditiva da ocorrência dessas espécies. De fato, Vooren (1997) já havia relatado que tais espécies habitam distintas faixas de profundidade na área de estudo. Isto também concorda com estudos que modelaram a distribuição de elasmobrânquios em outras regiões, cuja profundidade foi a principal variável preditiva (MARTIN et al., 2012; PENNINO et al., 2013). Em contraste, Vögler et al. (2008) afirma que a profundidade não teve influência na distribuição de *Squatina guggenheim* no Atlântico Sudoeste ao largo da Argentina. Devemos notar, no entanto, que ao longo da faixa de profundidade que a espécie ocorre (< 100 m) não há de fato uma extraordinária alteração no efeito marginal sobre a probabilidade de ocorrência com a profundidade (Figura 2.3). Portanto, dentro dessa faixa de profundidade, a probabilidade de ocorrência dessa espécie é, de fato, praticamente constante. Não obstante, no Atlântico sudoeste, a composição específica de elasmobrânquios tem alta correlação com a profundidade (MENNI et al., 2010). Juntamente com a profundidade, a declividade do fundo é também um indicador dos diferentes hábitats da margem continental e teve alta influência na probabilidade de ocorrência de todas as espécies (Tabela 2.5).

A temperatura de superfície e a concentração de clorofila tiveram mais influência na distribuição dos dois tubarões de natação livre *Galeorhinus galeus* e *Mustelus schmitti* do que nas outras espécies (Tabela 2.5). *Galeorhinus galeus* tem preferência por temperaturas de superfície abaixo de 17 °C, enquanto *M. schmitti* ocorre em um intervalo mais amplo de temperaturas, mas sem um padrão claro (Figura 2.3). Isto é consistente com os padrões observados de temperatura de ocorrência de *G. galeus* (8,0–16,5 °C) e *M. schmitti* (7,6–21,6 °C) no Atlântico Sudoeste usando um conjunto de dados independente (MENNI et al., 2010). Embora *G. galeus* seja mais responsivo à mudança da temperatura que *M. schmitti*, ambos parecem seguir o deslocamento sazonal das águas de origem subantártica na região. No inverno, águas frias e de baixa salinidade provenientes da plataforma Argentina ocupam a maior parte da área de estudo, enquanto por volta do final da primavera essas águas começam a recuar para o sul (LIMA et al., 1996), que é quando *G. galeus* deixa a área de estudo (Figura 2.4). *Mustelus schmitti*, por sua vez, é amplamente distribuído na área de estudo, exceto no verão (Figura 2.5), quando águas mais quentes e salinas de origem tropical predominam sobre a plataforma continental (LIMA et al., 1996). De fato, há consenso que ambas as espécies migram para procriar em águas uruguaias e argentinas durante o final da primavera e o verão (PERES; VOOREN, 1991; LUCIFORA et al., 2004; ODDONE et al., 2005; CORTÉS et al., 2011). *Mustelus schmitti* tem

um ciclo reprodutivo anual (ODDONE et al., 2005), enquanto *G. galeus* tem um ciclo trienal (PERES; VOOREN, 1991; LUCIFORA et al., 2004). Um ciclo reprodutivo trienal significa que somente uma porção da população precisa fazer parte das migrações reprodutivas. Portanto, é provável que essas migrações são também associadas com o uso da frente de sub-superfície entre as águas de plataforma subtropicais e subantárticas como áreas de alimentação (ACHA et al., 2004; LUCIFORA et al., 2012).

A análise da temperatura residual de fundo sugere que os elasmobrânquios de fundo *Squatina guggenheim*, *S. occulta* e *Pseudobatos horkelii* ocorrem em águas mais quentes que *G. galeus* e *M. schmitti* (Figura 2.3). Em termos geográficos, foi previsto que eles ocorrem durante todo o ano na área de estudo (Figuras 2.6–2.8). *Squatina guggenheim* e *P. horkelii* estão associados a águas de alta concentração de clorofila ($> 2{,}0\ mg\,m^{-3}$), enquanto *S. occulta* ocorre principalmente em águas de baixa concentração de clorofila. Além disso, a probabilidade de ocorrência de *S. occulta* aumenta em gradientes de temperatura acentuadas (Figura 2.3). Altas concentrações de clorofila estão associadas a águas costeiras, uma mistura de águas de plataforma com a descarga de água-doce que ocupa a plataforma interna. Em contraste, baixas concentrações de clorofila são localizadas em áreas oceânicas, principalmente sob a influência de águas tropicais (CIOTTI et al., 1995). Como resultado, prevê-se que *S. guggenheim* e *P. horkelii* ocorrem principalmente na plataforma interna, enquanto *S. occulta* ocorre na plataforma externa e na quebra de plataforma (Figuras 2.6–2.8).

Squatina guggenheim, *S. occulta* e *P. horkelii* completam seus ciclos de vida dentro da região, mas fêmeas grávidas e neonatos de *S. occulta* raramente são encontrados (VOOREN, 1997). Fêmeas de *S. guggenheim* têm um ciclo reprodutivo de três anos, com o parto ocorrendo na primavera e no verão em águas rasas (VOOREN; KLIPPEL, 2005; COLONELLO et al., 2007). Como somente parte da população migra sazonalmente e não foram realizadas análises por sexo e estágio reprodutivo, os mapas não mostram deslocamentos batimétricos. Entretanto, há um sutil deslocamento para o sul durante os meses de verão (Figura 2.6). Esse padrão é consistente com o observado em águas costeiras ao largo da costa norte da Argentina e no Uruguai (34–38°S) onde a abundância de *S. guggenheim* foi maior na primavera do que no inverno (COLONELLO et al., 2007).

Vögler et al. (2008) sugeriram que as águas costeiras ao largo da costa norte da Argentina e do Uruguai sob a influência da descarga de água-doce do Rio da Prata são áreas de nascimento e berçários de *S. guggenheim*. Nas águas ao largo do sul do Brasil, neonatos de *S. guggenheim* são encontrados somente ao sul de 32°S (VOOREN;

KLIPPEL, 2005), o que por sua vez é o limite norte da pluma de baixa salinidade do Rio da Prata no verão (PIOLA et al., 2000). Sugere-se que esta pluma de baixa salinidade limita uma grande área berçário de *S. guggenheim*, englobando águas rasas na costa sul do Brasil, Uruguai e norte da Argentina. A alta produção biológica dessas águas fornece alimento e abrigo para neonatos e juvenis de primeiro ano (ACHA et al., 2004). Portanto, fêmeas grávidas de *S. guggenheim* migram para essa área para dar a luz durante a primavera e o verão. Isto eleva a probabilidade de ocorrência da espécie, o que por sua vez é capturado pelos modelos por meio das variáveis ambientais. Embora a pluma de baixa salinidade atinja a latitude de 28°S no inverno, ela retrai-se para 32°S no verão (PIOLA et al., 2000), o que explicaria a baixa probabilidade de ocorrência prevista para o norte da área de estudo durante os meses de verão (Figura 2.6). De acordo com essa hipótese, deve haver algum intercâmbio entre as populações de *S. guggenheim* no Atlântico Sudoeste.

Ambas *P. horkelii* e *S. guggenheim* foram observadas na maioria dos desembarques provenientes dos barcos de arrasto e de emalhe no porto de Itajaí-SC (27°S), cujas frotas operam em todo o sul do Brasil (MAZZOLENI; SCHWINGEL, 1999). Entretanto, diferentemente de *S. guggenheim*, o modelo "base" de *P. horkelii* previu baixas probabilidades de ocorrência em toda a área de estudo (Figura 2.8). A baixa desviância explicada (14–17%) indica que os modelos de *P. horkelii* tiveram pouco poder preditivo. Em contraste, por exemplo, a proporção da desviância explicada chega a 54% para *S. guggenheim*. Embora a desviância explicada seja uma métrica particularmente útil para avaliar modelos concorrentes (HOSMER; LEMESHOW, 2000; FRANKLIN, 2009), a baixa porcentagem de desviância explicada pode indicar que os modelos não incorporaram importantes determinantes ambientais da distribuição de *P. horkelii*. Uma outra explicação seria a existência de fatores bióticos chave que determinam a distribuição da espécie. Como afirmado por Simpfendorfer e Heupel (2004), a necessidade de se alimentar, evitar predadores e reproduzir-se também motivam a seleção de habitat. Por exemplo, o ciclo reprodutivo de *P. horkelii* é anual e sincronizado. A gestação leva 12 meses, mas o desenvolvimento embrionário ocorre somente nos últimos 4 meses. As fêmeas aumentam a taxa de desenvolvimento embrionário por meio da migração para ambientes mais quentes após um período de dormência dos ovos fertilizados em águas mais frias (LESSA et al., 1986; VOOREN; KLIPPEL, 2005). Para considerar essa característica nos modelos seria necessário investigar relações ambientais específicas por sexo, como sugerido por Vögler et al. (2008). Independentemente da baixa percentagem de desviância explicada, os modelos de *P. horkelii* tiveram um poder discriminativo razoável como indicado pelos valores AUC maiores que 0,7. Isto significa uma probabilidade maior que 70% de

distinguir corretamente entre locais de ocorrência e de não ocorrência (PEARCE; FERRIER, 2000).

Todos os modelos concorrentes ("full", "base" e "pruned") tiveram um poder discriminativo significativamente maior que o aleatório. Além disso, a confiabilidade desses modelos foi equivalente, uma vez que a desviância explicada variou somente de um a três por cento entre os modelos. No entanto, deixar de fora a variável tipo de fundo resultou num modelo mais parcimonioso. Além disso, embora os modelos "pruned" tivessem o menor número de variáveis, eles não perderam poder preditivo. Nesse caso, a temperatura de superfície e a clorofila podem atuar como substitutos para a temperatura de fundo e a salinidade. De fato, a quantidade de clorofila é relacionada diretamente às massas de água presentes na área de estudo (CIOTTI et al., 1995). Dessa forma, medições da superfície do oceano obtidas por sensoriamento remoto podem também ser utilizadas para revelar condições de sub-superfície (SANTOS, 2000). Esta é uma descoberta importante porque dados de sensoriamento remoto fornecem medições sinópticas do oceano, permitindo o monitoramento dessas variações para prever corretamente a distribuição de peixes marinhos, uma vez que as características oceânicas podem mudar ao longo das estações e também ao longo dos anos (VALAVANIS et al., 2008; KLEMAS, 2013).

Consequentemente, esses modelos podem ser utilizados para fazer previsões razoáveis usando a grande cobertura espacial e temporal dos dados de sensoriamento remoto. Tal performance é particularmente útil para restringir áreas de pesca, ou mesmo para determinar que os pescadores movam-se para áreas com menor probabilidade de captura incidental (STUART et al., 2011). Além disso, ao focarmos em medidas de manejo sobre áreas chave e habitat importantes, estamos direcionando o manejo pesqueiro para um enfoque ecossistêmico (VALAVANIS et al., 2008). Além de auxiliar no planejamento da conservação e no manejo populacional, esses modelos também podem ser utilizados para prever a distribuição de espécies com as mudanças climáticas (HIJMANS; GRAHAM, 2006; ELITH; LEATHWICK, 2009; HOLLOWED et al., 2013b).

2.5 Conclusões

Os modelos de distribuição de espécies proporcionaram uma melhor compreensão dos fatores ambientais que influenciam a distribuição de cinco elasmobrânquios ameaçados de extinção no Brasil. O mais significante, entretanto, é que diferentemente de estudos prévios que focaram em análises uni-variadas ou inferências qualitativas sobre as relações ambientais, os modelos ajustados permitem a previsão da distri-

buição das espécies de forma a auxiliar o manejo racional dos recursos marinhos. Esses modelos também fornecem a base no qual mudanças futuras na distribuição das espécies, nas práticas de manejo, e os efeitos das mudanças climáticas podem ser monitorados e comparados. Isto é especialmente importante para espécies em risco de extinção. Importante destacar que as distribuições modeladas foram consistentes com o conhecimento atual dessas espécies.

3 UMA COMPARAÇÃO DE ABORDAGENS PARA MODELAR A OCORRÊNCIA DE PEIXES MARINHOS

3.1 Introdução

O uso de aproximações matemáticas para modelar a distribuição das espécies em relação a vários aspectos quantificáveis do seu ambiente físico tem aumentado significativamente nos últimos anos (GUISAN; ZIMMERMANN, 2000; GUISAN; THUILLER, 2005; VALAVANIS et al., 2008; ELITH; LEATHWICK, 2009). Essas relações modeladas podem ser usadas para prever onde seria mais provável a ocorrência das espécies e para investigar as relações ecológicas entre elas e seu ambiente. Na maioria dos casos, esses modelos analisam a distribuição das espécies usando dados de presença e ausência ou somente de presença (VALAVANIS et al., 2008).

Quando as abordagens de modelagem com dados de presença e ausência e somente com dados de presença são comparadas usando o mesmo conjunto de dados, modelos de presença e ausência geralmente possuem melhor desempenho e têm maior habilidade preditiva (ELITH et al., 2006; HIJMANS; GRAHAM, 2006; GONZÁLEZ-IRUSTA et al., 2015). Entretanto, alguns autores têm destacado que nesses modelos as falsas ausências – locais onde a espécie ocorre mas por alguma razão não foi detectada durante a coleta de dados – causam viés na relação espécie-habitat descrito pelos dados (KASCHNER et al., 2006; MACLEOD et al., 2008; READY et al., 2010; ELITH et al., 2011; JONES et al., 2012). Além disso, dados de ausência não estão disponíveis para muitas espécies, e grandes bases de dados, tais como o Fishbase (FROESE; PAULY, 2016) e o Ocean Biogeographic Information System (OBIS, 2015) possuem somente dados de presença (READY et al., 2010; JONES et al., 2012). Essas questões têm levado ao desenvolvimento de novas abordagens de modelagem que não usam dados de ausência, que vão desde soluções matemáticas mais simples (AquaMaps) até algoritmos de aprendizagem por máquina (MAXENT).

Nos modelos AquaMaps os dados de presença são usados para construir descrições numéricas simples das relações entre as espécies e o habitat na forma de envelopes trapezoidais, considerando o intervalo de ocorrência da espécie em um gradiente ambiental (KASCHNER et al., 2006; READY et al., 2010; JONES et al., 2012). O MAXENT baseia-se no princípio da entropia máxima, pelo que uma distribuição de probabilidade alvo é estimada ao encontrar a distribuição de probabilidade de máxima entropia. É um algoritmo sofisticado que incorpora regularização para seleção de variáveis explanatórias (PHILLIPS et al., 2006). Nos modelos MAXENT, além dos dados de presença, são também necessários dados que caracterizem as condições

ambientais na região modelada, chamados dados de fundo. Com esses dados o algoritmo estabelece sob que condições ambientais a espécie é mais propícia de ser encontrada (ELITH et al., 2011).

O uso apenas de dados de presença resolve o problema advindo dos registros de ausência não confiáveis. No entanto, o viés de seleção amostral – em que alguns locais são amostrados mais intensamente do que outros – tem um efeito muito maior nos modelos que usam somente dados de presença (PHILLIPS et al., 2009). Por outro lado, nos modelos de presença-ausência o viés de seleção amostral afeta ambos os registros (presença e ausência), cancelando assim seu efeito (ELITH et al., 2011). Nos modelos AquaMaps a única forma de contornar esse efeito é por meio da incorporação de informação especializada, tais como limites conhecidos de profundidade da espécie, estudos sobre tolerância fisiológica, entre outros, uma vez que os envelopes podem ser ajustados manualmente (READY et al., 2010). Por outro lado, nos modelos MAXENT é possível fornecer dados de fundo com viés similar àqueles existentes nos dados de presença da espécie, cancelando assim seu efeito, basicamente o mesmo que ocorre com modelos de presença-ausência (PHILLIPS et al., 2009; ELITH et al., 2011).

O objetivo desse trabalho foi comparar as abordagens de modelagem que usam apenas dados de presença com aquelas que usam dados de presença-ausência, com um conjunto de dados com forte viés amostral, proveniente de cruzeiros de prospecção pesqueira na plataforma sul do Brasil. Comparar as duas abordagens em ecossistemas marinhos é relevante uma vez que a principal fonte de dados de ocorrência de espécies marinhas é proveniente de embarcações de pesca, seja de cruzeiros de prospecção pesqueira ou mesmo da pesca comercial.

Quatro técnicas de modelagem são comparadas nesse estudo: (1) modelos aditivos generalizados – GAM, uma técnica de presença e ausência amplamente utilizada (GUISAN et al., 2002; VALAVANIS et al., 2008), que tem sido comparada a técnicas que usam somente presença em estudos prévios (ELITH et al., 2006; HIJMANS; GRAHAM, 2006; READY et al., 2010); (2) "Boosted Regression Trees" – BRT, uma técnica relativamente nova para classificação supervisionada baseada em conjuntos de árvores de decisão que utiliza dados de presença e ausência (ELITH et al., 2008; HASTIE et al., 2009); (3) O método de máxima entropia – MAXENT (PHILLIPS et al., 2006; PHILLIPS; DUDÍK, 2008), e o (4) AquaMaps (KASCHNER et al., 2006; READY et al., 2010), ambos criados especificamente para modelagem da distribuição das espécies usando apenas dados de presença. O enfoque do trabalho foi avaliar a habilidade preditiva desses modelos com um conjunto reduzido de variáveis explanatórias para

a plataforma sul do Brasil (20°–35° S). Não foi alvo do presente estudo identificar os principais determinantes ambientais da distribuição dessas espécies. Portanto, os modelos foram calibrados somente com dados de profundidade e temperatura da água (superfície e fundo). Ambas são fortes variáveis preditivas na distribuição de peixes marinhos (MENNI et al., 2010; RUTTERFORD et al., 2015; KLIPPEL et al., 2016).

3.2 Material e métodos

3.2.1 Fonte dos dados

Foram utilizados dados de presença/ausência de 65 espécies de 40 famílias (Tabela 3.1) em 3.167 lances de arrasto de fundo na costa sudeste-sul do Brasil realizados entre os anos de 1972 e 2005 por seis embarcações de pesquisa. Sete diferentes redes de arrasto de fundo foram utilizadas durante os levantamentos científicos. A tralha inferior variou de 20,0 a 52,9 metros e as redes foram utilizadas com ou sem malhetas. Entretanto, não estão disponíveis dados detalhados de cada lance de arrasto. Os lances de arrasto de fundo foram realizados ao longo de toda a margem continental sudeste-sul, em todas as estações do ano. No entanto, algumas áreas foram mais intensamente amostradas (Figura 3.1). A base de dados foi construída a partir de registros obtidos junto ao OBIS (2015) e informações das fontes bibliográficas originais (VOOREN; KLIPPEL, 2005; HAIMOVICI et al., 2007; HAIMOVICI et al., 2009).

Foram utilizados dados de temperatura de superfície e de fundo obtidos no Atlas Oceânico Mundial de 2013 (LOCARNINI et al., 2013). O Atlas inclui campos climatológicos mensais de temperatura a diferentes profundidades em uma grade com resolução espacial de $^1/_4$ de grau de latitude-longitude. A cada registro de presença/ausência foi associado uma temperatura de superfície e de fundo do Atlas, comparando-se o mês, a localização geográfica e a profundidade do lance de arrasto de fundo. Espera-se que esses dados representem as médias históricas das variáveis ambientais que determinaram a distribuição das espécies.

Figura 3.1 - Distribuição dos lances de arrasto de fundo na costa sudeste-sul do Brasil.

Lances de arrasto de fundo realizados entre os anos 1972–2005 por trimestre. O mapa no canto superior esquerdo mostra a distribuição do número total de lances. A legenda indica o número de lances para uma janela de 1/4 de grau de latitude-longitude.

Fonte: Produção do autor.

3.2.2 Desenvolvimento e avaliação dos modelos

Os modelos foram desenvolvidos e avaliados nos programas R (R CORE TEAM, 2015) e Maxent 3.3.3k (http://www.cs.princeton.edu/~schapire/maxent/), utilizando as bibliotecas "gam" (HASTIE, 2015), "gbm" (RIDGEWAY, 2015), "dismo" (HIJMANS et al., 2015) e códigos especialmente desenvolvidos. A ocorrência de cada espécie foi modelada em função das variáveis ambientais temperatura de superfície e de fundo provenientes do Atlas Oceânico Mundial de 2013 e da profundidade média registrada durante o lance de arrasto de fundo, com a condição de que as diferentes redes e embarcações de pesquisa atuaram de forma similar em relação à detecção da ocorrência das espécies. Ou seja, se a espécie ocorria no local amostrado, a rede de arrasto utilizada foi capaz de capturá-la, independentemente da quantidade capturada da espécie.

Regressões logísticas foram ajustadas usando modelos GAM e BRT. A regressão logística estima probabilidades, tratando a variável dependente binária (0/1) como ensaios fracasso-sucesso de uma distribuição de Bernoulli. Nos modelos GAM uma regressão logística é obtida usando a função de ligação binomial. Nos modelos BRT uma regressão logística é obtida com uma função de perda binomial (HASTIE et al., 2009).

O modelo aditivo generalizado (GAM) é um método amplamente utilizado para modelar o habitat de espécies de peixes (VALAVANIS et al., 2008) e para projetar alterações na distribuição de espécies marinhas (HAZEN et al., 2012; RUTTERFORD et al., 2015). Este método semi-paramétrico acomoda não linearidades dos dados de forma automatizada, através de uma função de suavização "spline" de cada variável preditiva. A premissa necessária é que as funções explanatórias suavizadas sejam aditivas (JAMES et al., 2013). O grau de suavização é dado pelo parâmetro graus de liberdade equivalente, que neste estudo foi fixado como igual a quatro para todas as variáveis, como sugerido por Hastie et al. (2009).

Nos modelos BRT o número ideal de árvores de decisão foi identificado pela redução da desviância residual usando validação cruzada "10-fold" (HASTIE et al., 2009). O número ideal de árvores aumenta conforme a taxa de aprendizagem é diminuída. Dessa forma, a taxa de aprendizagem foi escolhida entre os valores 0,01, 0,005 ou 0,001, de forma a garantir pelo menos 1.000 árvores como foi sugerido por Elith et al. (2008). Dois modelos BRT alternativos foram ajustados com diferentes valores para o parâmetro profundidade das árvores. O primeiro permitia o efeito da interação entre pares de variáveis explanatórias (profundidade da árvore igual a dois), enquanto um

Tabela 3.1 - Peixes marinhos demersais para os quais foram desenvolvidos modelos de distribuição de espécies.

Tubarões	Triakidae	*Galeorhinus galeus*
		Mustelus schmitti
		Mustelus fasciatus
		Mustelus canis
	Carcharhinidae	*Carcharhinus plumbeus*
	Squalidae	*Squalus mitsukurii*
		Squalus megalops
	Squatinidae	*Squatina occulta*
		Squatina guggenheim
Raias	Rhinobatidae	*Pseudobatos horkelii*
	Arhynchobatidae	*Atlantoraja platana*
		Rioraja agassizii
		Atlantoraja cyclophora
		Atlantoraja castelnaui
		Sympterygia bonapartii
		Sympterygia acuta
	Dasyatidae	*Hypanus say*
		Bathytoshia centroura
	Gymnuridae	*Gymnura altavela*
	Myliobatidae	*Myliobatis freminvillei*
		Myliobatis ridens
		Myliobatis goodei
Peixes ósseos	Congridae	*Conger orbignianus*
	Argentinidae	*Argentina striata*
	Synodontidae	*Saurida caribbaea*
	Macrouridae	*Coelorinchus marinii*
		Malacocephalus occidentalis
	Phycidae	*Urophycis mystacea*
		Urophycis brasiliensis
	Merlucciidae	*Merluccius hubbsi*
	Ophidiidae	*Genypterus brasiliensis*
	Batrachoididae	*Porichthys porosissimus*
	Lophiidae	*Lophius gastrophysus*
	Polymixiidae	*Polymixia lowei*
	Zeidae	*Zenopsis conchifer*
	Caproidae	*Antigonia capros*
	Sebastidae	*Helicolenus lahillei*
	Triglidae	*Prionotus nudigula*
		Prionotus punctatus
	Acropomatidae	*Synagrops bellus*
		Synagrops spinosus
	Serranidae	*Dules auriga*
	Malacanthidae	*Lopholatilus villarii*
	Pomatomidae	*Pomatomus saltatrix*
	Carangidae	*Trachurus lathami*
	Haemulidae	*Conodon nobilis*
	Sparidae	*Pagrus pagrus*
	Sciaenidae	*Ctenosciaena gracilicirrhus*
		Cynoscion guatucupa
		Cynoscion jamaicensis
		Macrodon atricauda
		Menticirrhus americanus
		Micropogonias furnieri
		Paralonchurus brasiliensis
		Umbrina canosai
	Mullidae	*Mullus argentinae*
	Percophidae	*Bembrops heterurus*
		Percophis brasiliensis
	Gempylidae	*Thyrsitops lepidopoides*
	Trichiuridae	*Trichiurus lepturus*
	Ariommatidae	*Ariomma bondi*
	Stromateidae	*Peprilus paru*
	Paralichthyidae	*Paralichthys isosceles*
	Balistidae	*Balistes capriscus*
	Tetraodontidae	*Lagocephalus laevigatus*

segundo não permitia interações (profundidade da árvore igual a um).

Os modelos MAXENT foram ajustados com o software Maxent 3.3.3k através do pacote "dismo" para linguagem de programação R (HIJMANS et al., 2015). O Maxent estima a chance da espécie estar presente ao encontrar a distribuição de máxima entropia, isto é, mais próxima da uniforme, sujeita a restrições, como as variáveis ambientais terem a mesma média e variância do que a dos locais de ocorrência registrada (PHILLIPS et al., 2006). As restrições, conhecidas como "features", são selecionadas automaticamente pelo algoritmo. Entretanto, Elith et al. (2010) sugerem ajustar modelos somente com a restrição "hinge" para evitar modelos excessivamente complexos. Essa "feature" modela respostas lineares e arbitrariamente segmentadas das variáveis ambientais (PHILLIPS; DUDÍK, 2008). Dessa forma foram testados modelos MAXENT com as configurações automáticas de "features" e também modelos somente com "hinge". Além disso, dois conjuntos de dados de fundo foram testados, o primeiro composto por dados das variáveis ambientais nos registros de presença e de ausência. Esse conjunto possui o mesmo viés de seleção amostral que os dados de presença. Portanto, assim como nos modelos de presença-ausência o viés amostral é cancelado (PHILLIPS et al., 2009). Um segundo conjunto de dados de fundo foi construído usando todo o banco de dados climatológicos da região modelada, proveniente do Atlas Oceânico Mundial de 2013 (LOCARNINI et al., 2013) e ETOPO1 (AMANTE; EAKINS, 2009). Portanto, quatro variantes de modelos MAXENT foram ajustados.

Phillips e Dudík (2008) sugerem que os padrões automáticos de configuração do software Maxent são apropriados para a maioria das aplicações. Entretanto, Warren e Seifert (2011) demonstraram que o mecanismo de regularização dos modelos MAXENT pode ser otimizado em termos de performance preditiva, por meio do parâmetro β. Nesse estudo, o melhor parâmetro β foi determinado por meio de validação cruzada "10-fold" usando como métrica de avaliação a área sob a curva ROC (AUC). Além disso, foi utilizado o novo formato de saída logística do software, que estima a probabilidade de presença da espécie (PHILLIPS; DUDÍK, 2008).

Nos modelos AquaMaps são construídos envelopes trapezoidais unidimensionais para cada variável ambiental representando a faixa de ocorrência preferencial e absoluta de determinada espécie em relação a um gradiente ambiental. Dentro da faixa preferencial os índices assumem valores iguais a um e fora da faixa de ocorrência absoluta igual a zero. A adequabilidade ambiental relativa é obtida multiplicando-se os índices de todos os envelopes. A facilidade de interpretação e a possibilidade de ajuste manual dos envelopes são vantagens desse método (KASCHNER et al., 2006; READY

et al., 2010).

Para criar os envelopes trapezoidais, foram utilizadas os valores de profundidade e de temperatura de superfície e fundo associados aos registros de presença das espécies. As faixas preferenciais de ocorrência das espécies foram calculadas como o intervalo entre os percentis 10° e 90° de cada variável ambiental. O valor mínimo absoluto de ocorrência da espécie foi calculado como o valor mínimo da variável ambiental onde a espécie foi observada, ou o equivalente ao percentil 25° - 1,5 × a amplitude interquartil, o que fosse maior. Por sua vez, o valor máximo absoluto foi calculado como o valor máximo da variável ambiental onde a espécie foi observada, ou o equivalente ao percentil 75° + 1,5 × a amplitude interquartil, o que fosse menor (READY et al., 2010; JONES et al., 2012). Dessa forma, valores atípicos, possivelmente inconsistentes, não foram considerados na definição do envelope.

Ao final, considerando as variantes ajustadas pelos algoritmos BRT e MAXENT, oito diferentes modelos foram calibrados para cada espécie (Tabela 3.2). Como os modelos que estimam a probabilidade de ocorrência da espécie podem ser avaliados pela desviância (PHILLIPS; DUDÍK, 2008), suas variantes foram comparadas por meio da proporção da desviância explicada (D^2), que é a proporção pelo qual um modelo reduz a desviância nula, dado pela equação:

$$D^2 = \frac{(D_{nulo} - D_{residual})}{D_{nulo}} \tag{3.1}$$

Onde:
D_{nulo} = desviância média do modelo sem variáveis preditivas
$D_{residual}$ = desviância média que permanece inexplicada mesmo após a inclusão de variáveis preditivas

Enquanto a desviância média de um modelo é:

$$D = -2 \cdot \sum_{i=1}^{n} \Big[(y_i \cdot \log(u_i)) + ((1 - y_i) \cdot \log(1 - u_i))\Big] \Big/ n \tag{3.2}$$

Onde:
y_i = valores observados
u_i = valores previstos pelo modelo
n = número de observações i de um subconjunto de validação

D^2 é o equivalente ao R^2 (proporção da variância na variável dependente expli-

cada pelos preditores) dos modelos de regressão linear, e é uma estatística útil para avaliar modelos alternativos (GUISAN; ZIMMERMANN, 2000; HOSMER; LEMESHOW, 2000). Foi empregada a técnica de validação cruzada "10-fold" para obtenção de subconjuntos de validação. Para cada subconjunto foi calculado a desviância residual e o valor médio foi utilizado para calcular D^2. Os valores de D^2 foram comparados utilizando o teste de Wilcoxon pareado por espécie.

Tabela 3.2 - Modelos calibrados para cada espécie e principais configurações.

Modelo	características
BRT	sem interações
BRTint	interações de duas vias
GAM	sem interações, graus de liberdade equivalente igual a quatro
MAXENThinge	somente "hinge" e dados de fundo provenientes dos registros de presença-ausência das espécies (com viés amostral)
MAXENThingeBg	somente "hinge" e dados de fundo provenientes de banco de dados climatológico
MAXENTauto	"features" selecionadas automaticamente e dados de fundo provenientes dos registros de presença-ausência das espécies (com viés amostral)
MAXENTautoBg	"features" selecionadas automaticamente e dados de fundo provenientes de banco de dados climatológico
AquaMaps	faixa preferencial definida pelos percentis 10° e 90° de cada variável ambiental

A técnica de validação cruzada "10-fold" foi também empregada para investigar a incerteza associada aos modelos e para estimar a habilidade preditiva desses modelos com novos dados (PEARCE; FERRIER, 2000; HASTIE et al., 2009). Nesse método, o conjunto de dados é dividido aleatoriamente em dez partições. Dez diferentes modelos são então ajustados, omitindo-se em cada um desses ajustes uma das partições, que será utilizada para avaliação. Os valores médios e os erros padrões da área sob a curva ROC (AUC) e do coeficiente de correlação (COR) são então calculados a partir dos subconjuntos de dados omitidos do ajuste dos modelos. Ambas as estatísticas medem a capacidade discriminativa dos modelos (LIU et al., 2011). O AUC foi estimado através da estatística U do teste de Mann-Whitney e varia de 0,5 para modelos sem habilidade discriminativa, até 1,0 para modelos que discriminam per-

feitamente entre as duas classes de um conjunto de dados de validação. Valores entre 0,5 e 0,7 indicam uma baixa capacidade discriminativa. Valores de AUC superiores a 0,9 são considerados excelentes, enquanto valores entre 0,7 e 0,9 indicam uma boa capacidade discriminativa (HOSMER; LEMESHOW, 2000). COR foi calculado como o coeficiente de correlação Pearson entre o dado de presença/ausência observado (0/1) e a probabilidade de ocorrência ou adequabilidade ambiental relativa prevista pelo modelo (LIU et al., 2011). O teste de Wilcoxon foi empregado para verificar a hipótese alternativa de que a mediana das estatísticas obtidas com a validação cruzada "10-fold" foi maior que um determinado valor de referência.

3.3 Resultados

Os modelos BRT com interações (BRTint) tiveram uma leve vantagem em relação aos modelos sem interações (profundidade da árvore igual a um). Entretanto, a diferença média entre pares de D^2 é inferior a 0,0125 (teste de Wilcoxon pareado: V = 723; valor p = 0,01075). Ou seja, uma diferença de cerca de 1% na desviância explicada.

Na comparação das variantes MAXENTauto contra MAXENTautoBg e MAXENThinge contra MAXENThingeBg, há também uma pequena vantagem em utilizar os dados das variáveis ambientais nos registros de presença e de ausência como dados de fundo ao invés de dados climatológicos da região modelada. Tanto nos modelos que selecionam automaticamente as "features" (teste de Wilcoxon pareado: V = 700, valor p = 0,01759), quanto nos modelos que usam somente "hinge" (teste de Wilcoxon pareado: V = 523,5; valor p = 0,0002785), a diferença média entre pares de D^2 é inferior 0,01. Mas isso era esperado uma vez que os dados de ausência podem anular o viés amostral e o conjunto teste foi obtido com esse mesmo viés.

Ao utilizar somente os dados das variáveis ambientais nos registros de presença e de ausência como dados de fundo, não há diferença média entre pares de D^2 (teste de Wilcoxon pareado: V = 657; valor p = 0,1159) dos modelos que selecionam automaticamente as "features" (MAXENTauto) daqueles que usam somente "hinge" (MAXENThinge). Por outro lado, com dados climatológicos da região como dados de fundo, a diferença média entre pares de D^2 entre as variantes MAXENThingeBg e MAXENTautoBg é inferior 0,02 em favor da variante MAXENThingeBg (teste de Wilcoxon pareado: V = 557,5; valor p = 0,0006221). Ou seja, ainda que a diferença seja pequena, em média os modelos que usam somente "hinge" são melhores quando a opção é por dados climatológicos como dados de fundo. Ao comparar as variantes MAXENTauto e MAXENThingeBg, a diferença em favor de MAXENTauto é ainda

menor, inferior a 0,01 (teste de Wilcoxon pareado: V = 609, valor p = 0,001237).

Há uma correlação positiva entre o desempenho dos modelos na redução da desviância e a prevalência da espécie. Nos modelos MAXENT, no entanto, essa correlação é mais forte principalmente nas variantes que utilizam dados climatológicos como dados de fundo (Tabela 3.3).

Tabela 3.3 - Correlação entre o desempenho dos modelos na redução da desviância nula e a prevalência.

Modelo	coeficiente de correlação Pearson	valor p
BRT	0,276	0,02587
GAM	0,279	0,02419
BRTint	0,304	0,01364
MAXENThinge	0,364	0,00282
MAXENTauto	0,381	0,00174
MAXENTautoBg	0,498	$<$ 0,001
MAXENThingeBg	0,528	$<$ 0,001

De um total de 65 modelos de distribuição de espécie ajustados com o algoritmo BRT com interações entre pares de variáveis, 48 tiveram um AUC superior a 0,75, enquanto somente 12 modelos AquaMaps superaram esse marco (Tabela 3.4). Essas foram respectivamente a melhor e a pior técnica de modelagem segundo esse critério (Figura 3.2). O resultado é o mesmo considerando o número de modelos que obtiveram um coeficiente de correlação superior a 0,3 (Figura 3.3). Ainda segundo esses mesmos critérios, as variantes dos modelos MAXENT que utilizaram dados de presença-ausência como dados de fundo superaram a performance dos modelos GAM. Entretanto, as variantes que empregaram dados climatológicos como dados de fundo tiveram um desempenho inferior, somente 25 modelos tiveram um AUC significativamente superior a 0,75, contra 39 dos modelos GAM.

3.4 Discussão

Modelos computacionais podem ser utilizados para previsão da distribuição das espécies e para investigar aspectos da ecologia dessas espécies. Entretanto, embora matematicamente robustos, algumas abordagens de modelagem podem ser de difícil implementação devido às imperfeições e limitações dos dados disponíveis frente as premissas dessas técnicas. A qualidade dos dados de presença e ausência usados para definir as relações espécie-habitat impactam diretamente a acurácia da previsão do

Tabela 3.4 - Número de modelos em que o AUC foi significativamente superior a 0,75 e a correlação de Pearson superior a 0,3 (teste de Wilcoxon: $p < 0{,}05$).

Modelo	AUC > 0,75	COR > 0,30
BRTint	48	60
BRT	43	57
GAM	39	54
MAXENTauto	44	56
MAXENTautoBg	25	40
MAXENThinge	44	56
MAXENThingeBg	25	40
AQUAMAPS	12	33

modelo resultante. Embora a quantidade e qualidade dos dados de ocorrência sejam importantes, frequentemente o fator limitante na qualidade dos modelos são a acurácia dos dados de ausência (HIRZEL et al., 2002). Falsas ausências ocorrem quando as espécies estão na verdade presentes, mas não são detectadas na amostra, violando assim pressupostos fundamentais de muitas das técnicas de modelagem (GUISAN et al., 2002).

A detectabilidade é a probabilidade da espécie ser detectada durante o evento de amostragem. A não detecção de uma espécie em um local não implica que ela está ausente, a não ser que a detectabilidade seja igual a um (MACKENZIE et al., 2002). Muitos fatores, incluindo a metodologia de amostragem, condições ambientais, características específicas das espécies, e a densidade populacional podem afetar a detectabilidade da espécie. Ainda assim o problema da detecção imperfeita quando são modeladas a distribuição das espécies marinhas é raramente mencionado na literatura (MONK, 2014).

Abordagens de modelagem que não requerem dados de ausência parecem oferecer uma solução para este problema, desde que a cobertura amostral seja adequada (MACLEOD et al., 2008). Numerosos estudos compararam as abordagens de modelagem com dados de presença e ausência e somente com dados de presença (ELITH et al., 2006; HIJMANS; GRAHAM, 2006; MACLEOD et al., 2008; READY et al., 2010; GONZÁLEZ-IRUSTA et al., 2015). Entretanto, este trabalho é o primeiro estudo que utiliza dados de presença e ausência de peixes marinhos provenientes de cruzeiros de pesquisa com arrasto de fundo. Embora Ready et al. (2010) tenham utilizado dados de arrasto de fundo, eles foram empregados somente para teste/validação. Os modelos foram ajustados utilizando pseudo-ausências geradas aleatoriamente e registros de ocorrência obtidos no Fishbase (READY et al., 2010).

Assim como estudos similares (MACLEOD et al., 2008; GONZÁLEZ-IRUSTA et al., 2015), os resultados desse estudo sugerem que as abordagens de presença-ausência têm melhores habilidades preditivas. Entretanto, muitos dos modelos MAXENT que usam apenas dados de presença e dados climatológicos como dados de fundo, apresentaram uma boa habilidade preditiva. Dos 65 modelos de distribuição de espécie ajustados com essa técnica, 25 obtiveram um AUC significativamente superior a 0,75 ($p < 0{,}05$). Esse é um limiar de AUC onde o modelo pode ser considerado útil (ELITH et al., 2006). Importante destacar que nesses casos o AUC é a probabilidade de distinguir corretamente um local de presença escolhido aleatoriamente de um local de fundo aleatório (PHILLIPS et al., 2006). Enquanto nos modelos de presença-ausência o AUC é a probabilidade de distinguir corretamente um local de ocorrência escolhido aleatoriamente de uma local de não ocorrência também escolhido aleatoriamente (PEARCE; FERRIER, 2000).

Diferentemente das conclusões apresentadas por Ready et al. (2010), os modelos AquaMaps não apresentaram uma boa performance. Somente 12 desses modelos obtiveram um AUC significativamente superior a 0,75 ($p < 0{,}05$). Por outro lado, 39 modelos GAM atingiram essa marca. A técnica de modelagem com a melhor performance foi o BRT ajustado com interações entre pares de variáveis, confirmando a superioridade dos modelos baseados em conjuntos de árvores de decisão (ELITH et al., 2006; LEATHWICK et al., 2006; KNUDBY et al., 2010; BOUSKA et al., 2015).

As variantes dos modelos MAXENT que utilizaram dados de presença-ausência como dados de fundo obtiveram melhores resultados do que as variantes que empregaram dados climatológicos. Tanto nas variantes que selecionam automaticamente as "features" quanto naquelas que usam somente "hinge", modelos de 44 espécies obtiveram um AUC significativamente superior a 0,75 ($p < 0{,}05$), superando a performance dos modelos GAM. Nesses casos, o uso de dados de fundo com o mesmo viés de seleção amostral que os dados de ocorrência, de fato aprimorou os modelos ajustados com o algoritmo MAXENT (PHILLIPS et al., 2009).

Enquanto o viés de seleção amostral nas abordagens de modelagem que usam apenas dados de presença (tais como o MAXENT utilizado no presente estudo) pode ser removido com uma estratégia simples, o problema da detecção imperfeita nos modelos de presença-ausência permanece. Por isso, uma premissa necessária, mas nem sempre explícita quando se ajustam modelos de distribuição de espécies é que a detectabilidade é constante entre os eventos de amostragem e igual a um, ao menos para as espécies que são suscetíveis à técnica de captura empregada (READY et al.,

2010). No caso de peixes marinhos, é razoável supor que as artes de pesca foram concebidas para capturar as espécies-alvo e portanto a probabilidade de detecção é igual um.

Os modelos de ocupação de sítios podem ser alternativas aos modelos de distribuição de espécies convencionais para prever a distribuição de habitat apropriado para peixes demersais. Esses modelos usam os padrões de presença-ausência nos locais amostrados múltiplas vezes para separar o viés amostral do processo ecológico (MACKENZIE et al., 2002). Entretanto, um nível muito elevado de esforço de amostragem é necessário, o que é muito difícil de obter, especialmente no ambiente marinho.

3.5 Conclusões

Com a disponibilidade de diversas técnicas de modelagem, comparações entre a capacidade preditiva e eficiência dessas técnicas são especialmente úteis. Entretanto, a performance das diferentes técnicas de modelagem pode ser sensível a diferentes táxons, tamanho amostral, estratégia de amostragem e competição interespecífica. Estudos comparativos são importantes para avaliar a qualidade de um método em particular sob certas condições e também para fornecer orientações na escolha de diferentes métodos de acordo com os dados disponíveis.

Embora as abordagens de modelagem que usam dados de presença-ausência tenham sido superiores, alguns modelos que usam dados apenas de presença apresentaram uma boa habilidade preditiva. Cada modelo tem premissas relevantes para um conjunto particular de dados e métodos utilizados na construção do mesmo.

A qualidade dos dados empíricos usados afeta a acurácia preditiva do modelo. Portanto, idealmente, esse dados devem ser obtidos com desenhos amostrais sistemáticos, estratificados ou aleatórios, que representem adequadamente a área de estudo e o intervalo das variáveis ambientais. A observação das espécies durante a amostragem não ocorre sem erro. Mesmo se uma espécie está presente em uma localidade, ela pode não ser detectada durante o levantamento. Se a espécie é difícil de ser detectada, a população é pequena, ou a metodologia de amostragem é insuficiente ou inadequada, a espécie pode não ser detectada mesmo quando ocorre.

O uso de dados de fundo com o mesmo viés de seleção amostral que os dados de ocorrência de fato aprimorou os modelos ajustados com o algoritmo MAXENT, superando inclusive a performance dos modelos GAM. Enquanto o viés de seleção amostral pode ser removido com uma estratégia simples, o problema da detecção

imperfeita é difícil de ser equacionado. Como resultado, embora não seja explícito, em geral presume-se que a probabilidade de detecção é constante entre os eventos de amostragem e igual a um.

Figura 3.2 - Área sob a curva ROC dos modelos ajustados para as espécies.

O valores médios da área sob a curva ROC (AUC) foram calculados a partir dos subconjuntos de dados omitidos do ajuste dos modelos através da validação cruzada "10-fold". Em azul valores AUC superiores a 0,75. O modelo MAXENT é aquele calibrado com dados climatológicos e somente com "hinge"

Fonte: Produção do autor.

Figura 3.3 - Coeficiente de correlação Pearson dos modelos ajustados para as espécies.

O valores médios de correlação foram calculados a partir dos sub-conjuntos de dados omitidos do ajuste dos modelos através da validação cruzada "10-fold". Em azul valores de correlação superiores a 0,3. O modelo MAXENT é aquele calibrado com dados climatológicos e somente com "hinge".

Fonte: Produção do autor.

4 ALTERAÇÕES NA DISTRIBUIÇÃO DE PEIXES MARINHOS DA PLATAFORMA SUL DO BRASIL EM CENÁRIOS DE MUDANÇAS CLIMÁTICAS

4.1 Introdução

A diversidade da ictiofauna marinha no Atlântico Sudoeste é considerada média (BRIGGS, 1974). Na costa do Brasil por exemplo são conhecidas cerca de 617 espécies de peixes ósseos demersais, 192 espécies de peixes ósseos pelágicos, 82 espécies de tubarões e 45 espécies de raias (AMARAL; JABLONSKI, 2005). Apesar disso a região entre as latitudes 22–34°S abriga tanto espécies tropicais como temperadas, além de espécies endêmicas e de ampla distribuição (FIGUEIREDO, 1981; PALACIO, 1982). A composição e abundância relativa da ictiofauna nessa zona de transição é influenciada pela Convergência Subtropical do Atlântico Sudoeste, formada pela confluência das correntes do Brasil, quente e oligotrófica e das Malvinas, de águas frias ricas em nutrientes (HAIMOVICI, 1998; VOOREN, 1997). Nessa região, cerca de dois terços das capturas comerciais de peixes demersais são de espécies migratórias temperadas enquanto grandes peixes pelágicos circumtropicais são capturados pela pesca comercial ao longo da margem da Convergência Subtropical (HAIMOVICI et al., 1998). Portanto a ictiofauna e a atividade pesqueira na região do Oceano Atlântico Sudoeste são sensíveis às mudanças nas condições oceanográficas.

As mudanças climáticas projetadas para o Oceano Atlântico Sudoeste afetarão a distribuição das espécies e a disponibilidade desses recursos para a atividade pesqueira? Essa é uma questão relevante a respeito dos impactos das mudanças climáticas sobre os ecossistemas marinhos (HOLLOWED et al., 2013b). No Atlântico Sudoeste, possíveis impactos das mudanças climáticas globais sobre a ictiofauna marinha e a atividade pesqueira não foram investigados. No entanto, as evidências dos efeitos das mudanças climáticas sobre a ictiofauna marinha em outras regiões, em especial deslocamentos na distribuição das espécies associadas a mudanças nas condições oceanográficas, despertam preocupações sobre a integridade futura das comunidades de peixes marinhos e dúvidas sobre as consequências na atividade pesqueira e na conservação dessas espécies. Embora tal questão não possa ser traduzida em uma hipótese que possa ser confirmada ou refutada, extrapolar modelos de distribuição de espécies para cenários de mudanças climáticas pode determinar potenciais alterações na distribuição dessas espécies e, consequentemente, na disponibilidade desses recursos.

Neste trabalho modelos de distribuição de espécies da ictiofauna marinha do Atlân-

tico Sudoeste foram usados para projetar alterações futuras na disponibilidade de habitat para esses recursos vivos, para entender se as mudanças climáticas poderão afetar a atividade pesqueira e as iniciativas de conservação das espécies na região.

4.2 Material e métodos

4.2.1 Cenários de mudanças climáticas

O método delta, também chamado de fator de conversão, foi utilizado para obter cenários plausíveis da distribuição da temperatura no oceano com as mudanças climáticas em uma escala compatível com os modelos de distribuição de espécies. Essa metodologia de regionalização (downscaling) é utilizada tanto em regiões marinhas como terrestres para avaliação do impacto das mudanças climáticas (ANANDHI et al., 2011; HARE et al., 2012). Nesse método, calcula-se a diferença entre a temperatura futura e atual como determinadas por um modelo de circulação global em escalas espaciais de 100–500 km:

$$\Delta T = T_{futura} - T_{atual} \tag{4.1}$$

Essa diferença ou fator de conversão (ΔT) é então adicionada a uma base climatológica observacional para obter projeções futuras da temperatura a uma escala regional (10–50 km). Os fatores podem ser calculados a partir de uma única célula ou como a média das células de uma região da grade (ANANDHI et al., 2011). Nesse método presumimos que os modelos de circulação global simulam de forma mais confiável a mudança relativa das variáveis ambientais do que os valores absolutos.

Foram utilizadas as temperaturas de superfície e fundo para os períodos 2006–2055 e 2050–2099 projetadas por uma coleção (ensemble) de modelos de circulação global da fase 5 do Projeto Inter-comparativo de Modelos Acoplados (CMIP5) para o cenário de emissão RCP 8.5. Nesse cenário de emissão a forçante radiativa aumenta até acrescentar 8,5 $W \cdot m^{-2}$ em 2100, sendo representativo de um padrão de desenvolvimento que leva a níveis elevados de concentração de gases do efeito estufa (VUUREN et al., 2011). Esses dados foram disponibilizados pelo Laboratório de Pesquisa do Sistema Terrestre (NOAA/ESRL/PSD) no sítio esrl.noaa.gov/psd/ipcc/ocn, em grades trimestrais com resolução de 1° de latitude-longitude.

As diferenças de temperatura foram calculadas para cada célula entre os cenários futuros (2006–2055 e 2050–2099) e a referência histórica (1956–2006) na plataforma

continental entre 19°–37° S de latitude. Como resultado, estimou-se que os modelos de circulação global projetam um acréscimo médio de 0,8 °C na temperatura da superfície do mar ao largo da costa sudeste-sul do Brasil para o período de 2006-2055, e de cerca de 2,0 °C para o período de 2050–2099. Em relação à temperatura de fundo esses valores foram cerca de 0,8 °C e 1,8 °C respectivamente (Figura 4.1). Baseado nessas projeções foram considerados sete diferentes fatores de conversão ($\Delta T \in 0$; 0,5; 1,0; 1,5; 2,0; 2,5; 3,0). Esses fatores de conversão foram então aplicados simultaneamente às grades mensais de temperaturas de superfície e fundo do Atlas Oceânico Mundial de 2013 para obter cenários futuros da distribuição da temperatura no oceano com as mudanças climáticas. Embora baseados nas projeções dos modelos de circulação global, esses cenários foram criados com fatores de conversão arbitrários e portanto são denominados cenários sintéticos (CARTER et al., 1994).

Figura 4.1 - Diferença entre a referência histórica (1956–2006) e as temperaturas projetadas no futuro pelos modelos de circulação global.

Foram utilizados dados dos modelos CMIP5 para o cenário de emissão RCP 8.5 na plataforma continental do Brasil entre 19°-37° S de latitude.

Fonte: Produção do autor.

4.2.2 Modelos de distribuição de espécies

Foram utilizados os modelos desenvolvidos no Capítulo 3 com as técnicas BRT, GAM e MAXENT. Somente as espécies para o qual pelo menos duas técnicas de modelagem obtiveram um AUC significativamente superior a 0,75 e uma correlação significativamente superior a 0,3 ($p < 0{,}05$) foram selecionadas. Com esse critério foram escolhidas 36 espécies. A variante utilizada do modelo BRT foi aquela que não permitia interações, enquanto o modelo MAXENT é aquele calibrado com dados climatológicos e somente com "hinge" (MAXENThingeBg). As métricas de desempenho e a configuração dos modelos ajustados, bem como mapas mensais da distribuição atual prevista das espécies e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano são apresentadas no Apêndice A.

Uma abordagem multi-modelo é mais adequada para investigar faixas de distribuição, especialmente no ambiente marinho onde o processo de modelagem é dificultado por questões de qualidade dos dados (JONES et al., 2012). Uma única técnica de modelagem pode ter vieses, alta variabilidade ou imprecisões que afetam a confiabilidade de seus resultados analíticos. Ao analisar diferentes modelos pode-se reduzir os efeitos dessas limitações e fornecer uma melhor informação aos tomadores de decisão. Nesse estudo em particular buscou-se o consenso nas projeções das diferentes técnicas.

Os modelos de distribuição de espécies, calibrados com os dados de ocorrência das espécies, temperaturas de superfície e de fundo, bem como a profundidade, foram utilizados para projetar o habitat das espécies nos diferentes cenários sintéticos de mudanças climáticas. Nessas projeções, além das grades mensais de temperatura construídas com o método delta, foi utilizada a grade de profundidade ETOPO1 (AMANTE; EAKINS, 2009) reamostrada para a mesma resolução espacial do Atlas Oceânico Mundial de 2013.

4.2.3 Tamanho e deslocamento do habitat

Os valores de probabilidade obtidos com os modelos de distribuição de espécies assumem valores entre 0 e 1. Usualmente, para calcular o tamanho e o deslocamento do habitat das espécies com as mudanças climáticas, são empregados limiares para transformar esses valores em categorias de habitat/não habitat. Diferentes métodos foram desenvolvidos para determinar um limiar ótimo (LIU et al., 2011). Todavia, Nenzén e Araújo (2011) demonstraram que medidas de deslocamento do habitat são influenciadas pela escolha do método utilizado para determinar o limiar. Dessa

forma, neste trabalho foi adotada uma abordagem independente de limiar, baseada nos conceitos de região núcleo e área equivalente.

A área equivalente é igual a soma das áreas das células da grade, ponderada pelo probabilidade das mesmas, expressa como a proporção da área total de estudo. A região núcleo é o conjunto de células que concentram a maior probabilidade prevista para a espécie. O objetivo de estabelecer essa região é descartar grandes áreas com baixos valores de probabilidade onde provavelmente a espécie não é encontrada ou cujo habitat é de pouca importância para a espécie. Esse corte foi estabelecido em 0,5, abaixo do qual as células são descartadas do cálculo da área equivalente. Dessa forma, o cálculo da área equivalente para cada mês (m) foi determinado pela expressão:

$$A_{eq}(m) = \frac{\sum_{i=1}^{k} \left[a_i \cdot w_{i,m} \right]}{\sum_{i=1}^{k} a_i}, \text{ sendo que } w_{i,m} = \begin{cases} 0 & \text{se } \phi_{i,m} < H \\ \phi_{i,m} & \text{se } \phi_{i,m} \geq H \end{cases} \tag{4.2}$$

Onde:
a_i = área da célula i de um total de k células da região de estudo
$w_{i,m}$ = fator de ponderação relativo a célula i e mês m
$\phi_{i,m}$ = probabilidade de ocorrência da célula i e mês m
H = parâmetro de corte que delimita a região núcleo. Igual a 0,5 para todos os modelos

Enquanto a área equivalente para o ano é:

$$A_{eq} = \sum_{m=1}^{12} A_{eq}(m) \tag{4.3}$$

Como o parâmetro de interesse é a mudança relativa, para cada cenário de acréscimo de temperatura foi calculada a variação percentual da área equivalente em relação ao cenário base (acréscimo de temperatura igual a zero):

$$M(\Delta T) = \left[\frac{A_{eq}(\Delta T)}{A_{eq}(\Delta T = 0)} - 1 \right] \cdot 100 \tag{4.4}$$

Também foi calculado o deslocamento latitudinal da região núcleo em relação ao

cenário base. A distância entre os centroides das regiões núcleo projetadas em cada acréscimo de temperatura e a região núcleo do cenário base foi calculada em quilômetros, com valores negativos indicando um deslocamento para o sul. Os centroides para cada mês foram determinados pela expressão:

$$C(m) = \frac{\sum_{i=1}^{k} \left[Lat_i \cdot w_{i,m} \right]}{\sum_{i=1}^{k} w_{i,m}} \tag{4.5}$$

Onde:
Lat_i = latitude central da célula i
$w_{i,m}$ = fator de ponderação relativo a célula i e mês m

Importante destacar que o parâmetro de corte, diferentemente de um limiar, não estabelece uma divisão dicotômica, como por exemplo, ocorrência e não ocorrência ou habitat e não habitat. Há também uma diferença conceitual importante. Enquanto os limiares são usados para determinar a área de ocorrência de uma espécie, ou seu habitat adequado, o parâmetro de corte delimita uma área de principal ocorrência ou melhor habitat, aqui denominada de região núcleo. Assim, supomos que a região núcleo é o melhor estimador da alteração no habitat da espécie com as mudanças climáticas.

4.3 Resultados e discussão

A variação percentual no tamanho do habitat de vinte e oito espécies de peixes ósseos (teleósteo) e oito elasmobrânquios (tubarões e raias) estimada pelos modelos BRT, GAM e MAXENT para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano é sintetizada na Figura 4.2. Foram projetadas tanto reduções (variações negativas) quanto incrementos (variações positivas) no tamanho do habitat dessas espécies. Entretanto, houve uma concordância maior nas projeções dos três modelos somente para os casos de redução do habitat. Em ambos os grupos taxonômicos há um grupo de espécies em que as projeções convergem. No grupo de teleósteos, destacam-se *Micropogonias furnieri*, *Umbrina canosai* e *Cynoscion guatucupa*. Esses três cianídeos demersais constituem historicamente a maior parte dos desembarques da pesca comercial no Oceano Atlântico Sudoeste entre 29° e 34° S (HAIMOVICI et al., 1998). Enquanto no grupo de elasmobrânquios, destacam-se *Galeorhinus galeus*, *Mustelus schmitti* e *Squatina guggenheim*, espécies hoje ameaçadas e protegidas, mas que já foram intensamente exploradas até o colapso do rendimento dessas pescarias (VOO-

REN; KLIPPEL, 2005). Para estas espécies as análises foram aprofundadas.

Para *M. furnieri*, *U. canosai* e *C. guatucupa* os modelos BRT, GAM e MAXENT projetaram uma redução no tamanho do habitat de 5–16% com o acréscimo de 1 °C na temperatura do oceano e de 15–34% com o acréscimo de 2 °C (Figura 4.3). Enquanto para *G. galeus*, *M. schmitti* e *S. guggenheim*, foram projetadas reduções de 9–25% com o acréscimo de 1 °C na temperatura do oceano e de 10–38% com o acréscimo de 2 °C (Figura 4.4). Essas temperaturas correspondem aproximadamente às mudanças previstas pelos modelos de circulação global utilizando o cenário de emissão RCP 8.5 para os anos 2050 e 2100, respectivamente. Se for considerado o cenário sintético extremo, com o acréscimo de 3 °C na temperatura do oceano, a redução do habitat pode atingir 51%.

Tomando o mês de agosto como referência, o incremento da temperatura do oceano determina um deslocamento para o sul dos centroides das regiões núcleo de *M. furnieri*, *U. canosai* e *C. guatucupa* (Figura 4.5). Para um acréscimo de 2 °C o maior deslocamento ocorre nos centroides projetados para a região núcleo de *U. canosai*, chegando a 200 km. O mesmo ocorre com os elasmobrânquios *G. galeus*, *M. schmitti* e *S. guggenheim*, onde incremento da temperatura do oceano desloca para o sul os centroides das regiões núcleo das três espécies (Figura 4.6). Chama atenção a projeção do modelo BRT para *G. galeus*, onde para um acréscimo de somente 0,5 °C na temperatura do oceano o deslocamento para o sul supera 100 km.

As mudanças climáticas afetam as condições oceânicas, que por sua vez impactam os organismos marinhos e ecossistemas, com consequências às pescarias. Uma vez que a maiorias dos peixes preferem um intervalo específico de temperaturas, a expansão ou redução nos limites de distribuição das espécies normalmente coincide com mudanças de longo prazo na temperatura do oceano (OTTERSEN et al., 2004). Os ecossistemas marinhos podem ser afetados muito mais rapidamente que os terrestres devido à facilidade com que as espécies marinhas deslocam suas áreas de distribuição (SORTE et al., 2010). Em relação à atividade pesqueira isso pode significar que espécies-alvo movam-se para longe ou para perto das áreas onde as frotas operam, alterando a distância que as embarcações necessitam viajar e por sua vez o gasto de combustível e os dias de mar. O deslocamento das áreas de distribuição pode ainda cruzar fronteiras, tornando espécies comercialmente importantes indisponíveis à frotas nacionais (BADJECK et al., 2010). Os resultados do presente trabalho sinalizam uma redução no tamanho e o deslocamento para o sul das áreas de distribuição de pelo menos três espécies de importância para a pesca comercial no

sudeste-sul do Brasil. A perda do acesso à pesqueiros no Uruguai e Argentina pela frota brasileira na década de 1970 teve profundos reflexos econômicos e sociais no sul do Brasil (HAIMOVICI et al., 2014). Ainda que a magnitude e a velocidade dessas mudanças não sejam comparáveis, é razoável supor que as alterações previstas na distribuição dessas espécies possam ter consequências semelhantes.

A forte associação a determinadas faixas de profundidades pode restringir alterações na distribuição das espécies, limitando-as a habitat sub-ótimos em relação à temperatura do oceano (RUTTERFORD et al., 2015). No Mar do Norte muitas espécies responderam ao aquecimento do oceano com mudanças em suas abundâncias relativas sem necessariamente alterarem sua área de ocorrência (SIMPSON et al., 2011). Isto sugere que a metodologia utilizada não prevê muitos dos impactos potenciais das mudanças climáticas sobre o ecossistema marinho. Além disso, um pressuposto necessário ao projetar modelos de distribuição de espécies através do tempo é que o nicho de uma espécie permanece relativamente estável (ELITH; LEATHWICK, 2009). Ainda assim, os resultados do presente trabalho estabelecem bases para futuras investigações e podem ser utilizados em processos de tomada de decisão ao considerar os efeitos potenciais dos diferentes cenários de mudanças climáticas.

4.4 Conclusões

Embora a metodologia utilizada não preveja todos os impactos potenciais das mudanças climáticas sobre o ecossistema marinho. Os resultados do presente trabalho indicam que o aquecimento das águas do Oceano Atlântico Sudoeste pode levar a alterações significativas na distribuição de três espécies importantes da pesca demersal na plataforma sul do Brasil, além de outras três espécies hoje ameaçadas e protegidas. As mudanças projetadas incluem a redução de habitat adequados às espécies, considerando preferencias térmicas e de profundidade, e o deslocamento para o sul do centro das áreas de distribuição. A redução e o deslocamento do habitat dessas espécies podem diminuir a disponibilidade desses recursos pesqueiros a frotas nacionais com graves consequências econômicas e sociais.

Figura 4.2 - Variação percentual no tamanho do habitat das espécies para um acréscimo de 2°C na temperatura do oceano.

A variação percentual no tamanho do habitat foi estimada pela projeção da região núcleo com os modelos BRT, GAM e MAXENT. Em vermelho as variações negativas (decréscimo), enquanto em azul as variações positivas (aumento).

Fonte: Produção do autor.

Figura 4.3 - Variação percentual no tamanho do habitat de *C. guatucupa*, *M. furnieri* e *U. canosai* em relação ao acréscimo da temperatura do oceano.

A variação percentual no tamanho do habitat foi estimada pela projeção da região núcleo com os modelos BRT, GAM e MAXENT.

Fonte: Produção do autor.

Figura 4.4 - Variação percentual no tamanho do habitat de *G. galeus*, *M. schmitti* e *S. guggenheim* em relação ao acréscimo da temperatura do oceano.

A variação percentual no tamanho do habitat foi estimada pela projeção da região núcleo com os modelos BRT, GAM e MAXENT.

Fonte: Produção do autor.

Figura 4.5 - Deslocamento latitudinal da região núcleo de *C. guatucupa*, *M. furnieri* e *U. canosai* em relação ao acréscimo da temperatura do oceano.

O deslocamento em quilômetros foi calculado para o mês de agosto usando a projeção da região núcleo dos modelos BRT, GAM e MAXENT.

Fonte: Produção do autor.

Figura 4.6 - Deslocamento latitudinal da região núcleo de *G. galeus*, *M. schmitti* e *S. guggenheim* em relação ao acréscimo da temperatura do oceano.

O deslocamento em quilômetros foi calculado para o mês de agosto usando a projeção da região núcleo dos modelos BRT, GAM e MAXENT.

Fonte: Produção do autor.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Embora os modelos de distribuição de espécies sejam baseados em conceitos ecológicos como o nicho e a capacidade de suporte, esses modelos são representações simplificadas de processos ecológicos complexos e não incluem todos os fatores que influenciam a ocorrência ou a abundância das espécies. O ajuste dos modelos de distribuição de espécies depende da existência de uma forte associação entre as espécies e o habitat. No entanto, o habitat não é o único fator que determina a distribuição de uma espécie. Interações interespecíficas, tais como predação e competição podem ter efeitos significativos sobre a distribuição e abundância das espécies.

Esses modelos têm como premissa que determinadas variáveis ambientais podem explicar padrões e a variabilidade na ocorrência ou abundância das espécies. No entanto, eles são construídos sobre dados empíricos observacionais que resultam também de interações bióticas. Muitas das associações ajustadas podem ter origem nessas relações bióticas, mas são captadas por meio de variáveis ambientais. Essa característica pode limitar a capacidade de transferência desses modelos para outras regiões ou sua utilização na projeção de áreas de distribuição no futuro.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ACHA, E. M.; MIANZAN, H. W.; GUERRERO, R. A.; FAVERO, M.; BAVA, J. Marine fronts at the continental shelves of austral South America. **Journal of Marine Systems**, v. 44, n. 1-2, p. 83–105, jan. 2004. 35, 36

AMANTE, C.; EAKINS, B. W. **ETOPO1 1 arc-minute global relief model**: procedures, data sources and analysis. National Geophysical Data Center, NOAA, 2009. Disponível em: <http://www.ngdc.noaa.gov/mgg/global/global.html>. Acesso em: 07 ago. 2014. 14, 45, 60

AMARAL, A. C. Z.; JABLONSKI, S. Conservation of marine and coastal biodiversity in Brazil. **Conservation Biology**, v. 19, n. 3, p. 625–631, jun. 2005. 57

ANANDHI, A.; FREI, A.; PIERSON, D. C.; SCHNEIDERMAN, E. M.; ZION, M. S.; LOUNSBURY, D.; MATONSE, A. H. Examination of change factor methodologies for climate change impact assessment. **Water Resources Research**, v. 47, n. 3, p. W03501, mar. 2011. 58

ARAÚJO, M.; PETERSON, A. Uses and misuses of bioclimatic envelope modeling. **Ecology**, v. 93, n. 7, p. 1527–1539, 2012. 2

BADJECK, M.-C.; ALLISON, E. H.; HALLS, A. S.; DULVY, N. K. Impacts of climate variability and change on fishery-based livelihoods. **Marine Policy**, v. 34, n. 3, p. 375–383, maio 2010. 1, 63

BELKIN, I. M. Rapid warming of large marine ecosystems. **Progress in Oceanography**, v. 81, n. 1-4, p. 207–213, abr. 2009. 1

BOUSKA, K. L.; WHITLEDGE, G. W.; LANT, C. Development and evaluation of species distribution models for fourteen native central U.S. fish species. **Hydrobiologia**, v. 747, n. 1, p. 159–176, mar. 2015. 8, 51

BRIGGS, J. C. **Marine Zoogeography**. New York: McGrall-Hill, 1974. 475 p. 57

CARPENTER, G.; GILLISON, A.; WINTER, J. DOMAIN: a flexible modelling procedure for mapping potential distributions of plants and animals. **Biodiversity and Conservation**, v. 2, n. 6, p. 667–680, 1993. 2

CARTER, T. R.; PARRY, M. L.; HARASAWA, H.; NISHIOKA, S. **IPCC technical guidelines for assessing climate change impacts and**

adaptations. London/Tsukuba: University College London/Center for Global Environmental Research, 1994. 59 p. 2, 59

CHEUNG, W. W.; LAM, V. W.; SARMIENTO, J. L.; KEARNEY, K.; WATSON, R.; PAULY, D. Projecting global marine biodiversity impacts under climate change scenarios. **Fish and Fisheries**, v. 10, n. 3, p. 235–251, set. 2009. 3

CHEUNG, W. W. L.; LAM, V. W.; PAULY, D. Modelling present and climate-shifted distribution of marine fishes and invertebrates. **Fisheries Centre Research Reports**, v. 16, n. 3, p. 1–72, 2008. 2, 3

CHEUNG, W. W. L.; MEEUWIG, J. J.; FENG, M.; HARVEY, E.; LAM, V. W. Y.; LANGLOIS, T.; SLAWINSKI, D.; SUN, C.; PAULY, D. Climate-change induced tropicalisation of marine communities in Western Australia. **Marine and Freshwater Research**, v. 63, n. 5, p. 415–427, 2012. 1

CHEUNG, W. W. L.; PINNEGAR, J.; MERINO, G.; JONES, M. C.; BARANGE, M. Review of climate change impacts on marine fisheries in the UK and Ireland. **Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems**, v. 22, n. 3, p. 368–388, maio 2012. 1

CHEUNG, W. W. L.; WATSON, R.; PAULY, D. Signature of ocean warming in global fisheries catch. **Nature**, v. 497, n. 7449, p. 365–368, maio 2013. 1

CIOTTI, Á. M.; ODEBRECHT, C.; FILLMANN, G.; MOLLER, O. O. Freshwater outflow and Subtropical Convergence influence on phytoplankton biomass on the southern Brazilian continental shelf. **Continental Shelf Research**, v. 15, n. 14, p. 1737–1756, dez. 1995. 9, 35, 37

COCHRANE, K.; YOUNG, C. D.; SOTO, D.; BAHRI, T. (Ed.). **Climate change implications for fisheries and aquaculture**: overview of current scientific knowledge. Rome: FAO, 2009. 212 p. (FAO Fisheries and Aquaculture Technical Paper, 530). 1

COLONELLO, J. H.; LUCIFORA, L. O.; MASSA, A. M. Reproduction of the angular angel shark (Squatina guggenheim): geographic differences, reproductive cycle, and sexual dimorphism. **ICES Journal of Marine Science**, v. 64, n. 1, p. 131–140, 2007. 35

CORTÉS, F.; JAUREGUIZAR, A. J.; MENNI, R. C.; GUERRERO, R. A. Ontogenetic habitat preferences of the narrownose smooth-hound shark, Mustelus

schmitti, in two Southwestern Atlantic coastal areas. **Hydrobiologia**, v. 661, n. 1, p. 445–456, fev. 2011. 11, 34

ELITH, J.; GRAHAM, C. H.; NCEAS Modeling Group. Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. **Ecography**, v. 29, n. 2, p. 129–151, abr. 2006. 2, 5, 6, 8, 39, 40, 50, 51

ELITH, J.; KEARNEY, M.; PHILLIPS, S. The art of modelling range-shifting species. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 1, n. 4, p. 330–342, dez. 2010. 45

ELITH, J.; LEATHWICK, J. R. Species distribution models: Ecological explanation and prediction across space and time. **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics**, v. 40, n. 1, p. 677–697, dez. 2009. 2, 7, 13, 37, 39, 64

ELITH, J.; LEATHWICK, J. R.; HASTIE, T. A working guide to boosted regression trees. **Journal of Animal Ecology**, v. 77, n. 4, p. 802–813, jul. 2008. 5, 14, 15, 16, 40, 43

ELITH, J.; PHILLIPS, S. J.; HASTIE, T.; DUDÍK, M.; CHEE, Y. E.; YATES, C. J. A statistical explanation of MaxEnt for ecologists. **Diversity and Distributions**, v. 17, n. 1, p. 43–57, jan. 2011. 4, 39, 40

FIGUEIREDO, J. L. **Estudo das distribuições endêmicas de peixes da Província Zoogeográfica Marinha Argentina**. 121 p. Tese (Doutorado) — Instituto de Biociências da USP, São Paulo, SP, 1981. 57

FIGUEIREDO JÚNIOR, A. G.; MADUREIRA, L. S. P. **Topografia, composição, refletividade do substrato marinho e identificação de províncias sedimentares na Região Sudeste-Sul do Brasil**. São Paulo: Instituto Oceanográfico, 2004. 64 p. (Série Documentos REVIZEE, SCORE Sul). 8, 14, 33

FRANKLIN, J. **Mapping species distributions**: spatial inference and prediction. Colaborou Jennifer A. Miller. Cambridge: Cambridge University Press, 2009. 320 p. (Ecology, biodiversity and conservation). 2, 3, 7, 8, 17, 36

FROESE, R.; PAULY, D. **FishBase**: World wide web electronic publication. www.fishbase.org, version (01/2016). 2016. Disponível em: <`www.fishbase.org`>. Acesso em: 30 jan. 2016. 39

GONZÁLEZ-IRUSTA, J. M.; GONZÁLEZ-PORTO, M.; SARRALDE, R.; ARRESE, B.; ALMÓN, B.; MARTÍN-SOSA, P. Comparing species distribution models: a case study of four deep sea urchin species. **Hydrobiologia**, v. 745, n. 1, p. 43–57, fev. 2015. 39, 50, 51

GUISAN, A.; EDWARDS, T. C.; HASTIE, T. Generalized linear and generalized additive models in studies of species distributions: setting the scene. **Ecological Modelling**, v. 157, p. 89–100, 2002. 4, 40, 50

GUISAN, A.; THUILLER, W. Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. **Ecology Letters**, v. 8, n. 9, p. 993–1009, set. 2005. 7, 39

GUISAN, A.; ZIMMERMANN, N. E. Predictive habitat distribution models in ecology. **Ecological Modelling**, v. 135, n. 2-3, p. 147–186, dez. 2000. 2, 4, 7, 8, 11, 17, 39, 47

HAIMOVICI, M. Teleósteos demersais e bentônicos. In: SEELIGER, U.; ODEBRECHT, C.; CASTELLO, J. P. (Ed.). **Os ecossistemas costeiro e marinho do extremo sul do Brasil**. Rio Grande: Ecoscientia, 1998. p. 143–152. 57

HAIMOVICI, M.; ÁVILA DA SILVA, A. O.; MIRANDA, L. V. M.; KLIPPEL, S. Prospecções na região sudeste-sul. In: HAIMOVICI, M. (Org.). **A prospecção pesqueira e abundância de estoques marinhos no Brasil nas décadas de 1960 a 1990**: levantamento de dados e avaliação crítica. Brasília: MMA/SMCQ, 2007. p. 35–73. 9, 11, 41

HAIMOVICI, M.; CASTELLO, J. P.; ABDALLAH, P. R. Desenvolvimento da pesca industrial sediada em Rio Grande: uma visão histórica sob a ótica de atores provilegiados. In: HAIMOVICI, M.; FILHO, J. M. A.; SUNYÉ, P. S. (Ed.). **A pesca marinha e estuarina no Brasil**: estudos de caso multidisciplinares. Rio Grande: Editora da FURG, 2014. p. 17–28. 64

HAIMOVICI, M.; CASTELLO, J. P.; VOOREN, C. Pescarias. In: SEELIGER, U.; ODEBRECHT, C.; CASTELLO, J. P. (Ed.). **Os ecossistemas costeiro e marinho do extremo sul do Brasil**. Rio Grande: Ecoscientia, 1998. p. 205–218. 57, 62

HAIMOVICI, M.; FISCHER, L. G.; WONGTSCHOWSKI, C. L. R.; BERNARDES, R. A.; SANTOS, R. A. Biomass and fishing potential yield of demersal resources from the outer shelf and upper slope of southern Brazil. **Latin**

American Journal of Aquatic Research, v. 37, n. 3, p. 395–408, nov. 2009. 9, 11, 41

HARE, J. A.; MANDERSON, J. P.; NYE, J. A.; ALEXANDER, M. A.; AUSTER, P. J.; BORGGAARD, D. L.; CAPOTONDI, A. M.; DAMON-RANDALL, K. B.; HEUPEL, E.; MATEO, I.; O'BRIEN, L.; RICHARDSON, D. E.; STOCK, C. A.; BIEGEL, S. T. Cusk (Brosme brosme) and climate change: assessing the threat to a candidate marine fish species under the US Endangered Species Act. **ICES Journal of Marine Science**, v. 69, n. 10, p. 1753–1768, dez. 2012. 58

HASTIE, T. **gam: Generalized Additive Models. R package version 1.12**. 2015. Disponível em: <http://CRAN.R-project.org/package=gam>. Acesso em: 11 out. 2015. 43

HASTIE, T.; TIBSHIRANI, R.; FRIEDMAN, J. H. **The elements of statistical learning**: data mining, inference, and prediction. 2. ed. New York, NY: Springer, 2009. 745 p. (Springer series in statistics). 4, 5, 8, 14, 15, 16, 17, 40, 43, 47

HAZEN, E. L.; JORGENSEN, S.; RYKACZEWSKI, R. R.; BOGRAD, S. J.; FOLEY, D. G.; JONSEN, I. D.; SHAFFER, S. A.; DUNNE, J. P.; COSTA, D. P.; CROWDER, L. B.; BLOCK, B. A. Predicted habitat shifts of Pacific top predators in a changing climate. **Nature Climate Change**, v. 3, n. 3, p. 234–238, set. 2012. 1, 43

HIJMANS, R. J.; GRAHAM, C. H. The ability of climate envelope models to predict the effect of climate change on species distributions. **Global Change Biology**, v. 12, n. 12, p. 2272–2281, dez. 2006. 5, 6, 37, 39, 40, 50

HIJMANS, R. J.; PHILLIPS, S.; LEATHWICK, J.; ELITH, J. **dismo: Species Distribution Modeling. R package version 1.0-12.** 2015. Disponível em: <http://CRAN.R-project.org/package=dismo>. Acesso em: 11 out. 2015. 43, 45

HIRZEL, A. H.; HAUSSER, J.; CHESSEL, D.; PERRIN, N. Ecological-niche factor analysis: how to compute habitat-suitability maps without absence data? **Ecology**, v. 83, n. 7, p. 2027–2036, jul. 2002. 50

HOLLOWED, A. B.; BARANGE, M.; BEAMISH, R. J.; BRANDER, K.; COCHRANE, K.; DRINKWATER, K.; FOREMAN, M. G. G.; HARE, J. A.; HOLT, J.; ITO, S.-i.; KIM, S.; KING, J. R.; LOENG, H.; MACKENZIE, B. R.; MUETER, F. J.; OKEY, T. A.; PECK, M. A.; RADCHENKO, V. I.; RICE, J. C.; SCHIRRIPA, M. J.; YATSU, A.; YAMANAKA, Y. Projected impacts of climate

change on marine fish and fisheries. **ICES Journal of Marine Science**, v. 70, n. 5, p. 1023–1037, jul. 2013. 1

HOLLOWED, A. B.; CURCHITSER, E. N.; STOCK, C. A.; ZHANG, C. I. Trade-offs associated with different modeling approaches for assessment of fish and shellfish responses to climate change. **Climatic Change**, v. 119, n. 1, p. 111–129, jul. 2013. 37, 57

HOSMER, D. W.; LEMESHOW, S. **Applied logistic regression**. 2. ed. New York: Wiley, 2000. 373 p. (Wiley series in probability and statistics). 17, 36, 47, 48

IBAMA. **Peixes demersais**. Brasília: IBAMA/MMA, 1995. 126 p. (Série Estudos Pesca, Coleção Meio Ambiente). 7

JAMES, G.; WITTEN, D.; HASTIE, T.; TIBSHIRANI, R. **An introduction to statistical learning**: with applications in R. New York: Springer, 2013. 426 p. (Springer texts in statistics, 103). 43

JONES, M. C.; DYE, S. R.; FERNANDES, J. A.; FRÖLICHER, T. L.; PINNEGAR, J. K.; WARREN, R.; CHEUNG, W. W. L. Predicting the impact of climate change on threatened species in UK waters. **PLoS ONE**, v. 8, n. 1, p. e54216, jan. 2013. 1

JONES, M. C.; DYE, S. R.; PINNEGAR, J. K.; WARREN, R.; CHEUNG, W. W. Modelling commercial fish distributions: Prediction and assessment using different approaches. **Ecological Modelling**, v. 225, p. 133–145, jan. 2012. 2, 39, 46, 60

KASCHNER, K.; WATSON, R.; TRITES, A. W.; PAULY, D. Mapping world-wide distributions of marine mammal species using a relative environmental suitability (RES) model. **Marine Ecology Progress Series**, v. 316, p. 285–310, 2006. 2, 3, 39, 40, 45, 46

KLEMAS, V. Fisheries applications of remote sensing: an overview. **Fisheries Research**, v. 148, p. 124–136, nov. 2013. 37

KLIPPEL, S.; AMARAL, S.; VINHAS, L. Development and evaluation of species distribution models for five endangered elasmobranchs in southwestern Atlantic. **Hydrobiologia**, v. 779, n. 1, p. 11–33, out. 2016. 7, 41

KNUDBY, A.; BRENNING, A.; LEDREW, E. New approaches to modelling fish–habitat relationships. **Ecological Modelling**, v. 221, n. 3, p. 503–511, fev. 2010. 8, 51

LEATHWICK, J.; ELITH, J.; FRANCIS, M.; HASTIE, T.; TAYLOR, P. Variation in demersal fish species richness in the oceans surrounding New Zealand: an analysis using boosted regression trees. **Marine Ecology Progress Series**, v. 321, p. 267–281, set. 2006. 8, 14, 33, 51

LEATHWICK, J. R.; ELITH, J.; CHADDERTON, W. L.; ROWE, D.; HASTIE, T. Dispersal, disturbance and the contrasting biogeographies of New Zealand's diadromous and non-diadromous fish species. **Journal of Biogeography**, v. 35, n. 8, p. 1481–1497, ago. 2008. 16

LESSA, R. P.; VOOREN, C. M.; LAHAYE, J. Desenvolvimento e ciclo sexual das fêmeas, migrações e fecundidade da viola Rhinobatos horkelii (Mueller & Henle, 1841) do Sul do Brasil. **Atlântica**, v. 8, p. 5–34, 1986. 36

LIMA, I. D.; GARCIA, C. A.; MÖLLER, O. O. Ocean surface processes on the southern Brazilian shelf: characterization and seasonal variability. **Continental Shelf Research**, v. 16, n. 10, p. 1307–1317, ago. 1996. 9, 34

LIU, C.; WHITE, M.; NEWELL, G. Measuring and comparing the accuracy of species distribution models with presence-absence data. **Ecography**, v. 34, n. 2, p. 232–243, abr. 2011. 17, 47, 48, 60

LOCARNINI, R. A.; MISHONOV, A. V.; ANTONOV, J. I.; BOYER, T. P.; GARCIA, H. E.; BARANOVA, O. K.; ZWENG, M. M.; PAVER, C. R.; REAGAN, J. R.; JOHNSON, D. R.; HAMILTON, M.; SEIDOV, D. **World Ocean Atlas 2013, Volume 1**: Temperature. [s.n.], 2013. 40 p. Disponível em: <http://www.nodc.noaa.gov/OC5/woa13/>. Acesso em: 07 ago. 2014. 14, 41, 45

LUCIFORA, L. O.; GARCÍA, V. B.; MENNI, R. C.; WORM, B. Spatial patterns in the diversity of sharks, rays, and chimaeras (Chondrichthyes) in the Southwest Atlantic. **Biodiversity and Conservation**, v. 21, n. 2, p. 407–419, fev. 2012. 35

LUCIFORA, L. O.; MENNI, R. C.; ESCALANTE, A. H. Reproductive biology of the school shark, Galeorhinus galeus, off Argentina: support for a single south western Atlantic population with synchronized migratory movements. **Environmental Biology of Fishes**, v. 71, p. 199–209, 2004. 34, 35

MACKENZIE, D. I.; NICHOLS, J. D.; LACHMAN, G. B.; DROEGE, S.; ROYLE, J. A.; LANGTIMM, C. A. Estimating site occupancy rates when detection probabilities are less than one. **Ecology**, v. 83, n. 8, p. 2248–2255, ago. 2002. 50, 52

MACLEOD, C. D.; MANDLEBERG, L.; SCHWEDER, C.; BANNON, S. M.; PIERCE, G. J. A comparison of approaches for modelling the occurrence of marine animals. **Hydrobiologia**, v. 612, n. 1, p. 21–32, out. 2008. 39, 50, 51

MARTIN, C.; VAZ, S.; ELLIS, J.; LAURIA, V.; COPPIN, F.; CARPENTIER, A. Modelled distributions of ten demersal elasmobranchs of the eastern English Channel in relation to the environment. **Journal of Experimental Marine Biology and Ecology**, v. 418-419, p. 91–103, maio 2012. 7, 11, 13, 33, 34

MAZZOLENI, R. C.; SCHWINGEL, P. R. Elasmobranch species landed in Itajaí harbor, southern Brazil. **Notas Técnicas Facimar**, v. 3, p. 111–118, 1999. 36

MENDOZA, M.; GARRIDO, D.; BELLIDO, J. M. Factors affecting the fishing impact on cartilaginous fishes in southeastern Spain (western Mediterranean Sea). **Scientia Marina**, v. 78, n. S1, p. 67–76, mar. 2014. 8

MENNI, R. C.; JAUREGUIZAR, A. J.; STEHMANN, M. F. W.; LUCIFORA, L. O. Marine biodiversity at the community level: zoogeography of sharks, skates, rays and chimaeras in the southwestern Atlantic. **Biodiversity and Conservation**, v. 19, n. 3, p. 775–796, mar. 2010. 13, 33, 34, 41

MENNI, R. C.; STEHMANN, M. F. W. Distribution, environment and biology of batoid fishes off Argentina, Uruguay and Brazil, a review. **Rev. Mus. Argentino Cienc. Nat.**, v. 2, n. 1, p. 69–109, 2000. 11

MIRANDA, L. V.; VOOREN, C. M. Captura e esforço de pesca de elasmobrânquios demersais no sul do Brasil nos anos de 1975 a 1997. **Frente Marítimo**, v. 19, p. 217–231, 2003. 7

MONK, J. How long should we ignore imperfect detection of species in the marine environment when modelling their distribution? **Fish and Fisheries**, v. 15, n. 2, p. 352–358, jun. 2014. 50

MUSICK, J. A.; BERKELEY, S. A.; CAILLIET, G. M.; CAMHI, M.; HUNTSMAN, G.; NAMMACK, M.; WARREN, M. L. Protection of marine fish stocks at risk of extinction. **Fisheries**, v. 25, n. 3, p. 6–8, mar. 2000. 7

MUSICK, J. A.; BURGESS, G.; CAILLIET, G.; CAMHI, M.; FORDHAM, S. Management of sharks and their relatives (Elasmobranchii). **Fisheries**, v. 25, n. 3, p. 9–13, mar. 2000. 7

NASA. **SeaWiFS Ocean Color Data**. NASA Goddard Space Flight Center, Ocean Ecology Laboratory, Ocean Biology Processing Group, 2014. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.5067/ORBVIEW-2/SEAWIFS_OC.2014.0>. Acesso em: 30 jun. 2015. 13

NENZÉN, H.; ARAÚJO, M. Choice of threshold alters projections of species range shifts under climate change. **Ecological Modelling**, v. 222, n. 18, p. 3346–3354, set. 2011. 60

NETELER, M.; MITASOVA, H. **OPEN SOURCE GIS**: A GRASS GIS approach. 3. ed. [S.l.]: Springer, 2008. 406 p. 14

NIX, H. A. A biogeographic analysis of Australian elapid snakes. In: **Atlas of Elapid Snakes of Australia**. Canberra: Australian Government Publishing Service, 1986, (Australian Flora and Fauna Series, 7). p. 4–15. 2

OBIS. **Ocean Biogeographic Information System**. 2015. Disponível em: <www.iobis.org>. Acesso em: 11 out. 2015. 39, 41

ODDONE, M. C.; PAESCH, L.; NORBIS, W. Reproductive biology and seasonal distribution of Mustelus schmitti (Elasmobranchii: Triakidae) in the Rio de la Plata oceanic front, south-western Atlantic. **J. Mar. Biol. Ass. U.K.**, v. 85, p. 1193–1198, 2005. 34, 35

OTTERSEN, G.; ALHEIT, J.; DRINKWATER, K.; FRIEDLAND, K.; HAGEN, E.; STENSETH, N. C. The responses of fish populations to ocean climate fluctuations. In: STENSETH, N. C.; OTTERSEN, G.; HURRELL, J. W.; BELGRANO, A. (Ed.). **Marine ecosystems and climate variation**. [S.l.]: Oxford University Press, 2004. p. 73–94. 63

PAGLIA, A. P.; REZENDE, D. T. d.; KOCH, I.; KORTZ, A. R.; DONATTI, C. Modelos de distribuição de espécies em estratégias para a conservação da biodiversidade e para adaptação baseada em ecossistemas frente a mudanças climáticas. **Natureza & Conservação**, v. 10, n. 2, p. 231–234, 2012. 2

PALACIO, F. J. Revisón zoogeografica marina del sur de Brasil. **Bolm Inst. Oceanogr., São Paulo**, v. 31, n. 1, p. 69–92, 1982. 57

PEARCE, J.; FERRIER, S. Evaluating the predictive performance of habitat models developed using logistic regression. **Ecological Modelling**, v. 133, n. 3, p. 225–245, set. 2000. 16, 17, 37, 47, 51

PENNINO, M. G.; MUÑOZ, F.; CONESA, D.; LÓPEZ-QU?LEZ, A.; BELLIDO, J. M. Modeling sensitive elasmobranch habitats. **Journal of Sea Research**, v. 83, p. 209–218, out. 2013. 8, 11, 13, 33, 34

PEREIRA, A. A. **Projeções futuras do oceano Atlântico Sudoeste em dois cenários de aquecimento global**. 154 p. Dissertação (Mestrado) — Instituto Oceanográfico da Universidade de São Paulo, São Paulo, 2011. 1

PERES, M. B.; VOOREN, C. Sexual development, reproductive cycle, and fecundity of the school shark Galeorhinus galeus off Southern Brazil. **Fishery Bulletin**, v. 89, n. 4, p. 655–667, 1991. 34, 35

PERRY, A. L.; LOW, P. J.; ELLIS, J. R.; REYNOLDS, J. D. Climate change and distribution shifts in marine fishes. **Science**, v. 308, n. 5730, p. 1912–1915, jun. 2005. 1

PETERSON, A. T.; SOBERÓN, J.; PEARSON, R. G.; ANDERSON, R. P.; MARTÍNEZ-MEYER, E.; NAKAMURA, M.; ARAÚJO, M. B. **Ecological niches and geographic distributions**. Princeton, N.J: Princeton University Press, 2011. 314 p. (Monographs in population biology, 49). 2

PHILLIPS, S. J.; ANDERSON, R. P.; SCHAPIRE, R. E. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. **Ecological Modelling**, v. 190, n. 3-4, p. 231–259, jan. 2006. 4, 39, 40, 45, 51

PHILLIPS, S. J.; DUDÍK, M. Modeling of species distributions with Maxent: new extensions and a comprehensive evaluation. **Ecography**, v. 31, n. 2, p. 161–175, abr. 2008. 40, 45, 46

PHILLIPS, S. J.; DUDÍK, M.; ELITH, J.; GRAHAM, C. H.; LEHMANN, A.; LEATHWICK, J.; FERRIER, S. Sample selection bias and presence-only distribution models: implications for background and pseudo-absence data. **Ecological Applications**, v. 19, n. 1, p. 181–197, jan. 2009. 40, 45, 51

PIOLA, A. R.; CAMPOS, E. J. D.; MÖLLER, O. O.; CHARO, M.; MARTINEZ, C. Subtropical shelf front off eastern South America. **Journal of Geophysical Research**, v. 105, n. C3, p. 6565, 2000. 9, 36

R CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. Vienna, Austria: [s.n.], 2015. Disponível em: <http://www.R-project.org/>. Acesso em: 11 out. 2015. 14, 43

READY, J.; KASCHNER, K.; SOUTH, A. B.; EASTWOOD, P. D.; REES, T.; RIUS, J.; AGBAYANI, E.; KULLANDER, S.; FROESE, R. Predicting the distributions of marine organisms at the global scale. **Ecological Modelling**, v. 221, n. 3, p. 467–478, fev. 2010. 3, 5, 39, 40, 45, 46, 50, 51, 52

REYNOLDS, R. W.; SMITH, T. M.; LIU, C.; CHELTON, D. B.; CASEY, K. S.; SCHLAX, M. G. Daily high-resolution-blended analyses for sea surface temperature. **Journal of Climate**, v. 20, n. 22, p. 5473–5496, nov. 2007. 13

RIDGEWAY, G. **gbm: Generalized Boosted Regression Models. R package version 2.1.1**. 2015. Disponível em: <http://CRAN.R-project.org/package=gbm>. Acesso em: 11 out. 2015. 14, 33, 43

RUTTERFORD, L. A.; SIMPSON, S. D.; JENNINGS, S.; JOHNSON, M. P.; BLANCHARD, J. L.; SCHÖN, P.-J.; SIMS, D. W.; TINKER, J.; GENNER, M. J. Future fish distributions constrained by depth in warming seas. **Nature Climate Change**, v. 5, p. 569–573, 2015. 41, 43, 64

SANTOS, A. P. Fisheries oceanography using satellite and airborne remote sensing methods: a review. **Fisheries Research**, v. 49, n. 1, p. 1–20, nov. 2000. 37

SHERMAN, K.; BELKIN, I. M.; FRIEDLAND, K. D.; O'REILLY, J.; HYDE, K. Accelerated warming and emergent trends in fisheries biomass yields of the world's large marine ecosystems. **AMBIO: A Journal of the Human Environment**, v. 38, n. 4, p. 215–224, jun. 2009. 9

SILLERO, N. What does ecological modelling model? A proposed classification of ecological niche models based on their underlying methods. **Ecological Modelling**, v. 222, n. 8, p. 1343–1346, abr. 2011. 7

SIMPFENDORFER, C. A.; HEUPEL, M. R. Assessing habitat use and movement. In: CARRIER, J.; MUSICK, J.; HEITHAUS, M. (Ed.). **Biology of sharks and their relatives**. [S.l.]: CRC Press, 2004. p. 553–572. 13, 36

SIMPSON, S. D.; JENNINGS, S.; JOHNSON, M. P.; BLANCHARD, J. L.; SCHÖN, P.-J.; SIMS, D. W.; GENNER, M. J. Continental shelf-wide response of a fish assemblage to rapid warming of the sea. **Current Biology**, v. 21, n. 18, p. 1565–1570, set. 2011. 1, 64

SORTE, C. J. B.; WILLIAMS, S. L.; CARLTON, J. T. Marine range shifts and species introductions: comparative spread rates and community impacts. **Global Ecology and Biogeography**, v. 19, n. 3, p. 303–316, maio 2010. 63

STUART, V.; PLATT, T.; SATHYENDRANATH, S. The future of fisheries science in management: a remote-sensing perspective. **ICES Journal of Marine Science**, v. 68, n. 4, p. 644–650, mar. 2011. 37

VALAVANIS, V. D.; PIERCE, G. J.; ZUUR, A. F.; PALIALEXIS, A.; SAVELIEV, A.; KATARA, I.; WANG, J. Modelling of essential fish habitat based on remote sensing, spatial analysis and GIS. **Hydrobiologia**, v. 612, n. 1, p. 5–20, ago. 2008. 2, 8, 13, 37, 39, 40, 43

VÖGLER, R.; MILESSI, A. C.; QUIÑONES, R. A. Influence of environmental variables on the distribution of Squatina guggenheim (Chondrichthyes, Squatinidae) in the Argentine–Uruguayan Common Fishing Zone. **Fisheries Research**, v. 91, n. 2-3, p. 212–221, jun. 2008. 11, 34, 35, 36

VOOREN, C.; KLIPPEL, S. (Ed.). **Ações para a conservação de tubarões e raias no sul do Brasil**. Porto Alegre: Igaré, 2005. 262 p. 7, 9, 11, 35, 36, 41, 63

VOOREN, C. M. Demersal Elasmobranchs. In: SEELIGER, U.; ODEBRECHT, C.; CASTELLO, J. P. (Ed.). **Subtropical convergence environments: the coast and sea in the southwestern Atlantic**. Berlin, Heidelberg: Springer, 1997. p. 141–146. 7, 34, 35, 57

VUUREN, D. P.; EDMONDS, J.; KAINUMA, M.; RIAHI, K.; THOMSON, A.; HIBBARD, K.; HURTT, G. C.; KRAM, T.; KREY, V.; LAMARQUE, J.-F.; MASUI, T.; MEINSHAUSEN, M.; NAKICENOVIC, N.; SMITH, S. J.; ROSE, S. K. The representative concentration pathways: an overview. **Climatic Change**, v. 109, n. 1-2, p. 5–31, nov. 2011. 58

WALTHER, G.-R.; POST, E.; CONVEY, P.; MENZEL, A.; PARMESAN, C.; BEEBEE, T. J. C.; FROMENTIN, J.-M.; HOEGH-GULDBERG, O.; BAIRLEIN, F. Ecological responses to recent climate change. **Nature**, v. 416, n. 6879, p. 389–395, 2002. 1

WARREN, D. L.; SEIFERT, S. N. Ecological niche modeling in Maxent: the importance of model complexity and the performance of model selection criteria. **Ecological Applications**, v. 21, n. 2, p. 335–342, mar. 2011. 45

ZUUR, A. F.; IENO, E. N.; ELPHICK, C. S. A protocol for data exploration to avoid common statistical problems. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 1, n. 1, p. 3–14, mar. 2010. 16

ZWENG, M. M.; REAGAN, J. R.; ANTONOV, J. I.; LOCARNINI, R. A.; MISHONOV, A. V.; BOYER, T. P.; GARCIA, H. E.; BARANOVA, O. K.; JOHNSON, D. R.; SEIDOV, D.; BIDDLE, M. M. **World Ocean Atlas 2013, Volume 2**: Salinity. [s.n.], 2013. 39 p. Disponível em: <http://www.nodc.noaa.gov/OC5/woa13/>. Acesso em: 07 ago. 2014. 14

APÊNDICE A - MAPAS COM A DISTRIBUIÇÃO ATUAL E PROJETADA DAS ESPÉCIES

A.1 *Antigonia capros*

Tabela A.1 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *A. capros*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,91 (0,022)	0,68 (0,039)	`n.trees = 1250 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,91 (0,02)	0,66 (0,036)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,86 (0,02)	0,57 (0,031)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=0.02`

Figura A.1 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Antigonia capros* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.2 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Antigonia capros* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.3 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Antigonia capros* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.2 *Argentina striata*

Tabela A.2 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *A. striata*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,85 (0,016)	0,58 (0,028)	`n.trees = 2650 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,82 (0,014)	0,53 (0,028)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,72 (0,024)	0,38 (0,036)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=2.20`

Figura A.4 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Argentina striata* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.5 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Argentina striata* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.6 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Argentina striata* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.3 *Ariomma bondi*

Tabela A.3 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *A. bondi*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,82 (0,024)	0,5 (0,045)	`n.trees = 2250 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,82 (0,023)	0,5 (0,041)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,76 (0,02)	0,34 (0,023)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=4.60`

Figura A.7 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Ariomma bondi* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.8 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Ariomma bondi* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.9 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Ariomma bondi* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.4 *Balistes capriscus*

Tabela A.4 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *B. capriscus*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,84 (0,034)	0,45 (0,054)	`n.trees = 1000 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.005 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,84 (0,025)	0,41 (0,047)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,84 (0,032)	0,4 (0,059)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=0.05`

Figura A.10 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Balistes capriscus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.11 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Balistes capriscus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.12 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Balistes capriscus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.5 *Bembrops heterurus*

Tabela A.5 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *B. heterurus*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,84 (0,012)	0,58 (0,023)	`n.trees = 4100 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,81 (0,016)	0,52 (0,028)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,77 (0,02)	0,47 (0,032)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=2.20`

Figura A.13 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Bembrops heterurus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.14 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Bembrops heterurus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.15 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Bembrops heterurus* no cenário base e para um acréscimo de 2 ℃ na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.6 *Coelorinchus marinii*

Tabela A.6 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *C. marinii*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,97 (0,012)	0,87 (0,019)	`n.trees = 1300 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.005 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,97 (0,012)	0,87 (0,023)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,94 (0,01)	0,82 (0,017)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=4.60`

Figura A.16 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Coelorinchus marinii* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.17 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Coelorinchus marinii* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.18 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Coelorinchus marinii* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.7 *Conger orbignianus*

Tabela A.7 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *C. orbignianus*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,84 (0,017)	0,52 (0,028)	`n.trees = 1200 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,83 (0,018)	0,5 (0,027)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,79 (0,016)	0,42 (0,023)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=0.46`

Figura A.19 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Conger orbignianus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.20 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Conger orbignianus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.21 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Conger orbignianus* no cenário base e para um acréscimo de 2°C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.8 *Ctenosciaena gracilicirrhus*

Tabela A.8 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *C. gracilicirrhus*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,86 (0,016)	0,6 (0,031)	`n.trees = 2050 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,87 (0,014)	0,6 (0,031)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,8 (0,014)	0,48 (0,026)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=0.46`

Figura A.22 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Ctenosciaena gracilicirrhus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.23 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Ctenosciaena gracilicirrhus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.24 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Ctenosciaena gracilicirrhus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.9 *Cynoscion guatucupa*

Tabela A.9 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *C. guatucupa*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,79 (0,008)	0,52 (0,012)	`n.trees = 4200 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,78 (0,007)	0,49 (0,01)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,75 (0,007)	0,45 (0,01)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=0.10`

Figura A.25 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Cynoscion guatucupa* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.26 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Cynoscion guatucupa* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.27 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Cynoscion guatucupa* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.10 *Galeorhinus galeus*

Tabela A.10 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *G. galeus*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,8 (0,013)	0,52 (0,024)	`n.trees = 2300 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,79 (0,013)	0,5 (0,023)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,79 (0,013)	0,51 (0,022)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=0.10`

Figura A.28 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Galeorhinus galeus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.29 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Galeorhinus galeus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.30 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Galeorhinus galeus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.11 *Helicolenus lahillei*

Tabela A.11 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *H. lahillei*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,88 (0,022)	0,66 (0,043)	`n.trees = 3200 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,87 (0,023)	0,64 (0,038)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,79 (0,013)	0,47 (0,026)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=0.22`

Figura A.31 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Helicolenus lahillei* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.32 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Helicolenus lahillei* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.33 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Helicolenus lahillei* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.12 *Macrodon atricauda*

Tabela A.12 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *M. atricauda*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,96 (0,005)	0,82 (0,015)	`n.trees = 3450 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,96 (0,006)	0,81 (0,017)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,94 (0,006)	0,79 (0,013)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=2.20`

Figura A.34 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Macrodon atricauda* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.35 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Macrodon atricauda* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.36 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Macrodon atricauda* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.13 *Malacocephalus occidentalis*

Tabela A.13 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *M. occidentalis*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,95 (0,014)	0,8 (0,039)	`n.trees = 1450 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,95 (0,016)	0,81 (0,038)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,91 (0,018)	0,73 (0,034)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=2.20`

Figura A.37 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Malacocephalus occidentalis* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.38 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Malacocephalus occidentalis* no cenário base e para um acréscimo de 2°C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.39 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Malacocephalus occidentalis* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.14 *Micropogonias furnieri*

Tabela A.14 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *M. furnieri*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,86 (0,006)	0,62 (0,011)	`n.trees = 2100 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,86 (0,007)	0,62 (0,013)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,84 (0,007)	0,58 (0,01)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=1.00`

Figura A.40 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Micropogonias furnieri* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.41 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Micropogonias furnieri* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.42 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Micropogonias furnieri* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.15 *Mullus argentinae*

Tabela A.15 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *M. argentinae*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,84 (0,013)	0,58 (0,023)	`n.trees = 6050 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,82 (0,016)	0,55 (0,025)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,81 (0,014)	0,54 (0,02)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=0.22`

Figura A.43 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Mullus argentinae* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.44 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Mullus argentinae* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.45 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Mullus argentinae* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.16 *Mustelus schmitti*

Tabela A.16 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *M. schmitti*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,79 (0,012)	0,51 (0,022)	`n.trees = 2000 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,79 (0,012)	0,49 (0,021)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,77 (0,012)	0,47 (0,02)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=4.60`

Figura A.46 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Mustelus schmitti* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.47 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Mustelus schmitti* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.48 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Mustelus schmitti* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.17 *Paralichthys isosceles*

Tabela A.17 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *P. isosceles*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,92 (0,008)	0,71 (0,024)	`n.trees = 2250 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,91 (0,015)	0,68 (0,027)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,84 (0,017)	0,57 (0,032)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=0.22`

Figura A.49 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Paralichthys isosceles* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.50 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Paralichthys isosceles* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.51 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Paralichthys isosceles* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.18 *Paralonchurus brasiliensis*

Tabela A.18 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *P. brasiliensis*.

Modelo	AUC (±SE)	COR (±SE)	configuração
BRT	0,89 (0,019)	0,67 (0,031)	`n.trees = 4950 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,88 (0,017)	0,63 (0,031)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,86 (0,016)	0,59 (0,029)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=0.46`

Figura A.52 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Paralonchurus brasiliensis* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.53 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Paralonchurus brasiliensis* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.54 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Paralonchurus brasiliensis* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.19 *Peprilus paru*

Tabela A.19 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *P. paru*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,85 (0,014)	0,59 (0,023)	`n.trees = 3700 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,85 (0,014)	0,57 (0,026)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,83 (0,013)	0,53 (0,026)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=2.20`

Figura A.55 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Peprilus paru* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.56 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Peprilus paru* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.57 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Peprilus paru* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.20 *Porichthys porosissimus*

Tabela A.20 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *P. porosissimus*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,85 (0,013)	0,57 (0,024)	`n.trees = 1650 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,84 (0,015)	0,56 (0,028)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,73 (0,015)	0,42 (0,023)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=1.00`

Figura A.58 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Porichthys porosissimus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.59 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Porichthys porosissimus* no cenário base e para um acréscimo de 2°C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.60 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Porichthys porosissimus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.21 *Prionotus nudigula*

Tabela A.21 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *P. nudigula*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,86 (0,022)	0,58 (0,041)	`n.trees = 2250 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,85 (0,022)	0,56 (0,038)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,83 (0,023)	0,49 (0,036)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=0.10`

Figura A.61 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Prionotus nudigula* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.62 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Prionotus nudigula* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.63 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Prionotus nudigula* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.22 *Prionotus punctatus*

Tabela A.22 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *P. punctatus*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,83 (0,012)	0,58 (0,02)	`n.trees = 3250 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,81 (0,013)	0,54 (0,022)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,74 (0,017)	0,44 (0,026)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=2.20`

Figura A.64 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Prionotus punctatus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.65 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Prionotus punctatus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.66 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Prionotus punctatus* no cenário base e para um acréscimo de 2°C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.23 *Rioraja agassizii*

Tabela A.23 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *R. agassizii*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,87 (0,021)	0,63 (0,035)	`n.trees = 1550 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,86 (0,02)	0,62 (0,037)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,72 (0,025)	0,38 (0,045)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=1.00`

Figura A.67 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Rioraja agassizii* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.68 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Rioraja agassizii* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.69 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Rioraja agassizii* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.24 *Atlantoraja platana*

Tabela A.24 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *A. platana*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,86 (0,015)	0,63 (0,025)	`n.trees = 2400 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,87 (0,013)	0,66 (0,023)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,86 (0,018)	0,6 (0,027)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=1.00`

Figura A.70 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Atlantoraja platana* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.71 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Atlantoraja platana* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.72 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Atlantoraja platana* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.25 *Saurida caribbaea*

Tabela A.25 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *S. caribbaea*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,86 (0,022)	0,56 (0,039)	`n.trees = 1950 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,86 (0,023)	0,56 (0,044)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,82 (0,026)	0,48 (0,04)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=0.46`

Figura A.73 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Saurida caribbaea* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.74 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Saurida caribbaea* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.75 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Saurida caribbaea* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.26 *Squalus megalops*

Tabela A.26 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *S. megalops*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,85 (0,015)	0,58 (0,024)	`n.trees = 1750 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.005 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,85 (0,014)	0,59 (0,024)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,78 (0,027)	0,46 (0,048)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=0.05`

Figura A.76 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Squalus megalops* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.77 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Squalus megalops* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.78 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Squalus megalops* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.27 *Squatina guggenheim*

Tabela A.27 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *S. guggenheim*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,91 (0,019)	0,73 (0,029)	`n.trees = 2900 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,88 (0,019)	0,69 (0,032)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,72 (0,021)	0,48 (0,037)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=4.60`

Figura A.79 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Squatina guggenheim* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.80 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Squatina guggenheim* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.81 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Squatina guggenheim* no cenário base e para um acréscimo de 2°C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.28 *Squatina occulta*

Tabela A.28 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *S. occulta*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,8 (0,022)	0,5 (0,04)	`n.trees = 1900 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,8 (0,017)	0,49 (0,029)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,75 (0,021)	0,42 (0,035)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=0.46`

Figura A.82 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Squatina occulta* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.83 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Squatina occulta* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.84 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Squatina occulta* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.29 *Sympterygia bonapartii*

Tabela A.29 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *S. bonapartii*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,92 (0,012)	0,72 (0,027)	`n.trees = 1300 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,91 (0,015)	0,71 (0,028)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,89 (0,016)	0,64 (0,035)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=1.00`

Figura A.85 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Sympterygia bonapartii* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.86 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Sympterygia bonapartii* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.87 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Sympterygia bonapartii* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.30 *Synagrops bellus*

Tabela A.30 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *S. bellus*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,85 (0,018)	0,61 (0,036)	`n.trees = 1300 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.005 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,84 (0,024)	0,59 (0,043)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,79 (0,021)	0,52 (0,046)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=2.20`

Figura A.88 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Synagrops bellus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.89 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Synagrops bellus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.90 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Synagrops bellus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.31 *Synagrops spinosus*

Tabela A.31 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *S. spinosus*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,86 (0,018)	0,63 (0,032)	`n.trees = 1900 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,85 (0,016)	0,61 (0,028)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,84 (0,017)	0,59 (0,024)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=2.20`

Figura A.91 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Synagrops spinosus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.92 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Synagrops spinosus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.93 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Synagrops spinosus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.32 *Trachurus lathami*

Tabela A.32 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *T. lathami*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,82 (0,014)	0,53 (0,023)	`n.trees = 5150 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,78 (0,008)	0,47 (0,013)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,76 (0,012)	0,43 (0,018)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=0.46`

Figura A.94 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Trachurus lathami* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.95 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Trachurus lathami* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.96 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Trachurus lathami* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.33 *Trichiurus lepturus*

Tabela A.33 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *T. lepturus*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,8 (0,011)	0,53 (0,015)	`n.trees = 4250 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,76 (0,007)	0,48 (0,014)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,73 (0,011)	0,42 (0,018)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=2.20`

Figura A.97 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Trichiurus lepturus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.98 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Trichiurus lepturus* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.99 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Trichiurus lepturus* no cenário base e para um acréscimo de 2°C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.34 *Umbrina canosai*

Tabela A.34 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *U. canosai*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,83 (0,012)	0,55 (0,021)	`n.trees = 3750 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,82 (0,012)	0,54 (0,021)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,79 (0,012)	0,49 (0,019)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=1.00`

Figura A.100 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Umbrina canosai* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.101 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Umbrina canosai* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.102 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Umbrina canosai* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.35 *Urophycis brasiliensis*

Tabela A.35 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *U. brasiliensis*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,89 (0,015)	0,7 (0,028)	`n.trees = 3600 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,88 (0,013)	0,68 (0,024)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,87 (0,012)	0,65 (0,02)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=4.60`

Figura A.103 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Urophycis brasiliensis* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.104 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Urophycis brasiliensis* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.105 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Urophycis brasiliensis* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

A.36 *Zenopsis conchifer*

Tabela A.36 - Desempenho e configuração dos modelos ajustados para *Z. conchifer*.

Modelo	AUC ($\pm$SE)	COR ($\pm$SE)	configuração
BRT	0,86 (0,014)	0,63 (0,025)	`n.trees = 2900 interaction.depth = 1 shrinkage = 0.01 bag.fraction = 0.75`
GAM	0,86 (0,015)	0,61 (0,027)	`equivalent degrees of freedom = 4`
MAXENT	0,83 (0,017)	0,55 (0,03)	`noremoveduplicates defaultprevalence=0.50 maximumbackground=10000 noautofeature nothreshold nolinear noquadratic noproduct hinge addsamplestobackground beta.hinge=4.60`

Figura A.106 - Região núcleo prevista pelo modelo BRT para *Zenopsis conchifer* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.107 - Região núcleo prevista pelo modelo GAM para *Zenopsis conchifer* no cenário base e para um acréscimo de 2 °C na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

Figura A.108 - Região núcleo prevista pelo modelo MAXENT para *Zenopsis conchifer* no cenário base e para um acréscimo de 2℃ na temperatura do oceano.

A linha tracejada delimita as águas jurisdicionais brasileiras.

Fonte: Produção do autor.

APÊNDICE B - FONTE DOS DADOS DE OCORRÊNCIA DAS ESPÉCIES

Tabela B.1 - Lista dos cruzeiros de pesquisa com arrasto de fundo na plataforma sul.

Embarcação de pesquisa	Ano	Trimestre	Nº de Estações	Profundidades (m)	Latitudes
Mestre Jerônimo	1972	3	46	50–166	33,1–31,5°S
Mestre Jerônimo	1972	4	125	13–330	31,7–28,7°S
Mestre Jerônimo	1973	1	58	23–294	33,5–29,5°S
Mestre Jerônimo	1973	2	116	50–308	34,5–28,6°S
Diadorim	1973	2	46	49–140	27,9–27,7°S
Riobaldo	1973	3	129	11–238	24,9–19,9°S
Diadorim	1973	3	108	51–147	28,2–27,7°S
Mestre Jerônimo	1973	3	83	50–168	34,5–33,0°S
Riobaldo	1973	4	75	10–153	23,5–19,1°S
Diadorim	1973	4	217	49–161	28,5–25,5°S
Diadorim	1974	1	153	49–140	29,9–29,0°S
Riobaldo	1974	1	20	16–80	22,2–20,1°S
Diadorim	1974	2	74	15–62	28,5–24,7°S
Zeus	1974	2	2	82–104	34,3–34,3°S
Riobaldo	1974	2	90	9–140	24,4–19,2°S
Diadorim	1974	3	45	16–58	28,5–23,9°S
Zeus	1974	3	179	37–174	34,2–31,3°S
Zeus	1974	4	130	40–225	34,3–32,1°S
Diadorim	1974	4	106	13–73	27,0–22,0°S
Riobaldo	1974	4	22	20–71	21,8–19,3°S

(Continua)

Tabela B.1 – Continuação

Embarcação de pesquisa	Ano	Trimestre	Nº de Estações	Profundidades (m)	Latitudes
Riobaldo	1975	1	27	20–73	23,6–22,8°S
Diadorim	1975	1	18	12–54	28,5–27,7°S
Diadorim	1975	2	123	12–401	28,7–23,7°S
Diadorim	1976	1	29	152–246	29,4–25,8°S
Mestre Jerônimo	1976	2	54	205–367	29,5–28,1°S
Mestre Jerônimo	1976	3	11	298–371	28,9–28,7°S
Mestre Jerônimo	1977	1	45	12–353	29,6–27,0°S
Mestre Jerônimo	1977	2	12	202–373	28,7–28,0°S
Mestre Jerônimo	1977	3	18	196–376	30,0–28,8°S
Mestre Jerônimo	1978	1	55	12–154	33,0–31,0°S
Mestre Jerônimo	1978	2	72	18–142	34,1–30,3°S
Mestre Jerônimo	1978	3	13	27–110	33,1–32,8°S
Atlântico Sul	1980	2	42	11–108	34,0–31,2°S
Atlântico Sul	1980	3	32	12–104	34,4–32,3°S
Atlântico Sul	1980	4	36	14–98	33,4–29,9°S
Atlântico Sul	1981	1	27	11–93	34,3–31,9°S
Atlântico Sul	1981	2	50	12–98	34,4–31,0°S
Atlântico Sul	1981	3	36	13–118	34,4–30,6°S
Atlântico Sul	1981	4	6	13–57	33,9–32,2°S
Atlântico Sul	1982	1	42	12–119	34,2–30,7°S
Atlântico Sul	1983	2	41	13–122	34,3–30,7°S

(Continua)

Tabela B.1 – Continuação

Embarcação de pesquisa	Ano	Trimestre	Nº de Estações	Profundidades (m)	Latitudes
Atlântico Sul	1983	3	54	12–160	34,3–30,7°S
Atlântico Sul	1983	4	34	10–100	33,6–30,8°S
Atlântico Sul	1986	3	36	120–511	34,6–28,6°S
Atlântico Sul	1987	1	17	128–488	34,5–30,8°S
Atlântico Sul	1987	2	12	134–587	31,3–28,9°S
Atlântico Sul/Soloncy Moura	2001	3	71	100–602	34,6–26,4°S
Atlântico Sul/Soloncy Moura	2001	4	24	100–610	26,8–24,7°S
Atlântico Sul/Soloncy Moura	2002	1	37	100–600	34,6–25,7°S
Atlântico Sul/Soloncy Moura	2002	2	94	94–619	33,2–23,1°S
Atlântico Sul	2005	1	64	7–29	33,9–29,4°S

APÊNDICE C - LISTA COM NOMES VULGARES DAS ESPÉCIES

Tabela C.1 - Lista com nomes vulgares das espécies.

Família	Nome científico	Nome vulgar
Triakidae	*Galeorhinus galeus* (Linnaeus 1758)	cação-bico-de-cristal
Triakidae	*Mustelus schmitti* Springer 1939	cação-cola-fina
Triakidae	*Mustelus fasciatus* (Garman 1913)	cação-listrado
Triakidae	*Mustelus canis* (Mitchill 1815)	cação-sebastião
Carcharhinidae	*Carcharhinus plumbeus* (Nardo 1827)	tubarão-galhudo
Squalidae	*Squalus mitsukurii* Jordan & Snyder 1903	cação-bagre
Squalidae	*Squalus megalops* (Macleay 1881)	cação-bagre
Squatinidae	*Squatina occulta* Vooren & da Silva 1991	cação-anjo-de-asa-curta
Squatinidae	*Squatina guggenheim* Marini 1936	cação-anjo-espinhoso
Rhinobatidae	*Pseudobatos horkelii* (Müller & Henle 1841)	arraia-viola
Arhynchobatidae	*Atlantoraja platana* (Günther 1880)	arraia-emplastro
Arhynchobatidae	*Rioraja agassizii* (Müller & Henle 1841)	arraia-santa
Arhynchobatidae	*Atlantoraja cyclophora* (Regan 1903)	arraia-carimbada
Arhynchobatidae	*Atlantoraja castelnaui* (Miranda Ribeiro 1907)	arraia-chita
Arhynchobatidae	*Sympterygia bonapartii* Müller & Henle 1841	arraia-emplastro
Arhynchobatidae	*Sympterygia acuta* Garman 1877	arraia-emplastro
Dasyatidae	*Hypanus say* (Lesueur 1817)	arraia-amarela
Dasyatidae	*Bathytoshia centroura* (Mitchill 1815)	arraia-manteiga
Gymnuridae	*Gymnura altavela* (Linnaeus 1758)	arraia-borboleta
Myliobatidae	*Myliobatis freminvillei* Lesueur 1824	arraia-beiço-de-boi

(Continua)

Tabela C.1 – Continuação

Família	Nome científico	Nome vulgar
Myliobatidae	*Myliobatis ridens* Ruocco, Lucifora, Díaz de Astarloa, Mabragaña & Delpiani 2012	arraia-beiço-de-boi
Myliobatidae	*Myliobatis goodei* Garman 1885	arraia-beiço-de-boi
Congridae	*Conger orbignianus* Valenciennes 1837	congro
Argentinidae	*Argentina striata* Goode & Bean 1896	prateado
Synodontidae	*Saurida caribbaea* Breder 1927	peixe-lagarto
Macrouridae	*Coelorinchus marinii* Hubbs 1934	peixe-rato
Macrouridae	*Malacocephalus occidentalis* Goode & Bean 1885	rato
Phycidae	*Urophycis mystacea* Miranda Ribeiro 1903	abrótea
Phycidae	*Urophycis brasiliensis* (Kaup 1858)	abrótea
Merlucciidae	*Merluccius hubbsi* Marini 1933	merluza
Ophidiidae	*Genypterus brasiliensis* Regan 1903	congro-rosa
Batrachoididae	*Porichthys porosissimus* (Cuvier 1829)	mangangá-liso
Lophiidae	*Lophius gastrophysus* Miranda Ribeiro 1915	peixe-sapo
Polymixiidae	*Polymixia lowei* Günther 1859	barbudo
Zeidae	*Zenopsis conchifer* (Lowe 1852)	galo-de-fundo
Caproidae	*Antigonia capros* Lowe 1843	galo-vermelho
Sebastidae	*Helicolenus lahillei* Norman 1937	sarrão
Triglidae	*Prionotus nudigula* Ginsburg 1950	cabrinha
Triglidae	*Prionotus punctatus* (Bloch 1793)	cabrinha
Acropomatidae	*Synagrops bellus* (Goode & Bean 1896)	peixe-olhudo-dentinho
Acropomatidae	*Synagrops spinosus* Schultz 1940	peixe-olhudo-dentinho

(Continua)

Tabela C.1 – Continuação

Família	Nome científico	Nome vulgar
Serranidae	*Dules auriga* Cuvier 1829	mariquita
Malacanthidae	*Lopholatilus villarii* Miranda Ribeiro 1915	batata
Pomatomidae	*Pomatomus saltatrix* (Linnaeus 1766)	anchova
Carangidae	*Trachurus lathami* Nichols 1920	xixarro
Haemulidae	*Conodon nobilis* (Linnaeus 1758)	roncador
Sparidae	*Pagrus pagrus* (Linnaeus 1758)	pargo-rosa
Sciaenidae	*Ctenosciaena gracilicirrhus* (Metzelaar 1919)	castanhota
Sciaenidae	*Cynoscion guatucupa* (Cuvier 1830)	pescada-olhuda
Sciaenidae	*Cynoscion jamaicensis* (Vaillant & Bocourt 1883)	goete
Sciaenidae	*Macrodon atricauda* (Günther 1880)	pescadinha
Sciaenidae	*Menticirrhus americanus* (Linnaeus 1758)	papa-terra
Sciaenidae	*Micropogonias furnieri* (Desmarest 1823)	corvina
Sciaenidae	*Paralonchurus brasiliensis* (Steindachner 1875)	maria-luiza
Sciaenidae	*Umbrina canosai* Berg 1895	castanha
Mullidae	*Mullus argentinae* Hubbs & Marini 1933	trilha
Percophidae	*Bembrops heterurus* (Miranda Ribeiro 1903)	peixe-lagarto
Percophidae	*Percophis brasiliensis* Quoy & Gaimard 1825	tira-vira
Gempylidae	*Thyrsitops lepidopoides* (Cuvier 1832)	cavalinha-do-norte
Trichiuridae	*Trichiurus lepturus* Linnaeus 1758	peixe-espada
Ariommatidae	*Ariomma bondi* Fowler 1930	rombudo
Stromateidae	*Peprilus paru* (Linnaeus 1758)	gordinho

(Continua)

Tabela C.1 – Continuação

Família	Nome científico	Nome vulgar
Paralichthyidae	*Paralichthys isosceles* Jordan 1891	linguado
Balistidae	*Balistes capriscus* Gmelin 1789	peixe-porco
Tetraodontidae	*Lagocephalus laevigatus* (Linnaeus 1766)	baiacu

APÊNDICE D - CÓDIGOS EM R

D.1 fit_models.R

```
# set the environment
require(gam, quietly = TRUE)
require(gbm, quietly = TRUE)
require(dismo, quietly = TRUE)

calc.D2 <- function(null.deviance,residual.deviance){return
    ((null.deviance-residual.deviance)/null.deviance)}

calc.se <- function(x){sqrt(var(x, use = "complete.obs")/
    length(x))}

wilcox.confint <- function(x, conf.level = 0.95){
  op <- options()
  options(warn=-1)
  res <- try(wilcox.test(x,conf.int = T, conf.level = conf.
      level), silent = TRUE)
  if (!inherits(res, "try-error")) {
    out <- c(res$estimate,res$conf.int)
  } else {out <- c(NA,NA,NA)}
  names(out) <- c("estimator",paste0("IC",conf.level*100,"%␣
      inf"),paste0("IC",conf.level*100,"%␣sup"))
  options(op)
  return(out)
}

cv.brt <- function(input,x=2:4,y=1,TC=2,BF=0.75){

  lr <- 0.02
  best.tree <- 0
  while (best.tree < 1000){
    lr <- lr / 2
    model.fitted <- gbm.step(data=input,
                             fold.vector = input$fold,
                             gbm.x = x,
```

```
                                gbm.y = y,
                                family = "bernoulli",
                                tree.complexity = TC,
                                learning.rate = lr,
                                bag.fraction = BF,
                                verbose = FALSE, silent = TRUE,
                                keep.fold.fit = TRUE,
                                plot.main = FALSE)
  if (is.null(model.fitted)){
    best.tree <- 0
  } else {
    best.tree <- model.fitted$n.trees
  }

}
n.fold <- max(input$fold)
prev <- mean(input[,y])
fold <- input$fold
fold.obs <- input[,y]
fold.pred <- exp(model.fitted$fold.fit)/(1 + exp(model.
    fitted$fold.fit))
mat.summary <- matrix(NA,nrow=n.fold,ncol=5,dimnames =
    list(seq(1,n.fold),c("deviance","AUC","cor","maxKappa",
    "maxCCR")))
for (i in 1:n.fold){
  eval.by.fold <- evaluate(p=fold.pred[fold == i & fold.
      obs == 1], a=fold.pred[fold == i & fold.obs == 0])
  mat.summary[i,1] <- calc.deviance(fold.obs[fold == i],
      fold.pred[fold == i])
  mat.summary[i,2] <- eval.by.fold@auc
  mat.summary[i,3] <- eval.by.fold@cor
  mat.summary[i,4] <- max(eval.by.fold@kappa)
  mat.summary[i,5] <- max(eval.by.fold@CCR)
}
summaries <- apply(mat.summary,2,mean)
summaries <- rbind(summaries,apply(mat.summary,2,calc.se))
row.names(summaries) <- c("mean","se")
```

```
conf.intervals <- apply(mat.summary,2,wilcox.confint)
op <- options()
options(warn=-1)
probabilities <- c(wilcox.test(mat.summary[,2],alternative
    = "g",mu=0.75)$p.value,
                    wilcox.test(mat.summary[,2],alternative
                        = "g",mu=0.7)$p.value,
                    wilcox.test(mat.summary[,3],alternative
                        = "g",mu=0.3)$p.value,
                    wilcox.test(mat.summary[,4],alternative
                        = "g",mu=0.4)$p.value,
                    wilcox.test(mat.summary[,5],alternative
                        = "g",mu=max(prev,1-prev))$p.value)
options(op)
names(probabilities) <- c("Pr[AUC>0.75]","Pr[AUC>0.7]","Pr
    [cor>0.3]","Pr[maxKappa>0.4]","Pr[maxCCR>null.CCR]")

eval.final.model <- evaluate(p=model.fitted$fitted[input[,
    y]==1], a=model.fitted$fitted[input[,y]==0]) # evaluate
     final model (!cv stats)
thresholds <- c(threshold(eval.final.model,stat='kappa'),
                threshold(eval.final.model,stat='spec_sens
                    '),
                threshold(eval.final.model,stat='
                    sensitivity',sensitivity=0.9))
names(thresholds) <- c("maxKappa","max.sens+spec","10.
    percent.omission")

output <- list(model=model.fitted, # return gbm object
               n.fold=n.fold,
               fold=fold,
               fold.obs=fold.obs,
               fold.pred=fold.pred,
               prevalence=prev,
               null.deviance=model.fitted$self.statistics$
                   mean.null,
               null.ccr=max(prev,1-prev),
```

```
                    brt.n.trees=model.fitted$n.trees,
                    brt.tree.complexity=model.fitted$
                        interaction.depth,
                    brt.learning.rate=model.fitted$shrinkage,
                    brt.bag.fraction=model.fitted$bag.fraction,
                    mat.summary=mat.summary,
                    summaries=summaries,
                    conf.intervals=conf.intervals,
                    probabilities=probabilities,
                    thresholds=thresholds,
                    D2=calc.D2(model.fitted$self.statistics$
                        mean.null,summaries[1,1])
  )
  return(output)
}

cv.gam <- function(input,x=2:4,y=1,interact=NULL){

  n.fold <- max(input$fold)
  prev <- mean(input[,y])

  if (!is.null(interact)){
    interactions <- combn(interact,2,simplify = F)
    interact.term <- ""
    for (i in 1:length(interactions)){
      interact.term <- paste0(interact.term," + te(",names(
          input)[interactions[[i]][1]],",",names(input)[
          interactions[[i]][2]],")")
    }
  } else { interact.term <- "" }

  eval.gam.test <- function(fold,dat,x,y,interact.term){

    pa <- names(dat)[y]
    Xs <- paste0("s(",names(dat)[x][1],")")

    for (Xi in x[-1]){
```

```
    Xs <- paste0(Xs," + s(",names(dat)[Xi],")")
  }

  train <- dat$fold != fold
  test <- !train

  model.formula <- formula(paste0(pa," ~ ",Xs,interact.
      term))

  model.fitted <- gam(formula = model.formula, data = dat,
       subset = train, family = "binomial")

  pred <- predict(model.fitted,dat[test,x], type="response
      ")
  obs <- dat[test,y]
  # res = ("deviance","AUC","cor","maxKappa","maxCCR")
  res <- NULL
  res[1] <- calc.deviance(obs = obs, pred = pred)
  e <- evaluate(p=c(pred[obs == 1]), a=c(pred[obs == 0]))
  res[2] <- e@auc
  res[3] <- e@cor
  res[4] <- max(e@kappa)
  res[5] <- max(e@CCR)
  return(res)
}

final.gam <- function(dat,x,y,interact.term){

  pa <- names(dat)[y]
  Xs <- paste0("s(",names(dat)[x][1],")")

  for (Xi in x[-1]){
    Xs <- paste0(Xs," + s(",names(dat)[Xi],")")
  }

  model.formula <- formula(paste0(pa," ~ ",Xs,interact.
      term))
```

```
  model.fitted <- gam(formula = model.formula, data = dat,
      family = "binomial")
  return(model.fitted)

}

mat.summary <- NULL

for (fold in 1:n.fold){mat.summary <- rbind(mat.summary,
    eval.gam.test(fold,input,x,y,interact.term))}

model.fitted <- final.gam(input,x,y,interact.term)
null.deviance <- model.fitted$null.deviance / length(input
    [,1]) # null deviance (mean)

colnames(mat.summary) <- c("deviance","AUC","cor","
    maxKappa","maxCCR")

summaries <- apply(mat.summary,2,mean)
summaries <- rbind(summaries,apply(mat.summary,2,calc.se))
row.names(summaries) <- c("mean","se")
conf.intervals <- apply(mat.summary,2,wilcox.confint)
op <- options()
options(warn=-1) # set off ties warnings in wilcox test
probabilities <- c(wilcox.test(mat.summary[,2],alternative
    = "g",mu=0.75)$p.value,
                   wilcox.test(mat.summary[,2],alternative
                       = "g",mu=0.7)$p.value,
                   wilcox.test(mat.summary[,3],alternative
                       = "g",mu=0.3)$p.value,
                   wilcox.test(mat.summary[,4],alternative
                       = "g",mu=0.4)$p.value,
                   wilcox.test(mat.summary[,5],alternative
                       = "g",mu=max(prev,1-prev))$p.value)
options(op)
names(probabilities) <- c("Pr[AUC>0.75]","Pr[AUC>0.7]","Pr
```

```
    [cor >0.3]","Pr[maxKappa>0.4]","Pr[maxCCR>null.CCR]")

  eval.final.model <- evaluate(p=model.fitted$fitted.values[
      input[,y]==1], a=model.fitted$fitted.values[input[,y
      ]==0]) # evaluate final model (!cv stats)
  thresholds <- c(threshold(eval.final.model,stat='kappa'),
                  threshold(eval.final.model,stat='spec_sens
                      '),
                  threshold(eval.final.model,stat='
                      sensitivity',sensitivity=0.9))
  names(thresholds) <- c("maxKappa","max.sens+spec","10.
      percent.omission")

  res <- list(model=model.fitted,
              n.fold=n.fold,
#                 fold=NA,
#                 fold.obs=NA,
#                 fold.pred=NA,
              prevalence=prev,
              null.deviance=null.deviance,
              null.ccr=max(prev,1-prev),
              mat.summary=mat.summary,
              summaries=summaries,
              conf.intervals=conf.intervals,
              probabilities=probabilities,
              thresholds=thresholds,
              D2=calc.D2(null.deviance,summaries[1,1])
              )
  return(res)
}

cv.maxent <- function(input,x=2:4,y=1,background=NULL,
                      f.type=c("hinge","lqp","auto"),
                      defaultprevalence=NULL){

  if(!f.type[1] %in% c("hinge","lqp","auto")){stop("f.type␣
      must␣be␣hinge,␣lqp␣or␣auto")}
```

```
n.fold <- max(input$fold)
prev <- mean(input[,y])
null.deviance <- calc.deviance(obs = input[,y], pred = rep
    (prev,nrow(input)))

if(!is.null(background)){bg <- background}

defaultprevalence <- formatC(ifelse(is.null(
    defaultprevalence),prev,defaultprevalence),digits=2,
    format = "f")
maximumbackground <- max(10000,nrow(background),nrow(input
    ))

v.args0 <- c("noremoveduplicates",
  paste0("defaultprevalence=",defaultprevalence),
  paste0("maximumbackground=",maximumbackground)
)

if (f.type[1] == "auto"){
  v.args1 <- "autofeature"
}
else {
  v.args1 <- c("noautofeature","nothreshold",
               ifelse(f.type[1] == "lqp","linear","
                  nolinear"),
               ifelse(f.type[1] == "lqp","quadratic","
                  noquadratic"),
               ifelse(f.type[1] == "lqp","product","
                  noproduct"),
               ifelse(f.type[1] == "hinge","hinge","
                  nohinge"))
}

v.args2 <- ifelse(is.null(background),"
    noaddsamplestobackground","addsamplestobackground")
```

```
if (f.type[1] == "auto"){
  v.beta <- rev(c("0.25","0.50","1.00","2.00","3.00","5.00
     "))
}
else {
  v.beta <- formatC(rev(c(0.02, 0.05, 0.10, 0.22, 0.46,
     1.0, 2.2, 4.6)),digits = 2,format = "f")
}

n.beta <- length(v.beta)

eval.by.beta <- NULL

for (i.beta in 1:n.beta){

  v.args <- c(v.args0,v.args1,v.args2,
              paste0(switch(f.type[1], hinge = "beta_hinge
                =", lqp = "beta_lqp=", auto = "
                betamultiplier="),
                     v.beta[i.beta]))

  mat.summary <- NULL

  for (fold in 1:n.fold){

    train <- input$fold != fold
    test <- !train
    obs.test <- input[test,y]

    if(is.null(background)){bg <- input[train,x]}

    occurrences <- input[input[,y]==1 & train,x]

    me <- maxent(x=rbind(occurrences,bg), p=c(rep(1,nrow(
       occurrences)),rep(0,nrow(bg))), args=v.args)

    pred.test <- predict(me,input[test,x])
```

```
      eval.test <- evaluate(p = pred.test[obs.test == 1], a
         = pred.test[obs.test == 0])

      # res = ("deviance","AUC","cor","maxKappa","maxCCR")
      res <- NULL
      res[1] <- calc.deviance(obs = obs.test, pred = pred.
         test)
      res[2] <- eval.test@auc
      res[3] <- eval.test@cor
      res[4] <- max(eval.test@kappa)
      res[5] <- max(eval.test@CCR)

      mat.summary <- rbind(mat.summary, res)

    }

    eval.by.beta <- array(data = c(eval.by.beta,mat.summary)
       , dim = c(n.fold,5,i.beta))

}

mean.deviance <- apply(eval.by.beta[,1,],2,mean)
which.best.beta <- match(min(mean.deviance),mean.deviance)

best.beta <- v.beta[which.best.beta]

dimnames(eval.by.beta) <- list(seq(1,n.fold),c("deviance",
   "AUC","cor","maxKappa","maxCCR"),v.beta)

mat.summary <- eval.by.beta[,,which.best.beta]

summaries <- apply(mat.summary,2,mean)
summaries <- rbind(summaries,apply(mat.summary,2,calc.se))
row.names(summaries) <- c("mean","se")

conf.intervals <- apply(mat.summary,2,wilcox.confint)
op <- options()
```

```
options(warn=-1) # set off ties warnings in wilcox test
probabilities <- c(wilcox.test(mat.summary[,2],alternative
    = "g",mu=0.75)$p.value,
                    wilcox.test(mat.summary[,2],alternative
                        = "g",mu=0.7)$p.value,
                    wilcox.test(mat.summary[,3],alternative
                        = "g",mu=0.3)$p.value,
                    wilcox.test(mat.summary[,4],alternative
                        = "g",mu=0.4)$p.value,
                    wilcox.test(mat.summary[,5],alternative
                        = "g",mu=max(prev,1-prev))$p.value)
options(op)
names(probabilities) <- c("Pr[AUC>0.75]","Pr[AUC>0.7]","Pr
    [cor>0.3]","Pr[maxKappa>0.4]","Pr[maxCCR>null.CCR]")

# final model

v.args <- c(v.args0,v.args1,v.args2,
            paste0(switch(f.type[1], hinge = "beta_hinge="
                , lqp = "beta_lqp=", auto = "betamultiplier
                ="),best.beta))

if(is.null(background)){bg <- input[,x]}

occurrences <- input[input[,y]==1,x]
model.fitted <- maxent(x=rbind(occurrences,bg), p=c(rep(1,
    nrow(occurrences)),rep(0,nrow(bg))), args=v.args)

pred <- predict(model.fitted,input[,x])
eval.final.model <- evaluate(p=pred[input[,y]==1], a=pred[
    input[,y]==0]) # evaluate final model (!cv stats)
thresholds <- c(threshold(eval.final.model,stat='kappa'),
                threshold(eval.final.model,stat='spec_sens
                    '),
                threshold(eval.final.model,stat='
                    sensitivity',sensitivity=0.9))
names(thresholds) <- c("maxKappa","max.sens+spec","10.
```

```
    percent.omission")

  res <- list(model=model.fitted,
              n.fold=n.fold,
              prevalence=prev,
              null.deviance=null.deviance,
              null.ccr=max(prev,1-prev),
              maxent.best.beta=best.beta,
              maxent.args=v.args,
              eval.by.beta=eval.by.beta,
              mat.summary=mat.summary,
              summaries=summaries,
              conf.intervals=conf.intervals,
              probabilities=probabilities,
              thresholds=thresholds,
              D2=calc.D2(null.deviance,summaries[1,1]))

  return(res)
}

aquamaps <- function(input,x=2:4,y=1,pref.habitat=0.8,rule=c
    ("minmax","whiskers")){

  # AQUAMAPS

  #   Each variable has an associated preferred range and a
      broader accepted range
  #   Within the preferred range the probabilty of presence
      is 1, between the preferred range
  #   and the acceptable range the probability varies from 1
      to 0 (linear decay),
  #   and outside the accepted range the probability is 0.
  #   The overall probability is calculated by multiplying
      all individual probabilities.
  #   Preferred ranges are usually calculated based on
      percentiles 10th and 90th.
  #   They are further adjusted using interquartile values
```

```
    but also ensuring
#   a minimum envelope size based on pre-defined values.
#   Under certain circumstances, AquaMaps can make use of
    expert information to define or refine the envelopes.

Min.p <- ((1-pref.habitat)/2)
Max.p <- 1-Min.p

occ <- input[,y]==1 # occurrences only

envelop <- NULL
for (p in x){

  preferred <- quantile(input[occ,p],probs=c(Min.p,Max.p))
  whiskers <- boxplot.stats(input[occ,p])$stats[c(1,5)]

  if(rule[1]=="minmax"){

    # Min & Max criteria
    # the absolute minimum environmental value at which
        the species is observed
    Abs.min <- min(input[occ,p])
    # the absolute maximum environmental value at which
        the species is observed
    Abs.max <- max(input[occ,p])

  } else {

    Abs.min <- min(whiskers[1],preferred[1])

    Abs.max <- max(whiskers[2],preferred[2]) }

  # compute the 'envelop' of x_i
  envelop <- rbind(envelop,c(Abs.min,preferred,Abs.max))
}

row.names(envelop) <- colnames(input)[x]
```

```
  colnames(envelop) <- c("Min_a","Min_p","Max_p","Max_a")

  return(envelop)
}

pred.aquamaps <- function(envelop,df,RES=c(0,1,1,0)){

  if(any(row.names(envelop) != colnames(df))){stop("
      predictors must be the same")}

  m.res <- NULL

  for (i in 1:length(df)){
    m.res <- cbind(m.res,approx(x=envelop[i,],y=RES,xout=df
        [,i],rule=2,method ="linear",ties ="ordered")$y)
  }

  res <- apply(m.res,1,prod)

  return(res)
}

plotEnvelop <- function(envelop,vars=1,RES=c(0,1,1,0)){
  for (i in vars){
    plot(approx(x=envelop[i,],y=RES,rule=2,method = "linear"
        ,ties ="ordered"),
          type="l", xlab=rownames(envelop)[i], ylab="RES",
              main="Aquamaps Envelop")
  }
}

cv.aquamaps <- function(input,x=2:4,y=1,pref=0.8,optimPref=
    FALSE){

  if(optimPref){
    funcOptim <- function(p){cv.aquamaps(input,x,y,pref=p,
        optimPref=FALSE)$summaries[1,1]}
```

```
  pref <- optimize(f = funcOptim, interval = c(0.1,0.9),
      maximum = TRUE)$objective
}

n.fold <- max(input$fold)
prev <- mean(input[,y])
null.deviance <- calc.deviance(obs = input[,y], pred = rep
    (prev,nrow(input)))

mat.summary <- NULL

for (fold in 1:n.fold){

  train <- input$fold != fold
  test <- !train
  obs.test <- input[test,y]

  envelop <- aquamaps(input[train,],x,y,pref.habitat=pref,
      rule = "whiskers")

  pred.test <- pred.aquamaps(envelop,input[test,x])
  eval.test <- evaluate(p = pred.test[obs.test == 1], a =
      pred.test[obs.test == 0])

  # res = ("deviance","AUC","cor","maxKappa","maxCCR")
  res <- NULL
  res[1] <- NA # calc.deviance(obs = obs.test, pred = pred
      .test)
  res[2] <- eval.test@auc
  res[3] <- eval.test@cor
  res[4] <- max(eval.test@kappa)
  res[5] <- max(eval.test@CCR)

  mat.summary <- rbind(mat.summary, res)

}
```

```
colnames(mat.summary) <- c("deviance","AUC","cor","
    maxKappa","maxCCR")
row.names(mat.summary) <- seq(1,n.fold)

summaries <- apply(mat.summary[,2:5],2,mean) # only "AUC
    ","cor","maxKappa" and "maxCCR"
summaries <- rbind(summaries,apply(mat.summary[,2:5],2,
    calc.se))
row.names(summaries) <- c("mean","se")

conf.intervals <- apply(mat.summary[,2:5],2,wilcox.confint
    )
op <- options()
options(warn=-1) # set off ties warnings in wilcox test
probabilities <- c(wilcox.test(mat.summary[,2],alternative
    = "g",mu=0.75)$p.value,
                   wilcox.test(mat.summary[,2],alternative
                       = "g",mu=0.7)$p.value,
                   wilcox.test(mat.summary[,3],alternative
                       = "g",mu=0.3)$p.value,
                   wilcox.test(mat.summary[,4],alternative
                       = "g",mu=0.4)$p.value,
                   wilcox.test(mat.summary[,5],alternative
                       = "g",mu=max(prev,1-prev))$p.value)
options(op)
names(probabilities) <- c("Pr[AUC>0.75]","Pr[AUC>0.7]","Pr
    [cor>0.3]","Pr[maxKappa>0.4]","Pr[maxCCR>null.CCR]")

# final model

envelop <- aquamaps(input,x,y,pref.habitat=pref, rule = "
    whiskers")
pred <- pred.aquamaps(envelop,input[,x])
eval.final.model <- evaluate(p=pred[input[,y]==1], a=pred[
    input[,y]==0]) # evaluate final model (!cv stats)
thresholds <- c(threshold(eval.final.model,stat='kappa'),
                threshold(eval.final.model,stat='spec_sens
```

```
                    '),
                threshold(eval.final.model,stat='
                    sensitivity',sensitivity=0.9))
  names(thresholds) <- c("maxKappa","max.sens+spec","10.
      percent.omission")

  # return values

  res <- list(model=envelop,
              n.fold=n.fold,
              prevalence=prev,
              null.deviance=null.deviance,
              null.ccr=max(prev,1-prev),
              aquamaps.pref.habitat=pref,
              mat.summary=mat.summary,
              summaries=summaries,
              conf.intervals=conf.intervals,
              probabilities=probabilities,
              thresholds=thresholds)
              # D2=calc.D2(null.deviance,summaries[1,1]))

  return(res)

}
```

D.2 mk_background.R

```
# make background sites for maxent

# set environment
require(raster)
require(rgdal)

grdfiles.path <- "WOA13/grades/"

depth <- raster("ETOPO1/batimetria.nc")
names(depth) <- "depth"
```

```
bg <- NULL

for (i in 1:12){

  grdfile.nbt <- paste0(grdfiles.path,"tempfundo/",i,".nc")
  nbt <- raster(grdfile.nbt)
  names(nbt) <- "nbt"

  grdfile.sst <- paste0(grdfiles.path,"tempsup/",i,".nc")
  sst <- raster(grdfile.sst)
  names(sst) <- "sst"

  grd <- stack(depth,nbt,sst)
  bg.i <- getValues(grd)
  bg.i <- bg.i[ !is.na(bg.i[,1]) & !is.na(bg.i[,2]) & !is.na
     (bg.i[,3]) & bg.i[,1] < 2000, ]
  bg <- rbind(bg,bg.i)
}

rm(i,bg.i,grd,nbt,sst,grdfile.nbt,grdfile.sst,depth,grdfiles
    .path)

save(bg,file="bg.RData")
```

D.3 do_models.R

```
# set the environment

source('fit_models.R', verbose = FALSE)

# load MAXENT background
load("bg.RData")

load("spp_sel.RData")

for (sp in spp$species){
```

```
# make only models that do not exist

if (!file.exists(paste0("models/",sp,".RData"))){
  # load dataset (sp.df)
  load(file = paste0("data/",sp,".RData"))

  # 1  BRTstamp (TC=1)
  BRTstamp <- cv.brt(input = sp.df, TC = 1)

  # 2  BRTint    (TC=2)
  BRTint <- cv.brt(input = sp.df)

  # 3  GAMsimple
  GAMsimple <- cv.gam(input = sp.df, interact = NULL)

  # 4  MAXENThinge
  MAXENThinge <- cv.maxent(input = sp.df, f.type = "hinge"
      , defaultprevalence=0.5)

  # 5  MAXENThingeBg
  MAXENThingeBg <- cv.maxent(input = sp.df, background =
     bg, f.type = "hinge", defaultprevalence=0.5)

  # 6  MAXENTauto
  MAXENTauto <- cv.maxent(input = sp.df, f.type = "auto",
     defaultprevalence=0.5)

  # 7  MAXENTautoBg
  MAXENTautoBg <- cv.maxent(input = sp.df, background = bg
     , f.type = "auto", defaultprevalence=0.5)

  # 8  AQUAMAPSsimple
  AQUAMAPSsimple <- cv.aquamaps(input = sp.df)

  # save models into file
  save(list=c("BRTstamp","BRTint","GAMsimple",
              "MAXENThinge","MAXENThingeBg","MAXENTauto","
```

```
                    MAXENTautoBg",
                  "AQUAMAPSsimple"),
          file = paste0("models/",sp,".RData"))

    # clear environment
    rm(list=c("BRTstamp","BRTint","GAMsimple",
              "MAXENThinge","MAXENThingeBg","MAXENTauto","
                 MAXENTautoBg",
              "AQUAMAPSsimple","sp.df"))
  }

}

# clear environment
rm(sp,spp)
```

D.4 predictions.R

```
# predictions array

# set the environment

source('fit_models.R', verbose = FALSE)

load("spp_sel.RData")

require(raster)
require(rgdal)

# static layer

depth <- raster("ETOPO1/batimetria_restrita.nc")
names(depth) <- "depth"

# change factors

CFs <- seq(0,3,0.5)
```

```
# init array

predictions <- array(dim = c(72,68,4,36,12,7),
                     dimnames = list(NULL, NULL, c("BRT","
                        GAM","MAXENT","AQUAMAPS"),
                     spp.sel, seq(1,12), CFs) )

for (n in 1:7){

  CF <- CFs[n]

  for (month in 1:12){

    # near bottom temperature (nbt)
    nbt <- raster(paste0("WOA13/grades/tempfundo/",month,".
       nc"))
    nbt <- nbt + CF
    names(nbt) <- "nbt"

    # sea surface temperature (sst)
    sst <- raster(paste0("WOA13/grades/tempsup/",month,".nc"
       ))
    sst <- sst + CF
    names(sst) <- "sst"

    rasterdata <- stack(depth,nbt,sst)

    for (k in 1:length(spp.sel)){

      sp <- spp.sel[k]

      load(paste0("models/",sp,".RData"))

      pred.BRTstamp <- predict(rasterdata,BRTstamp$model,n.
         trees=BRTstamp$model$n.trees,type="response")
      pred.GAMsimple <- predict(rasterdata,GAMsimple$model,
         type="response")
```

```
        pred.MAXENThingeBg <- predict(MAXENThingeBg$model,
            rasterdata)
        pred.AQUAMAPSsimple <- predict(rasterdata,
            AQUAMAPSsimple$model, fun=pred.aquamaps)

        pred.BRTstamp <- as.matrix(pred.BRTstamp)
        pred.GAMsimple <- as.matrix(pred.GAMsimple)
        pred.MAXENThingeBg <- as.matrix(pred.MAXENThingeBg)
        pred.AQUAMAPSsimple <- as.matrix(pred.AQUAMAPSsimple)

        a.models <- array(data = c(pred.BRTstamp, pred.
            GAMsimple, pred.MAXENThingeBg, pred.AQUAMAPSsimple),
            dim = c(72,68,4))

        predictions[,,,k,month,n] <- a.models

      }

    }
}
```

D.5 Core_Area.R

```
require(raster)
require(rgdal)

load("predictions.RData")

thresholds <- array(data = 0.5, dim = c(72,68,4,36,12,7))
dimnames(thresholds) <- dimnames(predictions)
thresholds[,,"AQUAMAPS",,,] <- 1

core.area <- predictions >= thresholds

save(core.area, file = "Core_Area.RData")
```

D.6 Equiv_Area.R

```
require(raster)
require(rgdal)
require(ggplot2)
require(reshape2)
require(plyr)

load("region_area.RData")
load("predictions.RData")
load("Core_Area.RData")

total.area <- cellStats(region.area, stat = sum)
m.region.area <- as.matrix(region.area)

calc.prop.area <- function(m){
  area <- m * m.region.area
  res <- round( sum(area, na.rm = TRUE) / total.area,3)
  return(res)
}

# área equivalente "descascando" as regiões de baixa
    probabilidade
# (fora do core.area)
equiv.area <- apply(predictions * core.area, 3:6, calc.prop.
    area)
equiv.area.all.months <- apply(equiv.area, c(1,2,4), sum)

historical.all.months <- array(data = rep(equiv.area.all.
    months[,,"0"],7), dim = c(4,36,7))
perc.changed <- ( (equiv.area.all.months / historical.all.
    months) - 1) * 100

save(equiv.area,equiv.area.all.months,perc.changed, file = "
    Equiv_Area.RData")
```

D.7 Lat_Center_ByMonth.R

```
require(raster)
require(rgdal)

load("Core_Area.RData")
load("predictions.RData")

func.lat.center.by.month <- function(m){

  latitudes <- rev(c(-36.875, -36.625, -36.375, -36.125,
     -35.875, -35.625, -35.375,
                        -35.125, -34.875, -34.625, -34.375,
                           -34.125, -33.875, -33.625,
                        -33.375, -33.125, -32.875, -32.625,
                           -32.375, -32.125, -31.875,
                        -31.625, -31.375, -31.125, -30.875,
                           -30.625, -30.375, -30.125,
                        -29.875, -29.625, -29.375, -29.125,
                           -28.875, -28.625, -28.375,
                        -28.125, -27.875, -27.625, -27.375,
                           -27.125, -26.875, -26.625,
                        -26.375, -26.125, -25.875, -25.625,
                           -25.375, -25.125, -24.875,
                        -24.625, -24.375, -24.125, -23.875,
                           -23.625, -23.375, -23.125,
                        -22.875, -22.625, -22.375, -22.125,
                           -21.875, -21.625, -21.375,
                        -21.125, -20.875, -20.625, -20.375,
                           -20.125, -19.875, -19.625,
                        -19.375, -19.125))

  m.latitudes <- matrix(data = rep(latitudes,68), nrow = 72,
      ncol = 68)

  return(sum(m.latitudes * m, na.rm=TRUE) / sum(m, na.rm=T))
}

func.shift <- function(v){
```

```
  v.sign <- c(1,-1)

  p1 <- cbind( rep(-45,length(v)), rep(v[1],length(v)) )
  p2 <- cbind( rep(-45,length(v)), v )

  res <- pointDistance(p1, p2, lonlat=TRUE) * v.sign[as.
     numeric(p1[,2] > p2[,2])+1]

  return(res)

}

lat.center <- apply(core.area * predictions, 3:6, func.lat.
   center.by.month)

shifts <- apply(lat.center, 1:3, func.shift)

dimnames(shifts)[[1]] <- dimnames(lat.center)[[4]]

save(shifts, lat.center, file = "Lat_Center_ByMonth.RData")
```

D.8 grades.R

```
# grades para confecção dos mapas no GMT

require(raster)
require(rgdal)

load("spp_sel.RData")

modelos <- c("BRT","GAM","MAXENT","AQUAMAPS")

load("Core_Area.RData")
load("predictions.RData")

for (especie in spp.sel){
  for (modelo in modelos){
```

```
    for (mes in as.character(seq(1:12))){

      core <- core.area[,,modelo,especie,mes,"2"]
      core[!core] <- NA
      r <- raster(x = predictions[,,modelo,especie,mes,"2"]
         * core * 100,
                  xmn=-55, xmx=-38, ymn=-37, ymx=-19,
                  crs="+proj=longlat +lon_0=0 +a=6378137 +rf
                     =298.257223563 +ellps=WGS84")
      writeRaster(r,filename=paste0('grades/grade2_',especie
         ,'_',modelo,'_',mes,'.grd'),
                  format="netCDF")

      core <- core.area[,,modelo,especie,mes,"0"]
      core[!core] <- NA
      r <- raster(x = predictions[,,modelo,especie,mes,"0"]
         * core * 100,
                  xmn=-55, xmx=-38, ymn=-37, ymx=-19,
                  crs="+proj=longlat +lon_0=0 +a=6378137 +rf
                     =298.257223563 +ellps=WGS84")
      writeRaster(r,filename=paste0('grades/grade0_',especie
         ,'_',modelo,'_',mes,'.grd'),
                  format="netCDF")
    }
  }
}
```