

ESCOLA DE CIÊNCIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA E EVOLUÇÃO DA BIODIVERSIDADE
DOUTORADO EM ECOLOGIA E EVOLUÇÃO DA BIODIVERSIDADE

JOANA JORDÃO PEREIRA

**PADRÕES ESPACIAIS DE DISTRIBUIÇÃO DE ESPÉCIES E DE RIQUEZA ESPECÍFICA AO
LONGO DE UM GRADIENTE MONTANTE-JUSANTE NA BACIA DO RIO DOS SINOS (RS)-
BRASIL**

Porto Alegre

2018

PÓS-GRADUAÇÃO - *STRICTO SENSU*



Pontifícia Universidade Católica
do Rio Grande do Sul

**PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE CATÓLICA DO RIO GRANDE DO SUL
ESCOLA DE CIÊNCIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA E EVOLUÇÃO DA
BIODIVERSIDADE**

**PADRÕES ESPACIAIS DE DISTRIBUIÇÃO DE ESPÉCIES E DE
RIQUEZA ESPECÍFICA AO LONGO DE UM GRADIENTE
MONTANTE-JUSANTE NA BACIA DO RIO DOS SINOS (RS) – BRASIL**

Joana Jordão Pereira

TESE DE DOUTORADO

PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE CATÓLICA DO RIO GRANDE DO SUL

Av. Ipiranga 6681- Caixa Postal 1429

Telefone (051) 3203500

CEP 90619-900 Porto Alegre - RS

Brasil

2018

**PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE CATÓLICA DO RIO GRANDE DO SUL
ESCOLA DE CIÊNCIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA E EVOLUÇÃO DA
BIODIVERSIDADE**

**PADRÕES ESPACIAIS DE DISTRIBUIÇÃO DE ESPÉCIES E DE
RIQUEZA ESPECÍFICA AO LONGO DE UM GRADIENTE
MONTANTE-JUSANTE NA BACIA DO RIO DOS SINOS (RS) – BRASIL**

Joana Jordão Pereira

Orientador: Prof. Doutor Nelson Ferreira Fontoura

Coorientador: Prof. Doutor Uwe Horst Schulz

**TESE DE DOUTORADO
PORTO ALEGRE - RS- BRASIL**

2018

ÍNDICE

AGRADECIMENTOS	VIII
RESUMO	IX
ABSTRACT	X
1. INTRODUÇÃO	11
1.1. BIODIVERSIDADE DA ICTIOFAUNA LÍMNICA MUNDIAL E SUL AMERICANA	11
1.2. MODELOS DE DISTRIBUIÇÃO DE ESPÉCIES	12
2. MATERIAL E MÉTODOS	18
2.1. CARACTERIZAÇÃO DA ÁREA DE ESTUDO	18
2.1. MATRIZ DE DADOS	20
2.1.1. DADOS DE ESPÉCIES DE PEIXES	20
2.1.2. DADOS DAS VARIÁVEIS GEOMORFOLÓGICAS	21
2.2. PROCESSAMENTO DOS DADOS	22
2.2.1. SELEÇÃO DAS ESPÉCIES	22
2.2.2. VARIÁVEIS GEOMORFOLÓGICAS	24
2.3. ANÁLISE DE DADOS E CONSTRUÇÃO DOS MODELOS	28
2.3.1. REGRESSÃO LOGÍSTICA	28
2.3.2. CONSTRUÇÃO DOS MODELOS DE DISTRIBUIÇÃO DE ESPÉCIES	29
2.4. AVALIAÇÃO DOS MODELOS	32
2.5. MAPAS DE PRESENÇA PRESUMIDA, DE RIQUEZA E DE RESÍDUOS	35
2.6. ANÁLISES DE ORDENAÇÃO	35
3. RESULTADOS	36
3.1. MODELAGEM DE DISTRIBUIÇÃO	38
3.2. RIQUEZA DE ESPÉCIES	74
4. DISCUSSÃO	88
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	100
ANEXOS	107
ANEXO 1- LISTA DOS PONTOS AMOSTRADOS	107
ANEXO 2- MAPAS DE DISTRIBUIÇÃO DE ESPÉCIES	109
ANEXO 3- VALORES DA ACURÁCIA E DA AUC APÓS RETIRADA DE CADA UMA DAS VARIÁVEIS DO MODELO DE RESPOSTA NÃO LINEAR (MODELO 2).	150
ANEXO 4- VALORES DO PSEUDO R ² DOS MODELOS ESTATÍSTICOS DE DISTRIBUIÇÃO PRESUMIDA (MODELO 1- REGRESSÃO LOGÍSTICA DE DUAS VARIÁVEIS E MODELO 2- REGRESSÃO LOGÍSTICA DE SEIS VARIÁVEIS) PARA AS 50 ESPÉCIES DA BACIA DO RIO DOS SINOS.	152

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1- Esquema representativo do processo de criação de um modelo de distribuição de espécies.....	13
Figura 2- Localização do estado do Rio Grande do Sul (cinza escuro) no Brasil e da área de estudo, bacia hidrográfica do rio dos Sinos (cinza claro).	18
Figura 3- Mapa da hidrografia (azul) gerado através do modelo digital de terreno (MDT, altitude em pixels de 90 por 90 m) para o sistema de referência oficial brasileiro (SAD69). Hidrografia amostrada (vermelho) obtida através dos 87 pontos de informação (círculos pretos com fundo amarelo).....	21
Figura 4- Imagem georreferenciada da variável altitude (m), da bacia do rio dos Sinos, em escala logarítmica (ln), obtida através do MDT (Weber <i>et al.</i> , 2004).	25
Figura 5- Imagem georreferenciada da variável área de bacia de montante (km ²), da bacia do rio dos Sinos, em escala logarítmica, obtida através da camada de altitude, após aplicação das funções FilterMin 3x3, Pit-Removal e Runoff no MDT (Weber <i>et al.</i> , 2004).	25
Figura 6- Imagem georreferenciada da variável altitude ² (m), da bacia do rio dos Sinos, em escala logarítmica, obtida através da elevação ao quadrado da camada original de altitude.	26
Figura 7- Imagem georreferenciada da variável área de bacia ao quadrado (km ²), da bacia do rio dos Sinos, em escala logarítmica, obtida através da elevação ao quadrado da camada original de área de bacia.....	26
Figura 8- Imagem georreferenciada da variável altitude x área de bacia (ln Alt x ln Ab), da bacia do rio dos Sinos, em escala logarítmica, obtida através da multiplicação da camada original de altitude com a camada original de área de bacia.	27
Figura 9- Imagem georreferenciada da variável altitude/área de bacia (ln Alt/ln Ab), da bacia do rio dos Sinos, em escala logarítmica, obtida através da divisão da camada original de altitude pela camada original de área de bacia.	27
Figura 10- Distribuição dos valores da média acumulada do coeficiente de uma variável independente (logaritmo da altitude) da regressão logística de 6 variáveis da espécie <i>Bryconamericus iheringii</i> , para 30 repetições realizadas.	31
Figura 11- Relação entre o número de espécies por ponto de amostragem e a altitude (m) representada em escala logarítmica.....	36
Figura 12- Relação entre o número de espécies por ponto de amostragem e a área de bacia (km ²) representada em escala logarítmica.....	37
Figura 13-Mapa de probabilidade de presença presumida de <i>Ancistrus brevipinnis</i> , obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.....	50
Figura 14- Distribuição dos resíduos de <i>Ancistrus brevipinnis</i> , representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de duas variáveis.....	50

Figura 15- Mapa de probabilidade de presença presumida de <i>Ancistrus brevipinnis</i> , obtido através do modelo de regressão logística de cinco variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.....	51
Figura 16- Distribuição dos resíduos de <i>Ancistrus brevipinnis</i> , representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de cinco variáveis.	51
Figura 17- Mapa de probabilidade de presença presumida de <i>Gymnogeophagus gymnogenys</i> , obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.	52
Figura 18- Distribuição dos resíduos de <i>Gymnogeophagus gymnogenys</i> , representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de duas variáveis.	52
Figura 19- Mapa de probabilidade de presença presumida de <i>Gymnogeophagus gymnogenys</i> , obtido através do modelo de regressão logística de cinco variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.	53
Figura 20- Distribuição dos resíduos de <i>Gymnogeophagus gymnogenys</i> , representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de cinco variáveis.....	53
Figura 21- Mapa de probabilidade de presença presumida de <i>Astyanax fasciatus</i> , obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.....	54
Figura 22- Distribuição dos resíduos de <i>Astyanax fasciatus</i> , representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de duas variáveis.....	54
Figura 23- Mapa de probabilidade de presença presumida de <i>Astyanax fasciatus</i> , obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.....	55
Figura 24- Distribuição dos resíduos de <i>Astyanax fasciatus</i> , representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de seis variáveis.	55
Figura 25- Mapa de probabilidade de presença presumida de <i>Heptapterus mustelinus</i> , obtido através do modelo de regressão logística de uma variável, para toda a bacia do rio dos Sinos.	56
Figura 26- Distribuição dos resíduos de <i>Heptapterus mustelinus</i> , representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de uma variável.	56
Figura 27- Mapa de probabilidade de presença presumida de <i>Heptapterus mustelinus</i> , obtido através do modelo de regressão logística de cinco variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.	57
Figura 28- Distribuição dos resíduos de <i>Heptapterus mustelinus</i> , representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de cinco variáveis.	57
Figura 29- Mapa de probabilidade de presença presumida de <i>Phallocerus caudimaculatus</i> , obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.	58

Figura 30- Distribuição dos resíduos de <i>Phallocerus caudimaculatus</i> , representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de duas variáveis.....	58
Figura 31- Mapa de probabilidade de presença presumida de <i>Phallocerus caudimaculatus</i> , obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.	59
Figura 32- Distribuição dos resíduos de <i>Phallocerus caudimaculatus</i> , representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de seis variáveis.	59
Figura 33- Mapa de probabilidade de presença presumida de <i>Lycengraulis grossidens</i> , obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.	60
Figura 34- Distribuição dos resíduos de <i>Lycengraulis grossidens</i> , representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de duas variáveis.....	60
Figura 35- Mapa de probabilidade de presença presumida de <i>Lycengraulis grossidens</i> , obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.	61
Figura 36- Distribuição dos resíduos de <i>Lycengraulis grossidens</i> , representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de seis variáveis.	61
Figura 37- Mapa de probabilidade de presença presumida de <i>Leporinus obtusidens</i> , obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.....	62
Figura 38- Distribuição dos resíduos de <i>Leporinus obtusidens</i> , representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de duas variáveis.....	62
Figura 39- Mapa de probabilidade de presença presumida de <i>Leporinus obtusidens</i> , obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.....	63
Figura 40- Distribuição dos resíduos de <i>Leporinus obtusidens</i> , representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de seis variáveis.....	63
Figura 41- Mapa de probabilidade de presença presumida de <i>Pimelodus pintado</i> , obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.....	64
Figura 42- Distribuição dos resíduos de <i>Pimelodus pintado</i> , representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de duas variáveis.....	64
Figura 43- Mapa de probabilidade de presença presumida de <i>Pimelodus pintado</i> , obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.....	65
Figura 44- Distribuição dos resíduos de <i>Pimelodus pintado</i> , representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de seis variáveis.	65

Figura 45- Mapa de probabilidade de presença presumida de <i>Prochilodus lineatus</i> , obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.....	66
Figura 46- Distribuição dos resíduos de <i>Prochilodus lineatus</i> , representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de duas variáveis.....	66
Figura 47- Mapa de probabilidade de presença presumida de <i>Prochilodus lineatus</i> , obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.....	67
Figura 48- Distribuição dos resíduos de <i>Prochilodus lineatus</i> , representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de seis variáveis.	67
Figura 49- Histogramas da distribuição da área abaixo da curva ROC (AUC) e da TSS para o Modelo 1- modelo logístico rodado com 1-2 variáveis e para o Modelo 2- modelo logístico rodado com 4-6variáveis (o número de variáveis varia consoante a espécie e de acordo com o teste de significância aplicado).	69
Figura 50- Desempenho preditivo dos modelos ajustados para espécies pertencentes às ordens Characiformes, Cichliformes e Siluriformes, na bacia do rio dos Sinos. As caixas mostram a mediana da área sob a curva ROC (AUC) e da True Skill Statistical (TSS).	70
Figura 51- Influência da retirada de cada variável da regressão logística do Modelo de resposta não linear (Modelo 2) na acurácia do modelo ajustado para cada espécie em relação ao modelo com todas as variáveis.	72
Figura 52- Influência da retirada de uma variável no desempenho da regressão logística do Modelo 2, medido através da área abaixo da curva ROC (AUC) para cada uma das espécies analisada.....	73
Figura 53- Mapa resultante do somatório dos pathways finais de cada espécie. Os pontos a branco indicam os pontos de amostragem.	74
Figura 54- Mapa de riqueza de espécies de peixes para a bacia do rio dos Sinos, resultante da soma dos mapas finais de cada espécie estudada, obtidos através do Modelo 1 (duas variáveis).....	75
Figura 55- Distribuição dos resíduos, representados pela diferença entre a riqueza observada e a riqueza obtida a partir de análise de regressão logística de duas variáveis.....	75
Figura 56- Mapa de riqueza de espécies de peixes para a bacia do rio dos Sinos, resultante da soma dos mapas finais de cada espécie estudada, obtidos através do Modelo 2.	76
Figura 57- Distribuição dos resíduos, representados pela diferença entre a riqueza observada e a riqueza obtida a partir de análise de regressão logística de seis variáveis.....	76
Figura 58- Mapa de riqueza de espécies de peixes para a bacia do rio dos Sinos, resultante da aplicação de uma regressão múltipla de duas variáveis.....	78
Figura 59- Distribuição dos resíduos, representados pela diferença entre a riqueza observada e a riqueza obtida a partir de análise de regressão múltipla de duas variáveis.....	78

Figura 60- Mapa de riqueza de espécies de peixes para a bacia do rio dos Sinos, resultante da aplicação de uma regressão múltipla de seis variáveis.	79
Figura 61- Distribuição dos resíduos, representados pela diferença entre a riqueza observada e a riqueza obtida a partir de análise de regressão múltipla de seis variáveis.	79
Figura 62- Distribuição dos resíduos dos modelos de riqueza. Cada barra representa um dos quatro modelos de riqueza estudados (Logit 2 var- modelo de riqueza obtido através de regressão logística de 2 variáveis; Logit 6 var- modelo de riqueza obtido através de regressão logística de 6 variáveis; RM 2 var- modelo de riqueza obtido através de regressão múltipla de 2 variáveis; RM 6 var- modelo de riqueza obtido através de regressão múltipla de 6 variáveis).	80
Figura 63- Análise dos resíduos de cada um dos modelos de riqueza elaborados em função da Altitude a partir de regressão logística e regressão múltipla de duas e seis variáveis.	82
Figura 64- Análise dos resíduos de cada um dos modelos de riqueza elaborados em função da Área de bacia a partir de regressão logística e regressão múltipla de duas e seis variáveis.	83
Figura 65- Dendrograma obtido com o algoritmo de Ward com base na distância euclidiana para agrupamento de 50 espécies de peixes bacia do rio dos Sinos. Dendrograma feito a partir da matriz de correlação entre as espécies e os coeficientes da regressão logística de resposta não linear (Modelo 2). Divisão em três clusters identificados pelas cores roxo (1), azul (2) e verde (3).	85
Figura 66- Distribuição dos valores da mediana de cada uma das variáveis, em escala logarítmica, do modelo de resposta não linear de acordo com a classificação por clusters identificados a partir do dendrograma da Figura 65.	86
Figura 67- Distribuição dos valores da média dos coeficientes da regressão do modelo de resposta não linear (Modelo 2), após 30 repetições utilizando 50% dos dados. de acordo com a classificação por clusters identificados a partir do dendrograma da Figura 65.	86
Figura 68- Diagramas de ordenação da análise de componentes principais para as seis variáveis independentes da bacia do rio dos Sinos: escores de a) espécies analisadas (Os nomes das espécies estão representados pelas três primeiras letras do nome genérico e as três primeiras letras do epíteto específico- exemplo: <i>Astyanax fasciatus</i> - Astfas) e b) variáveis geomorfológicas.	87

ÍNDICE DE TABELAS

- Tabela 1- Lista de espécies utilizadas neste estudo e respectivo número de pontos onde foram registadas, as capturadas foram realizadas na bacia do rio dos Sinos entre 1998 e 2014. (número de pontos de amostragem = 87) 23
- Tabela 2- Matriz de confusão utilizada para avaliar o desempenho dos modelos. 32
- Tabela 3- Medidas de desempenho calculadas a partir de uma matriz de confusão 2x2 (Tabela 2), que foram utilizadas na avaliação dos modelos. **VP**- Verdadeiros positivos- número de registros para os quais o modelo previu corretamente a presença; **FN**- Falsos negativos- número de registros de presença da espécie para os quais o modelo previu ausência (erro de omissão); **FP**- Falsos Positivos- é o número de registros de ausência da espécie, mas o modelo previu presença (erro de comissão) e **VN**- Verdadeiros negativos- número de registros para os quais o modelo previu corretamente a ausência. $N = VP + VN + FN + FP$ 33
- Tabela 4- Valores dos coeficientes dos modelos estatísticos de distribuição presumida (Modelo 1- regressão logística de duas variáveis e Modelo 2- regressão logística de seis variáveis) para as 50 espécies da bacia do rio dos Sinos, Erro-Padrão (EP) e valor de significância (p) do teste Wald. Células vazias indicam que a variável obteve um valor de $p > 0,05$ 39
- Tabela 5- Sensibilidade, especificidade, área sob a curva ROC (AUC) e True Skill Statistical (TSS) dos modelos logísticos de distribuição elaborados para cada uma das 50 espécies em estudo, derivadas a partir da matriz de confusão obtida para cada um dos modelos (M1: Modelo 1- regressão logística de duas variáveis; e M2: Modelo 2- regressão logística de seis variáveis). 47
- Tabela 6- Valores r^2 e do $r^2_{ajustado}$ dos modelos de riqueza obtidos através de regressão múltipla de duas e seis variáveis. 77
- Tabela 7- Sumário de valores de sensibilidade (S) e especificidade (E), obtidos por vários autores, no estudo de modelos de distribuição de espécies, a partir de regressão logística de duas variáveis (Altitude e Área de bacia) para três espécies de peixes, capturadas em diferentes bacias hidrográficas do Rio Grande do Sul. 94

AGRADECIMENTOS

Durante estes quatro anos foram várias as pessoas que de alguma forma contribuíram para a realização desta tese.

Agradeço à Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul e ao Programa de Pós-Graduação em Zoologia por me receberem e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa de doutoramento.

Ao Professor Doutor Nelson Ferreira Fontoura por aceitar ser o meu orientador e me ajudar a desenvolver este trabalho. Muito obrigada pela compreensão e apoio dados quando ocorreram problemas de saúde, e pelas conversas e trocas de ideias que contribuíram para ampliar o meu conhecimento durante este percurso.

Aos professores Doutores Júlio César Bicca-Marques e Laura Roberta Pinto Utz pelas sugestões dadas durante a elaboração do projeto de tese.

Aos colegas que já deixaram o laboratório de Ecologia Aquática ou que lá se encontram a desenvolver os seus trabalhos, Cibele, Débora, Felipe, Gian, Moisés e Zé. Ao Marcos pelas risadas e conversas nos últimos anos. Ao Eduardo pela convivência diária no laboratório e pelas trocas de ideias. E, claro, à Adriana pela amizade e companheirismo desde o primeiro dia em que cheguei ao laboratório.

Aos meus amigos, quase pais brasileiros, Luciane e Luiz, por estarem sempre presentes. Ao Marcelo, Maria Helena, Shirlei, Ticiane e Thiago pela amizade desde 2012. “Obrigada barak”

À Rebecca e Sofia que me acompanham desde 2004, acrescentando membros ao grupo e partilhando momentos mesmo à distância (Bruno, Michael, Mara e Lilli).

Aos meus amigos Ana, David, Diogo, Jason, Telma, que ao longo dos últimos anos me têm acompanhado e mesmo com as minhas longas ausências conseguem fazer-me sentir lá presente em todos os momentos importantes. Obrigada pelas fotos e vídeos partilhados que alegam os meus dias.

Ao Gabriel, Márcio, Maria José, Maxmiria, Miguel, Nuno, Patrícia, Polly, Rafa e Sylene.

Ao Doutor Hélder Ferreira e Doutor António Antunes por me acompanharem nos momentos menos bons e por me darem energia para continuar.

Ao André pelo apoio, companhia e incentivo nestes últimos anos.

À minha família que sempre me apoiou incondicionalmente mesmo quando não concorda com as minhas escolhas. Mã, Pá e Zito obrigada por estarem sempre disponíveis para mim. Sem vocês este caminho não teria sentido. Obrigada por me compreenderem e apoiarem sempre!

RESUMO

Modelos de distribuição são considerados como ferramentas importantes em estudos de biogeografia e ecologia, pois permitem a extrapolação espacial e temporal da distribuição de espécies a partir de um conjunto de dados de ocorrência em função de preditores ambientais. Neste estudo, objetivamos propor modelos de distribuição logística para 50 espécies de peixes ao longo da bacia do rio dos Sinos (Rio Grande do Sul, Brasil), utilizando altitude e área da bacia como descritores geomorfológicos. Modelos de riqueza montante-jusante para toda a bacia usando regressão múltipla e logística também foram propostos. O conjunto de dados derivou de vários programas de amostragem realizados de 1998 a 2014, compreendendo 86 locais amostrados com coleta de peixes com redes de emalhar, pesca elétrica ou ambos. Dois modelos logísticos foram construídos utilizando dados ambientais de altitude e área de bacia a montante, testando respostas lineares (Modelo 1) e não lineares (Modelo 2) para cada espécie. O desempenho dos modelos foi avaliado usando sensibilidade, especificidade, AUC (Area Under Curve) e TSS (True Skill Statistical). Os modelos ajustados apresentaram valores de sensibilidade variando de 47,1 a 99,8, especificidade de 49,94 a 98,10, AUC de 0,75 a 0,99 e TSS de 0,26 a 0,98. O modelo de resposta linear, embora mais simples, mostrou-se eficaz na predição da distribuição de espécies, como observado em estudos anteriores. A área da bacia teve um efeito positivo na distribuição da maioria das espécies de acordo com o modelo linear, embora isso não tenha sido verificado para os modelos não lineares devido à interação entre as variáveis. Em geral, o modelo não linear apresentou valores de desempenho mais altos para as métricas avaliadas para a maioria das espécies, mas sofreu de hiperajuste e uma estimativa de distribuição fragmentada. A riqueza de espécies aumentou ao longo de um gradiente longitudinal, apresentando seu valor máximo a jusante da bacia. Dos quatro modelos estimados de riqueza, os modelos com seis variáveis foram os que apresentaram a menor amplitude de variação dos resíduos.

Palavras-chave: modelos de distribuição de espécies, Logit, preditores geomorfológicos, gradiente longitudinal, peixes

ABSTRACT

Species and richness spatial distribution patterns along an upstream-downstream gradient in the Sinos River Basin (RS) – Brazil

Distribution models are considered important tools in biogeography and ecology studies as they allow spatial and temporal extrapolation of species distribution from a set of occurrence data points as function of environmental predictors. In this study, we aimed to propose logistic distribution models for 50 fish species along the Sinos River Basin (Rio Grande do Sul, Brazil), by using altitude and basin area as geomorphological descriptors. Upstream-downstream richness model for entire basin by using multiple and logistic regression was also presented. The dataset derived from several sampling programs performed from 1998 to 2014, comprising 86 sampled locations with fish collections with gillnets, electric fishing or both. Two logistic models were constructed using environmental data of altitude and upstream basin area, testing linear (Model 1) and nonlinear (Model 2) factor responses for each species. Performance of the two models was evaluated using sensitivity, specificity, AUC (Area Under Curve) and TSS (True Skill Statistical). The adjusted models presented sensitivity values ranging from 47,1 to 99,8, specificity from 49,94 to 98,10, AUC from 0,75 to 0,99 and TSS from 0,26 to 0,98. The linear response model, although simpler, proved to be effective in predicting species distribution, as observed in previous studies. The basin area had a positive effect on the distribution of most species according to the linear model, although this was not verified for nonlinear models due to the interaction between variables. In general, the nonlinear model presented higher performance values for the evaluated metrics for the majority of species, but suffered from overfitting and a patchy distribution estimation. The species richness increased along a longitudinal gradient, presenting its maximum value downstream of the basin. Of the four estimated richness models, models with six variables were the ones with the lowest residual variation.

Keywords: species distribution models, Logit, geomorphological predictors, longitudinal gradient, fish

1. INTRODUÇÃO

1.1. Biodiversidade da ictiofauna límnic mundial e sul americana

Os ambientes de água doce representam 0,01% da superfície terrestre e contêm 9,5% de todas as espécies animais descritas (Balian *et al.*, 2008). Estendendo-se desde as nascentes até aos estuários, incluem uma enorme variedade de habitats, de lânticos a lóticos (Kuemmerlen *et al.*, 2015). Nestes ambientes, a capacidade de dispersão dos organismos aquáticos é limitada pela estrutura da malha hídrica da bacia onde se encontram (Lauzeral *et al.*, 2014).

A biodiversidade dos ecossistemas aquáticos de água doce encontra-se ameaçada pela intensa atividade humana (Tejerina-Garro *et al.*, 2005). Estima-se que os efeitos de agentes de stress como poluição orgânica e industrial, degradação de habitat, pesca intensiva, regulação de corrente de vazão, e introdução de espécies exóticas, combinados com alterações climáticas, tenham afetado cerca de 10.000 a 20.000 espécies de água doce, grande parte destas até à extinção (Agostinho *et al.*, 2005; Dudgeon *et al.*, 2006; Cetra *et al.*, 2010; Strayer & Dudgeon, 2010; Vörösmarty *et al.*, 2010; Schulz & Leal, 2012). É por isso urgente ampliar o conhecimento sobre a biodiversidade destes ambientes, potencializando assim o desenvolvimento de ações de preservação e conservação da diversidade ecológica.

Estima-se que a América do Sul seja a região do globo com o maior número de espécies de água doce, entre 8000 e 9000 (Reis *et al.*, 2016). No ano de 2003, foi publicada uma lista dando a conhecer 4475 espécies válidas (Reis *et al.*, 2003) e desde então esse número tem sofrido um aumento de cerca 100 espécies por ano, totalizando 5160 espécies de peixes de água doce descritas em 2016, o que corresponde a aproximadamente um terço de toda a ictiofauna límnic do mundo (Reis, 2013; Reis *et al.*, 2016). Espécies de Characiformes, Siluriformes e Cichliformes constituem maioritariamente essa ictiofauna (Reis *et al.*, 2003, Ruggiero *et al.*, 2015).

Vannote *et al.* (1980) definiu o conceito de rio contínuo, que mostra os sistemas de água doce como uma série integrada de gradientes físicos e ajustes bióticos associados. Os cursos de água conectam-se de forma multidirecional, incluindo a elevada biodiversidade das comunidades aquáticas, o sistema de

propriedades ambientais contido na sua rede, assim como a paisagem da sua bacia hidrográfica. Processos terrestres, subterrâneos e atmosféricos influenciam de forma dinâmica a estrutura, a composição e a função dos ecossistemas de água doce. Os modelos de distribuição de espécies precisam, portanto, abstrair a realidade a partir de um conjunto simplificado de condicionantes ambientais (Domisch *et al.*, 2015; Kuemmerlen *et al.*, 2015).

1.2. Modelos de distribuição de espécies

Nas últimas décadas, a utilização de modelos de distribuição de espécies aumentou consideravelmente, de forma a caracterizar a distribuição geográfica de um número crescente de espécies (Guisan & Thuiller, 2005, Araújo & Guisan, 2006; Jiménez-Valverde *et al.*, 2008). Estes modelos são considerados uma importante ferramenta para a previsão de ocorrência de espécies em áreas ainda não amostradas, contribuindo para estudos biogeográficos e para o planejamento de ações de conservação (Guisan & Zimmermann, 2000; Guisan & Thuiller, 2005).

Os modelos preditivos de distribuição também têm servido para a compreensão de condicionantes ecológicos capazes de moldar a distribuição espacial de espécies. Nestes, o nicho ecológico potencial é modelado a partir de funções matemáticas que ponderam o efeito de características ambientais em relação aos registros de ocorrência conhecidos (Guisan & Zimmermann, 2000). Estes modelos baseiam-se no conceito de nicho fundamental (Hutchinson, 1957), representando os intervalos de condições e recursos, em um espaço hipervolumétrico, potencialmente explorável por uma espécie, normalmente desconsiderando as interações bióticas com outros organismos (Franklin, 2010). Estes modelos são criados a partir de uma técnica que relaciona os pontos georreferenciados de ocorrência da espécie com um conjunto de preditores ambientais (variáveis georreferenciadas) de forma a ser possível prever a distribuição da espécie num espaço geográfico, onde a população se possa manter viável (Anderson *et al.*, 2003; Guisan & Thuiller, 2005). A distribuição final prevista fornece uma previsão de probabilidade de onde a espécie poderá ou não estar presente, com base nos preditores utilizados na modelagem (Araújo & Guisan, 2006) (Figura 1).

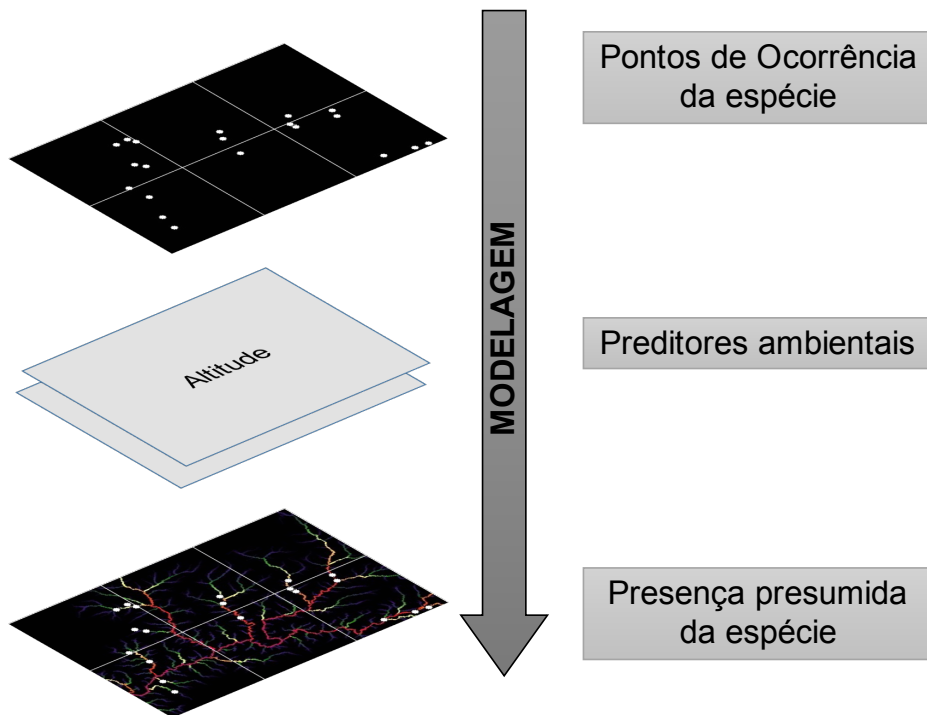


Figura 1- Esquema representativo do processo de criação de um modelo de distribuição de espécies.

Existem vários tipos de modelos de distribuição de espécies (Guisan & Thuiller, 2005; Franklin, 2010), que variam de acordo com o tipo de dados utilizados, o mecanismo e o desempenho do modelo (Guisan & Zimmermann, 2000; Elith *et al.*, 2006; Austin, 2007). Por isso, quando se escolhe e se aplica um modelo de distribuição de espécies é importante compreender a sua performance, suposições, características e incertezas, assim como de que forma os mesmos podem ser afetados pela quantidade e qualidade dos dados utilizados.

Os modelos de distribuição de espécies podem ser classificados de acordo com o tipo de dados utilizados: 1) apenas dados de presença; 2) dados de presença e ausência. Métodos de modelagem com dados apenas de presença requerem um conjunto conhecido de ocorrências conhecidas juntamente com variáveis preditoras, tais como variáveis topográficas, climáticas, edáficas, biogeográficas e senso-remotas (Phillips & Dudík, 2008). Estes métodos têm-se revelado muito

interessantes, já que os dados de ausência são raros, podem ter um elevado grau de incerteza, e apenas em regiões bem exploradas podem ser interpretados como verdadeiros (Soberón & Peterson 2005; Jiménez-Valverde *et al.*, 2008). No entanto, os resultados obtidos por Brotons *et al.* (2004) sugerem que sempre que dados de ausência estejam disponíveis, estes devem ser utilizados, pois irão contribuir para um desempenho superior do modelo, o que levará a uma previsão mais fiável.

Existem três tipos diferentes de ausências; as ausências ambientais (quando as condições não permitem a ocorrência da espécie), as ausências contingentes (quando as condições ambientais são favoráveis, mas outros fatores como interações bióticas, barreiras para dispersão ou extinção local são responsáveis pela ausência da espécie), e as ausências metodológicas (a espécie está presente, mas não é detectada) (Lobo *et al.*, 2010; Lauzeral *et al.*, 2014). As ausências ambientais são informativas e contribuem tanto como as presenças para a acurácia da modelagem de distribuição de espécies, já as ausências metodológicas, por não refletirem a preferência ambiental da espécie, reduzem a confiabilidade das predições da modelagem (Lobo *et al.*, 2007).

A estrutura da modelagem de distribuição de espécies é semelhante no ambiente terrestre, marinho e de água doce, embora cada ambiente venha a ter desafios específicos para combinar a escala espacial, preditores ambientais e os registros de ocorrência de espécies para a construção de modelos confiáveis (Domisch *et al.*, 2015). A escala espacial para modelagem em ecossistemas fluviais está diretamente relacionada à estrutura da malha hídrica: eventos e processos a montante da área de amostragem podem desempenhar um importante papel nas projeções do modelo para um determinado local, através de processos indiretos, sinérgicos ou cumulativos (Domisch *et al.*, 2015)

Devido à enorme variedade de técnicas e modelos existentes, nem sempre é fácil escolher o algoritmo a utilizar bem como do método de avaliação da qualidade do modelo obtido. É, por isso, importante delinear bem os objetivos e conhecer o conjunto de dados que se possui. A escala ecológica trabalhada deve ser considerada, tendo em conta que, preditores climáticos ou topográficos são apropriados para criar modelos de distribuição de espécies numa escala mais ampla (por exemplo, continental), mas em escalas menores, como escala local, preditores como a cobertura do solo são mais adequados e deverão ser utilizados.

A modelagem de distribuição de espécies é também amplamente utilizada

para prever a distribuição de espécies ameaçadas (Liang *et al.*, 2012), estimar taxas de extinção (Thomas *et al.*, 2004), conservação de espécies endêmicas, raras e ameaçadas (Guisan *et al.*, 2006), projetar o efeito de mudanças do ambiente na distribuição das espécies (Domisch *et al.*, 2013), prever os efeitos das alterações climáticas (Araújo & Luoto, 2007; Domisch *et al.*, 2011), assim como para rastrear invasões de espécies (Ficetola *et al.*, 2007) e vetores de doenças (Benedict *et al.*, 2007). Para além dos objetivos acadêmicos, os modelos de distribuição de espécies são cada vez mais utilizados para elaborar estratégias de conservação e gestão, incluindo avaliação da biodiversidade, determinação de áreas prioritárias para conservação, manutenção e recuperação de ecossistemas (Franklin, 2010).

Num estudo realizado sobre as aplicações dos modelos de distribuição de espécies em ecossistemas fluviais, os autores destacaram três desafios críticos que devem ser tidos em consideração quando se está a construir modelos de distribuição de espécies em ecossistemas fluviais: a configuração espacial em termos da estrutura hierárquica dos rios e malha hídrica; preditores ambientais relevantes e espacialmente contínuos ao longo da rede fluvial e o desafio de obter dados de ocorrência de espécies de água doce ao longo da rede de rios (Domisch *et al.*, 2015).

As condições morfológicas e hidrodinâmicas de um rio são influenciadas pela altitude, a qual, isoladamente, exerce uma grande influência sobre a riqueza e a distribuição de espécies (Pouilly *et al.*, 2006). A distribuição de seres vivos ao longo de gradientes de elevação, onde se observa uma alteração da morfologia da bacia em pequenas distâncias, tem sido alvo de estudos de forma a se compreender melhor a natureza deste gradiente. Com o aumento da altitude, as oportunidades para a vida vão diminuindo devido às características mais inóspitas para a sobrevivência das espécies. Existem vários fatores que influenciam o padrão de distribuição das espécies, no entanto, a utilização de variáveis de fácil obtenção, como a altitude e área de bacia, apresenta-se como uma ferramenta eficiente na compreensão destes padrões ao longo dos cursos de água (Pouilly *et al.*, 2006). Em 2007, Suárez & Petreire apresentaram a altitude como sendo a variável que mais afetou o padrão de distribuição de peixes na bacia do rio Iguatemi, Mato Grosso do Sul, Brasil.

Igualmente, é sabido que o volume de água drenado para um determinado ponto influencia o padrão de distribuição dos peixes ao longo do rio, estando

relacionado de forma significativa com a riqueza de espécies (Garutti, 1988). Com a diminuição da altitude há um aumento da área de superfície e da profundidade do rio, o que, devido ao aumento do volume de água, favorece o estabelecimento de peixes de maiores dimensões (Schlosser, 1990).

Em trabalhos de modelagem realizados nas bacias hidrográficas do rio Camaquã, do rio Jacuí e do rio Uruguai, no sul do Brasil, as probabilidades de ocorrência de peixes migradores foram estimadas através de regressão logística multivariada (LOGIT), utilizando como preditores altitude e área de bacia a montante (Alves & Fontoura, 2009; Rodrigues *et al.*, 2011; Barradas *et al.*, 2012). O trabalho realizado por Barradas *et al.* (2012) utilizou os mesmos preditores geomorfológicos, mas nesse estudo foram comparados cinco modelos logísticos para as quatro espécies estudadas, construídos a partir de combinações dos preditores como, por exemplo, o produto da altitude com a área de bacia. A acurácia dos modelos estimados por estes autores esteve acima dos 80% para as três bacias, indicando que a altitude e a área de bacia possuem um bom poder preditivo para a modelagem das espécies estudadas.

De acordo com o conceito de rio contínuo proposto por Vannote *et al.* (1980), no sentido montante-jusante de uma bacia hidrográfica, características como a riqueza e a diversidade sofrem um aumento gradativo para jusante. Este padrão é normalmente atribuído a uma diversidade de habitats ampliada, ao aumento de volume de água que permite o estabelecimento de um número mais elevado de indivíduos e espécies (Reyes-Gavilán *et al.*, 1996), e ao aumento da matéria orgânica disponível. Vários autores têm estudado a distribuição da ictiofauna ao longo de gradientes longitudinais, verificando que existe de fato um aumento do número de espécies a jusante do curso do rio (Reyes-Gavilán *et al.*, 1996; Belliard *et al.*, 1997; Petry & Schulz, 2006; Ferreira *et al.*, 2010).

O presente trabalho analisa a influência da altitude e da área de bacia na riqueza de espécies de peixes ao longo de toda a bacia do rio dos Sinos (3820 km²), no sul do Brasil. Apesar de existirem vários estudos sobre a composição de espécies de peixes da bacia do rio dos Sinos (Bozzetti & Schulz, 2004; Petry & Schulz, 2006; Leal *et al.*, 2009; Schulz & Leal, 2012), existe uma lacuna nos estudos que relacionam ocorrência das espécies com parâmetros geomorfológicos.

Um conjunto de hipóteses relativas à distribuição de espécies de peixes na bacia hidrográfica do rio dos Sinos foi analisado: 1) Modelos estatísticos com maior

complexidade têm um melhor ajuste; 2) A altitude é a variável que mais influencia a distribuição das espécies de cabeceira; 3) O número de pixels de informação está diretamente relacionado com a qualidade do modelo proposto, ou seja, quanto menor o número de pixels utilizado pior será o nosso ajuste; 4) A riqueza de espécies é inversamente proporcional à altitude.

Desta forma, o objetivo principal desta tese foi estimar a probabilidade de ocorrência de espécies de peixes da bacia hidrográfica do rio dos Sinos, com base em preditores geomorfológicos (altitude e área de bacia). Além disso, pretende-se desenvolver uma estimativa da riqueza de espécies ao longo da bacia do rio dos Sinos a partir de modelos de regressão logística e de regressão múltipla. Para isso, pretende-se:

- Produzir modelos de presença presumida para espécies de peixes com base em informações de altitude e área de bacia.
- Propor um conjunto de mapas de distribuição presumida para cada uma das espécies estudadas.
- Comparar os dois modelos de regressão logística selecionados para este estudo.
- Gerar modelos de riqueza específica esperada para cada uma das abordagens estatísticas utilizadas.
- Comparar a riqueza obtida com a riqueza presumida para a bacia do rio dos Sinos.

Em particular, deste estudo resulta um conjunto de modelos estatísticos e mapas de distribuição de espécies de peixes presentes na bacia do rio dos Sinos, constituindo-se em um marco importante para a compreensão dos padrões geográficos de distribuição de peixes, contribuindo para políticas de conservação da bacia, assim como para o desenvolvimento acadêmico da modelagem de distribuição em escala de bacia hidrográfica.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Caracterização da área de estudo

A área de estudo compreende a bacia hidrográfica do rio dos Sinos (Figura 2), que se localiza na região leste do estado do Rio Grande do Sul (RS) na Região Hidrográfica do Guaíba (SEMA, 2018), entre as coordenadas 29° 20' e 30° 10' de latitude Sul e de 50° 15' e 51° 20' de longitude Oeste (Leal *et al.*, 2009; Blume *et al.*, 2010). A bacia abrange 32 municípios, com uma população de aproximadamente 1.350.000 habitantes, onde se desenvolvem diferentes atividades económicas, ocupando uma área de aproximadamente 3820 km² e uma malha hídrica em torno de 3471 km de extensão (Leal *et al.*, 2009; Figueiredo *et al.*, 2010, COMITESINOS, 2018). Este é um dos rios com qualidade de água mais baixa do Brasil (Souza *et al.*, 2016), degradação que culminou com o surgimento de 85 toneladas de peixes mortos, em outubro de 2006 (COMITESINOS, 2018).

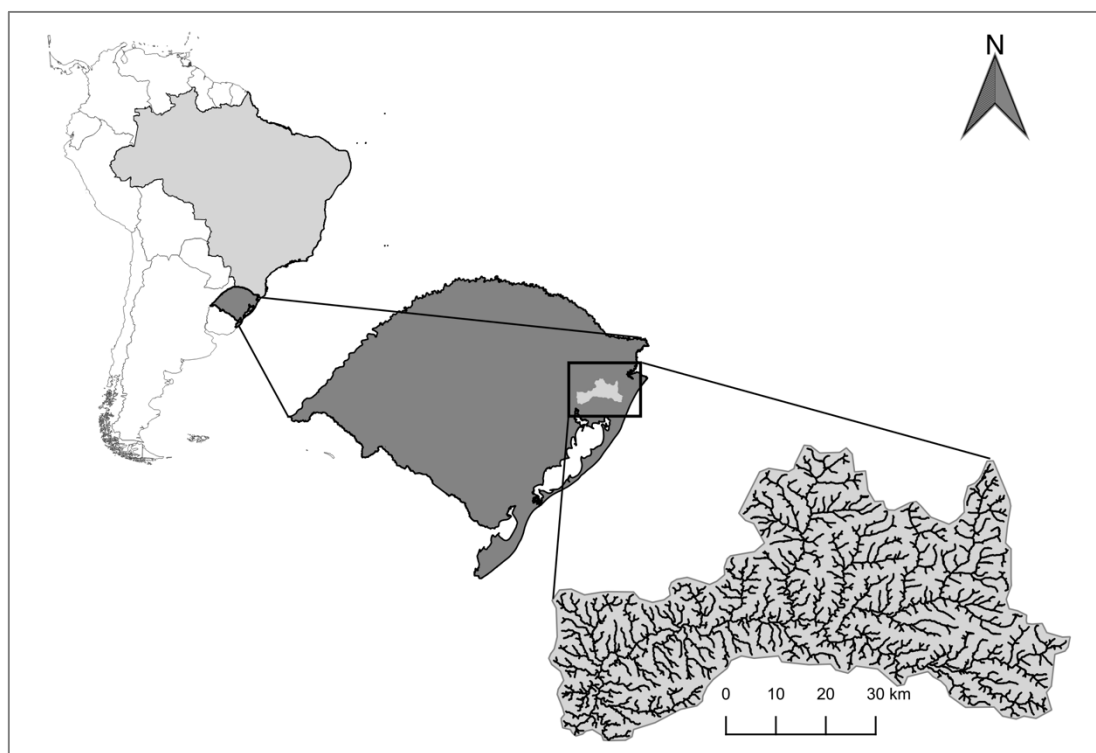


Figura 2- Localização do estado do Rio Grande do Sul (cinza escuro) no Brasil e da área de estudo, bacia hidrográfica do rio dos Sinos (cinza claro).

O rio dos Sinos tem cerca de 190 km de extensão (da nascente até à sua foz), apresentando três principais afluentes, rio Paranhana, rio Rolante e rio da Ilha (Petry & Schulz, 2006; Leal *et al.*, 2009). A bacia é delimitada pela bacia do Gravataí a sul, a norte/noroeste pela bacia do rio Caí, e a leste pelo sistema de lagoas do norte do RS. As principais nascentes localizam-se na Serra Geral, no município de Caraá, a cerca de 600 m de altitude, correndo no sentido leste-oeste até à cidade de São Leopoldo, mudando aí para a direção norte-sul, desembocando no delta do rio Jacuí entre a ilha Grande dos Marinheiros e a ilha das Garças (COMITESINOS, 2018; FEPAM, 2018).

O rio dos Sinos pode ser dividido em três trechos de acordo com a sua declividade: trecho superior – a altitude varia entre os 600 e 60 m, o fluxo do rio é rápido e encachoeirado, possuindo uma extensão de aproximadamente 25 km; trecho médio – com cerca de 125 km, possui declividades intermédias e altitudes compreendidas entre os 60 e 5 m; trecho inferior – com 50 km de extensão e possuindo declividades quase nulas, apresentando um escoamento muito lento, o que é característico de um rio de planície. Este último trecho apresenta uma grande concentração populacional e intensa atividade industrial, situado entre as cidades de Campo Bom até a foz no delta do Jacuí, onde os principais arroios formadores drenam grandes centros urbanos, como, por exemplo, Novo Hamburgo e São Leopoldo (COMITESINOS, 2018; FEPAM, 2018). Neste segmento, a bacia sofre diariamente descarga de esgotos, dos quais apenas 20% são tratados em São Leopoldo e 5% em Novo Hamburgo.

Em 2009, Leal *et al.* apresentaram uma lista de espécies presentes na bacia do rio dos Sinos, com um total de 102 espécies.

2.1. Matriz de Dados

2.1.1. Dados de espécies de peixes

O conjunto de dados utilizado para a modelagem de distribuição de espécies resultou, principalmente, da compilação de dados obtidos durante diversos projetos de pesquisa e monitoramento ambiental realizados entre 1998 e 2014 ao longo da bacia (Laboratório de Ecologia de Peixes da Universidade do Vale do Rio dos Sinos – UNISINOS; anexo 1). As amostras foram realizadas com redes de espera e com pesca elétrica. As redes utilizadas possuíam malhas variando de 15 mm a 60 mm entre nós adjacentes. As redes de espera foram utilizadas na calha principal dos rios e arroios profundos, sendo as amostragens na margens e arroios rasos realizadas com pesca elétrica, utilizando geradores (EFKO 800 e EFKO 7000) de corrente contínua operando com amperagem máxima de dez amperes e tensão de 750V. Nos pontos situados próximos da cabeceira, a área amostrada foi isolada com a colocação de redes de espera a montante e a jusante, evitando assim a entrada e saída de indivíduos no trecho de coleta, compreendendo uma área de aproximadamente 700 m². Nestes pontos foram realizadas três passadas de pesca elétrica no sentido jusante-montante, de aproximadamente 1 hora de duração cada, totalizando assim 3 horas de esforço amostral por cada ponto (Leal *et al.*, 2009; Costa & Schulz, 2010).

Com o intuito de complementar a base de dados relativamente à presença de espécies no baixo Sinos, recorreu-se à consulta de informação disponibilizada em repositórios de dados online. Foram utilizados dados disponíveis em coleções científicas informatizadas do *Museu de Ciências e Tecnologia da PUCRS* (<http://webapp.pucrs.br/colecoesMCT>) e do *speciesLink* (<http://splink.cria.org.br>). Foi criado um ponto hipotético de amostragem na foz do rio dos Sinos, onde se informou a presença hipotética de espécies efetivamente capturadas na bacia Sinos e com presença registrada para o delta do Jacuí e lago Guaíba, totalizando, assim 87 pontos de ocorrência (Figura 3). Neste estudo foram analisadas 64 espécies, das quais foram propostos modelos de distribuição para 50 espécies com pelo menos três pontos com registro de presença.

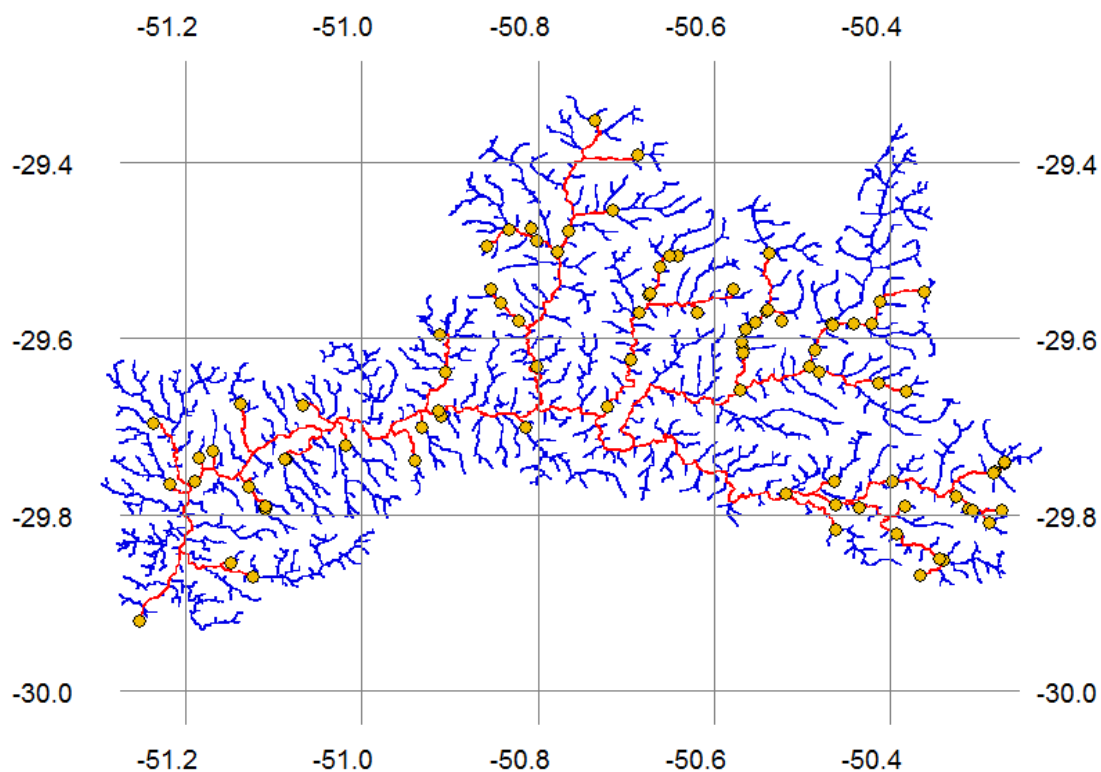


Figura 3- Mapa da hidrografia (azul) gerado através do modelo digital de terreno (MDT, altitude em pixels de 90 por 90 m) para o sistema de referência oficial brasileiro (SAD69). Hidrografia amostrada (vermelho) obtida através dos 87 pontos de informação (círculos pretos com fundo amarelo).

2.1.2. Dados das variáveis geomorfológicas

As variáveis geomorfológicas (altitude e área de bacia) consideradas neste estudo encontram-se na categoria de variáveis topográficas. Cada um dos conjuntos de dados destas variáveis foi obtido através de procedimentos que se encontram descritos no ponto 2.3.2 deste trabalho.

2.2. Processamento dos dados

Todas as coordenadas de pontos amostrais foram confirmadas em software de geoprocessamento e os pontos que ocorriam em locais improváveis ou duvidosos foram eliminados. O conjunto de dados final incluiu 33961 registros de ocorrência de indivíduos.

2.2.1. Seleção das espécies

A matriz de dados inicial foi analisada exhaustivamente e o critério de seleção de espécies para a modelagem foi o número de pontos de ocorrência. As espécies que estavam presentes em apenas um ou dois pontos de amostragem foram retiradas da lista de espécies a modelar. As espécies selecionadas e os respectivos números de ocorrência encontram-se listados na Tabela 1. Indivíduos não identificados até ao nível de espécie ou que exibiam a possibilidade de dúvida na sua identificação foram excluídos da análise.

Tabela 1 - Lista de espécies utilizadas neste estudo e respectivo número de pontos onde foram registradas, as capturadas foram realizadas na bacia do rio dos Sinos entre 1998 e 2014. (número de pontos de amostragem = 87)

Espécie	Nº de pontos	Espécie	Nº de pontos	Espécie	Nº de pontos
<i>Ancistrus brevipinnis</i>	62	<i>Diapoma speculiferum</i>	4	<i>Mimagoniaetes inequalis</i>	12
<i>Astyanax jacuhiensis</i>	22	<i>Eigenmannia virescens</i>	6	<i>Oligosarcus robustus</i>	16
<i>Astyanax fasciatus</i>	8	<i>Geophagus brasiliensis</i>	13	<i>Oreochromis niloticus</i>	3
<i>Astyanax henseli</i>	41	<i>Gymnogeophagus gymmogenys</i>	19	<i>Otocinclus flexilis</i>	6
<i>Astyanax laticeps</i>	11	<i>Gymnogeophagus labiatus</i>	43	<i>Parapimelodus nigribarbis</i>	13
<i>Astyanax scabripinnis</i>	17	<i>Gymnogeophagus rhabdotus</i>	13	<i>Phallocerus caudimaculatus</i>	35
<i>Australoheros facetus</i>	18	<i>Gymnotus carapo</i>	11	<i>Pimelodella australis</i>	5
<i>Bryconamericus iheringii</i>	61	<i>Hemiancistrus punctulatus</i>	41	<i>Pimelodus pintado</i>	4
<i>Bunocephalus doriae</i>	3	<i>Heptapterus mustelinus</i>	64	<i>Prochilodus lineatus</i>	7
<i>Callichthys callichthys</i>	4	<i>Hisonotus armatus</i>	7	<i>Pseudocorynopoma doriae</i>	19
<i>Characidium orientale</i>	14	<i>Hisonotus nigricauda</i>	20	<i>Rhamdella etiarcha</i>	38
<i>Characidium pterostictum</i>	53	<i>Hoplosternum littorale</i>	5	<i>Rhamdia quelen</i>	60
<i>Characidium tenue</i>	8	<i>Hoplias malabaricus</i>	18	<i>Rineloricaria cadeae</i>	31
<i>Characidium zebra</i>	12	<i>Hyphessobrycon bifasciatus</i>	3	<i>Rineloricaria malabarbai</i>	38
<i>Cheirodon ibicuihensis</i>	17	<i>Hyphessobryconluetkenii</i>	33	<i>Rineloricaria microlepidogaster</i>	60
<i>Cheirodon interruptus</i>	4	<i>Hypostomus aspligaster</i>	4	<i>Schizodon jacuiensis</i>	3
<i>Cichlasoma portalegrense</i>	3	<i>Hypostomus commersoni</i>	12	<i>Scleronema minutum</i>	9
<i>Corydoras paleatus</i>	9	<i>Leporinus obtusidens</i>	3	<i>Steindachnerina biomnata</i>	4
<i>Crenicichla lepidota</i>	13	<i>Loricariichthys anus</i>	7	<i>Synbranchus marmoratus</i>	37
<i>Crenicichla punctata</i>	54	<i>Lycengraulis grossidens</i>	3	<i>Trachelyopterus luconai</i>	3
<i>Cyphocharax voga</i>	15	<i>Microglanis cottoides</i>	14	<i>Trichomycterus brachykechenos</i>	26
<i>Diapoma alburnum</i>	25				

2.2.2. Variáveis geomorfológicas

O software IDRISI Selva (Clark Labs, 2012) foi utilizado para preparar as camadas referentes às variáveis independentes utilizadas neste trabalho. As mesmas foram elaboradas a partir do modelo digital de terreno (MDT, altitude radar em pixel de 90 por 90 m, NASA Shuttle Radar Topography Mission - SRTM) adaptado ao sistema de referência oficial brasileiro (SAD69) recortado por unidade de federação (Weber *et al.*, 2004). A área de bacia foi obtida utilizando a seguinte metodologia: (1) aplicação do Filtro do valor mínimo (*Filter Min*) numa matriz de 3x3 pixels para homogeneizar a imagem; (2) diminuição das variações de altitude através da aplicação da ferramenta Pit-Removal; (3) utilização da função Runoff para estimar a área de bacia a montante de cada ponto, convertendo o número de pixels para a área real (km²). Para se obter a hidrografia total amostrada aplicou-se a função Pathway com caminhos múltiplos a partir das coordenadas de todos os pontos de amostragem, a matriz de custo utilizada foi o inverso da camada Runoff, obteve-se assim uma imagem com escala binária (0-1) representando o curso da hidrografia. A hidrografia total amostrada serviu como máscara sempre que necessário durante todo o processo de análise realizado no IDRISI.

A probabilidade de ocorrência de cada espécie ao longo da bacia do rio dos Sinos foi estimada através de uma equação logística. As variáveis utilizadas no ajuste do modelo de probabilidade de ocorrência de espécies da bacia do rio dos Sinos foram a presença da espécie (variável dependente em escala binária - zero e um - obtida através do registro de amostragem e da presença em catálogos disponíveis online); Altitude (escala métrica- logaritmo natural da altitude em metros - obtida através do Modelo Digital de Terreno - MDT) e Área de Bacia (escala métrica - logaritmo natural da área de bacia em km² - obtida através da aplicação das funções Filter Min 3x3, Pit-Removal e Runoff ao MDT).

Foram escolhidas seis variáveis independentes, com os seus valores transformados logaritmicamente, em formato raster. As variáveis foram altitude em metros (*ln Alt* - Figura 4), área de bacia em quilómetros quadrados (*ln Ab*- Figura 5), altitude ao quadrado (*ln Alt²* - Figura 6), área de bacia ao quadrado (*ln Ab²* - Figura 7), altitude multiplicada pela área de bacia (*ln Alt x ln Ab* - Figura 8) e altitude dividida pela área de bacia (*ln Alt/ln Ab* - Figura 9). Apesar da possível colinearidade, tal procedimento objetivou contemplar efeitos de resposta não lineares e sinérgicos das variáveis altitude e área de bacia.

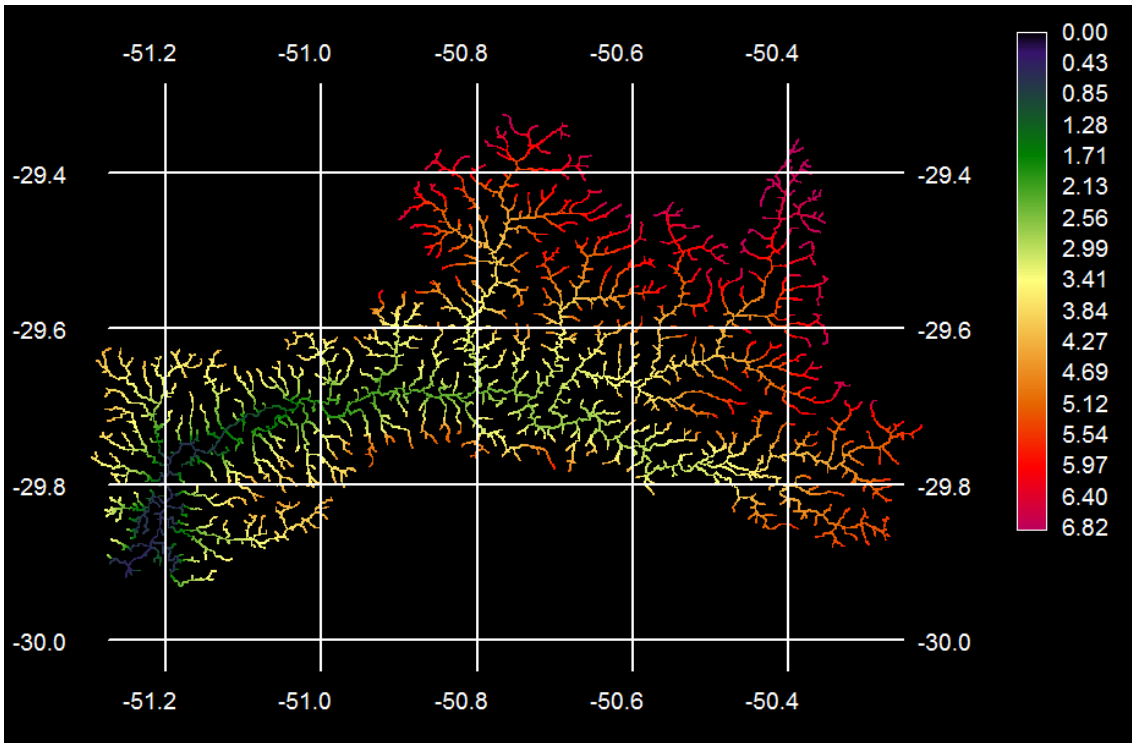


Figura 4- Imagem georreferenciada da variável altitude (m), da bacia do rio dos Sinos, em escala logarítmica (\ln), obtida através do MDT (Weber *et al.*, 2004).

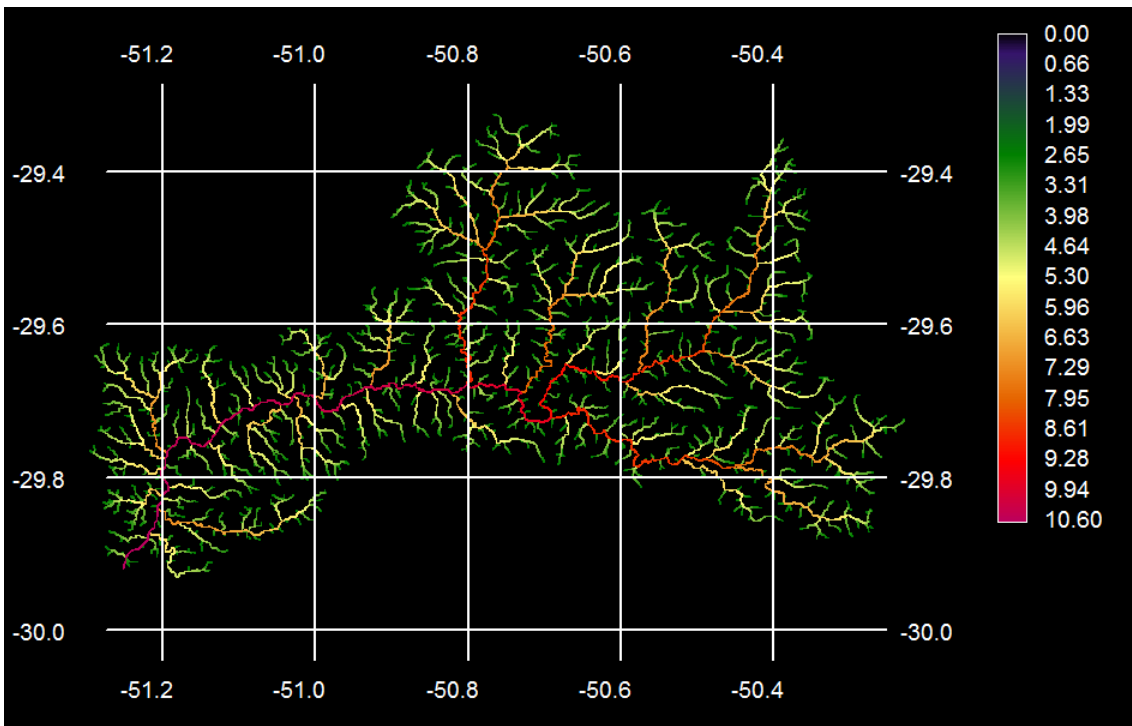


Figura 5- Imagem georreferenciada da variável área de bacia de montante (km^2), da bacia do rio dos Sinos, em escala logarítmica, obtida através da camada de altitude, após aplicação das funções FilterMin 3x3, Pit-Removal e Runoff no MDT (Weber *et al.*, 2004).

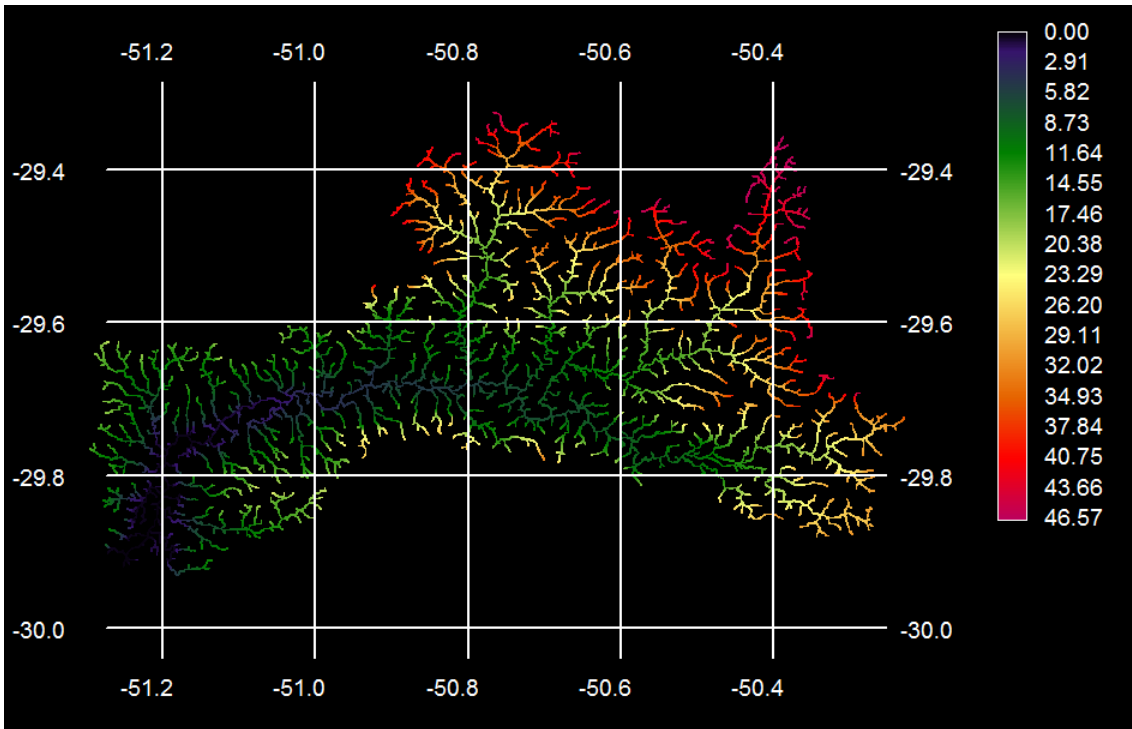


Figura 6- Imagem georreferenciada da variável altitude² (m), da bacia do rio dos Sinos, em escala logarítmica, obtida através da elevação ao quadrado da camada original de altitude.

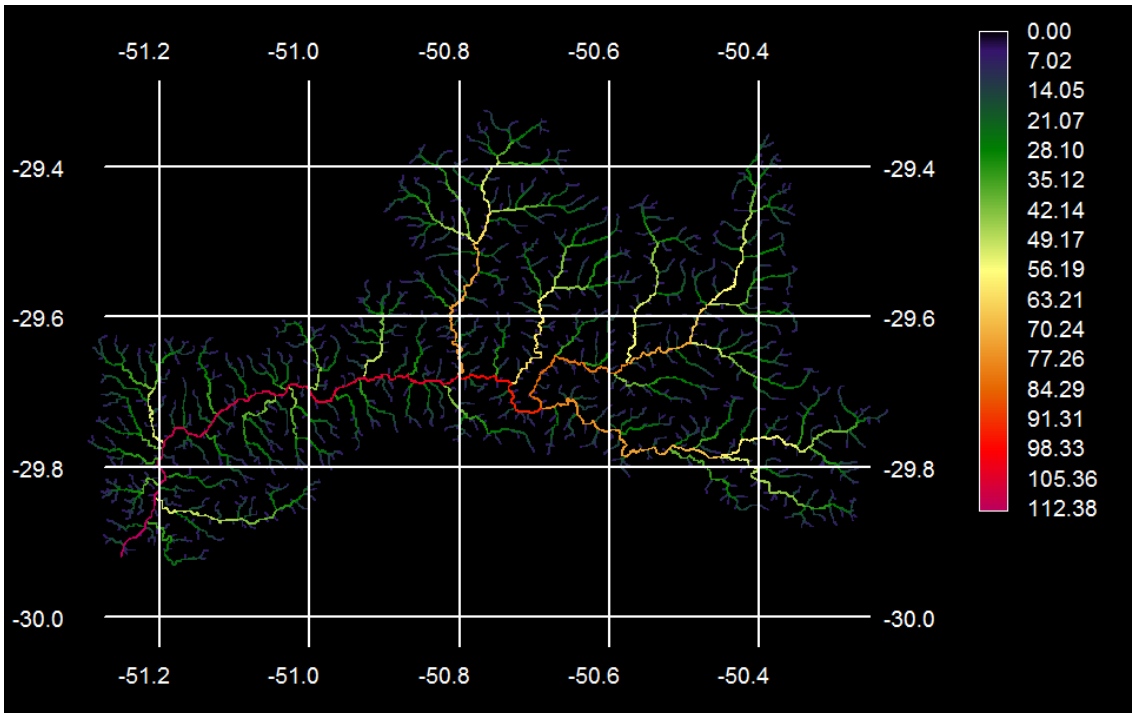


Figura 7- Imagem georreferenciada da variável área de bacia ao quadrado (km²), da bacia do rio dos Sinos, em escala logarítmica, obtida através da elevação ao quadrado da camada original de área de bacia.

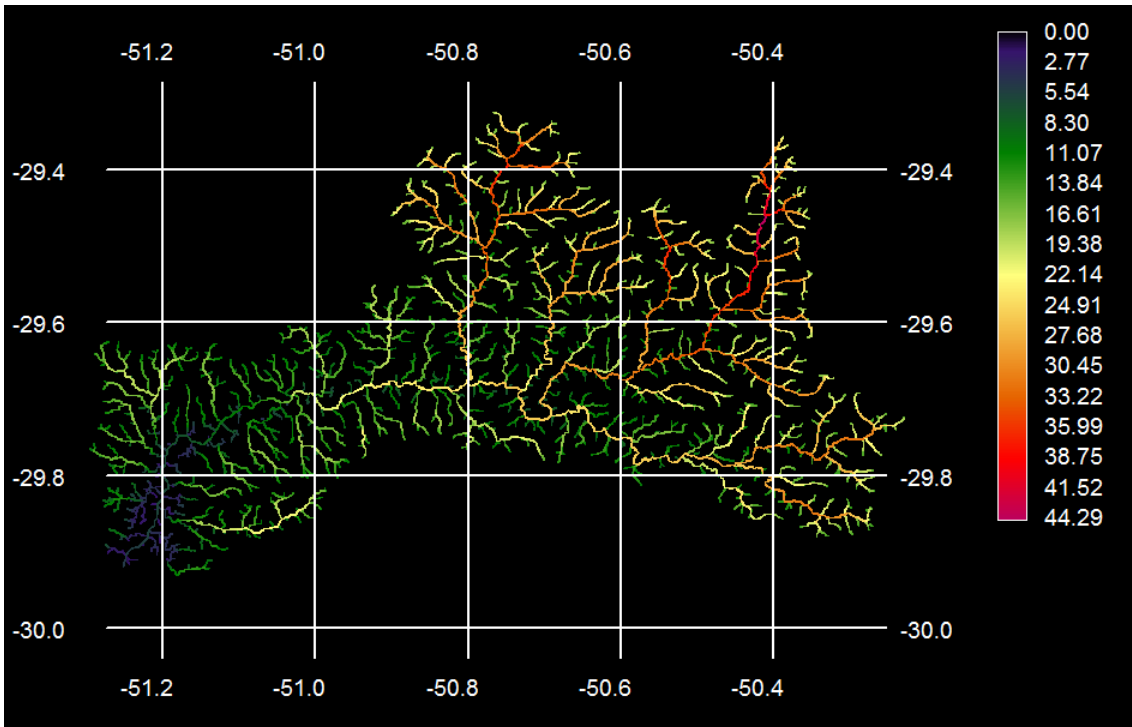


Figura 8- Imagem georreferenciada da variável altitude x área de bacia ($\ln \text{Alt} \times \ln \text{Ab}$), da bacia do rio dos Sinos, em escala logarítmica, obtida através da multiplicação da camada original de altitude com a camada original de área de bacia.

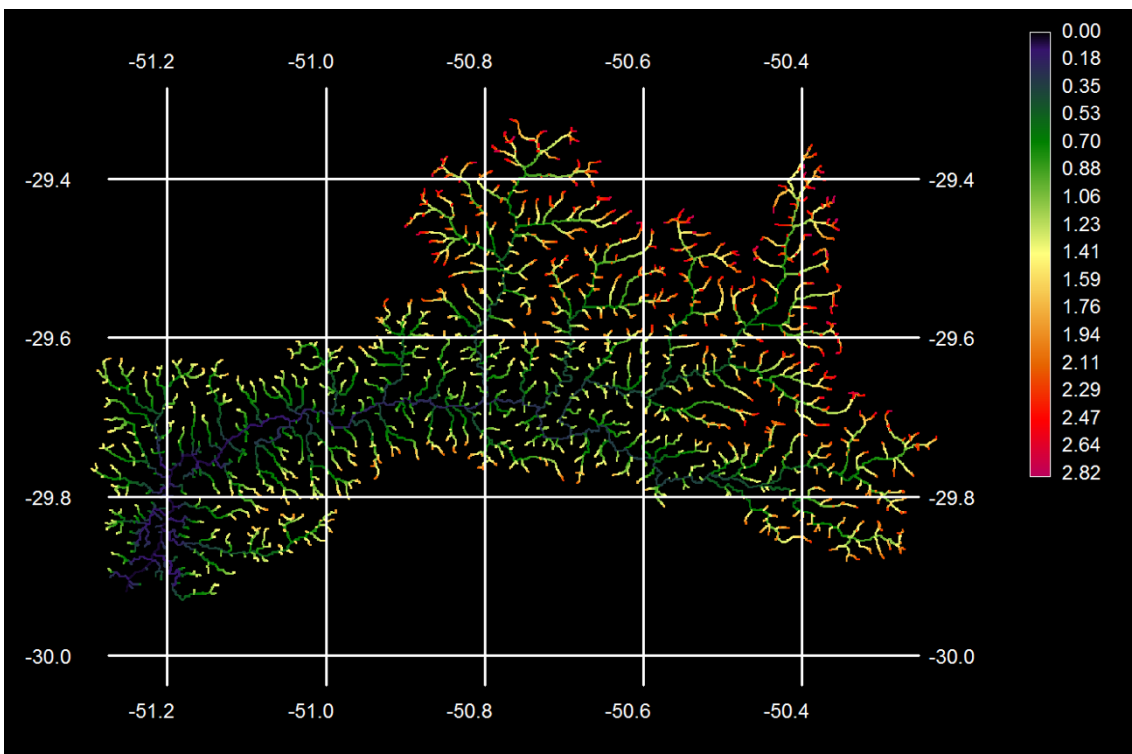


Figura 9- Imagem georreferenciada da variável altitude/área de bacia ($\ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$), da bacia do rio dos Sinos, em escala logarítmica, obtida através da divisão da camada original de altitude pela camada original de área de bacia.

2.3. Análise de dados e construção dos modelos

Este trabalho foi realizado nas seguintes etapas: 1- organização e compilação de um banco de dados de registros de presença de espécies de peixes da bacia do rio dos Sinos; 2- modelagem de distribuição das espécies que apresentaram uma média de acerto de presença e ausência do modelo acima de 75%; 3- elaboração de mapas de previsão de ocorrência de espécies com base no modelo logístico; 4- avaliação do desempenho dos modelos das diferentes espécies; 5- comparação do desempenho dos modelos utilizados; 6- construção de mapas de riqueza (observada e esperada) de espécies na bacia do rio dos Sinos.

Os modelos de distribuição de espécies foram construídos utilizando duas diferentes combinações das variáveis preditivas (altitude e área de bacia). O modelo 1 classificado como o modelo de resposta linear foi elaborado a partir das variáveis Altitude e Área de bacia, somente, ao passo que o Modelo 2, nomeado como modelo de resposta não linear, para além das variáveis brutas, utilizou também variações destas (quadrado, produto e divisão).

2.3.1. Regressão logística

A regressão logística (LOGIT) foi o método utilizado para a estimativa da probabilidade de presença de cada espécie por pixel de informação, sendo um método de regressão para dados binários (0 e 1), onde a resposta é expressa por meio de uma probabilidade de ocorrência

$$\ln \frac{P}{1-P} = b_0 + b_1X_1 + \dots + b_nX_n + erro$$

onde P é a probabilidade de ocorrência da espécie e varia entre 0 e 1, X_1 e X_n são variáveis independentes, e b_0 , b_1 e b_n são parâmetros da equação.

O conjunto de variáveis de cada um dos modelos foi avaliado e identificado de forma a que o modelo obtivesse uma melhor resposta (previsão de ocorrência de espécies). A variável resposta no modelo Logit assume uma distribuição binária (entre 0- ausência e 1-presença). Estes modelos têm como resposta uma escala de valores contínuos, sendo por isso necessário escolher um ponto de corte (threshold) para assim se obter uma projeção binária (ausente *versus* presente). Apenas as regiões da bacia hidrográfica com probabilidade de presença igual ou superior ao ponto de corte obtido são classificadas como adequadas para a ocorrência da espécie.

2.3.2. Construção dos modelos de distribuição de espécies

Considerando a densa matriz amostral disponível, as espécies foram classificadas em duas categorias: (1) espécies de cabeceira, não foi registrada ocorrência no ponto localizado mais a jusante na bacia em estudo e (2) espécies de trecho médio/inferior, registro de presença no ponto mais a jusante na bacia do rio dos Sinos.

Para cada espécie foram identificados os pontos extremos de ocorrência no gradiente montante-jusante, considerando-se as espécies como presentes em todos os pontos situados entre tais limites, e ausentes nos pontos que excederem os limites de ocorrência registrada. Assim, para as espécies de cabeceira, estas foram consideradas como presentes em todos os pontos localizados a montante do registro de ocorrência mais à jusante, e como ausentes à jusante deste ponto limite de ocorrência. Da mesma forma, para espécies consideradas como de trecho inferior, estas serão consideradas presentes em toda a calha principal do rio dos Sinos, desde a sua foz até os pontos mais a montante de cada rio amostrado com ocorrência registrada, sendo consideradas como ausentes a partir deste ponto. Embora tal metodologia induza erro relativo à precisão dos limites de ocorrência de cada espécie, este erro relativo dilui-se pela multiplicação dos pontos de ocorrência registrada, os quais deixam de ser apenas “n” pontos efetivamente amostrados e passam a ser todos os pixels de informação em uma matriz de 90 m x 90 m.

Uma matriz com 5086 pontos de informação (pixels) foi criada a partir dos dados de presença e das variáveis independentes (altitude e área de bacia) para cada uma das espécies estudadas. O número de pixels de cada espécie variou em função da distância entre os pontos mais a jusante e os pontos mais a montante em que espécie ocorreu.

Para as espécies que foram classificadas como espécies de cabeceira, por não apresentarem registro no lago Guaíba (*Characidium pterostictum* e *Heptapterus mustelinus*), foi realizado um procedimento intermédio na elaboração do seu pathway de distribuição, resultado do pathway dos pontos de montante de distribuição do qual subtraiu-se o pathway dos pontos de jusante de distribuição.

Considerando que a função Logisticreg do software IDRISI não fornece estimativa de erro padrão para os coeficientes de regressão logística, antes de se iniciar a modelagem de distribuição das espécies, foi realizado um ensaio onde se realizaram 30 ajustes independentes do modelo de regressão logística para as variáveis Altitude e Área de Bacia, com base em seleção aleatória de 50% dos pontos de informação (pixels da matriz de dados), num processo de bootstrap (emulado), de forma a ser possível estimar o erro de cada um dos coeficientes da regressão. Este ensaio teve como objetivo verificar a partir de que número de repetições ocorria uma estabilização dos valores do coeficiente da regressão para as variáveis altitude e área de bacia. Foi escolhido o valor de 30 repetições após análise dos resultados da média das médias dos coeficientes da regressão de uma espécie (*Bryconamericus iheringii*), observando-se uma estabilização desse valor em torno das 30 repetições (Figura 10), tendo-se, assim, adotando-se 30 como o número de simulações para cada espécie, sendo o Erro Padrão de cada coeficiente estimado como o Desvio Padrão das estimativas decorrentes de 30 ajustes.

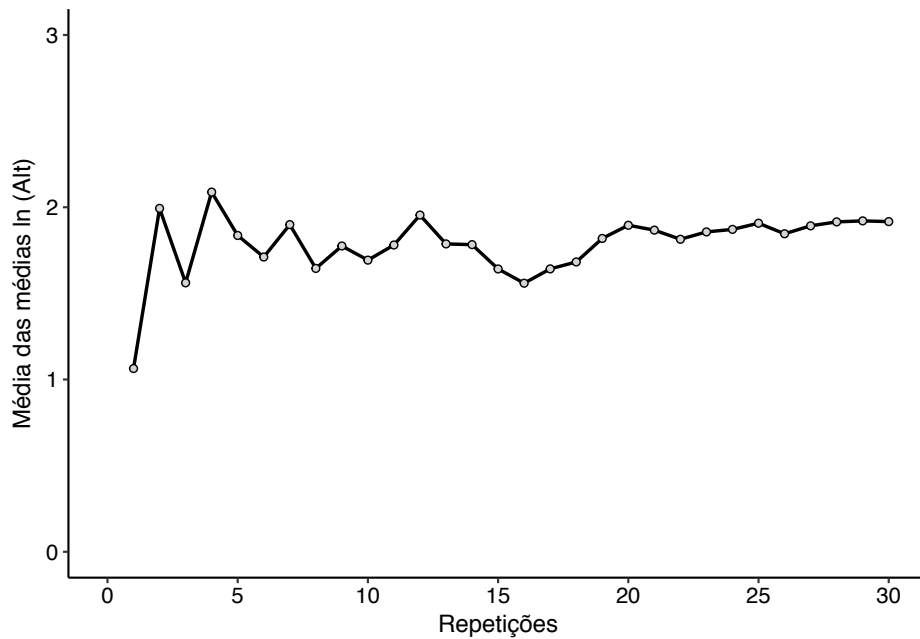


Figura 10- Distribuição dos valores da média acumulada do coeficiente de uma variável independente (logaritmo da altitude) da regressão logística de 6 variáveis da espécie *Bryconamericus iheringii*, para 30 repetições realizadas.

Para a previsão da probabilidade de ocorrência de cada uma das espécies foram desenvolvidos dois modelos de regressão logística, o Modelo 1, que inicialmente tinha apenas as variáveis altitude e área de bacia, e o Modelo 2, que tinha todas as seis variáveis. Através da estatística Wald (Zar, 1984) foi estimada a significância de cada uma das variáveis e definido qual o número de variáveis que cada espécie iria apresentar nos dois modelos finais, retirando-se a cada ajuste as variáveis com significância inferior a 0,05 em processo *Backward*. Os mapas finais referentes a cada um dos modelos de distribuição das espécies foram gerados através da calculadora de imagem do software IDRISI Selva, utilizando como variáveis independentes as imagens em formato raster das variáveis independentes (Figuras 4 a 9), e a malha hidrográfica como máscara.

2.4. Avaliação dos modelos

As duas versões do modelo logístico (Modelo 1 com 1-2 variáveis e Modelo 2 com 4-6 variáveis) produzidas para cada uma das 50 espécies, tiveram o seu desempenho avaliado com base na matriz de confusão (matriz de acertos e erros associados à previsão de cada um dos modelos). Os verdadeiros positivos e os verdadeiros negativos representam as presenças e as ausências previstas corretamente pelo modelo e encontram-se na diagonal principal da matriz. Os modelos podem ter dois tipos de erros, os falsos positivos e os falsos negativos que se localizam na diagonal secundária (Tabela 2). Em um cenário perfeito, o modelo classifica corretamente todos os exemplos, ou seja, a diagonal secundária terá valores iguais a zero.

Tabela 2- Matriz de confusão utilizada para avaliar o desempenho dos modelos.

		Valor Previsto	
		Presença	Ausência
Valor Real	Presença	Verdadeiro Positivo	Falso Negativo (erro de omissão)
	Ausência	Falso Positivo (erro de comissão)	Verdadeiro Negativo

O desempenho preditivo dos modelos foi avaliado com base na sensibilidade, especificidade, medidas calculadas a partir da matriz de confusão. A sensibilidade demonstra a probabilidade de um pixel ser corretamente classificado como presença (ocorrência) e a especificidade é a probabilidade de um pixel ser corretamente classificado como ausência. Valores elevados de sensibilidade e especificidade indicam que o modelo discrimina bem a presença da ausência (Peterson *et al.*, 2011). Para além destas medidas, também se utilizou a área sob a curva (AUC), obtida através da curva ROC (Fielding & Bell, 1997) para avaliar o desempenho dos modelos, independentemente dos limites de corte e a True Skill Statistical (TSS, Allouche *et al.*, 2006) (Tabela 3).

Tabela 3- Medidas de desempenho calculadas a partir de uma matriz de confusão 2x2 (Tabela 2), que foram utilizadas na avaliação dos modelos. **VP**- Verdadeiros positivos- número de registros para os quais o modelo previu corretamente a presença; **FN**- Falsos negativos- número de registros de presença da espécie para os quais o modelo previu ausência (erro de omissão); **FP**- Falsos Positivos- é o número de registros de ausência da espécie, mas o modelo previu presença (erro de comissão) e **VN**- Verdadeiros negativos- número de registros para os quais o modelo previu corretamente a ausência. $N = VP + VN + FN + FP$

Medida	Equação
Sensibilidade	$\frac{VP}{VP + FN}$
Especificidade	$\frac{VN}{VN + FP}$
TSS	Sensibilidade + Especificidade - 1
Acurácia	$\frac{VP + VN}{N}$

Um modelo ótimo com uma discriminação perfeita tem um AUC de 1, enquanto um modelo aleatório terá um AUC de 0,5. Nos modelos de distribuição de espécies, o valor da AUC é equivalente à probabilidade que o modelo tem de classificar corretamente uma área escolhida ao acaso. Quanto mais próximo de 1 for o valor de AUC, mais distante é o resultado do modelo da previsão aleatória (Phillips *et al.*, 2006; Kumar *et al.*, 2014). Os valores da AUC foram interpretados com base na escala proposta por Swets (1988) tendo sido classificados como Excelente - $AUC \geq 0,9$, Bom - $0,9 < AUC \geq 0,8$, Razoável - $0,8 < AUC \geq 0,7$ e Pobre - $0,7 < AUC \geq 0,6$.

A TSS considera os erros de omissão (falso negativo) e os erros de comissão (falsos positivos), variando entre -1 e 1. Este método de avaliação não sofre influência do número de pontos de presença por área (prevalência) nem do número total de pontos usados na elaboração do modelo. Valores inferiores a 0 indicam uma performance do modelo não melhor do que uma estimativa ao acaso, enquanto valores próximos a 1 representam um ajuste praticamente perfeito do modelo (Allouche *et al.*, 2006). O erro de omissão quantifica a proporção de pixels positivos previstos de forma errônea. Um valor baixo de taxa de erro de omissão mostra que o modelo tem uma sensibilidade elevada. O erro de comissão quantifica a proporção de pixels negativos previstos de maneira errada. Quando a taxa de

comissão/sobreprevisão é baixa o modelo apresenta uma especificidade elevada. Valores de TSS foram interpretados com base na classificação de três níveis, proposta por Landis & Koch (1977), Excelente TSS >0,75, Bom 0,75 > TSS > 0,4 e Pobre TSS < 0,40.

As espécies que apresentaram resultados satisfatórios de sensibilidade/especificidade nos modelos ajustados com seleção aleatória de 50% dos pixels de informação, ou seja, que obtiveram uma média de sensibilidade/especificidade igual ou superior a 75%, seguiram para elaboração do modelo final, ajustado com a totalidade dos pixels de informação.

A acurácia representa o grau de acerto do modelo, sendo calculada através da razão da soma dos verdadeiros positivos e verdadeiros negativos, e o número total de pixels utilizados na criação do modelo, como apresentado na Tabela 3. Esta métrica foi utilizada para avaliar o peso que cada variável tem no modelo de resposta não linear (Modelo 2). Através do cálculo da acurácia do Modelo 2 para cada uma das espécies, foi possível estabelecer quanto é que o modelo de cada espécie ganhou ou perdeu com a retirada de cada uma das variáveis do seu modelo final. Para isso foi calculada a acurácia do modelo final e a acurácia do modelo após a retirada de uma variável, sendo esse valor convertido para percentagem. O mesmo procedimento foi realizado de com o valor da AUC, de forma a comparar a AUC do Modelo 2 com todas as variáveis e a AUC após a retirada de cada uma delas.

A avaliação da variação da acurácia e da AUC após a retirada de cada umas das variáveis do modelo de resposta não linear, foi efetuada através do teste de teste Mann-Whitney-Wilcoxon, que pressupõe que as amostras têm são simétricas relativamente à mediana (Zar, 1984).

2.5. Mapas de presença presumida, de riqueza e de resíduos

Para se obter o mapa de presença presumida para cada uma das espécies foram utilizados os coeficientes de ajuste e ponto de corte de presença/ausência (~0,5) obtidos nos modelos logísticos com 100% dos pontos de informação, binarizando os valores de probabilidade para zero quando o valor é inferior ao ponto de corte (~0,5) e para um quando é igual ou superior. Após se efetuar este procedimento para cada uma das espécies e para os dois modelos estudados (Modelo 1 e 2), as imagens resultantes foram somadas utilizando a calculadora de imagem do IDRISI, resultando em dois mapas, um de riqueza presumida através do Modelo 1 e outro do Modelo 2. Estes mapas resultantes foram utilizados como variáveis dependentes para rodar uma regressão múltipla, onde as variáveis independentes foram a altitude e a área de bacia no caso do Modelo 1 e no Modelo 2 a Altitude, área de bacia, Altitude^2 , Área de bacia^2 , $\text{Altitude} \times \text{Área de bacia}$, $\text{Altitude}/\text{Área de bacia}$, todos logaritmizados (\ln).

Também foram calculados os resíduos por ponto de amostragem, subtraindo ao número de espécies observado no ponto o número de espécies estimado pelo modelo. De forma a facilitar a visualização foi elaborado um mapa de resíduos subtraindo ao mapa de riqueza observado o mapa de riqueza estimada. A identificação de padrões na distribuição de resíduos foi analisada através de regressão linear tendo como variáveis dependentes os valores dos resíduos dos Modelo 1 e Modelo 2 e como variáveis independentes a altitude e a área de bacia.

2.6. Análises de ordenação

Foi construído um dendrograma com o algoritmo de Ward com base na distância euclidiana para 50 espécies de peixes da bacia do rio dos Sinos para avaliar a similaridade entre as espécies. Foram utilizados para isso dados resultantes de uma análise de correlação de Pearson entre as espécies e os coeficientes da regressão logística de resposta não linear (Modelo 2). A partir da análise do dendrograma, os resultados foram divididos em três clusters. Estas análises estatísticas foram realizadas no Rstudio. Relações entre os descritores geomorfológicos e as espécies modeladas foram verificadas através da análise de componentes principais- PCA (Gotelli & Ellison, 2011).

3. RESULTADOS

Um conjunto de dados com 85 espécies foi inicialmente compilado, das quais 64 espécies seguiram para modelagem. Esta diminuição no número de espécies ocorreu devido à retirada de indivíduos que não estavam identificados até ao nível de espécie ou que exibiam a possibilidade de dúvida na sua identificação, (exemplos: *Astyanax sp.*, *Trichomycterus sp.1*, *Trichomycterus sp.2*). As demais espécies não analisadas foram retiradas devido a encontrarem-se presentes em apenas um ou dois pontos de amostragem.

Durante a análise exploratória inicial foi realizado um perfil de ocorrência de espécies relativamente à altitude e à área de bacia. Observou-se que o número de espécies observadas por ponto amostral varia de acordo com ambas as variáveis geomorfológicas escolhidas de forma antagônica, ou seja, há uma diminuição do número de espécies com o aumento da altitude ($p < 0,01$, Figura 11) e um aumento do número de espécies à medida que a área de bacia vai aumentando ($p < 0,01$, Figura 12).

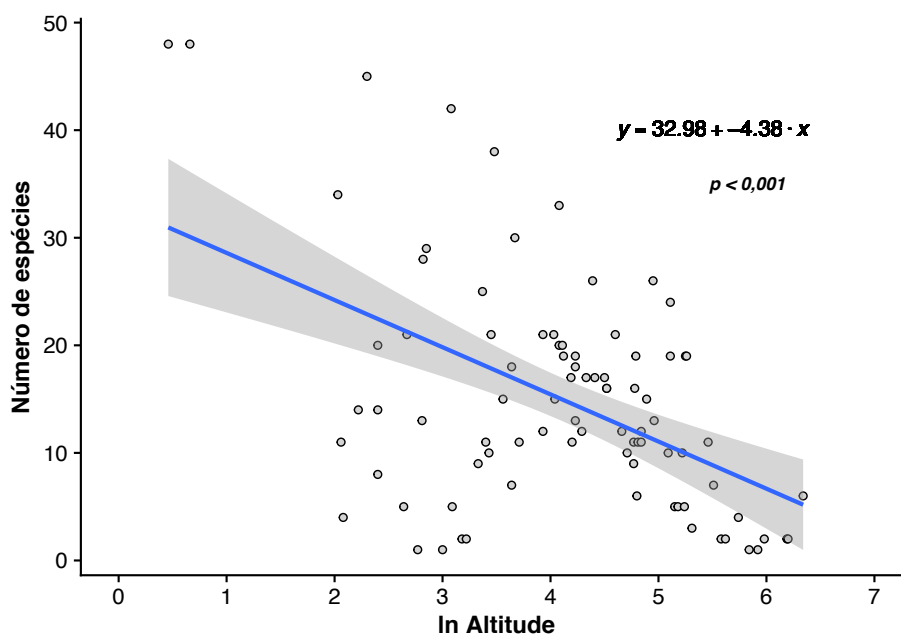


Figura 11- Relação entre o número de espécies por ponto de amostragem e a altitude (m) representada em escala logarítmica.

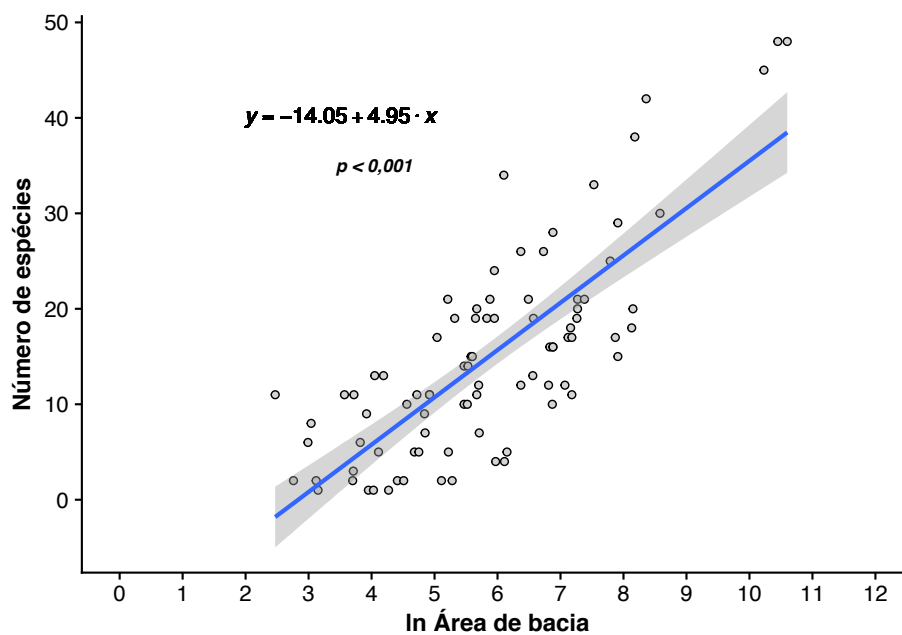


Figura 12- Relação entre o número de espécies por ponto de amostragem e a área de bacia (km²) representada em escala logarítmica.

As espécies com o maior número de ocorrências foram *Heptapterus mustelinus* que esteve presente em 64 dos 87 pontos deste estudo (73,6%), *Ancistrus brevipinnis* em 62 (71,3%), *Bryconamericus iheringii* em 61 (70,1%), e *Rhamdia quelen* e *Rineloricaria microlepidogaster*, presentes em 60 dos pontos amostrados (70%) (Tabela 1). As 64 espécies pertenciam a oito Ordens, sendo as Ordens Siluriformes, Characiformes e Cichliformes as mais representadas, com 25, 24 e 9 espécies respectivamente, seguindo-se a Ordem Gymnotiformes com duas espécies e Clupeiformes, Cyprinodontiformes, Perciformes e Synbranchiformes com apenas uma espécie. A família Characidae, pertencente à Ordem Characiformes, foi a que apresentou um maior número de espécies neste estudo, com um total de 14. Os Siluriformes tiveram como família mais representativa, com 11 espécies, a família Loricariidae.

3.1. Modelagem de distribuição

Das 64 espécies que inicialmente foram consideradas para modelagem, verificou-se que 50 espécies obtiveram um bom desempenho, com base no critério de valores mínimos de especificidade e sensibilidade de 75%.

Através da aplicação do teste de Wald de significância dos coeficientes de regressão, verificou-se que nem todas as variáveis eram significativas para os modelos propostos, apresentando valores de $p > 0,05$. No Modelo 1 (duas variáveis), sete espécies ficaram com a sua equação logística reduzida a uma variável. Este número subiu para mais do dobro no Modelo 2 (seis variáveis), onde 19 espécies tiveram uma ou duas variáveis consideradas como não significativas ($p > 0,05$), perfazendo um total de 24 variáveis que foram retiradas das equações das 50 espécies. No Modelo 1, a tanto a Altitude (Alt) como a Área de Bacia (Ab) foram consideradas como não significativas para quatro espécies, sendo removidas da equação. No Modelo 2, a variáveis Alt/Ab foi retirada para oito espécies, a Ab e Alt² em seis espécies, enquanto que Ab² foi eliminada da equação para 5 das 50 espécies modeladas (Tabela 4).

Para cada uma das 50 espécies analisadas foi criado um mapa de presença presumida com base em cada um dos dois modelos estudados. A Tabela 4 apresenta os valores dos coeficientes da regressão logística dos modelos finais ajustado com a totalidade dos pixels de informação (considerando apenas os preditores significativos), o respetivo Erro-padrão e significância (estimada através da estatística Wald para as equações dos modelos estudados, após 30 ajustes independentes com 50% dos pixels de informação por espécie), assim como os valores do ponto de corte para definição do limite numérico de interpretação presença/ausência.

Tabela 4- Valores dos coeficientes dos modelos estatísticos de distribuição presumida (Modelo 1 - regressão logística de duas variáveis e Modelo 2 - regressão logística de seis variáveis) para as 50 espécies da bacia do rio dos Sinos, Erro-Padrão (EP) e valor de significância (p) do teste Wald. Células vazias indicam que a variável obteve um valor de $p > 0,05$.

Espécies	Modelo 1						Modelo 2					
	Intercepto	Alt	Ab	Pc	Intercepto	Alt	Ab	Alt2	Ab2	AltXAb	Alt/Ab	Pc
<i>Ancistrus brevipinnis</i>	-6,584	0,373	1,033	0,660	-36,85	10,40	5,314	-0,704	-0,094	-0,826		0,638
	EP 0,290	0,049	0,038		4,064	0,956	0,800	0,066	0,038	0,096		
	p 0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	0,001	0,000		
<i>Astyanax jacuhiensis</i>	-5,212	-0,522	0,999	0,501	13,53	59,56	-10,29	-0,597	1,145	-4,832	-158,4	0,485
	EP 0,436	0,047	0,051		11,89	7,210	3,267	0,063	0,232	0,544	24,13	
	p 0,000	0,000	0,000		0,349	0,000	0,003	0,000	0,000	0,000	0,000	
<i>Astyanax fasciatus</i>	-7,548	-1,214	1,279	0,432	166,7	182,1	-47,71	-1,204	3,263	-11,81	-655,2	0,445
	EP 0,533	0,068	0,051		76,54	53,84	20,02	0,325	1,247	3,260	205,4	
	p 0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	
<i>Astyanax henseli</i>	-13,20	0,687	1,693	0,571	-63,82	20,56	6,135	-1,662		-1,131		0,562
	EP 0,489	0,054	0,060		3,244	1,178	0,280	0,100		0,064		
	p 0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000		0,000		
<i>Australoheros facetus</i>	-10,90		1,572	0,501	122,7	93,32	-43,72	-0,863	3,555	-6,988	-269,9	0,481
	EP 0,402		0,054		23,98	14,09	7,239	0,102	0,546	1,066	45,43	
	p 0,000		0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	
<i>Bryconamericus iheringii</i>	-10,93	0,864	1,412	0,615	-2,948		-2,897	-0,544	0,307	0,555	9,506	0,513
	EP 0,332	0,053	0,038		2,773		0,732	0,048	0,046	0,045	1,350	
	p 0,000	0,000	0,000		0,191		0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	
<i>Bunocephalus doriae</i>	-3,299	-2,932	0,920	0,346	216,9	238,8	-69,74	-8,571	4,570	-13,36	-738,9	0,368
	EP 1,144	0,194	0,099		88,39	73,29	24,37	1,829	1,500	4,179	258,2	
	p 0,122	0,000	0,000		0,003	0,000	0,001	0,000	0,000	0,000	0,001	
<i>Callichthys callichthys</i>	3,937	-2,652		0,418	-11,48	31,84		-1,555	0,187	-2,879	-55,52	0,419
	EP 0,188	0,100			2,365	3,286		0,321	0,030	0,269	5,001	
	p 0,000	0,000			0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	

Tabela 4 (continuação)

Espécies	Modelo 1						Modelo 2							
	Intercepto	Alt	Ab	Pc	Intercepto	Alt	Ab	Alt2	Ab2	AltXAb	Alt/Ab	Pc		
<i>Characidium pterostictum</i>	-3,071	0,655		0,406	-113,8	22,90	17,85	-3,015	-1,085	-0,427	23,24	0,498		
	EP 0,106	0,030			8,342	2,492	1,438	0,175	0,082	0,170	3,050			
	p 0,000	0,000			0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,003	0,000			
<i>Characidium tenue</i>	-8,014	-0,106	1,070	0,443	44,12	84,61	-21,65	-1,088	1,923	-6,301	-229,9	0,434		
	EP 0,378	0,042	0,039		10,34	4,710	2,570	0,099	0,171	0,333	16,36			
	p 0,000	0,013	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000			
<i>Characidium zebra</i>	-10,23	-0,326	1,378	0,472	98,80	86,21	-32,41	-0,427	2,485	-6,261	-275,8	0,289		
	EP 0,448	0,053	0,045		13,68	8,404	3,793	0,062	0,259	0,580	29,50			
	p 0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000			
<i>Cheirodon ibicuihensis</i>	-10,23	-0,326	1,378	0,472	98,80	86,21	-32,41	-0,427	2,485	-6,261	-275,8	0,289		
	EP 0,484	0,066	0,042		11,98	12,14	4,180	0,072	0,355	0,997	34,87			
	p 0,080	0,000	0,000		0,271	0,000	0,018	0,000	0,001	0,000	0,007			
<i>Cheirodon interruptus</i>	-16,46	0,702	1,751	0,402	-87,94	28,54	9,113	-1,029		-2,284	-19,92	0,333		
	EP 0,588	0,054	0,059		10,21	4,380	0,976	0,169		0,324	4,942			
	p 0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000		0,000	0,000			
<i>Corydoras paleatus</i>	-4,595	-2,092	1,206	0,412	103,8	123,1	-31,12	-3,656	2,029	-6,835	-420,3	0,495		
	EP 0,483	0,127	0,043		100,6	71,10	25,80	0,700	1,554	4,096	276,4			
	p 0,000	0,000	0,000		0,008	0,002	0,004	0,000	0,003	0,003	0,004			
<i>Crenicichla lepidota</i>	-2,111	-1,602	0,796	0,451	-16,55	9,593	1,201	-1,509	0,056	-0,498		0,471		
	EP 0,337	0,060	0,039		4,143	1,466	0,649	0,160	0,030	0,095				
	p 0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	0,002	0,000	0,017	0,000				
<i>Crenicichla punctata</i>	-7,414	0,075	1,152	0,578	-35,11	12,24	3,675	-1,057		-0,743		0,534		
	EP 0,359	0,040	0,044		2,649	1,029	0,225	0,087		0,059				
	p 0,000	0,028	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000		0,000				

Tabela 4 (continuação)

Espécies	Modelo 1					Modelo 2						
	Intercepto	Alt	Ab	Pc	Intercepto	Alt	Ab	Alt2	Ab2	AltXAb	Alt/Ab	Pc
<i>Glyphocharax voga</i>	-0,745	-0,745	0,863	0,470	26,59	25,92	-10,26	-0,490	0,850	-1,900	-70,62	0,372
	EP 0,384	0,052	0,039		12,02	9,175	3,598	0,057	0,263	0,669	30,17	
	p 0,000	0,000	0,000		0,024	0,001	0,001	0,000	0,000	0,001	0,008	
<i>Diapoma alburnum</i>	-14,32	0,241	1,900	0,447	-61,71	20,56	5,902	-1,713		-1,196		0,437
	EP 0,626	0,043	0,073		5,103	1,815	0,465	0,145		0,109		
	p 0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000		0,000		
<i>Diapoma speculiferum</i>	-13,17	-1,607	1,994	0,384	65,89	8,982	-17,39	-0,443	1,091		-61,06	0,354
	EP 1,641	0,097	0,169		18,33	2,180	3,973	0,102	0,208		18,39	
	p 0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	0,000		0,000	
<i>Geophagus brasiliensis</i>	-6,089	-0,764	1,080	0,475	124,8	112,9	-38,55	-0,539	2,875	-8,054	-374,4	0,405
	EP 0,387	0,052	0,038		24,24	15,19	6,685	0,083	0,460	1,055	54,47	
	p 0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	
<i>Gymnotus carapo</i>	-1,959	-1,125	0,732	0,514	5,823	16,84	-3,316		0,429	-1,636	-46,17	0,409
	EP 0,323	0,048	0,036		4,368	2,475	1,234		0,087	0,191	8,066	
	p 0,000	0,000	0,000		0,004	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	
<i>Gymnogeophagus gymnogenys</i>	-7,009	-0,980	1,414	0,508	-18,11	23,87		-0,609	0,341	-2,069	-47,23	0,438
	EP 0,285	0,055	0,040		1,318	2,386		0,073	0,026	0,195	6,455	
	p 0,000	0,000	0,000		0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	
<i>Gymnogeophagus labiatus</i>	-7,196		1,126	0,553	-27,58	11,34	1,739	-1,000	0,130	-0,678		0,512
	EP 0,320		0,045		4,872	1,346	0,805	0,097	0,035	0,105		
	p 0,000		0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	0,041	0,000		
<i>Gymnogeophagus rhabdotus</i>	-0,699	-1,822	0,862	0,526	15,39	32,75	-10,15	-0,753	1,146	-3,041	-65,42	0,466
	EP 0,542	0,074	0,054		8,590	6,086	2,696	0,070	0,216	0,510	18,45	
	p 0,124	0,000	0,000		0,196	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	

Tabela 4 (continuação)

Espécies	Modelo 1					Modelo 2						
	Intercepto	Alt	Ab	Pc	Intercepto	Alt	Ab	Alt2	Ab2	AltXAb	AltVAb	Pc
<i>Hemiancistrus punctulatus</i>	-11,05	0,524	1,392	0,550	-112,2	48,08	7,944	-3,468	0,218	-2,827	-15,36	0,538
	EP 0,525	0,043	0,058		6,950	3,088	1,549	0,157	0,103	0,190	5,633	
	p 0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	0,004	0,000	0,003	
<i>Heptapterus mustelinus</i>	-15,20	3,919		0,473	-71,39		15,01	-0,681	-1,194	0,826	25,56	0,515
	EP 0,687	0,188			11,72		2,619	0,164	0,162	0,136	5,039	
	p 0,000	0,000			0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	
<i>Hisonotus armatus</i>	-16,28	0,349	1,952	0,459	-72,92	43,04	7,155	-1,498		-2,959	-74,67	0,544
	EP 0,487	0,038	0,057		4,947	3,958	0,465	0,121		0,277	10,67	
	p 0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	
<i>Hisonotus nigricauda</i>	-16,99		2,377	0,474	151,9	100,2	-55,55	-0,865	4,632	-7,700	-282,9	0,344
	EP 0,755		0,102		21,67	11,80	6,905	0,075	0,547	0,945	36,28	
	p 0,000		0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	
<i>Hoplosternum littorale</i>	-1,487	-2,642	0,678	0,346	527,9	825,7	-178,6	-11,58	13,97	-61,47	-2478	0,483
	EP 0,533	0,113	0,053		40,64	40,50	11,81	1,437	0,760	2,337	131,0	
	p 0,005	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	
<i>Hoplias malabaricus</i>	-1,587	-0,791	0,557	0,507	37,04	27,91	-12,04	-0,176	0,959	-2,176	-84,80	0,463
	EP 0,252	0,043	0,025		7,791	6,607	2,462	0,051	0,189	0,501	20,37	
	p 0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	
<i>Hyphessobrycon luetkenii</i>	-3,622	-0,873	1,092	0,524	13,46	22,75	-9,196	-0,514	1,059	-2,072	-44,06	0,508
	EP 0,548	0,063	0,055		6,408	2,954	1,901	0,067	0,154	0,265	8,248	
	p 0,000	0,000	0,000		0,131	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	
<i>Hypostomus aspirogaster</i>	-3,299	-2,932	0,920	0,346	-66,93	75,41		-17,07	0,476	-2,886		0,404
	EP 1,147	0,175	0,099		3,315	3,216		0,624	0,020	0,295		
	p 0,003	0,000	0,000		0,000	0,000		0,000	0,000	0,000		

Tabela 4 (continuação)

Espécies	Modelo 1					Modelo 2							
	Intercepto	Alt	Ab	Pc		Intercepto	Alt	Ab	Alt2	Ab2	AltXab	AltVAb	Pc
<i>Leporinus obtusidens</i>	-9,865	-1,991	1,752	0,383		113,6	124,0	-33,06	-3,558	2,114	-6,656	-443,2	0,408
	EP 0,889	0,085	0,090			62,77	42,30	15,79	0,425	0,927	2,342	168,3	
	p 0,000	0,000	0,000			0,004	0,000	0,001	0,000	0,000	0,000	0,001	
<i>Loricarichthys anus</i>	-7,333	-1,378	1,312	0,432		-10,94	25,96	-3,364	-0,993	0,603	-2,326	-38,94	0,387
	EP 0,687	0,087	0,082			6,856	3,254	1,368	0,124	0,100	0,309	7,583	
	p 0,000	0,000	0,000			0,011	0,000	0,006	0,000	0,000	0,000	0,000	
<i>Lycengraulis grossidens</i>	0,829	-3,239	0,368	0,476		2235	8323	-880,5	-75,43	77,37	-661,7	-24453	0,677
	EP 0,833	0,150	0,087			99,94	81,26	26,57	1,643	1,617	4,759	294,4	
	p 0,209	0,000	0,000			0,009	0,001	0,003	0,000	0,002	0,001	0,003	
<i>Microglanis cottoides</i>	-12,11	0,101	1,607	0,440		-10,69	6,148	-0,210	0,158	-0,453	-10,41	0,414	
	EP 0,441	0,052	0,043			2,151	2,364	0,058	0,028	0,198	5,088		
	p 0,000	0,041	0,000			0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,006	
<i>Mimagoniates inequalis</i>	-5,596	-1,217	1,187	0,486		52,07	39,29	-17,92	-0,527	1,448	-2,956	-115,2	0,375
	EP 0,425	0,057	0,044			7,781	5,602	2,239	0,064	0,166	0,424	18,73	
	p 0,000	0,000	0,000			0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	
<i>Oligosarcus robustus</i>	-8,263	-0,292	1,265	0,456		22,91	27,96	-9,418	-0,386	0,810	-2,010	-81,03	0,451
	EP 0,409	0,045	0,046			5,605	3,505	1,600	0,057	0,118	0,269	10,54	
	p 0,000	0,000	0,000			0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	
<i>Otocinclus flexilis</i>	-2,931	-1,767	0,709	0,357		111,5	178,5	-38,86	-1,296	3,118	-13,62	-539,9	0,310
	EP 0,492	0,079	0,055			32,82	29,09	9,151	0,402	0,607	1,902	101,1	
	p 0,000	0,000	0,000			0,000	0,000	0,000	0,001	0,000	0,000	0,000	
<i>Parapimelodus nigribarbis</i>	1,736	-2,213	0,568	0,486		8,977	31,19	-5,128	-1,045	0,516	-2,312	-79,05	0,514
	EP 0,395	0,091	0,036			9,197	5,842	2,422	0,143	0,151	0,360	20,81	
	p 0,000	0,000	0,000			0,090	0,000	0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	

Tabela 4 (continuação)

Espécies	Modelo 1						Modelo 2					
	Intercepto	Alt	Ab	Pc	Intercepto	Alt	Ab	Alt2	Ab2	AltXab	Alt/Ab	Pc
<i>Phallocerus caudimaculatus</i>	-2,645	-0,273	0,710	0,642	20,28	7,161	-8,288	-0,065	0,818	-0,722	-15,38	0,527
	EP 0,369	0,048	0,038		4,022	1,357	1,253	0,029	0,101	0,126	3,497	
	p 0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,019	0,000	0,000	0,000	
<i>Pimelodella australis</i>	-12,19	0,124	1,489	0,457	-263,2	76,93	41,11	-2,757	-1,427	-6,347	-71,05	0,463
	EP 0,405	0,045	0,044		17,81	8,315	3,308	0,144	0,169	0,637	25,42	
	p 0,000	0,004	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	0,033	0,000	0,000	
<i>Pimelodus pintado</i>	-9,865	-1,991	1,752	0,383	113,6	124,0	-33,06	-3,558	2,114	-6,656	-443,2	0,408
	EP 0,881	0,119	0,081		86,34	61,18	21,89	0,633	1,288	3,383	241,3	
	p 0,000	0,000	0,000		0,020	0,005	0,008	0,000	0,004	0,007	0,013	
<i>Prochilodus lineatus</i>	-12,63	-1,134	1,937	0,462	92,24	74,23	-27,33	-0,747	1,918	-4,713	-265,2	0,396
	EP 0,868	0,074	0,089		111,0	74,98	29,59	0,349	1,899	4,683	281,9	
	p 0,000	0,000	0,000		0,008	0,005	0,005	0,000	0,003	0,005	0,007	
<i>Pseudocorynopoma doriae</i>	-3,731	-1,045	0,951	0,515	36,38	24,09	-13,07	-0,209	1,131	-2,039	-66,42	0,385
	EP 0,350	0,054	0,039		9,022	6,925	2,864	0,041	0,223	0,542	21,18	
	p 0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,001	
<i>Rhamdia quelen</i>	-4,971		0,912	0,621	-11,81	7,946		-0,445	0,206	-0,646	-5,631	0,561
	EP 0,180		0,028		1,399	1,524		0,050	0,025	0,146	2,647	
	p 0,000		0,000		0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,001	
<i>Rineloricaria cadeae</i>	-4,485	-0,632	1,075	0,523	-10,29	6,593		-0,520	0,180	-0,493	-3,551	0,524
	EP 0,348	0,054	0,037		1,090	1,221		0,047	0,018	0,115	2,457	
	p 0,000	0,000	0,000		0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,003	
<i>Rineloricaria microlepidogaster</i>	-7,139	0,388	1,033	0,624	-26,70	8,948	2,832	-0,740		-0,525		0,601
	EP 0,343	0,053	0,037		2,678	1,060	0,228	0,094		0,059		
	p 0,000	0,000	0,000		0,000	0,000	0,000	0,000		0,000		

Tabela 4 (continuação)

Espécies	Modelo 1					Modelo 2							
	Intercepto	Alt	Ab	Pc		Intercepto	Alt	Ab	Alt2	Ab2	AltXAb	Alt/Ab	Pc
<i>Schizodon jacuiensis</i>	0,829	-3,239	0,368	0,476		2235	8323	-880,5	-75,43	77,37	-661,7	-24453	0,677
	<i>EP</i> 0,758	0,110	0,075			90,63	68,33	23,55	1,306	1,420	4,017	255,2	
	<i>p</i> 0,183	0,000	0,000			0,006	0,000	0,001	0,000	0,001	0,000	0,001	
<i>Synbranchius marmoratus</i>	-4,803	-0,456	1,076	0,570		17,87	15,63	-8,943	-0,410	0,893	-1,263	-32,64	0,521
	<i>EP</i> 0,424	0,053	0,046			4,206	1,849	1,201	0,046	0,094	0,161	5,123	
	<i>p</i> 0,000	0,000	0,000			0,001	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	

A Tabela 5 apresenta os valores de sensibilidade, especificidade, área sob a curva ROC (AUC) e True Skill Statistical (TSS) para os modelos propostos relativamente a cada espécie. Para as 50 espécies estudadas, os valores de sensibilidade variaram entre 48,8 e 98,27, no modelo de resposta linear (Modelo 1) e entre 47,07 e 99,8 no modelo de resposta não linear (Modelo 2). A AUC variou entre 0,747 e 0,987 no Modelo 1 e de 0,842 e 1,000 no Modelo 2. O valor mínimo da TSS do modelo 1 foi de 0,26 enquanto que no modelo 2 foi de 0,31. Os valores máximos variaram entre 0,86 e 0,98 respetivamente.

A título de exemplo, os modelos para *Heptapterus mustelinus* mostraram-se bastante eficazes, apresentando um excelente poder preditivo; a sensibilidade variou entre 93,13 (Modelo 1) e 95,05 (Modelo 2), a especificidade entre 89,17 e 91,79, a AUC foi de 0,976 no Modelo 1 e 0,987 no Modelo 2 e o TSS foi de 0,82 e 0,87 em cada um dos modelos estudados. Nesta espécie verifica-se que todos os critérios de avaliação de desempenho foram mais elevados no Modelo 2.

De forma geral, o Modelo 2 obteve o melhor desempenho para quase todas as espécies, valores mais elevados de sensibilidade, especificidade, AUC e TSS. Para as todas as 50 espécies analisadas os valores de AUC do Modelo 2 foram superiores aos do Modelo 1. Através do teste Mann-Whitney-Wilcoxon identificaram-se diferenças significativas nos descritores de qualidade AUC ($p=0,0049$) e TSS ($p=0,0131$) em função do modelo utilizado. Em apenas quatro espécies, *Oligosarcus robustus*, *Phallocerus caudimaculatus*, *Pseudocorynopoma doriae* e *Rineloricaria cadeae* o Modelo 1 apresentou sensibilidade, especificidade e TSS mais elevados do que o Modelo 2 (Tabela 5).

Por outro lado, embora os modelos propostos para *Lycengraulis grossidens* e *Schizodon jacuiensis* tenham apresentado os melhores indicadores de qualidade de ajuste, os modelos destas duas espécies apresentaram evidências de hiperajuste, especialmente no Modelo 2, no qual os valores das medidas de desempenho chegaram muito próximo do valor referente a um ajuste perfeito (100% para a sensibilidade e especificidade e 1 para AUC e TSS).

Tabela 5- Sensibilidade, especificidade, área sob a curva ROC (AUC) e True Skill Statistical (TSS) dos modelos logísticos de distribuição elaborados para cada uma das 50 espécies em estudo, derivadas a partir da matriz de confusão obtida para cada um dos modelos (M1: Modelo 1 - regressão logística de duas variáveis; e M2: Modelo 2- regressão logística de seis variáveis).

	Sensibilidade		Especificidade		AUC		TSS	
	M1	M2	M1	M2	M1	M2	M1	M2
<i>Ancistrus brevipinnis</i>	49,64	59,81	90,23	92,21	0,858	0,908	0,40	0,52
<i>Astyanax jacuhiensis</i>	76,65	78,81	81,18	82,92	0,881	0,920	0,58	0,62
<i>Astyanax fasciatus</i>	90,10	93,14	75,66	83,14	0,940	0,961	0,66	0,76
<i>Astyanax henseli</i>	73,97	83,73	89,25	93,28	0,926	0,965	0,63	0,77
<i>Australoheros facetus</i>	77,69	82,50	84,05	87,49	0,915	0,945	0,62	0,70
<i>Bryconamericus iheringii</i>	61,47	76,11	91,24	94,57	0,921	0,953	0,53	0,71
<i>Bunocephalus doriae</i>	98,19	98,71	87,84	91,34	0,984	0,995	0,86	0,90
<i>Callichthys callichthys</i>	96,94	96,96	79,45	77,81	0,965	0,983	0,76	0,75
<i>Characidium pterostictum</i>	75,96	89,62	49,94	78,31	0,747	0,930	0,26	0,68
<i>Characidium tenue</i>	81,10	85,99	75,67	81,97	0,869	0,925	0,57	0,68
<i>Characidium zebra</i>	88,66	89,41	80,59	81,87	0,919	0,927	0,69	0,71
<i>Cheirodon ibicuihensis</i>	85,60	86,50	85,62	86,52	0,925	0,951	0,71	0,73
<i>Cheirodon interruptus</i>	88,91	89,23	83,30	83,79	0,910	0,923	0,72	0,73
<i>Corydoras paleatus</i>	91,91	94,02	79,24	84,64	0,961	0,979	0,71	0,79
<i>Crenicichla lepidota</i>	88,50	90,11	76,45	79,75	0,930	0,950	0,65	0,70
<i>Crenicichla punctata</i>	62,73	77,58	83,77	90,23	0,873	0,929	0,47	0,68
<i>Cyphocharax voga</i>	82,34	85,11	74,69	78,66	0,882	0,898	0,57	0,64
<i>Diapoma alburnum</i>	83,37	85,87	86,88	88,85	0,934	0,963	0,70	0,75
<i>Diapoma speculiferum</i>	95,26	97,13	85,05	90,93	0,971	0,984	0,80	0,88
<i>Geophagus brasiliensis</i>	83,95	87,50	77,20	82,25	0,906	0,934	0,61	0,70
<i>Gymnotus carapo</i>	84,31	85,32	81,19	82,40	0,898	0,899	0,66	0,68
<i>Gymnogeophagus gymmogenys</i>	84,94	86,97	85,33	87,31	0,936	0,950	0,70	0,74
<i>Gymnogeophagus labiatus</i>	65,12	77,92	82,47	88,89	0,875	0,927	0,48	0,67
<i>Gymnogeophagus rhabdotus</i>	88,77	89,99	86,48	87,95	0,940	0,967	0,75	0,78
<i>Hemiancistrus punctulatus</i>	79,23	86,34	89,04	92,79	0,903	0,973	0,68	0,79

	Sensibilidade		Especificidade		ROC		TSS	
	M1	M2	M1	M2	M1	M2	M1	M2
<i>Heptapterus mustelinus</i>	93,13	95,05	89,17	91,79	0,976	0,987	0,82	0,87
<i>Hisonotus armatus</i>	88,89	89,77	86,11	87,21	0,945	0,951	0,75	0,77
<i>Hisonotus nigricauda</i>	86,58	87,90	88,57	89,70	0,955	0,964	0,75	0,78
<i>Hoplosternum littorale</i>	97,29	99,27	82,93	95,41	0,977	0,998	0,80	0,95
<i>Hoplias malabaricus</i>	76,45	78,53	74,38	76,64	0,847	0,860	0,51	0,55
<i>Hyphessobrycon luetkenii</i>	74,06	75,67	87,33	88,12	0,911	0,930	0,61	0,64
<i>Hypostomus aspiogaster</i>	98,19	99,14	87,84	94,22	0,984	0,998	0,86	0,93
<i>Leporinus obtusidens</i>	93,37	94,81	80,09	84,42	0,972	0,984	0,73	0,79
<i>Loricariichthys anus</i>	92,72	95,27	82,16	88,40	0,947	0,965	0,75	0,84
<i>Lyencengrulis grossidens</i>	98,27	99,80	83,12	98,10	0,987	1,000	0,81	0,98
<i>Microglanis cottoides</i>	82,61	84,23	83,70	85,22	0,917	0,918	0,66	0,69
<i>Mimagoniates inequalis</i>	87,57	89,02	81,39	83,55	0,934	0,943	0,69	0,73
<i>Oligosarcus robustus</i>	81,58	81,14	82,31	81,88	0,901	0,906	0,64	0,63
<i>Otocinclus flexilis</i>	96,13	97,58	81,44	88,38	0,936	0,986	0,78	0,86
<i>Parapimelodus nigribarbis</i>	89,87	89,87	81,66	81,66	0,944	0,956	0,72	0,72
<i>Phallocerus caudimaculatus</i>	48,80	47,07	84,84	84,33	0,835	0,842	0,34	0,31
<i>Pimelodella australis</i>	83,12	90,38	76,46	86,58	0,918	0,957	0,60	0,77
<i>Pimelodus pintado</i>	93,37	94,81	80,09	84,42	0,972	0,984	0,73	0,79
<i>Prochilodus lineatus</i>	93,41	93,79	86,56	87,34	0,964	0,967	0,80	0,81
<i>Pseudocorynopoma doriae</i>	85,14	84,81	83,20	82,82	0,910	0,920	0,68	0,68
<i>Rhamdia quelen</i>	54,60	61,00	86,87	88,72	0,839	0,880	0,41	0,50
<i>Rineloricaria cadeae</i>	74,15	72,92	86,95	86,33	0,897	0,912	0,61	0,59
<i>Rineloricaria microlepidogaster</i>	54,77	70,48	87,50	91,84	0,857	0,921	0,42	0,62
<i>Schizodon jacuiensis</i>	98,27	99,80	83,12	98,10	0,987	1,000	0,81	0,98
<i>Synbranchus marmoratus</i>	63,78	69,73	85,14	87,58	0,885	0,904	0,49	0,57

Foram escolhidas oito espécies, para as quais os mapas finais de presença presumida serão apresentados (os mapas de distribuição presumida para as demais 42 espécies estão apresentados como anexos). As espécies selecionadas foram escolhidas de modo a representar a variabilidade da qualidade de ajuste, desde casos de boa aderência geral até casos de hiperajuste, espécies com elevado ou baixo número de registros de ocorrência, assim como espécies de cabeceira ou com ampla distribuição. As espécies selecionadas foram: *Ancistrus brevipinnis*, *Astyanax fasciatus*, *Gymnogeophagus gymnogenys*, *Heptapterus mustelinus*, *Leporinus obtusidens*, *Lycengraulis grossidens*, *Phallocerus caudimaculatus*, *Pimelodus pintado* e *Prochilodus lineatus*.

As Figuras 13 a 48 mostram o mapa de probabilidade de ocorrência presumida e a respectiva distribuição de resíduos para as oito espécies selecionadas, obtidos através dos modelos de regressão logística ajustados para toda a bacia hidrográfica do rio dos Sinos, assim como os pontos de ocorrência registrada.

Ancistrus brevipinnis (n=62), *Gymnogeophagus gymnogenys* (n=19), e *Astyanax fasciatus* (n=8) diferem entre si no número de pontos de ocorrência (Figuras 13 a 24). *Heptapterus mustelinus* representa uma espécie considerada como de cabeceira (Figuras 25 a 28). *Phallocerus caudimaculatus* (Figuras 29 a 32) está representada como espécie com medidas de desempenho de ajuste relativamente baixas ($TSS < 0,4$) quando comparada com as outras espécies, especialmente em trecho de montante, onde os resíduos apresentam-se igualmente positivos (erro de omissão) ou negativos (erro de comissão) (Figuras 30 e 32). Para *Lycengraulis grossidens* verificou-se ocorrência de um hiperajuste de presença, onde observa-se que para quase todo o segmento previsto como de presença para a espécie verifica-se probabilidades iguais a um (Figuras 33 a 36). Por fim, as espécies *Leporinus obtusidens*, *Pimelodus pintado* e *Prochilodus lineatus* estão representadas pois tiveram as suas distribuições analisadas por outros autores, nas bacias hidrográficas dos rios Camaquã, Jacuí e Uruguai (Alves & Fontoura, 2009; Rodrigues *et al.*, 2011; Barradas *et al.*, 2012), permitindo comparação direta de resultados (Figuras 37 a 48).

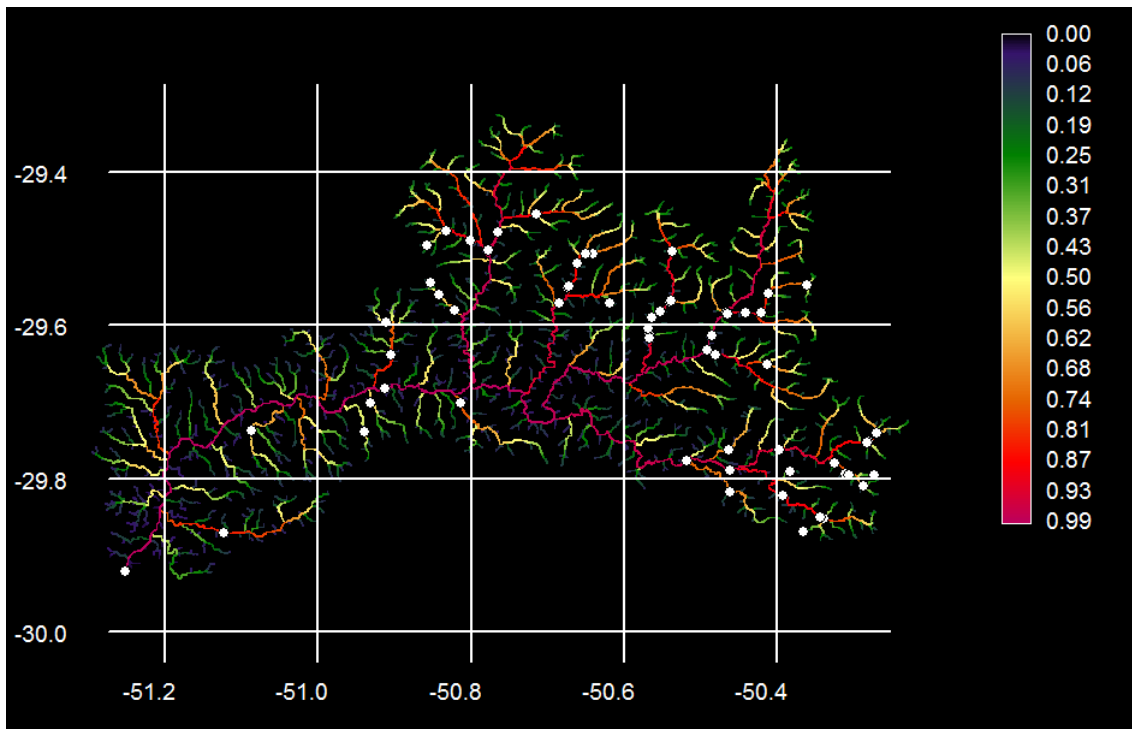


Figura 13-Mapa de probabilidade de presença presumida de *Ancistrus brevipinnis*, obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -6,6 + 0,4 \ln \text{Alt} + 1,0 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,66.

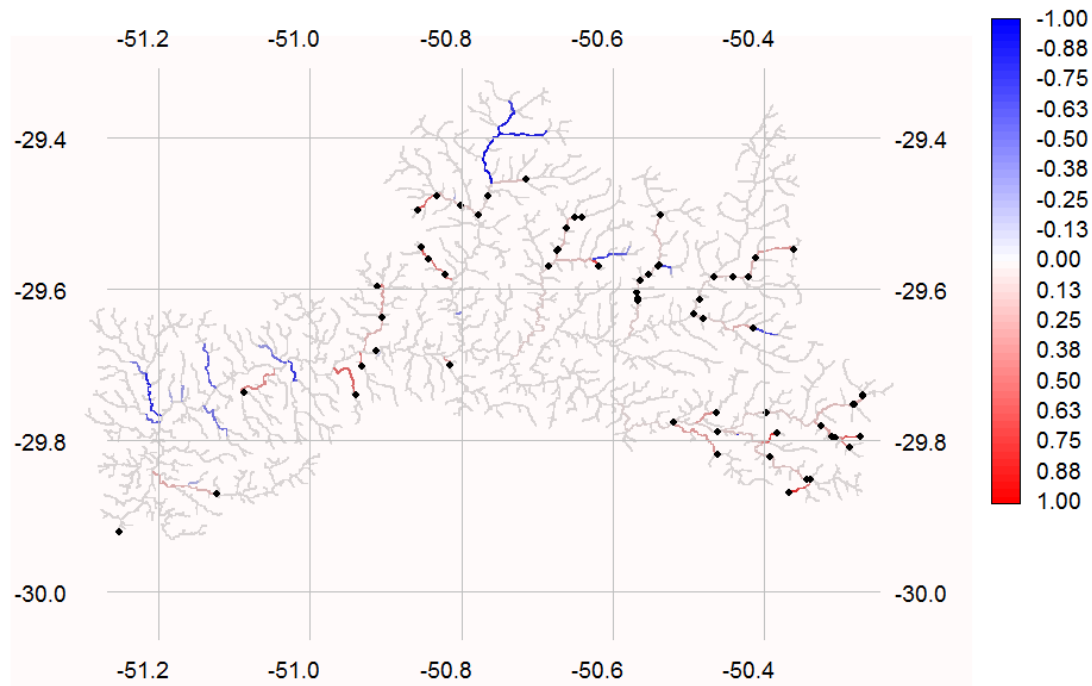


Figura 14- Distribuição dos resíduos de *Ancistrus brevipinnis*, representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de duas variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registadas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registo de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

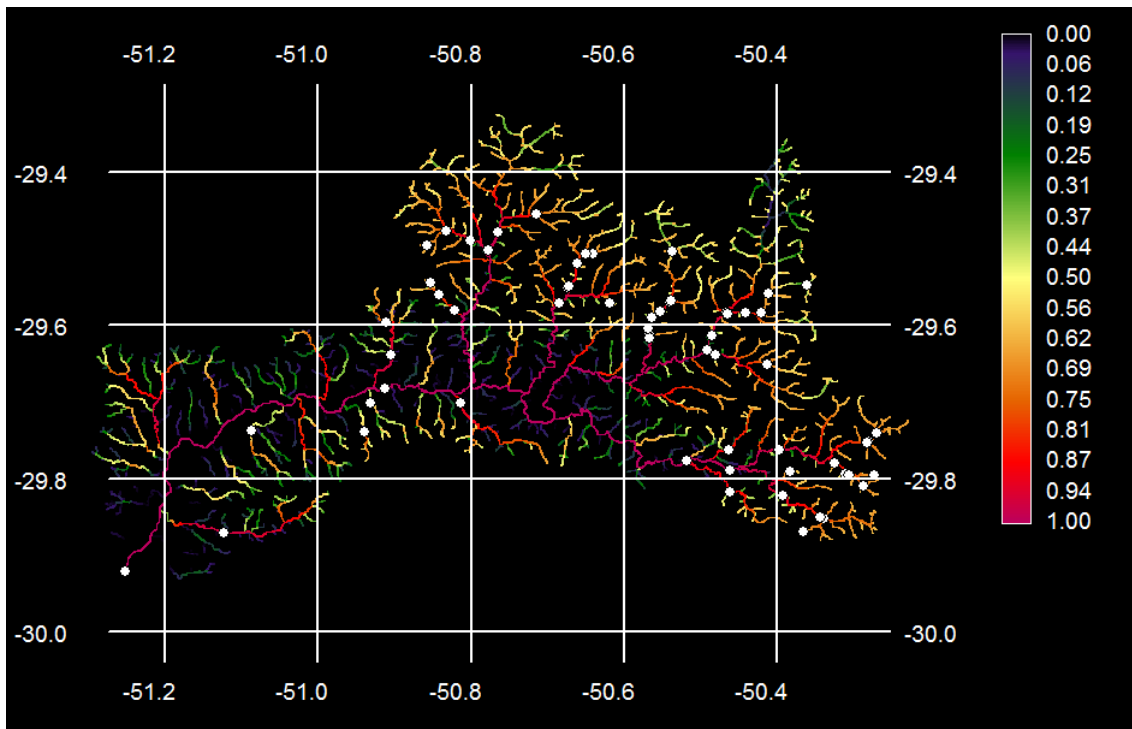


Figura 15- Mapa de probabilidade de presença presumida de *Ancistrus brevipinnis*, obtido através do modelo de regressão logística de cinco variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -36,9 + 10,4 \ln \text{Alt} + 5,3 \ln \text{Ab} - 0,7 \ln \text{Alt}^2 - 0,1 \ln \text{Ab}^2 - 0,8 \ln \text{Alt} \times \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,64.

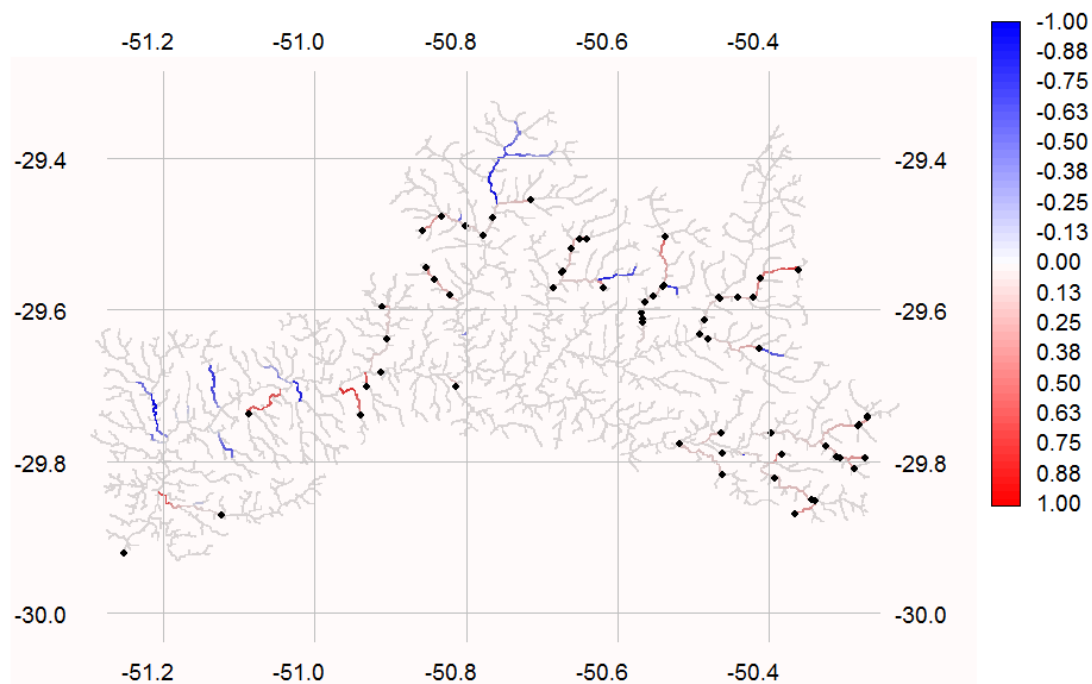


Figura 16- Distribuição dos resíduos de *Ancistrus brevipinnis*, representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de cinco variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registradas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registro de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

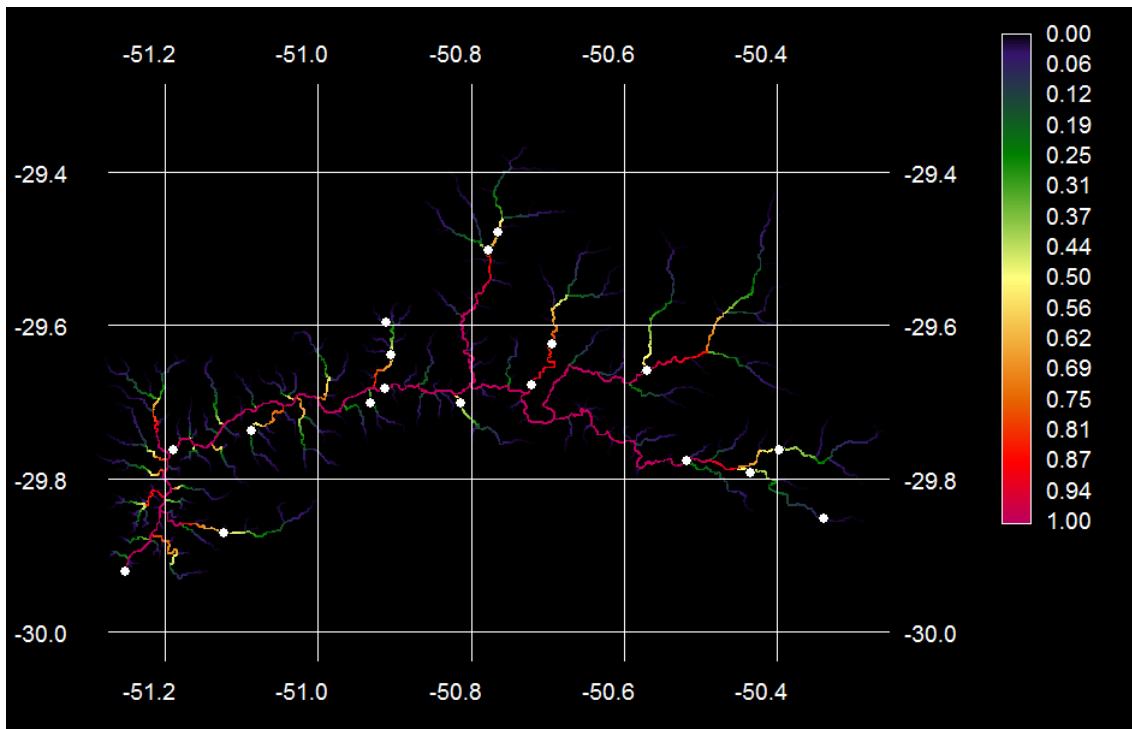


Figura 17- Mapa de probabilidade de presença presumida de *Gymnogeophagus gymnogenys*, obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -7,0 - 1,0 \ln \text{Alt} + 1,4 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,51.

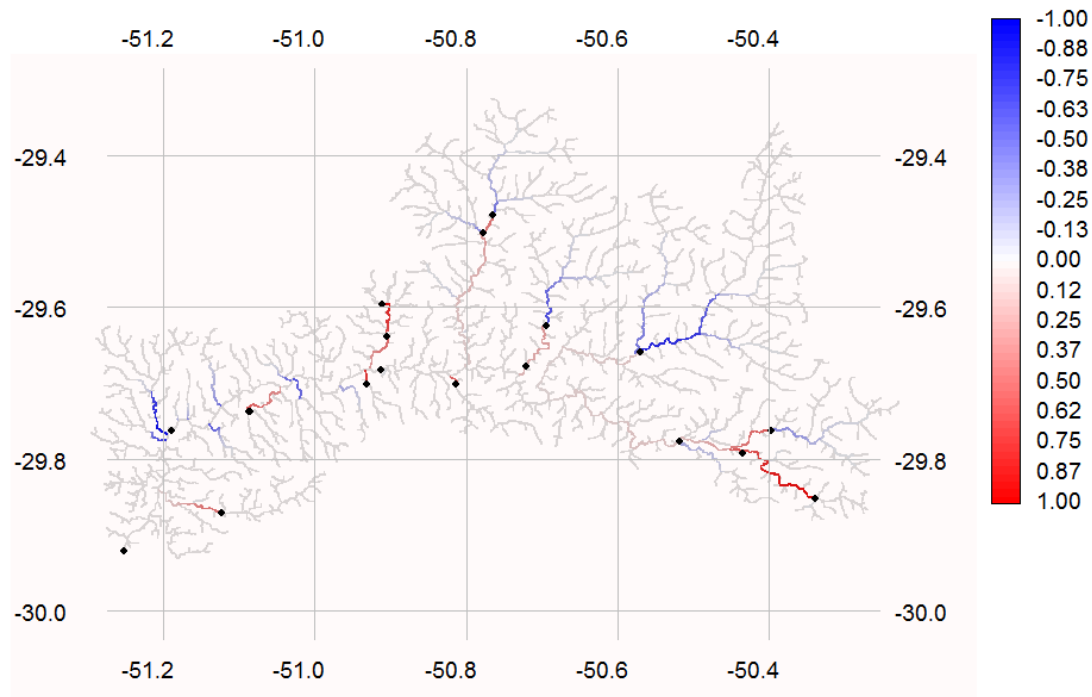


Figura 18- Distribuição dos resíduos de *Gymnogeophagus gymnogenys*, representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de duas variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registradas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registro de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

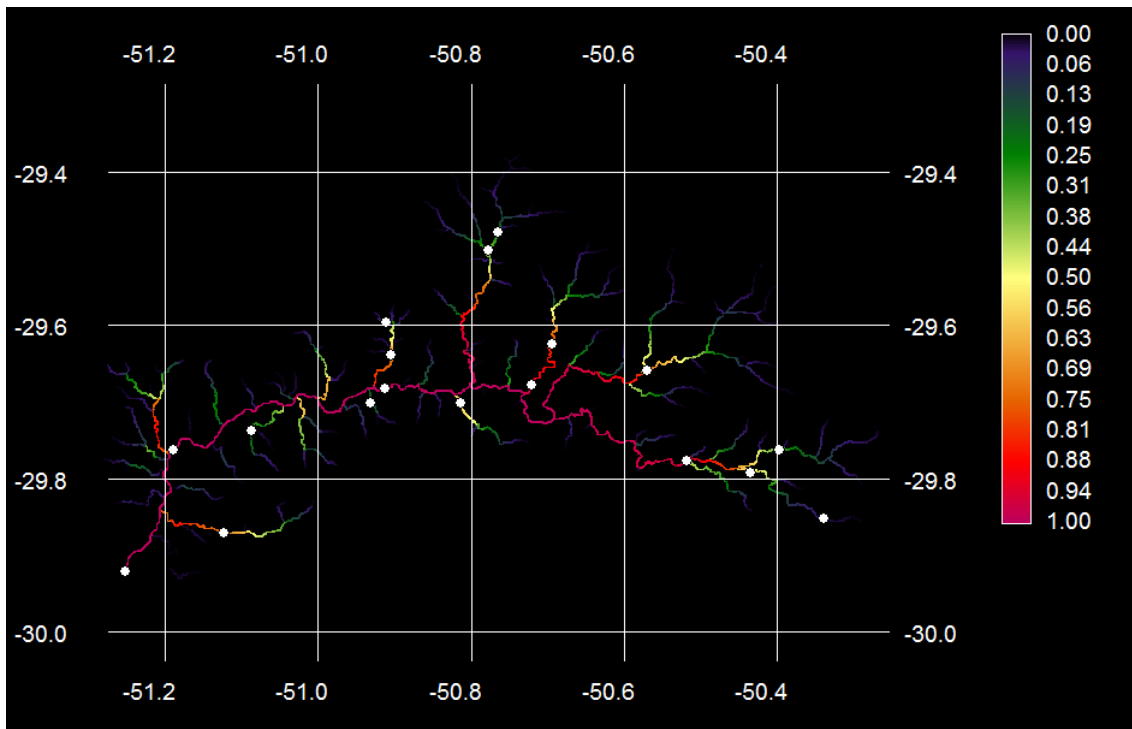


Figura 19- Mapa de probabilidade de presença presumida de *Gymnogeophagus gymnogenys*, obtido através do modelo de regressão logística de cinco variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -18,1 + 23,9 \ln \text{Alt} - 0,6 \ln \text{Alt}^2 + 0,3 \ln \text{Ab}^2 - 2,1 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 47,23 \ln \text{Alt} / \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,44.

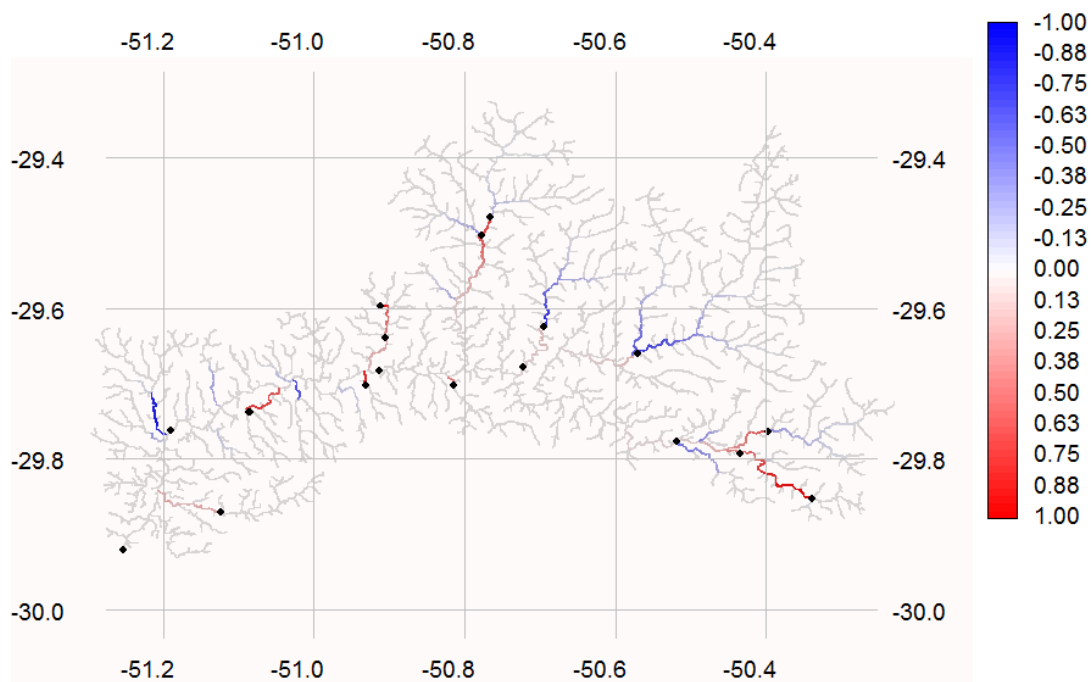


Figura 20- Distribuição dos resíduos de *Gymnogeophagus gymnogenys*, representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de cinco variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registradas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registro de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

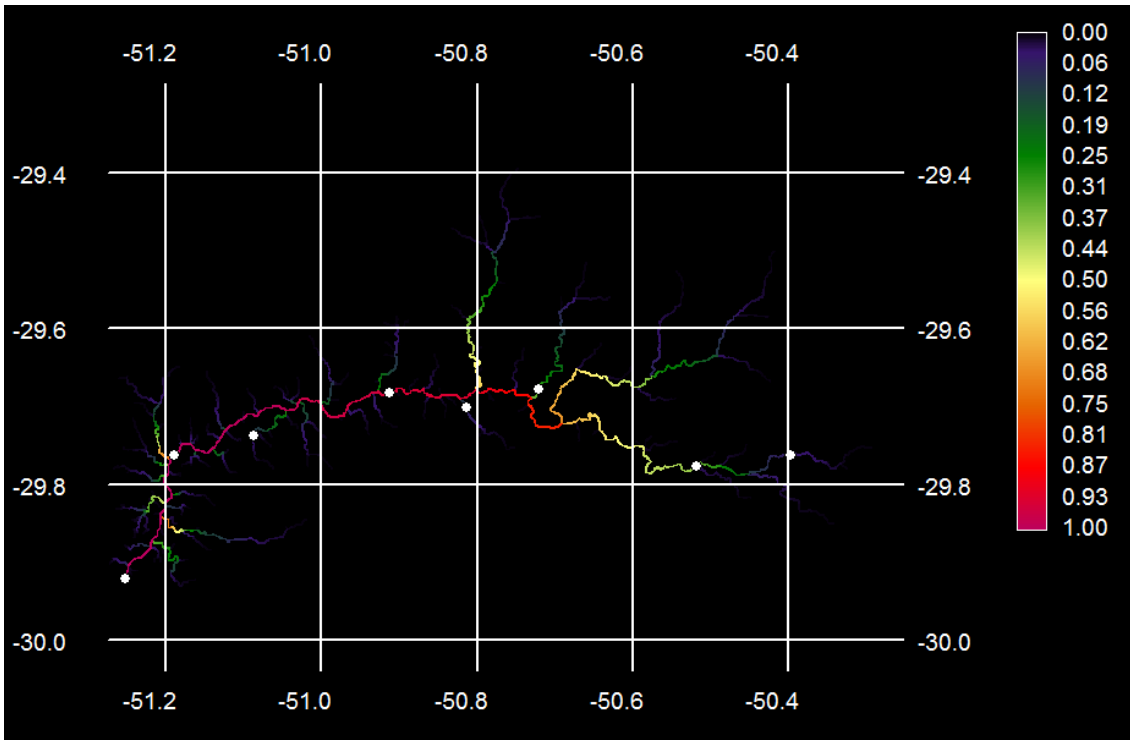


Figura 21- Mapa de probabilidade de presença presumida de *Astyanax fasciatus*, obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -7,5 - 1,2 \ln \text{Alt} + 1,3 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,43.

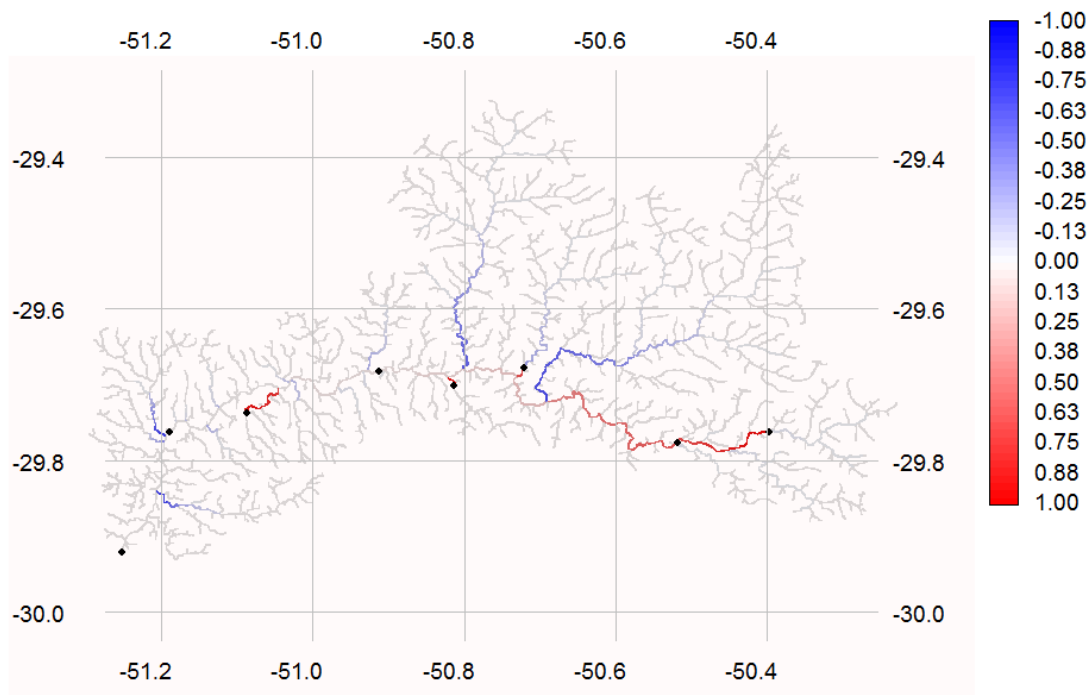


Figura 22- Distribuição dos resíduos de *Astyanax fasciatus*, representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de duas variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registradas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registro de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

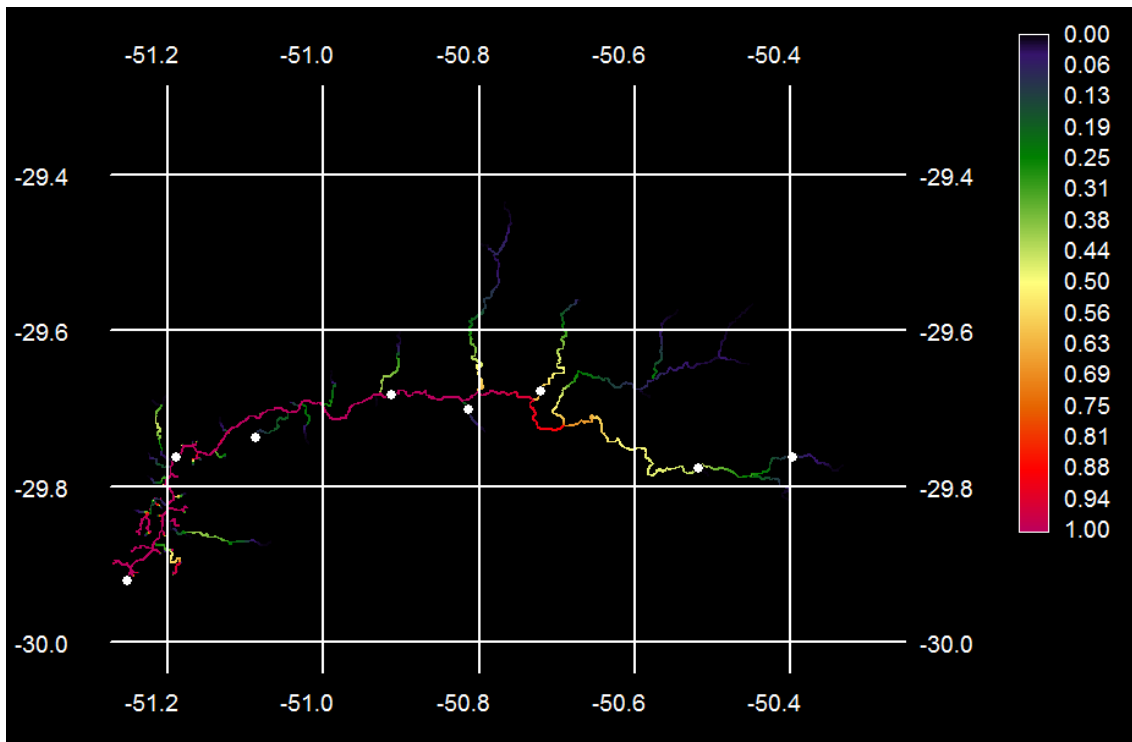


Figura 23- Mapa de probabilidade de presença presumida de *Astyanax fasciatus*, obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -167 + 182 \ln \text{Alt} - 47,7 \ln \text{Ab} - 1,2 \ln \text{Alt}^2 + 3,3 \ln \text{Ab}^2 - 11,8 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 655 \ln \text{Alt} / \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,45.

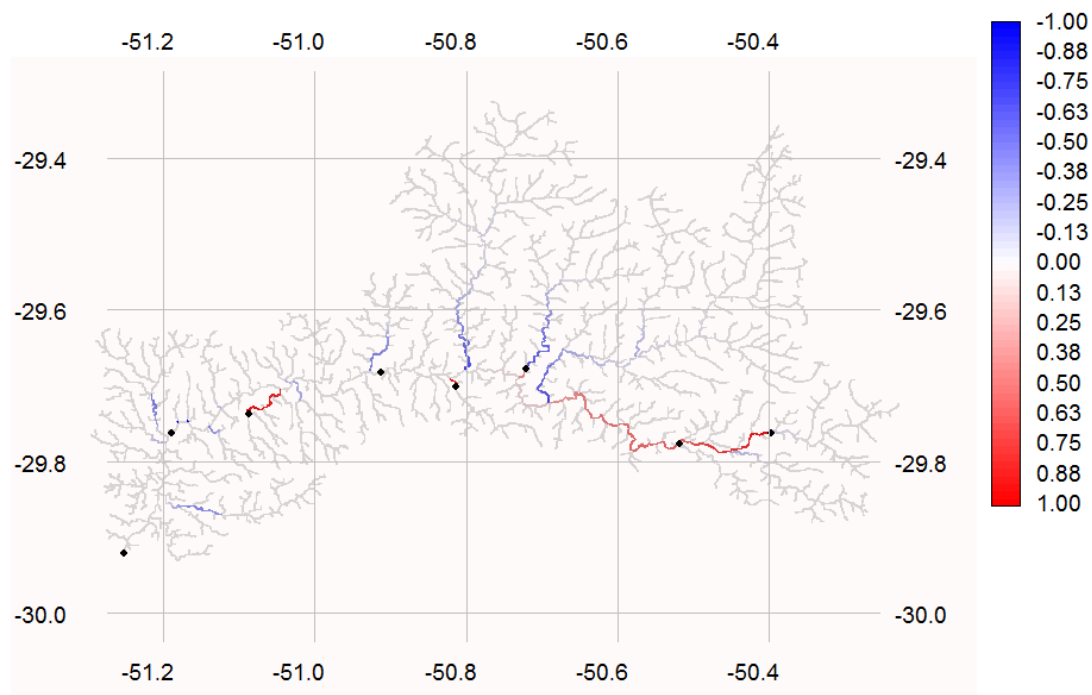


Figura 24- Distribuição dos resíduos de *Astyanax fasciatus*, representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de seis variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registradas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registro de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

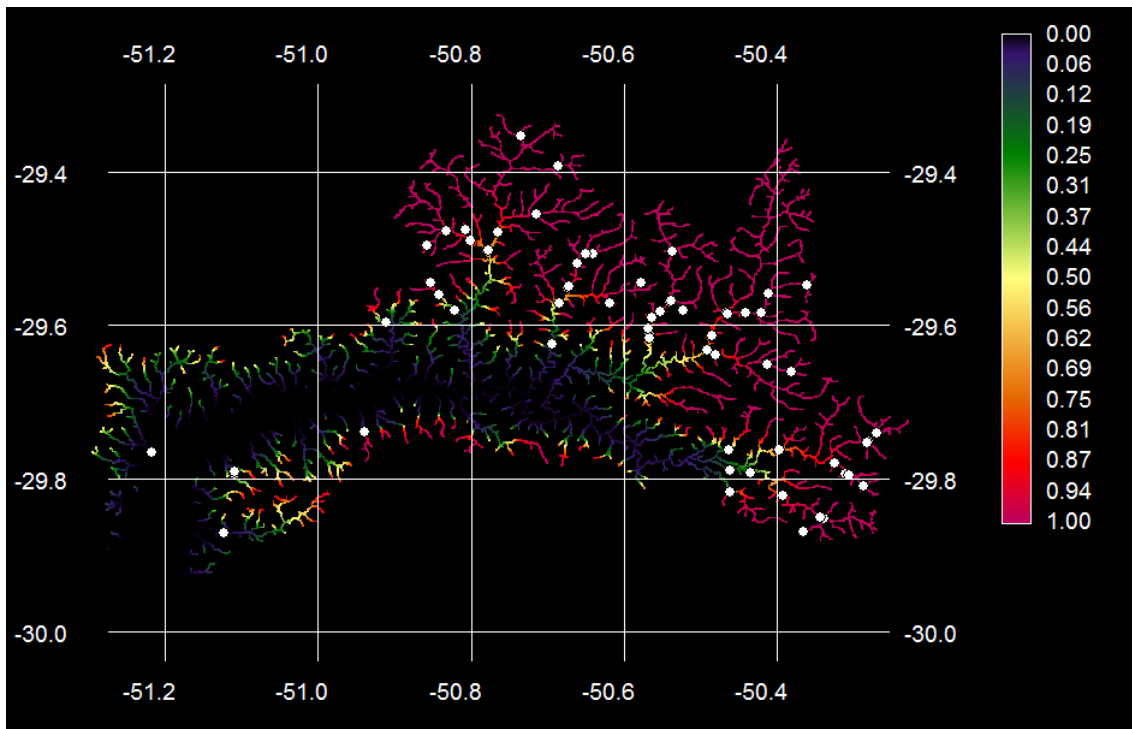


Figura 25- Mapa de probabilidade de presença presumida de *Heptapterus mustelinus*, obtido através do modelo de regressão logística de uma variável, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -15,2 - 3,9 \ln \text{Alt}$. Ponto de corte = 0,47.

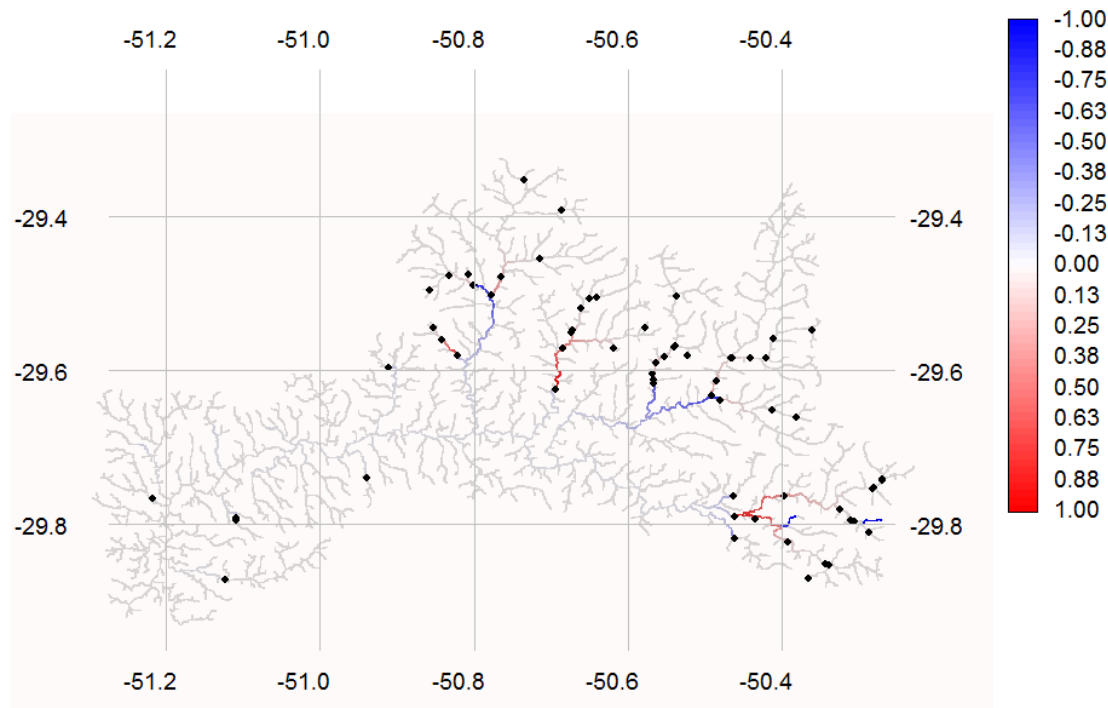


Figura 26- Distribuição dos resíduos de *Heptapterus mustelinus*, representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de uma variável. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registradas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registro de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

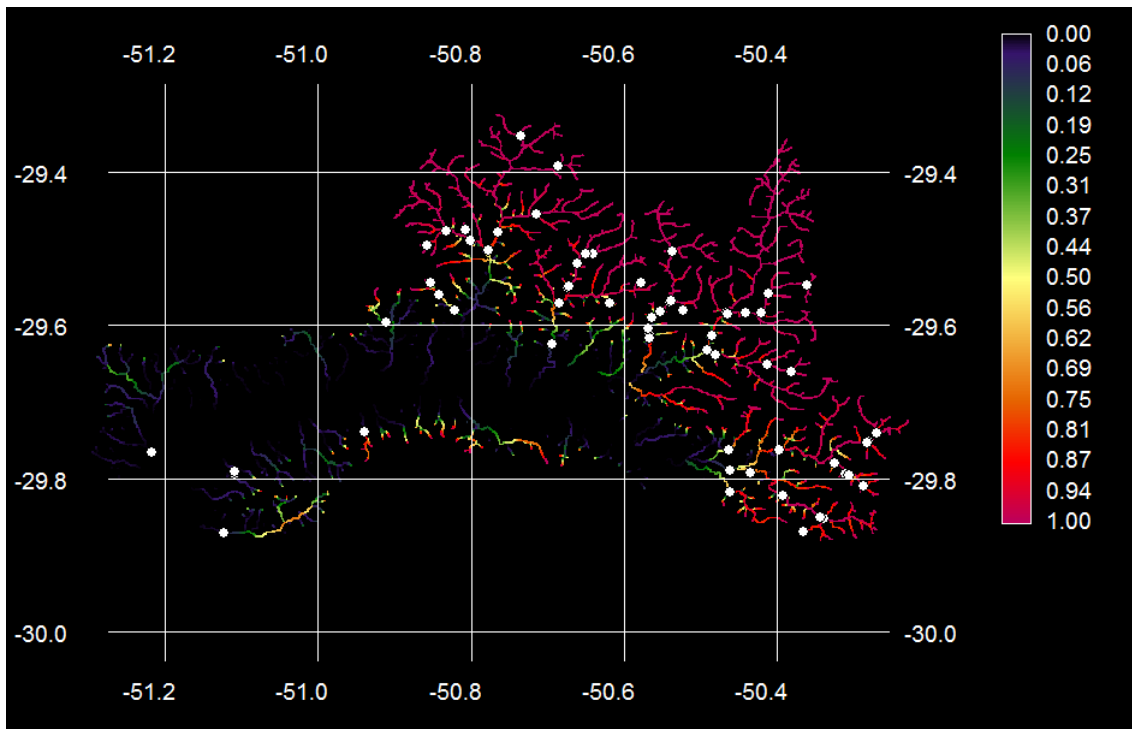


Figura 27- Mapa de probabilidade de presença presumida de *Heptapterus mustelinus*, obtido através do modelo de regressão logística de cinco variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -71,4 + 15,0 \ln Ab - 0,7 \ln Alt^2 - 1,2 \ln Ab^2 - 0,8 \ln Alt \times Ab - 25,6 \ln Alt / \ln Ab$. Ponto de corte = 0,52.

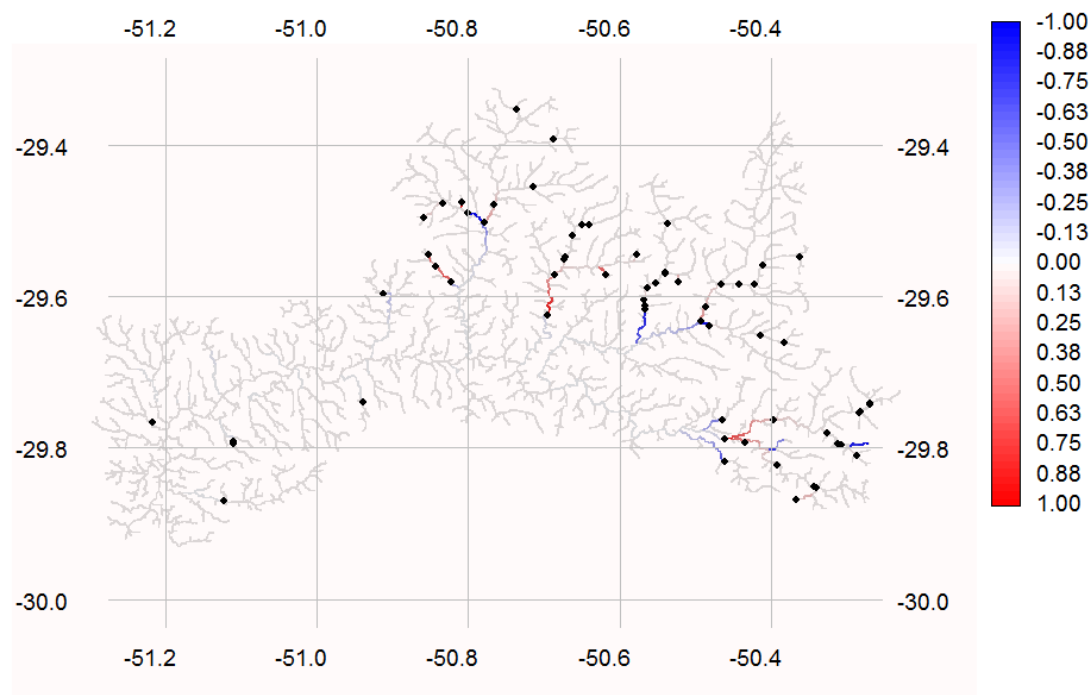


Figura 28- Distribuição dos resíduos de *Heptapterus mustelinus*, representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de cinco variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registadas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registo de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

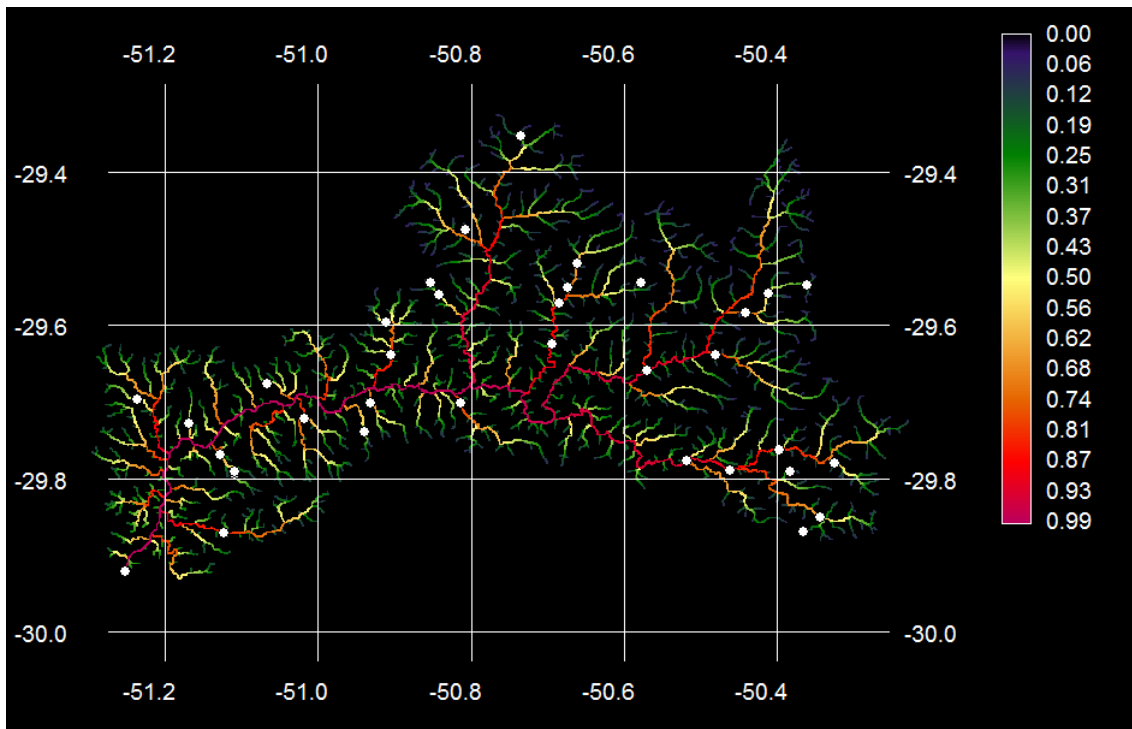


Figura 29- Mapa de probabilidade de presença presumida de *Phallocerus caudimaculatus*, obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -2,6 - 0,3 \ln \text{Alt} + 0,7 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,64.

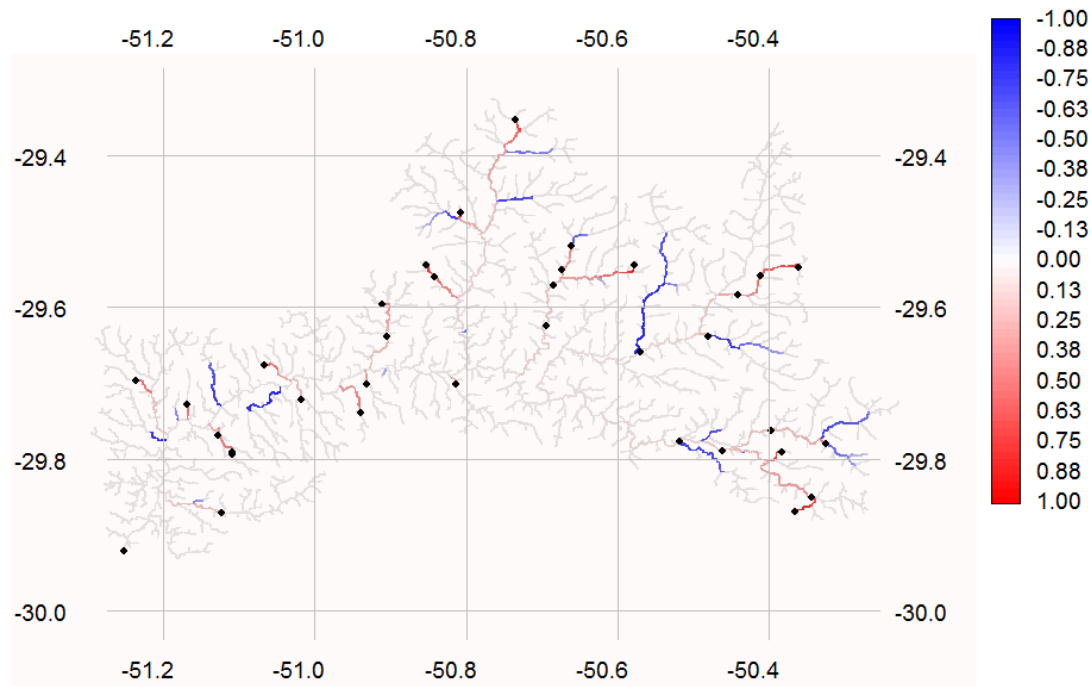


Figura 30- Distribuição dos resíduos de *Phallocerus caudimaculatus*, representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de duas variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registradas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registro de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

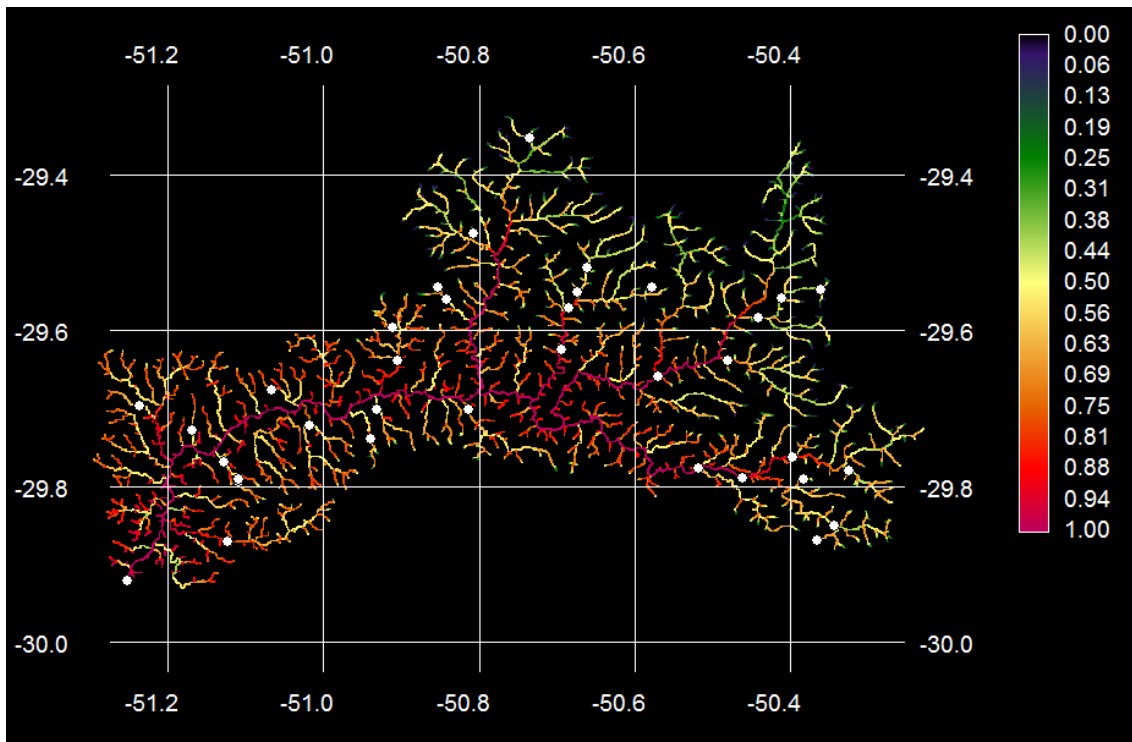


Figura 31- Mapa de probabilidade de presença presumida de *Phallocerus caudimaculatus*, obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $20,3 + 7,2 \ln \text{Alt} - 8,3 \ln \text{Ab} - 0,1 \ln \text{Alt}^2 + 0,8 \ln \text{Ab}^2 - 0,7 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 15,4 \ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,53.

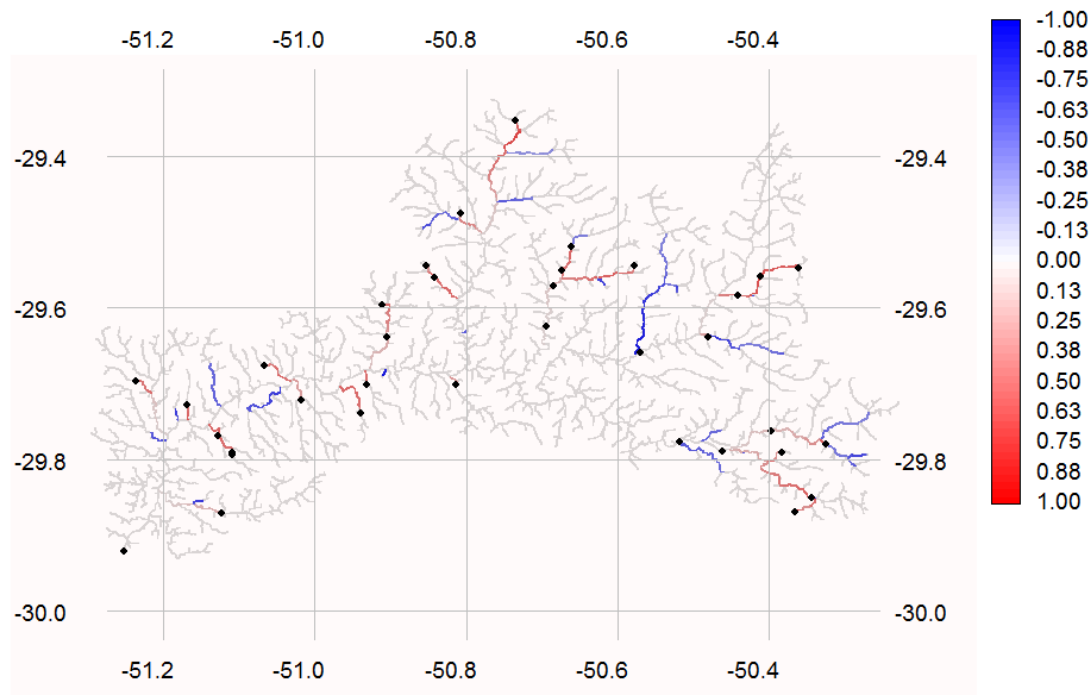


Figura 32- Distribuição dos resíduos de *Phallocerus caudimaculatus*, representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de seis variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registradas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registro de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

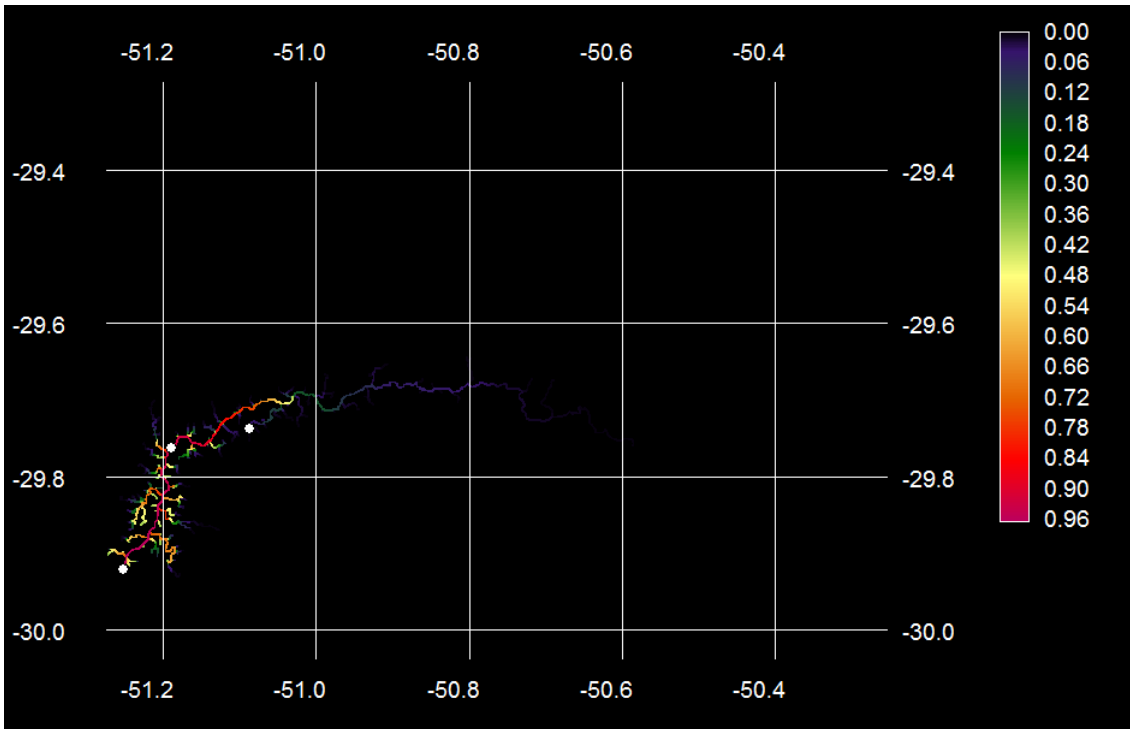


Figura 33- Mapa de probabilidade de presença presumida de *Lycengraulis grossidens*, obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -0,8 - 3,2 \ln \text{Alt} + 0,4 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,48.

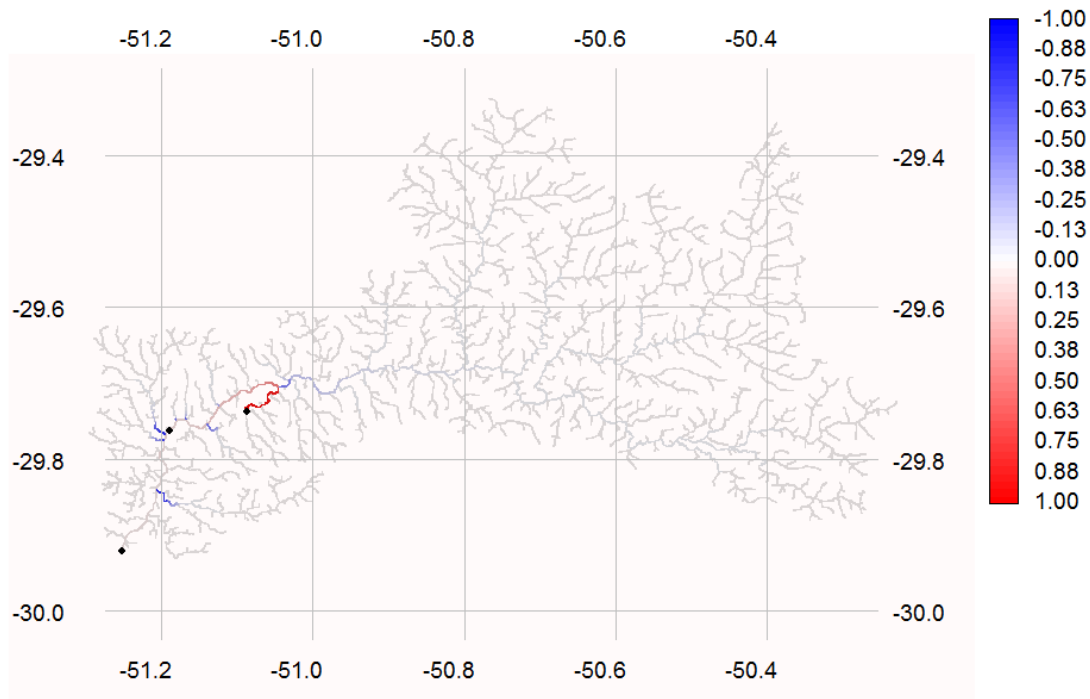


Figura 34- Distribuição dos resíduos de *Lycengraulis grossidens*, representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de duas variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registadas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registo de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

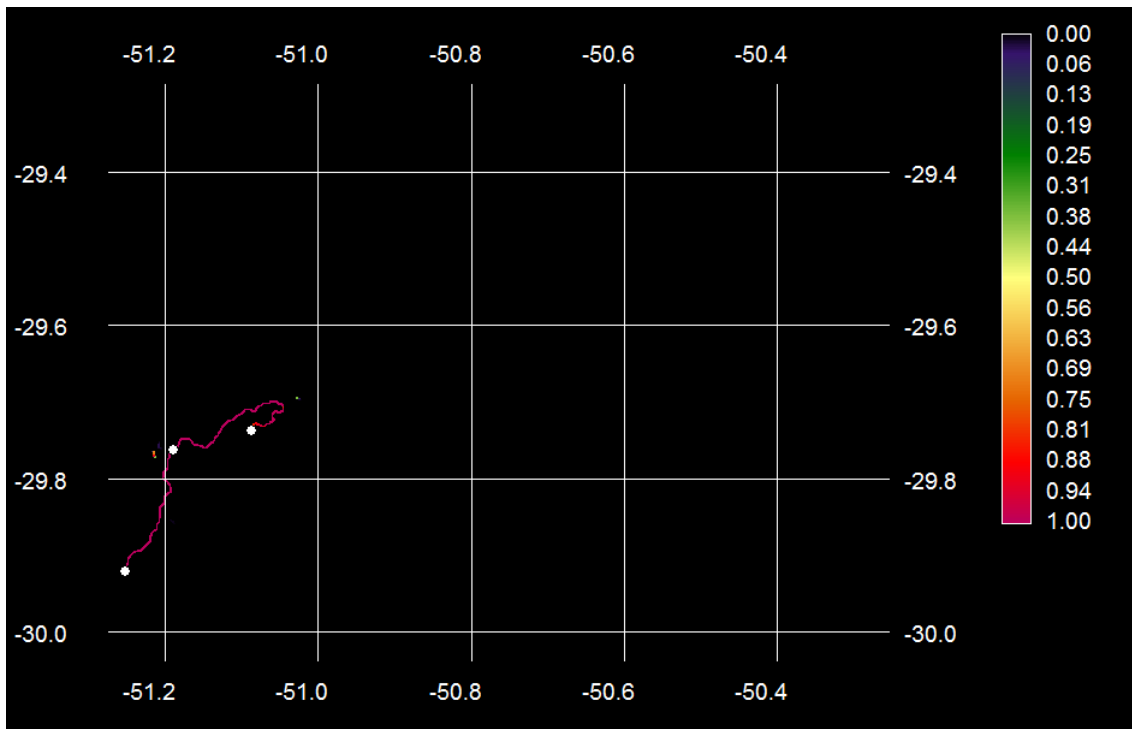


Figura 35- Mapa de probabilidade de presença presumida de *Lycengraulis grossidens*, obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $2235 + 8323 \ln \text{Alt} - 881 \ln \text{Ab} - 75,4 \ln \text{Alt}^2 + 77,4 \ln \text{Ab}^2 - 662 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 24453 \ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,68.

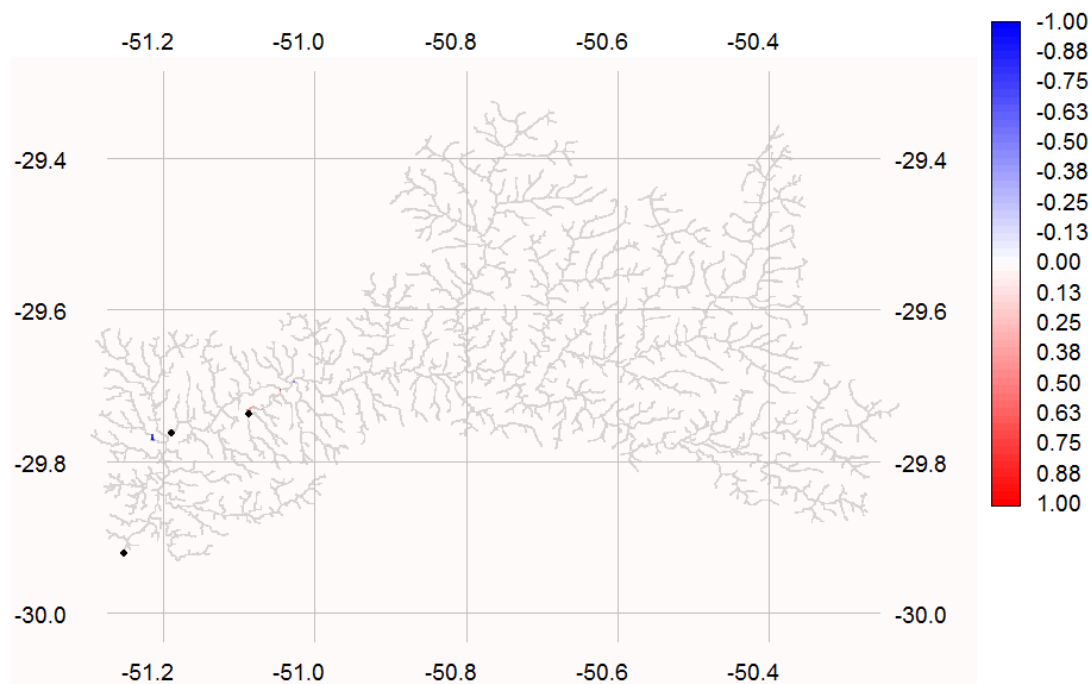


Figura 36- Distribuição dos resíduos de *Lycengraulis grossidens*, representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de seis variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registradas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registro de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

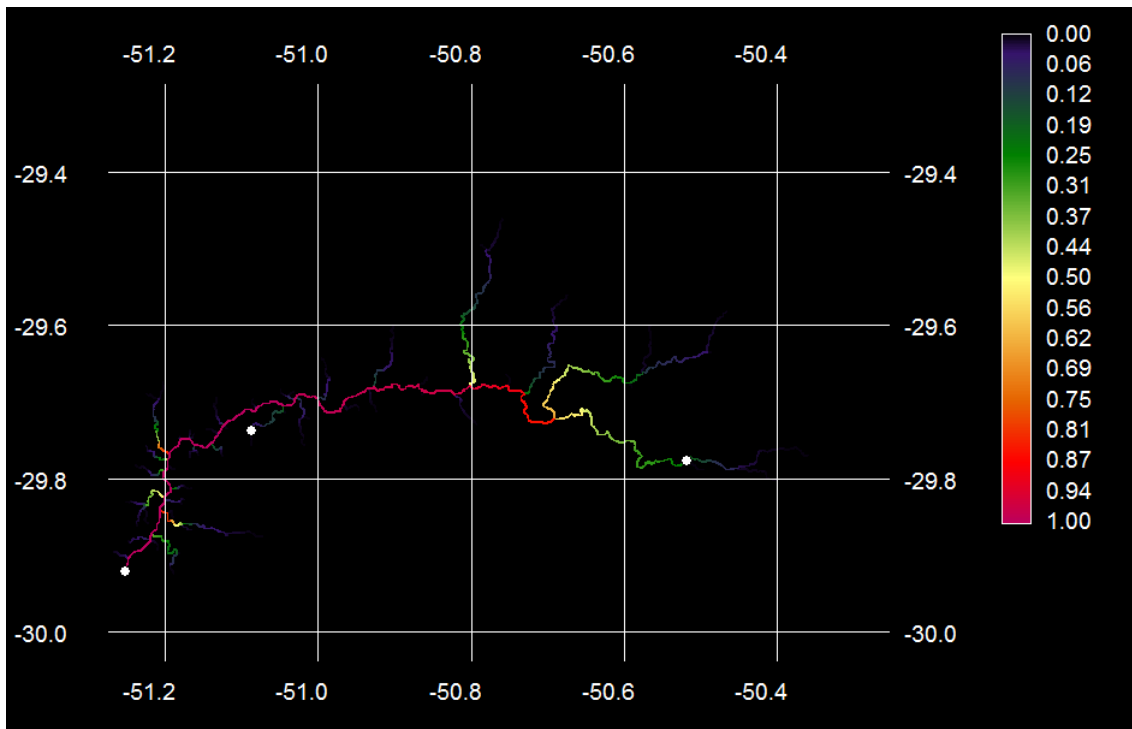


Figura 37- Mapa de probabilidade de presença presumida de *Leporinus obtusidens*, obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -9,87 - 1,99 \ln \text{Alt} + 1,75 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,38.

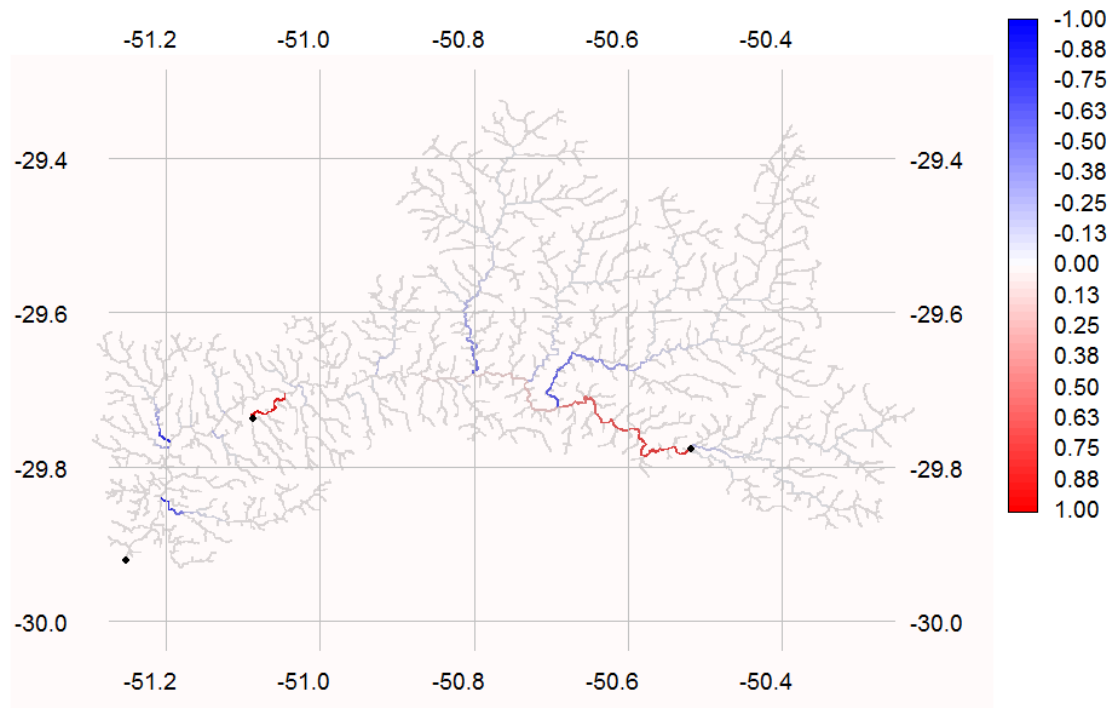


Figura 38- Distribuição dos resíduos de *Leporinus obtusidens*, representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de duas variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registradas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registro de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

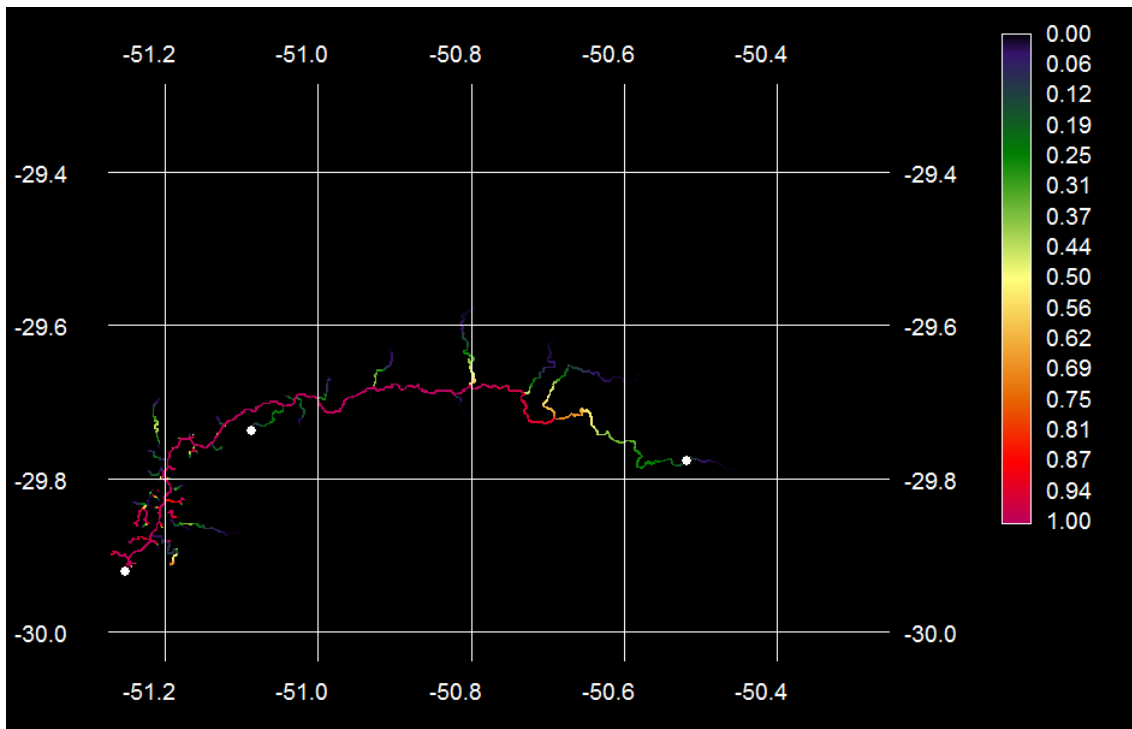


Figura 39- Mapa de probabilidade de presença presumida de *Leporinus obtusidens*, obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos. Equação do modelo: $114 + 124 \ln \text{Alt} - 33,1 \ln \text{Ab} - 3,56 \ln \text{Alt}^2 + 2,11 \ln \text{Ab}^2 - 6,66 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 443 \ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,41.

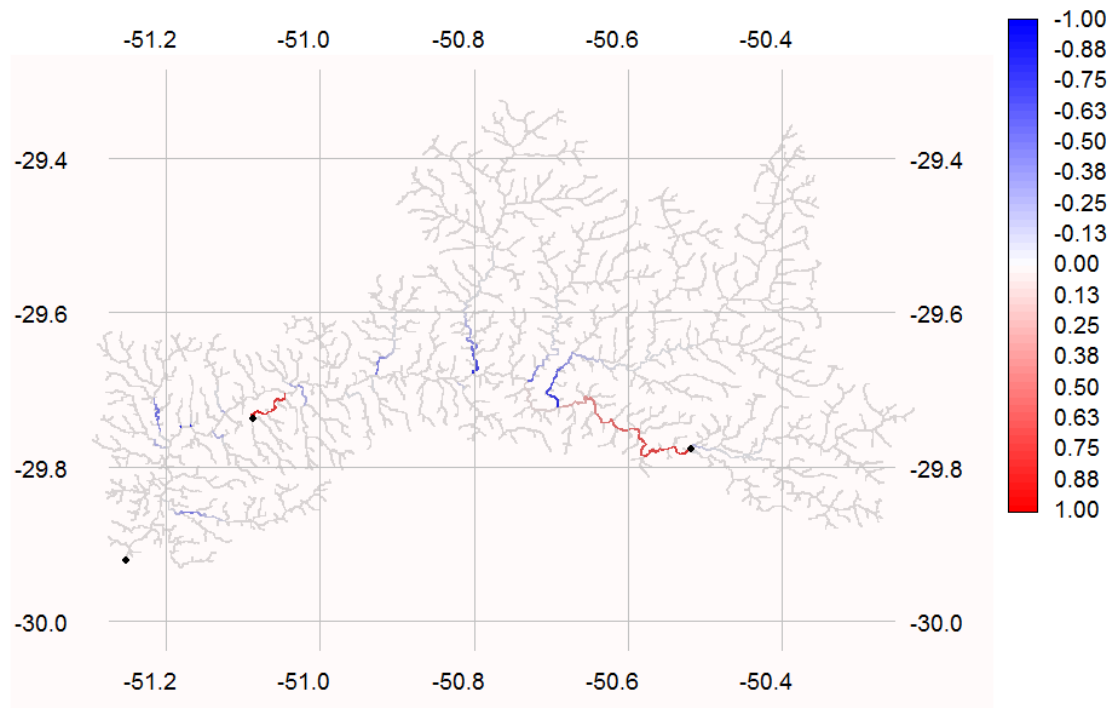


Figura 40- Distribuição dos resíduos de *Leporinus obtusidens*, representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de seis variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registradas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registro de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

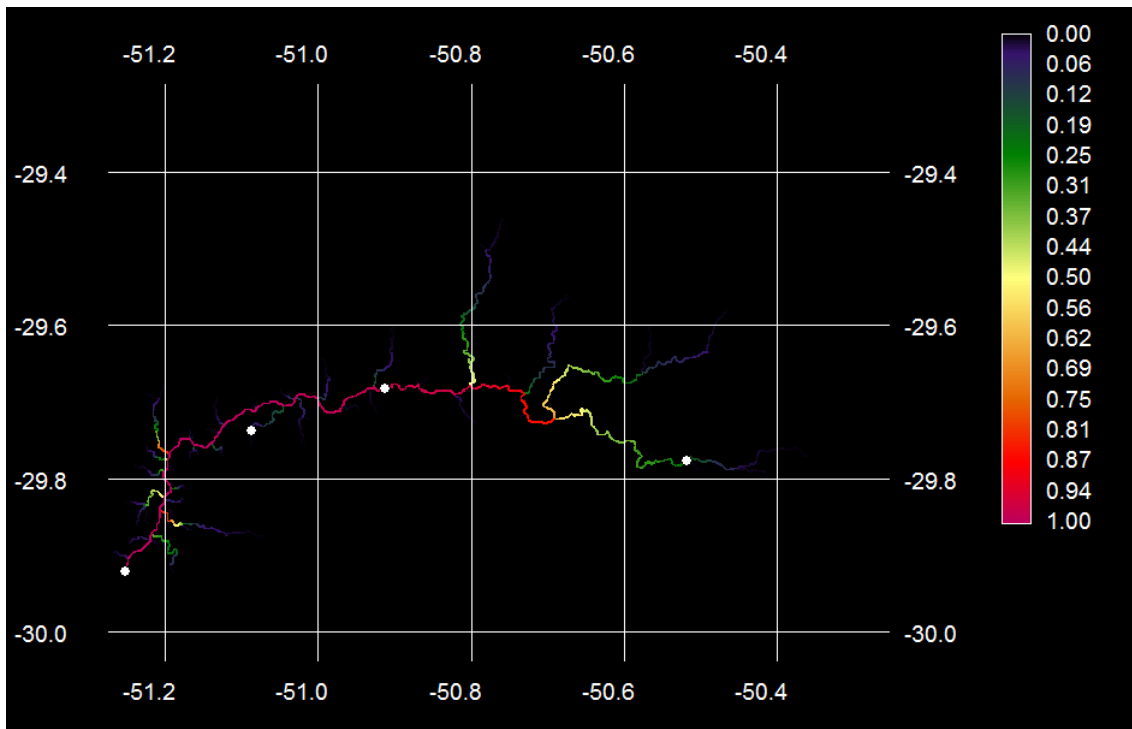


Figura 41- Mapa de probabilidade de presença presumida de *Pimelodus pintado*, obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -9,87 - 1,99 \ln \text{Alt} + 1,75 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,38.

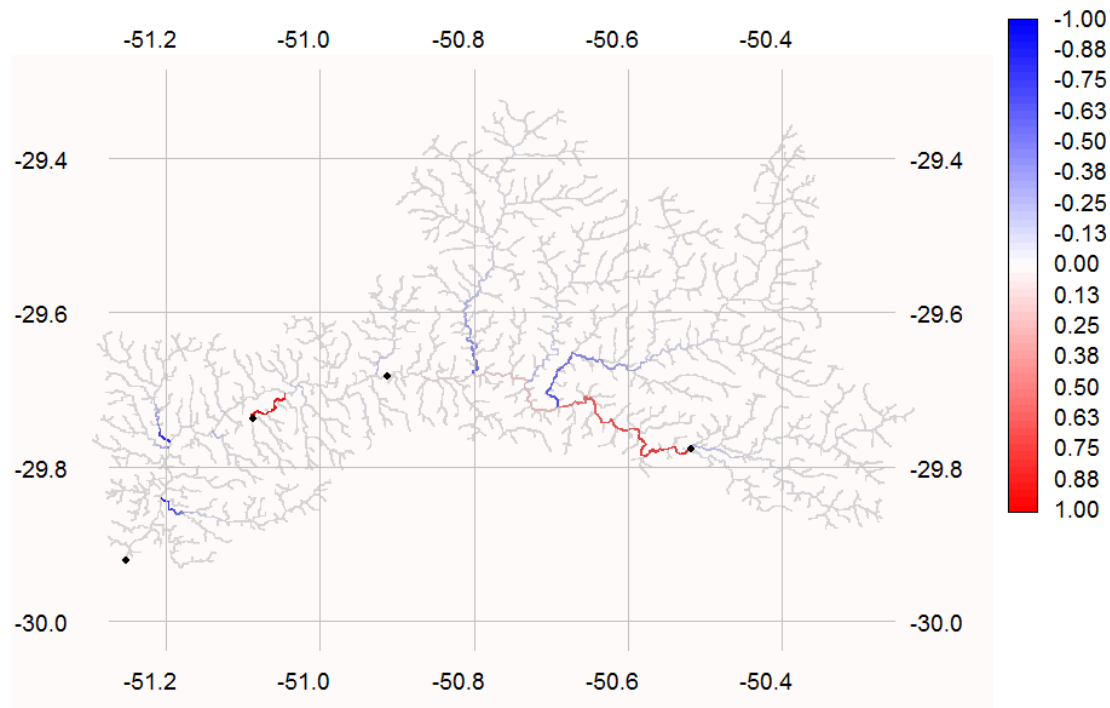


Figura 42- Distribuição dos resíduos de *Pimelodus pintado*, representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de duas variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registradas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registro de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

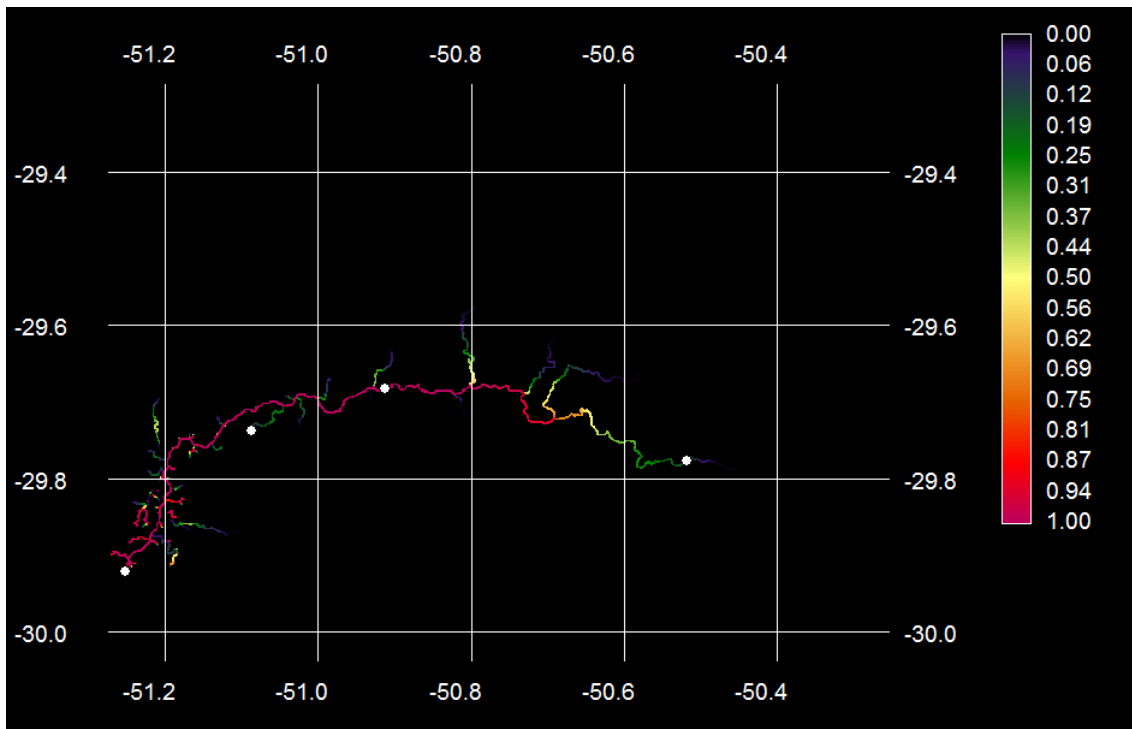


Figura 43- Mapa de probabilidade de presença presumida de *Pimelodus pintado*, obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $114 + 124 \ln \text{Alt} - 33,1 \ln \text{Ab} - 3,56 \ln \text{Alt}^2 + 2,11 \ln \text{Ab}^2 - 6,66 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 443 \ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,41.

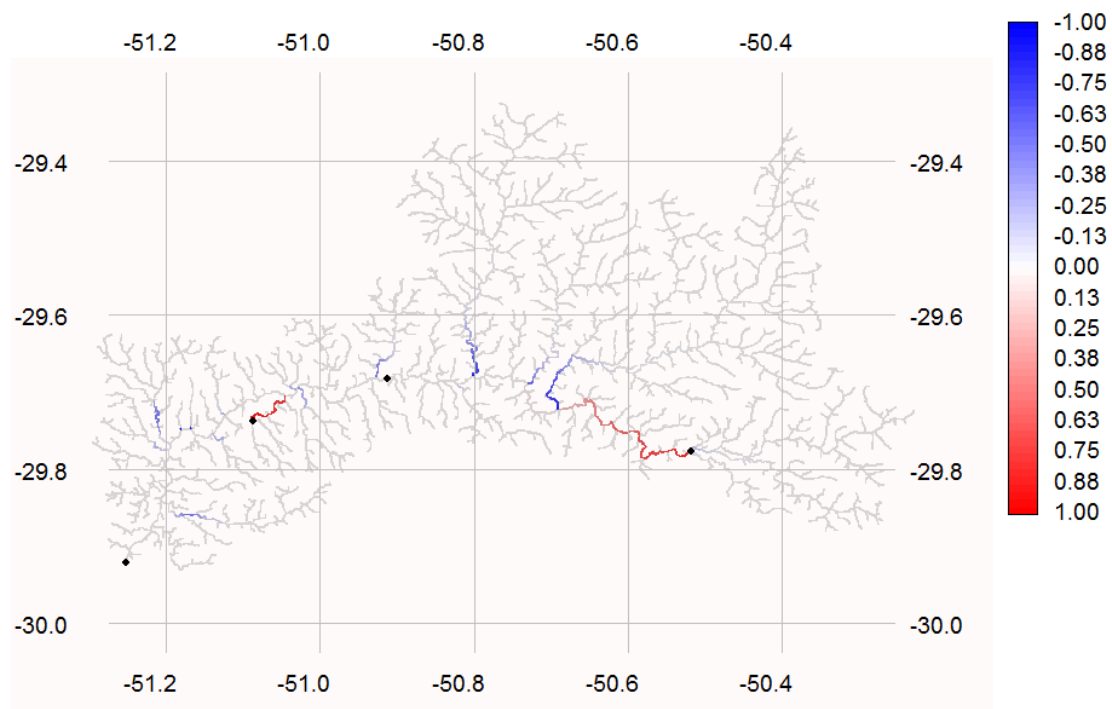


Figura 44- Distribuição dos resíduos de *Pimelodus pintado*, representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de seis variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registradas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registro de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

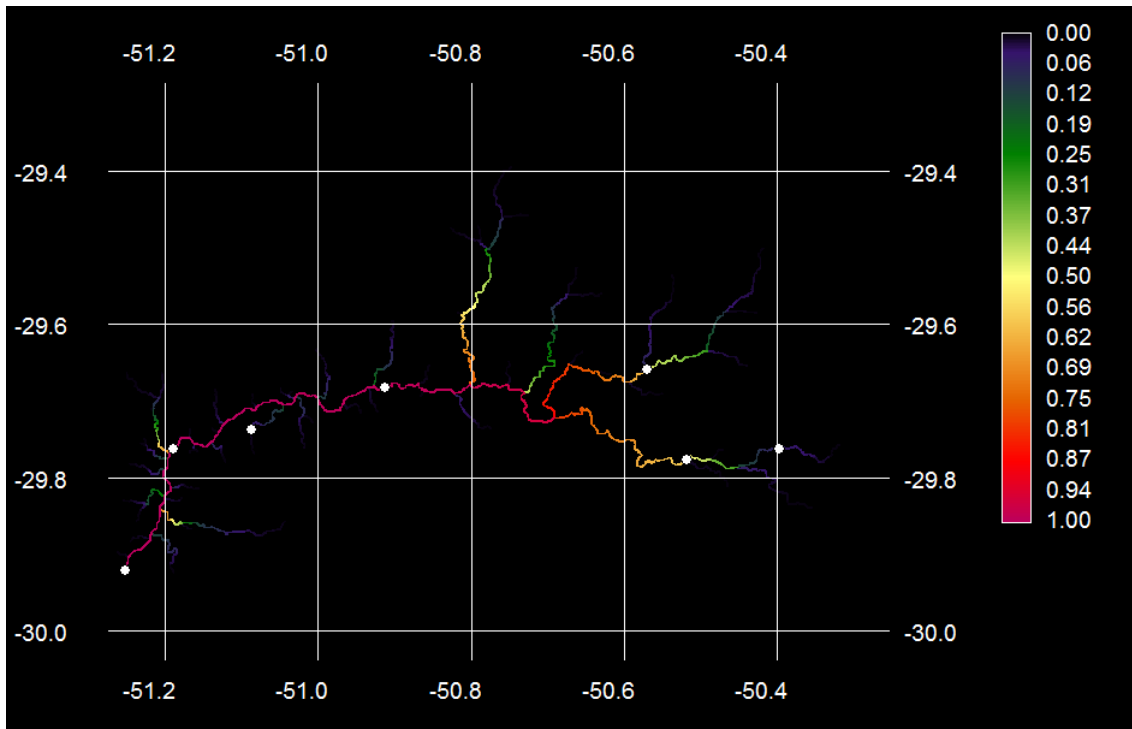


Figura 45- Mapa de probabilidade de presença presumida de *Prochilodus lineatus*, obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos. Equação do modelo: $P = -12,6 - 1,13 \ln \text{Alt} + 1,94 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,46.

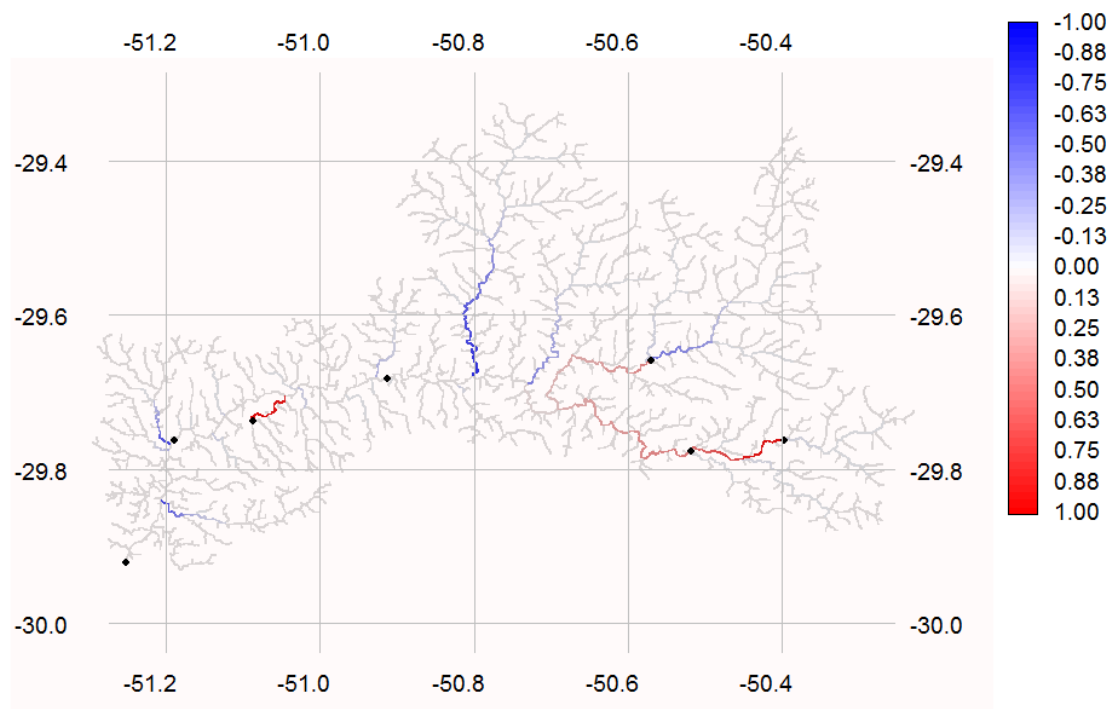


Figura 46- Distribuição dos resíduos de *Prochilodus lineatus*, representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de duas variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registradas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registro de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

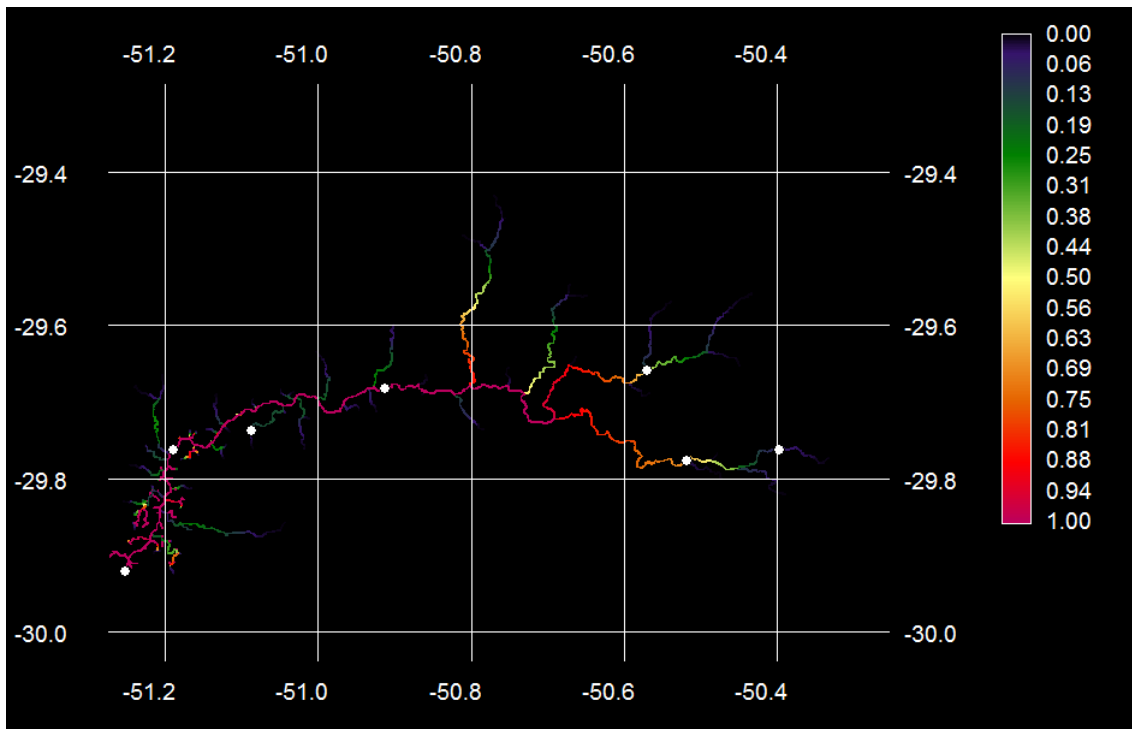


Figura 47- Mapa de probabilidade de presença presumida de *Prochilodus lineatus*, obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos. Equação do modelo: $92,2 + 74,2 \ln \text{Alt} - 27,3 \ln \text{Ab} - 0,75 \ln \text{Alt}^2 + 1,98 \ln \text{Ab}^2 - 4,71 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 265,2 \ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,41.

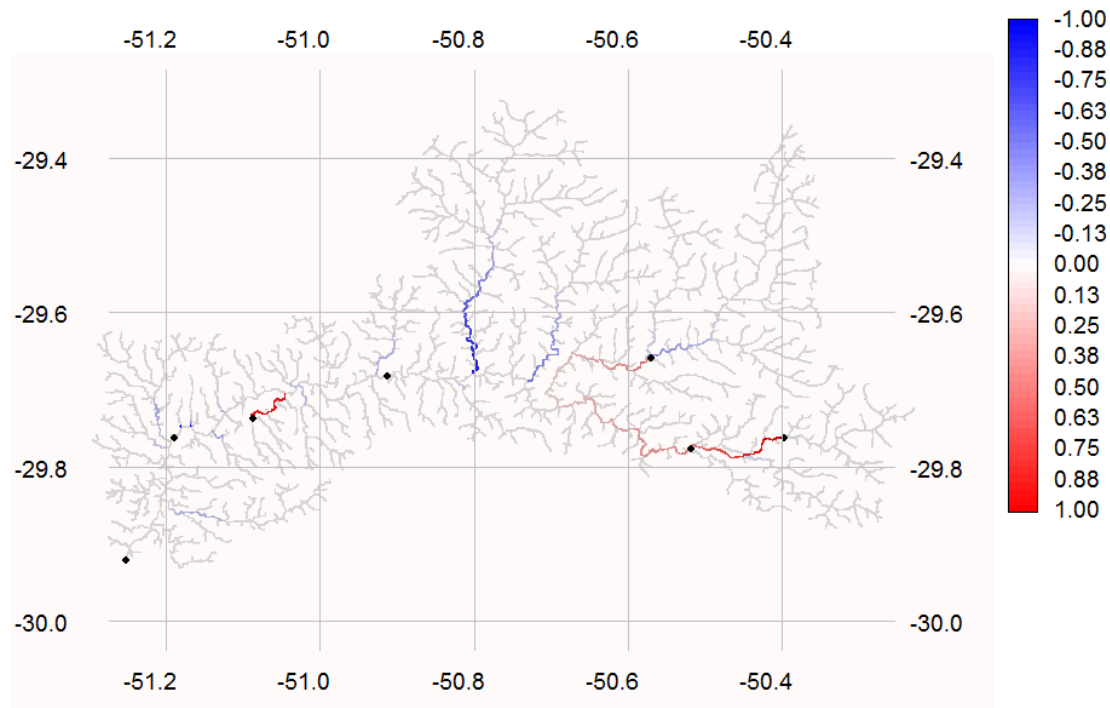


Figura 48- Distribuição dos resíduos de *Prochilodus lineatus*, representados pela diferença entre a presença observada e a presença prevista pelo modelo logístico de seis variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registradas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registro de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

Na Figura 49 os valores de AUC obtidos para cada uma das espécies para os diferentes modelos de distribuição estudados (Modelos 1 e 2) estão representados de acordo com a classificação de Swets (1988). Verifica-se que apenas uma espécie (*Characidium pterostictum*) teve o seu desempenho classificado como Razoável no Modelo 1, ou seja 98% das espécies tiveram o seu desempenho classificado como Bom ou Excelente. No Modelo 2, 100% das espécies apresentaram valores de AUC entre 0,8 – 1,0, sendo o desempenho de todos os modelos classificado como “Bom” ou “Excelente”. Observou-se que 36 espécies obtiveram um Excelente desempenho no Modelo 1, o que corresponde a 72% do número total de espécies. Já no Modelo 2 apenas cinco espécies não apresentaram um desempenho classificado como “Excelente”.

Relativamente à métrica TSS (Allouche *et al.*, 2006), no Modelo 1 (Figura 49) observou-se para três espécies (*Ancistrus brevipinnis*, *Characidium pterostictum* e *Phallocerus caudimaculatus*) um desempenho classificado como “Pobre”, ou seja, obteve resultados $\leq 0,4$, enquanto que no Modelo 2 o desempenho “Pobre” ficou restrito a apenas para uma espécie (*Phallocerus caudimaculatus*).

Com vistas a avaliar se a capacidade de predição dos modelos apresentava variação para diferentes grupos taxonômicos, comparou-se a distribuição de valores de AUC e TSS para Characiformes, Siluriformes e Cichliformes, de forma independente (Figura 50). Entretanto, através de teste Mann-Whitney-Wilcoxon não foram identificadas diferenças significativas nos descritores de qualidade de ajuste em função do grupo taxonômico ($p > 0,05$).

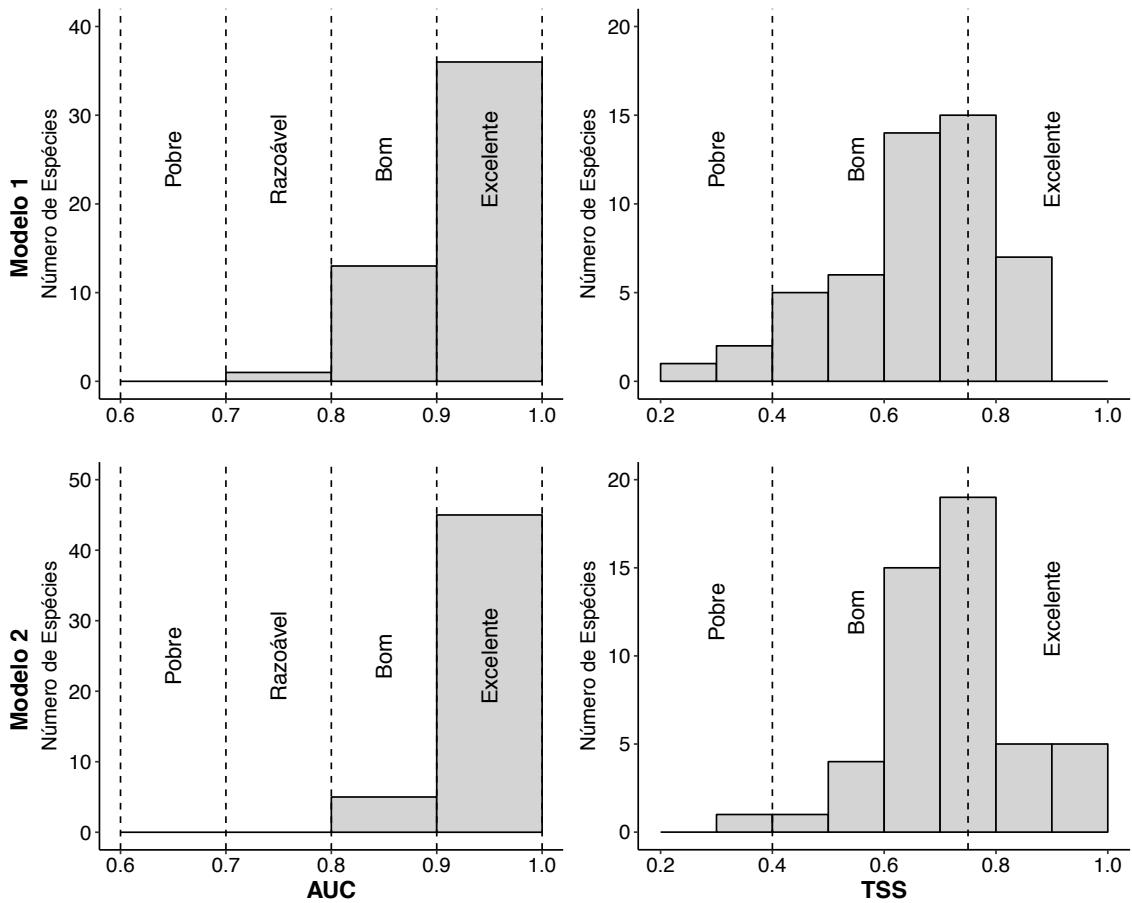


Figura 49- Histogramas da distribuição da área abaixo da curva ROC (AUC) e da TSS para o Modelo 1- modelo logístico rodado com 1-2 variáveis e para o Modelo 2- modelo logístico rodado com 4-6 variáveis (o número de variáveis varia consoante a espécie e de acordo com o teste de significância aplicado).

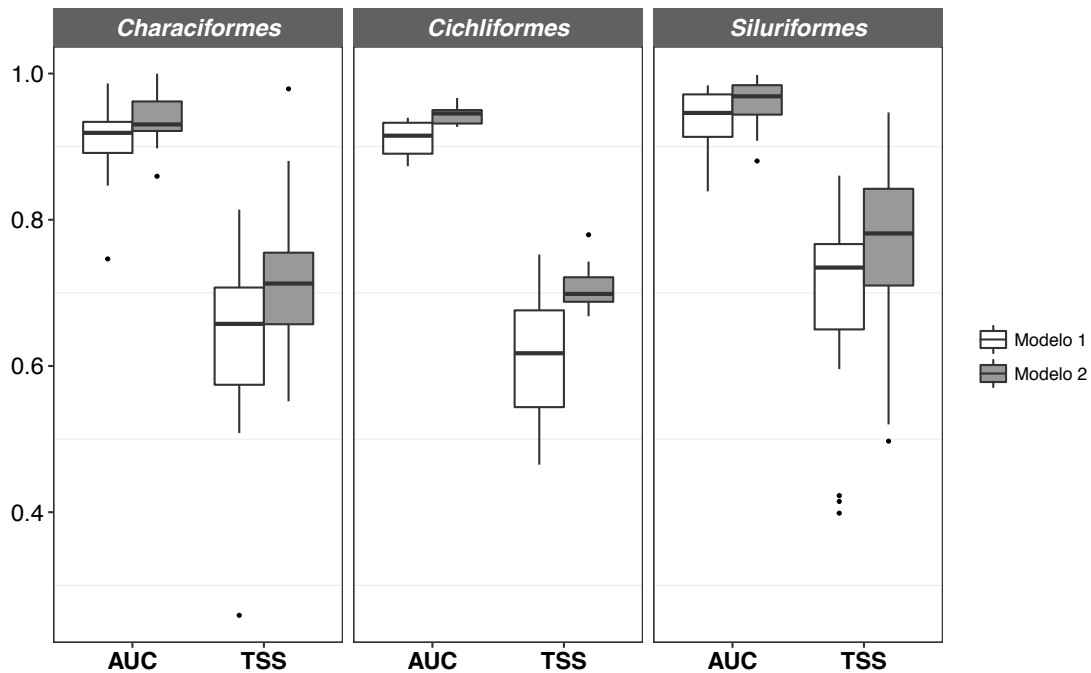


Figura 50- Desempenho preditivo dos modelos ajustados para espécies pertencentes às ordens Characiformes, Cichliformes e Siluriformes, na bacia do rio dos Sinos. As caixas mostram a mediana da área sob a curva ROC (AUC) e da True Skill Statistical (TSS).

Com a finalidade de evidenciar-se o efeito da retirada de cada variável no desempenho do Modelo de resposta não linear (Modelo 2) em comparação com o modelo ajustado com todas as variáveis, apresenta-se a Figura 51. Observou-se que a retirada da $Altitude^2$ e da $Altitude$ na equação da regressão logística (Modelo 2) implicou isoladamente na maior redução de acurácia dos modelos ajustados, identificando-se uma perda de capacidade de previsão de 1,55% e 0,89% respectivamente. Destacamos que estes valores relativamente pequenos de redução de acurácia devem-se, em parte, à partição dos efeitos entre variáveis que são parcialmente colineares.

Com a eliminação da $Altitude^2$, *Characidium pterostictum*, por exemplo, teve uma diminuição de 13% no valor da acurácia e *Crenicichla punctata* experimentou 11% de diminuição no acerto total, representando as maiores perdas acurácia obtidas, após a retirada de uma das variáveis neste estudo. Duas espécies (*Crenicichla punctata* e *Gymnogeophagus labiatus*) tiveram uma diminuição de aproximadamente 9% na acurácia do seu modelo de distribuição com a retirada da

Altitude. *Hemiancistrus punctulatus* apresentou uma diminuição de 7% na sua acurácia e três espécies (*Characidium tenue*, *Pimelodella australis* e *Rineloricaria microlepidogaster*) tiveram este parâmetro a sofrer uma redução de 6% após a sua eliminação da equação do modelo logístico de resposta não linear (Modelo 2, a tabela bruta da variação da acurácia encontra-se no Anexo 3). Relativamente à área de bacia, quando se retirou esta variável do Modelo 2 de cada espécie, o máximo de perda de acurácia que se obteve foi de aproximadamente 7% e 6% para *Crenicichla punctata* e *Rineloricaria microlepidogaster*, respetivamente.

O resultado obtido com o teste Mann-Whitney-Wilcoxon sugere a existência de diferenças estatísticas entre os valores de acurácia obtidos a partir do Modelo 2 com todas as variáveis e os valores de acurácia do Modelo 2 após a retirada de cada uma das variáveis ($p < 0,05$) para todas as situações testadas (Figura 51).

Os valores da AUC do modelo de resposta não linear (Modelo 2) variaram entre 0,84 e 0,99 nos modelos ajustados com todas as variáveis significativas, como se pode verificar na Tabela 5. A Figura 52 apresenta os resultados da variação de AUC após a retirada de cada uma das variáveis do Modelo 2. A variação dos valores de AUC após a retirada de cada variável (Figura 52) seguiu um padrão similar ao observado para o poder de predição (Figura 51). Embora tenha se observado uma redução numérica da mediana de AUC após a retirada de cada uma das variáveis em análise, apenas a retirada da Altitude ($p = 0,004$), Altitude² ($p = 0,011$) e Altitude x Área de Bacia ($p = 0,006$) mostraram-se estatisticamente significativas na redução de desempenho dos modelos testados (Mann-Whitney-Wilcoxon).

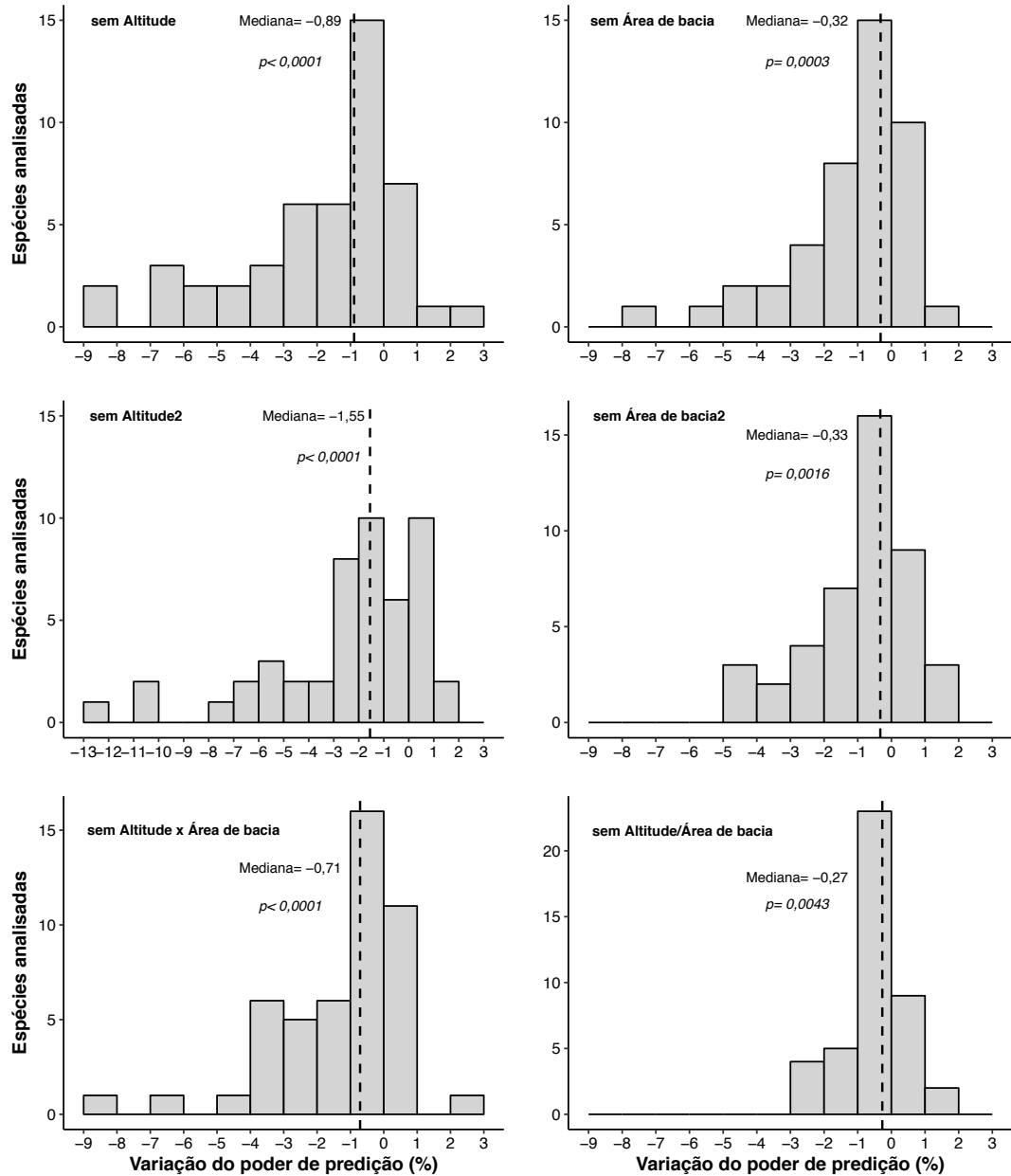


Figura 51- Influência da retirada de cada variável da regressão logística do Modelo de resposta não linear (Modelo 2) na acurácia do modelo ajustado para cada espécie em relação ao modelo com todas as variáveis. Valores negativos no eixo do X representam uma perda na acurácia e valores positivos indicam que o modelo teve um aumento de acurácia após a retirada da variável em estudo. A linha tracejada representa o valor da mediana após a retirada da variável em estudo.

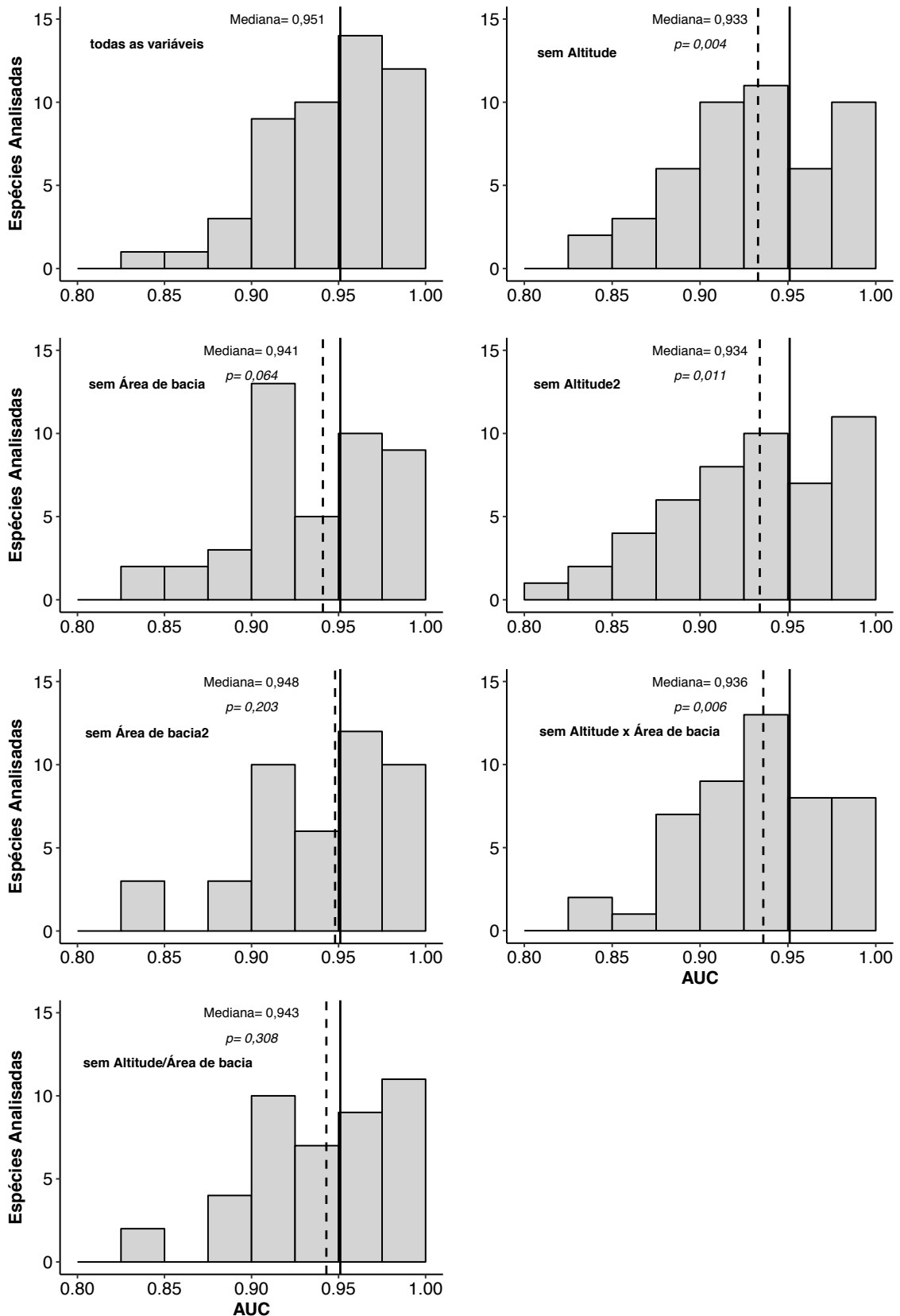


Figura 52- Influência da retirada de uma variável no desempenho da regressão logística do Modelo 2, medido através da área abaixo da curva ROC (AUC) para cada uma das espécies analisada. A mediana do modelo inicial (todas as variáveis) está representada pela linha contínua e a linha tracejada representa a mediana apresentada após a retirada da variável em estudo.

3.2. Riqueza de espécies

Confirmando o padrão já verificado nas Figura 11 e 12, a Figura 53 representa a soma dos trechos observados de ocorrência para todas as 50 espécies em análise, evidenciando uma redução gradativa da riqueza de espécies de jusante para montante, com diminuição gradativa de 48 espécies junto à foz com o delta do Jacuí até apenas três espécies nos trechos de menor ordem. Cabe ressaltar, entretanto, que não se trata do número absoluto de espécies da bacia, mas o número de espécies estimado dentre as 50 espécies analisadas, de forma que mais do que o número absoluto (riqueza absoluta), interessa o padrão geral observado de redução em relação a um gradiente altitudinal e de diminuição de área de bacia.

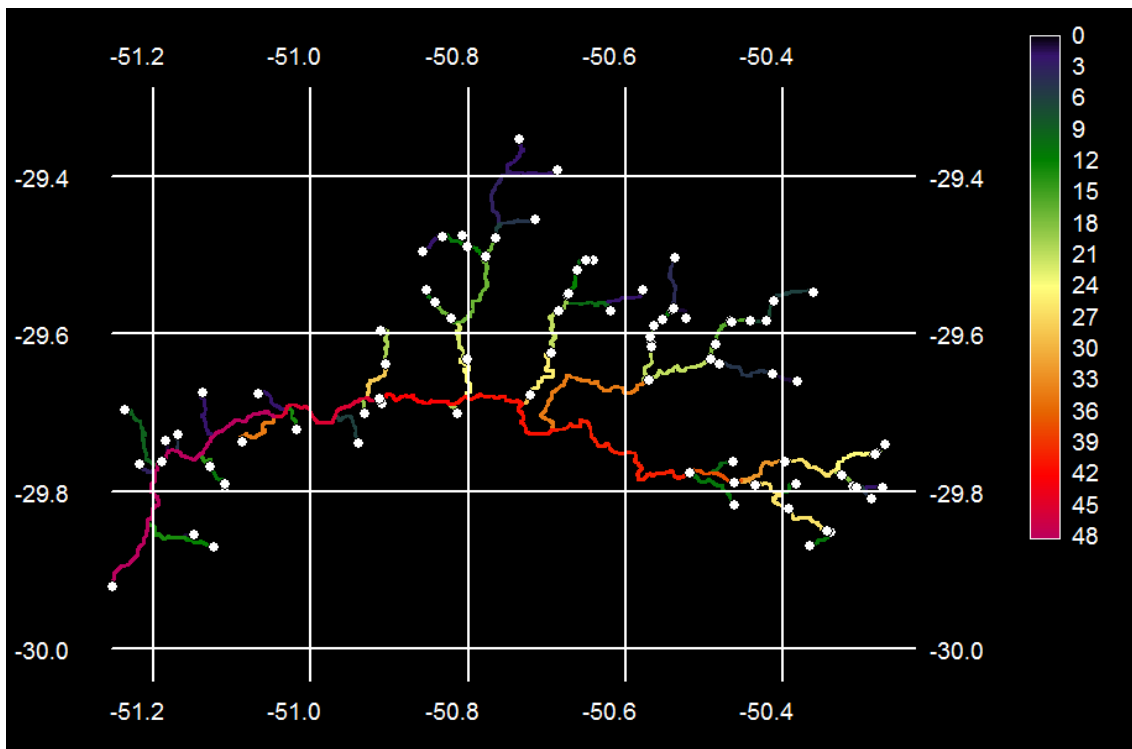


Figura 53- Mapa resultante do somatório dos pathways finais de cada espécie. Os pontos a branco indicam os pontos de amostragem.

Os modelos de riqueza específica derivados das regressões logísticas (Modelos 1 e 2) foram obtidos através da soma dos mapas de presença presumida das espécies, considerando o ponto de corte estabelecido em cada um dos modelos. Nas Figuras 54 e 56 encontram-se apresentados os modelos de riqueza específica obtidos através dos modelos de duas e seis variáveis, respectivamente.

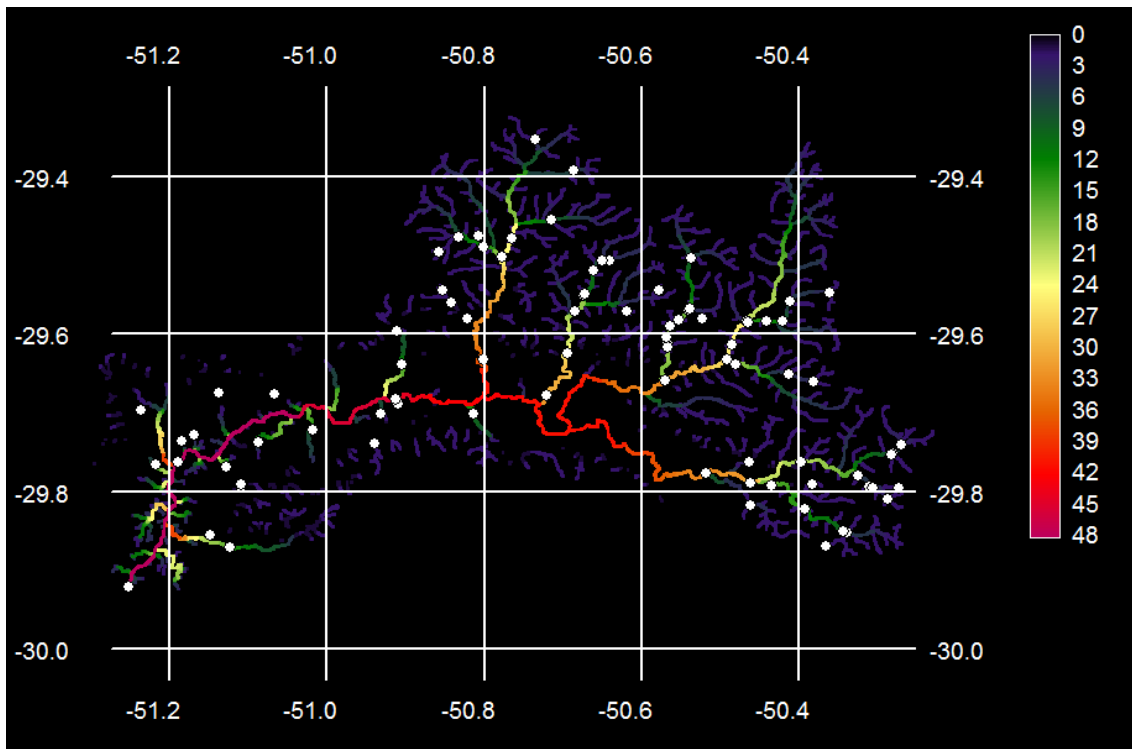


Figura 54- Mapa de riqueza de espécies de peixes para a bacia do rio dos Sinos, resultante da soma dos mapas finais de cada espécie estudada, obtidos através do Modelo 1 (duas variáveis).

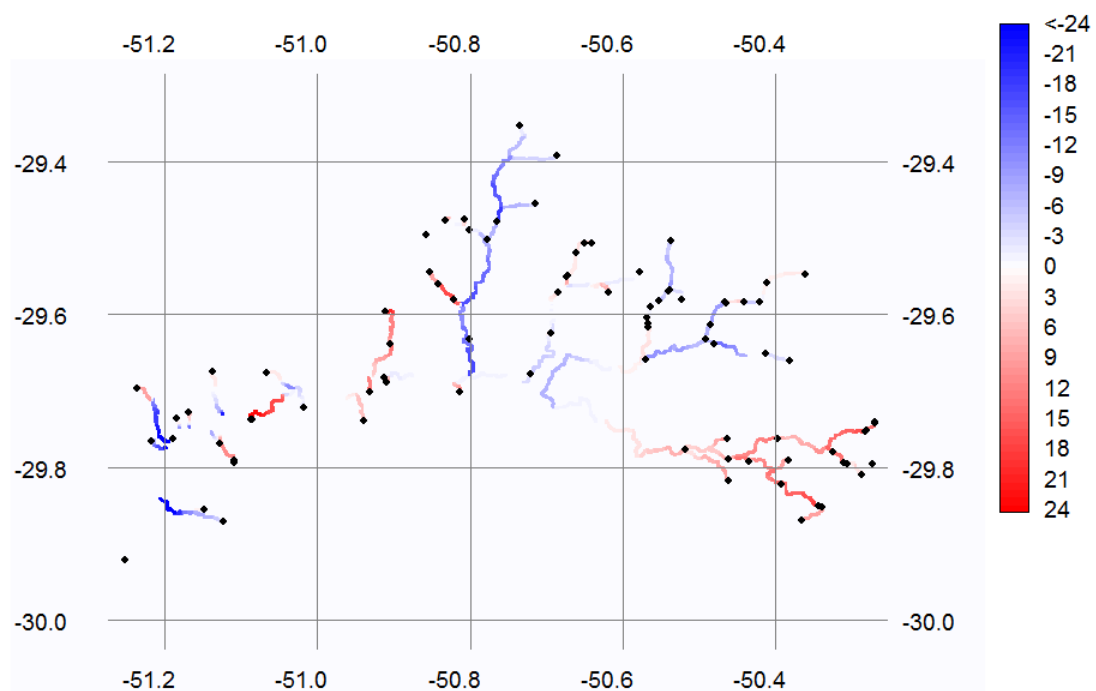


Figura 55- Distribuição dos resíduos, representados pela diferença entre a riqueza observada e a riqueza obtida a partir de análise de regressão logística de duas variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registradas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registro de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

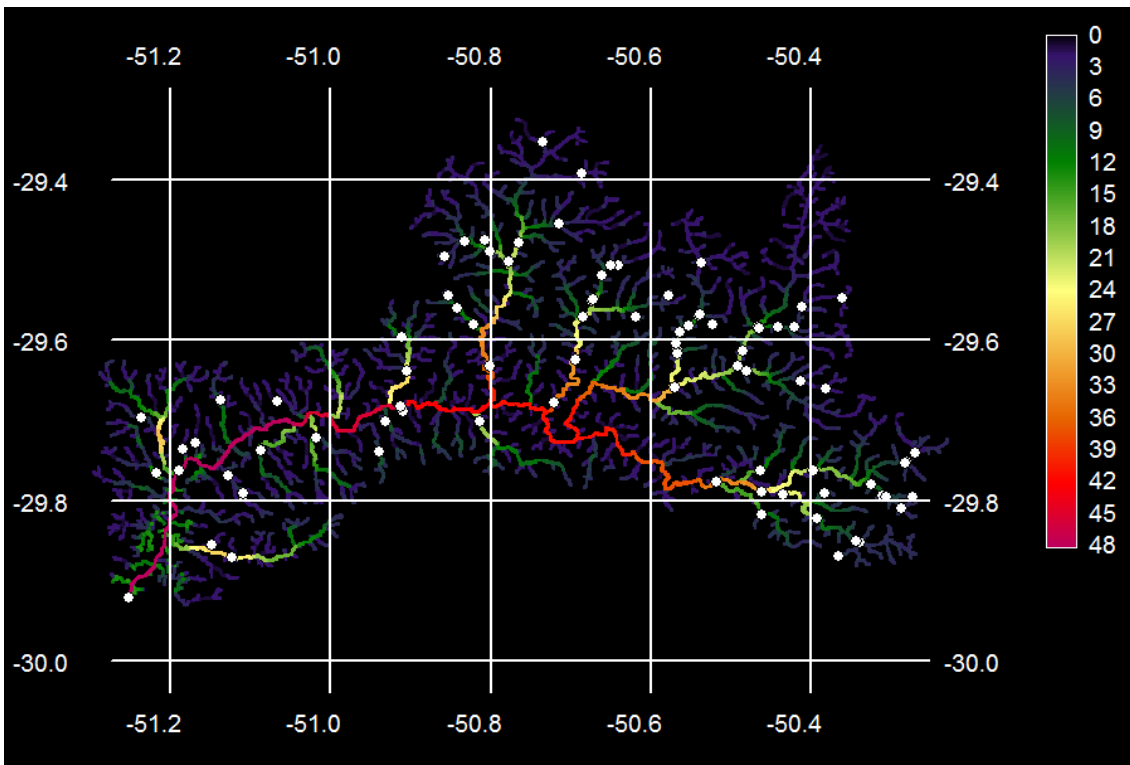


Figura 56- Mapa de riqueza de espécies de peixes para a bacia do rio dos Sinos, resultante da soma dos mapas finais de cada espécie estudada, obtidos através do Modelo 2.

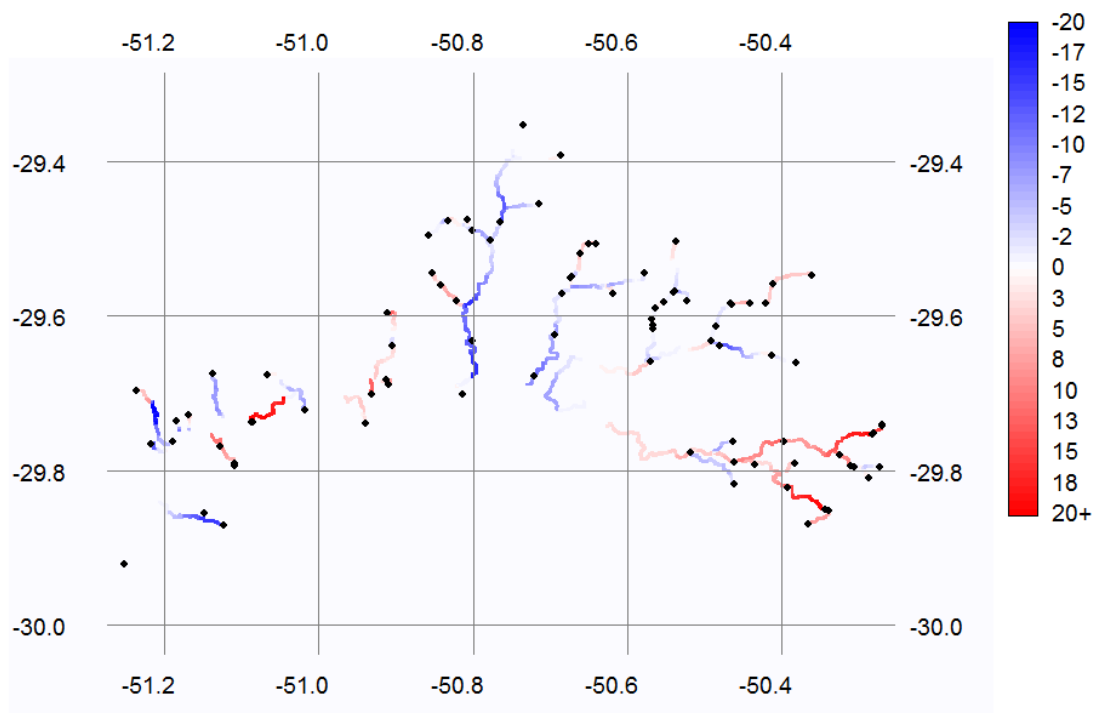


Figura 57- Distribuição dos resíduos, representados pela diferença entre a riqueza observada e a riqueza obtida a partir de análise de regressão logística de seis variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registradas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registro de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

De forma a suavizar o padrão de resposta para a distribuição espacial da riqueza específica, foram testados modelos de riqueza específica em regressão múltipla nos quais foram empregadas como variáveis independentes as mesmas variáveis empregadas nos Modelos 1 e 2, e como variável dependente o mapa de riqueza obtido para cada um dos modelos de regressão logística estudados. O valor de r^2 e de $r^2_{ajustado}$ foi inferior no modelo de regressão múltipla de duas variáveis, como podemos observar na Tabela 6.

Tabela 6- Valores r^2 e do $r^2_{ajustado}$ dos modelos de riqueza obtidos através de regressão múltipla de duas e seis variáveis.

	Regressão múltipla com 2 variáveis	Regressão múltipla com 6 variáveis
r^2	0,76	0,87
$r^2_{ajustado}$	0,90	0,95

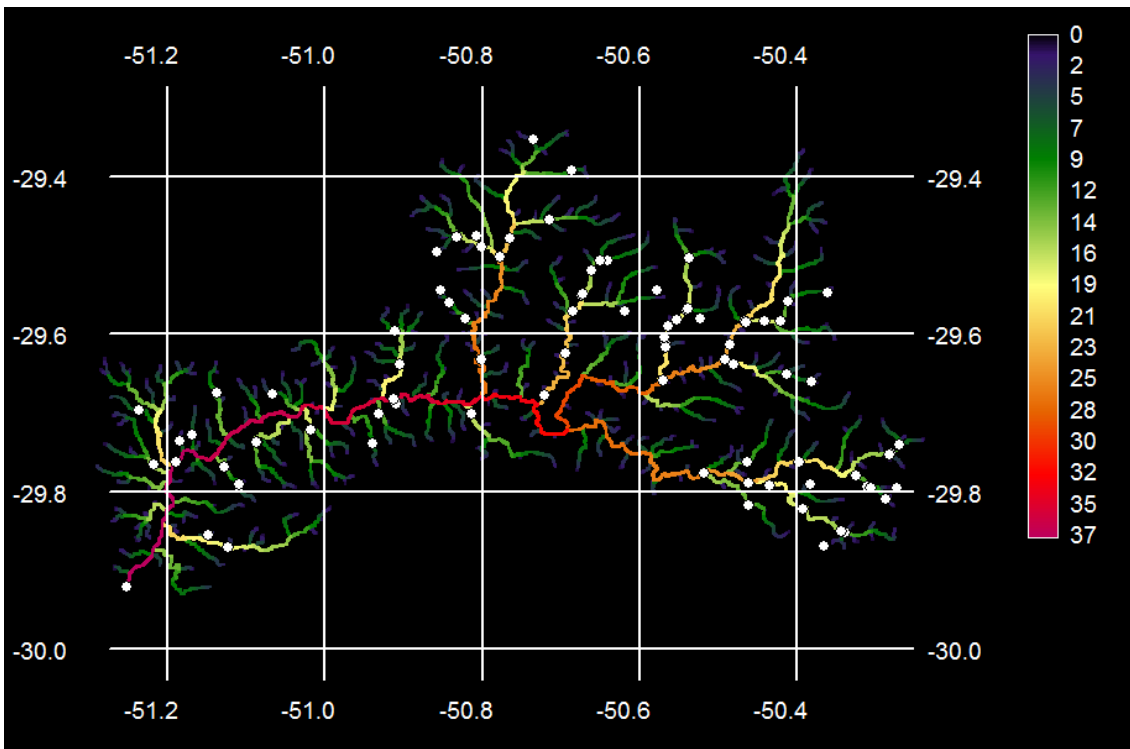


Figura 58- Mapa de riqueza de espécies de peixes para a bacia do rio dos Sinos, resultante da aplicação de uma regressão múltipla de duas variáveis. Equação do modelo: $P = -13,83 - 0,53 \ln \text{Alt} + 4,86 \ln \text{Ab}$.

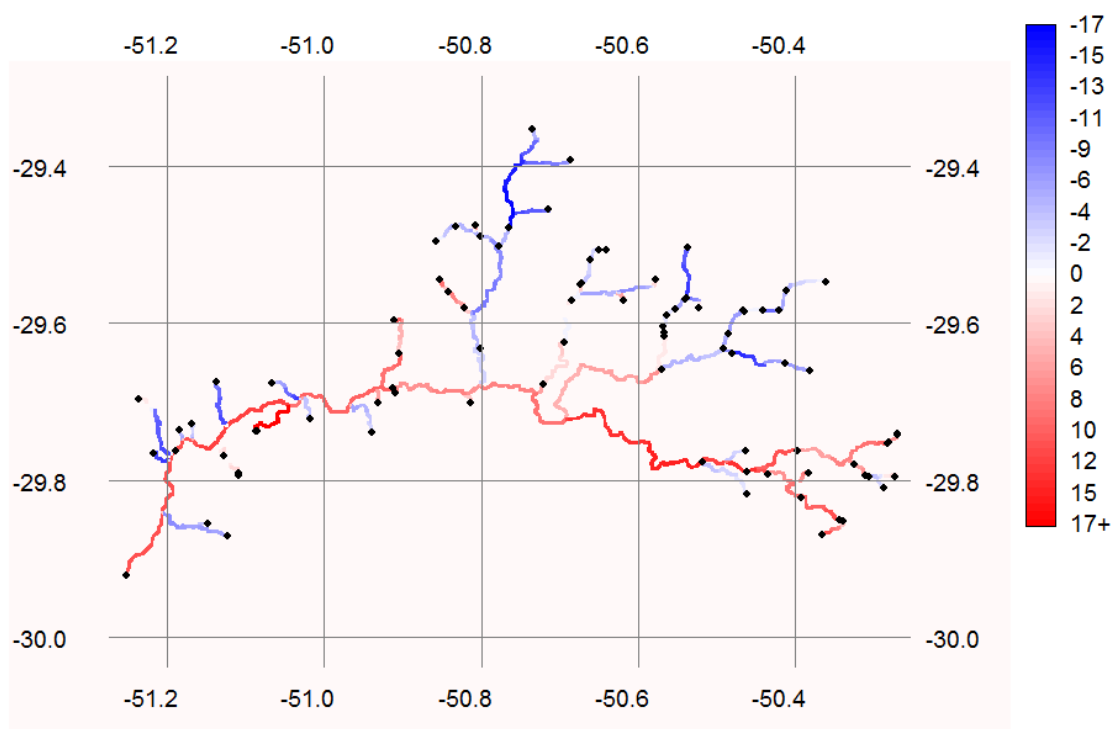


Figura 59- Distribuição dos resíduos, representados pela diferença entre a riqueza observada e a riqueza obtida a partir de análise de regressão múltipla de duas variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registradas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registro de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

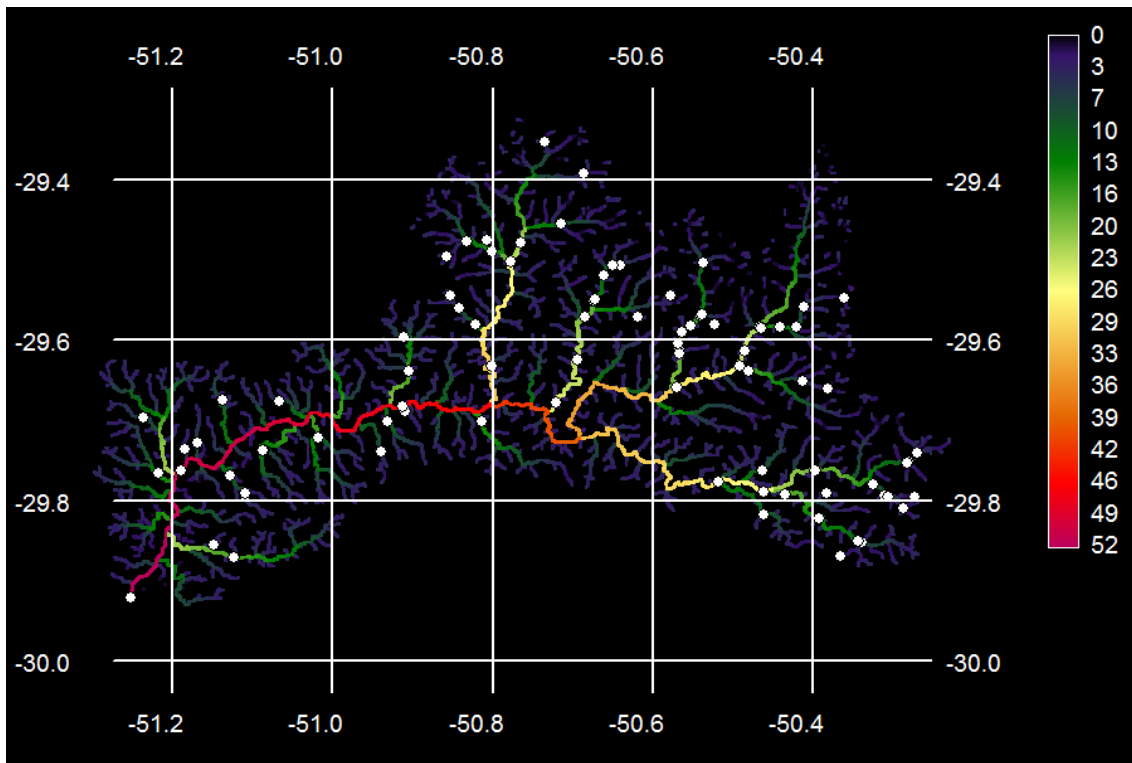


Figura 60- Mapa de riqueza de espécies de peixes para a bacia do rio dos Sinos, resultante da aplicação de uma regressão múltipla de seis variáveis. Equação do modelo: $P = -3,51 - 0,02 \ln \text{Alt} - 0,69 \ln \text{Ab} - 0,23 \ln \text{Alt}^2 + 0,57 \ln \text{Ab}^2 - 0,13 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} + 6,65 \ln \text{Alt} / \ln \text{Ab}$.

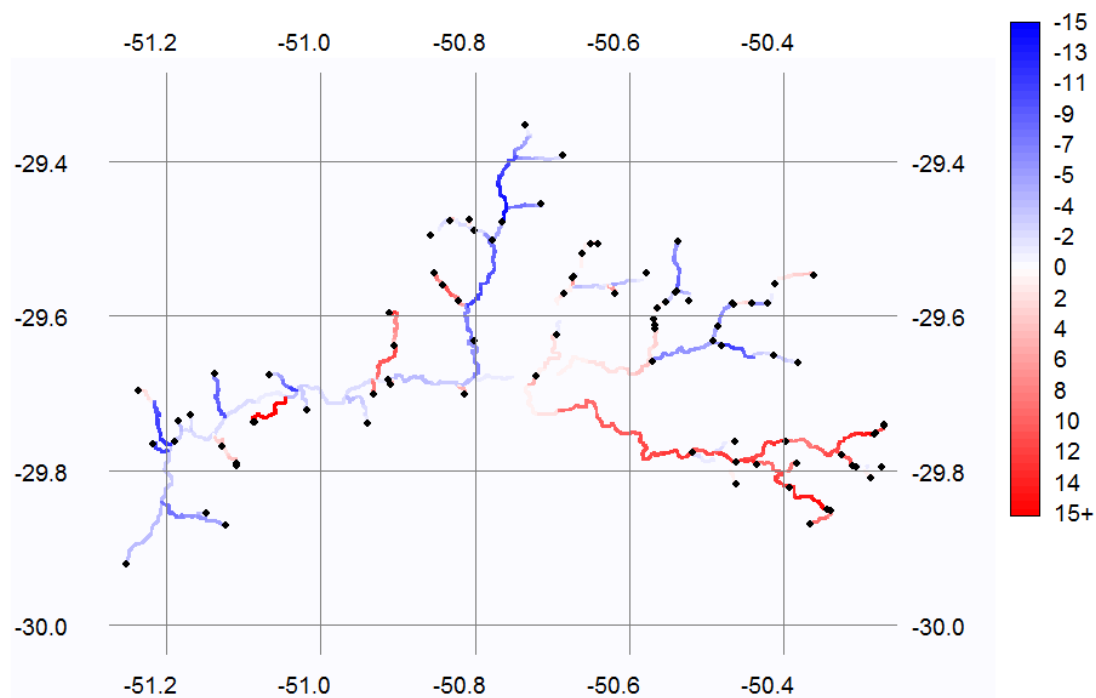


Figura 61- Distribuição dos resíduos, representados pela diferença entre a riqueza observada e a riqueza obtida a partir de análise de regressão múltipla de seis variáveis. Em azul, podemos observar resíduos negativos, não foram registradas ocorrências, mas o modelo previu (erro de comissão). Em vermelho, os resíduos positivos, houve registro de indivíduos, mas o modelo não previu a sua ocorrência (erro de omissão).

A Figura 62 apresenta a distribuição dos resíduos de cada um dos modelos de riqueza elaborados. Comparando a variação dos resíduos entre cada um dos tipos de regressão utilizados (logística e múltipla) observou-se que de forma geral os modelos de seis variáveis apresentaram menor variabilidade nos erros que os modelos de duas variáveis. Verifica-se, igualmente, que todos os modelos apresentaram uma mediana maior que zero, indicando prevalência de erro de omissão, quando o modelo não previu a ocorrência de espécie registrada.

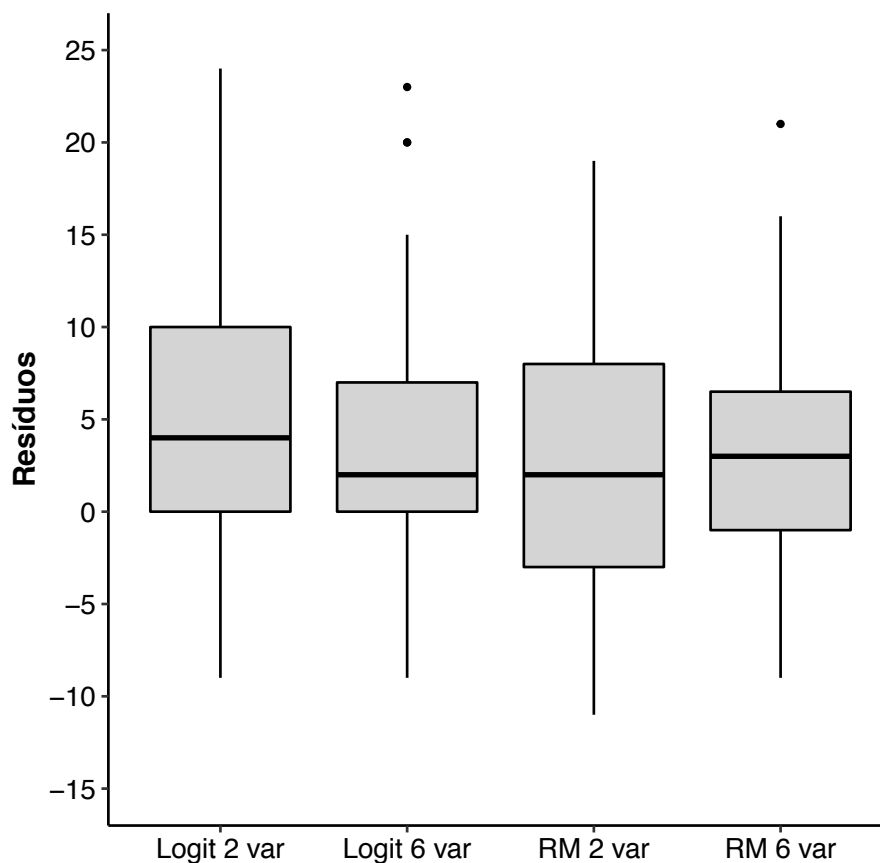


Figura 62- Distribuição dos resíduos dos modelos de riqueza. Cada barra representa um dos quatro modelos de riqueza estudados (**Logit 2 var**- modelo de riqueza obtido através de regressão logística de 2 variáveis; **Logit 6 var**- modelo de riqueza obtido através de regressão logística de 6 variáveis; **RM 2 var**- modelo de riqueza obtido através de regressão múltipla de 2 variáveis; **RM 6 var**- modelo de riqueza obtido através de regressão múltipla de 6 variáveis).

A análise de regressão dos resíduos testada em função da Altitude (Figura 63) e da Área de bacia (Figura 64), identificou que a distribuição de erros não se apresenta aleatoriamente distribuída no espaço.

A Figura 63 apresenta a relação entre a variável Altitude e a distribuição dos resíduos da riqueza de espécies para as das regressões logísticas e múltiplas de duas e seis variáveis. Os coeficientes de interseção das regressões logística (9,04; $p=0,0001$) e múltipla (7,01; $p=0,0004$) para duas variáveis apresentam-se estatisticamente superiores a zero, indicando tendência a omissão de espécies em baixas altitudes. Por outro lado, a significância da inclinação (-1,14; $p=0,045$) indica redução do erro de omissão na medida em que aumentam as altitudes. Para os modelos de seis variáveis, tanto o modelo derivado das equações logísticas como a regressão múltipla não apresentaram significância tanto para inclinação como intercepção ($p>0,05$), indicando serem modelos com erros melhor distribuídos em função da variação da altitude.

A Figura 64 mostra a relação entre a variável Área de Bacia e a distribuição dos resíduos da riqueza de espécies para de cada uma das regressões (logística e múltipla). Observou-se que a interseção foi positiva e significativa para todos os modelos ($p<0,05$), exceto para o modelo logístico de duas variáveis, indicando erro de omissão em trechos mais à montante. Excetuado o modelo de regressão múltipla para duas variáveis, no qual não houve significância para a inclinação da reta ($p=0,842$), nos demais modelos verificou-se que erro na estimativa de riqueza específica for maior em áreas de cabeceira (erro de omissão), com redução gradativa do erro médio para os trechos mais a jusante da malha hídrica ($p<0,05$).

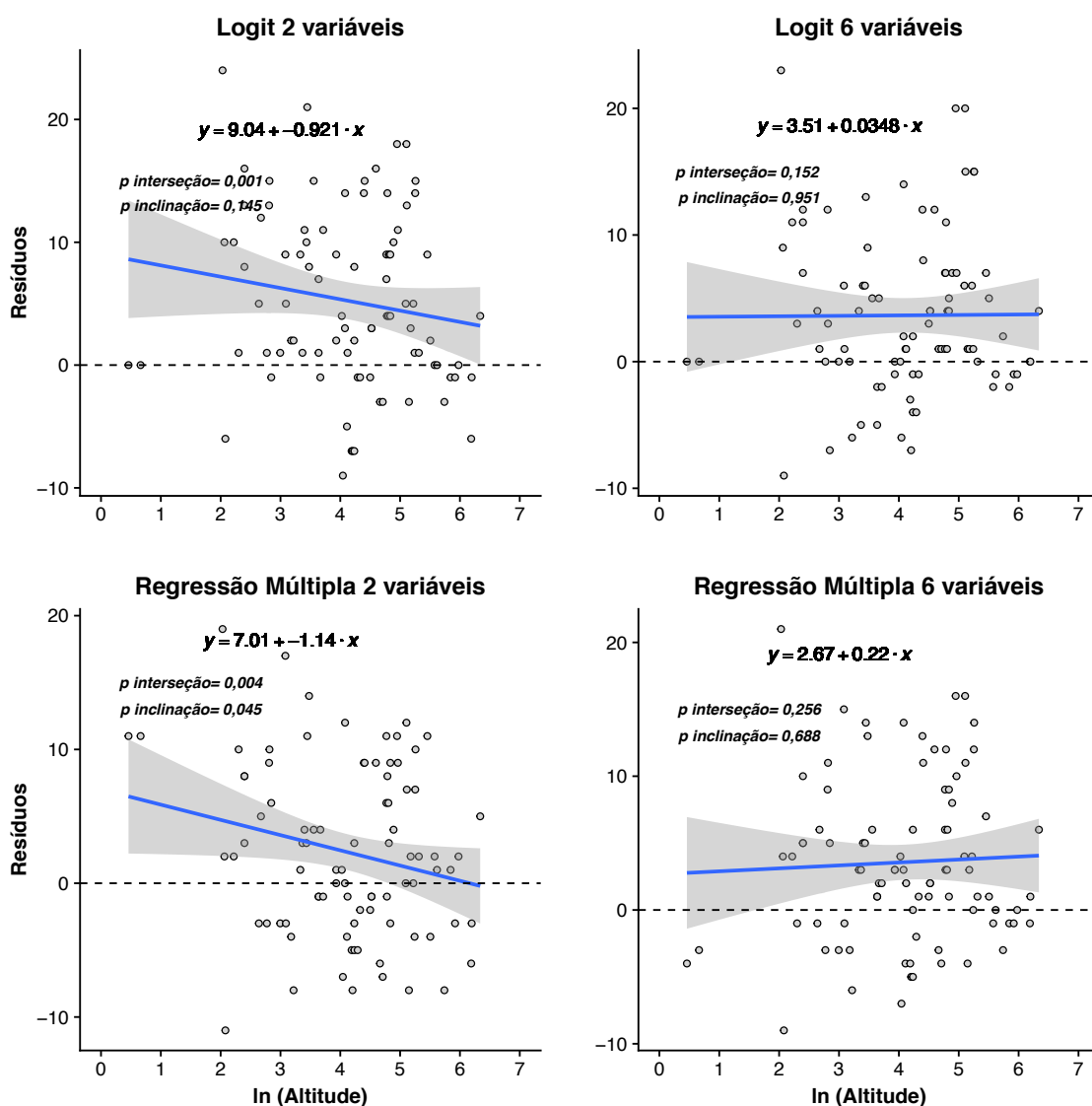


Figura 63- Análise dos resíduos de cada um dos modelos de riqueza elaborados em função da Altitude a partir de regressão logística e regressão múltipla de duas e seis variáveis.

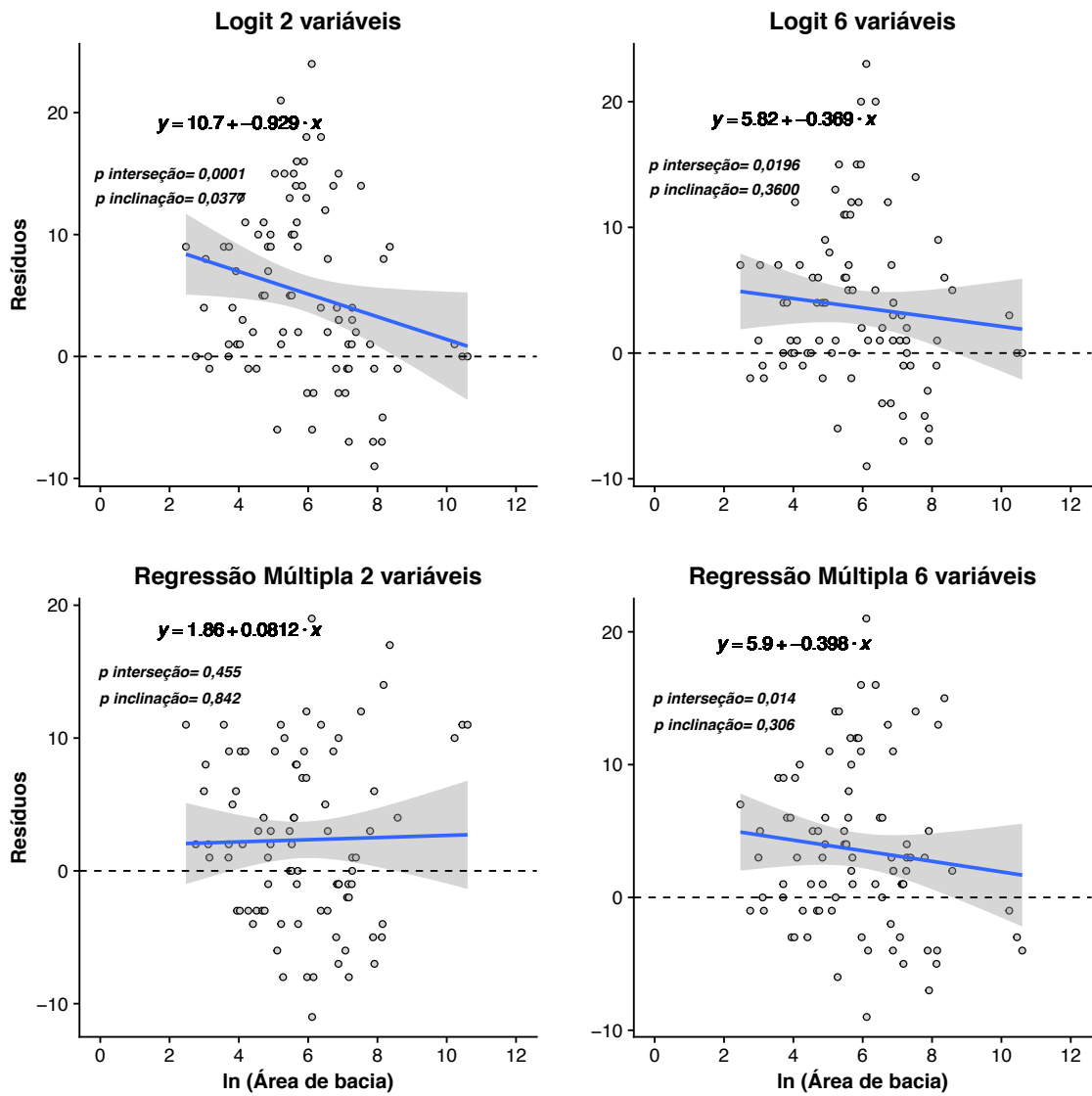


Figura 64- Análise dos resíduos de cada um dos modelos de riqueza elaborados em função da Área de bacia a partir de regressão logística e regressão múltipla de duas e seis variáveis.

A Figura 65 apresenta um dendrograma de proximidade obtido com o algoritmo de Ward com base na distância euclidiana do coeficiente de correlação dos coeficientes de regressão das equações logísticas de resposta não linear (Modelo 2) para as de 50 espécies de peixes analisadas na bacia do rio dos Sinos. Identifica-se inicialmente três grandes agrupamentos distintos, os quais estão representados com cores distintas (roxo, azul e verde).

De forma a interpretar os condicionantes ambientais que moldaram o agrupamento de espécies, a Figuras 66 apresenta a distribuição de valores da mediana de cada uma das variáveis geomorfológicas descritivas (em escala logarítmica) dos modelos de resposta não linear. De forma similar, a Figura 67 apresenta os boxplots de distribuição dos valores da média dos coeficientes da regressão estimados para as regressões logísticas dos modelos de resposta não linear (Modelo 2), após 30 repetições utilizando 50% dos dados. Ou seja, enquanto que a Figura 66 permite visualizar a distribuição dos descritores geomorfológicos brutos para cada agrupamento formado, a Figura 67 evidencia o resultado de efeitos sinérgicos e antagônicos das variáveis sobre a ocorrência das espécies.

Considerando a Figura 66, onde se comparam os descritores geomorfológicos brutos, verifica-se que as distribuições de valores entre os clusters são relativamente similares tanto para Área de Bacia quanto para Área de Bacia², ou seja, o fator chave para a organização espacial das espécies é a altitude de ocorrência, tanto de forma isolada agindo linearmente (Alt), em resposta não linear (Alt²), como em interação com a área de bacia.

Verificou-se que para cada uma das situações analisadas existe uma separação nítida dos três clusters, principalmente quando se analisam os gráficos relativos à Altitude, Altitude², Altitude x Área de bacia e Altitude/Área de bacia na Figura 66. Por outro lado, quando se avalia o efeito sinérgico e antagônico das variáveis, mensurados através dos coeficientes de regressão (Figura 67), identifica-se que apenas a altitude, em efeito não linear (Alt²), não foi capaz de diferenciar os agrupamentos formados na Figura 65.

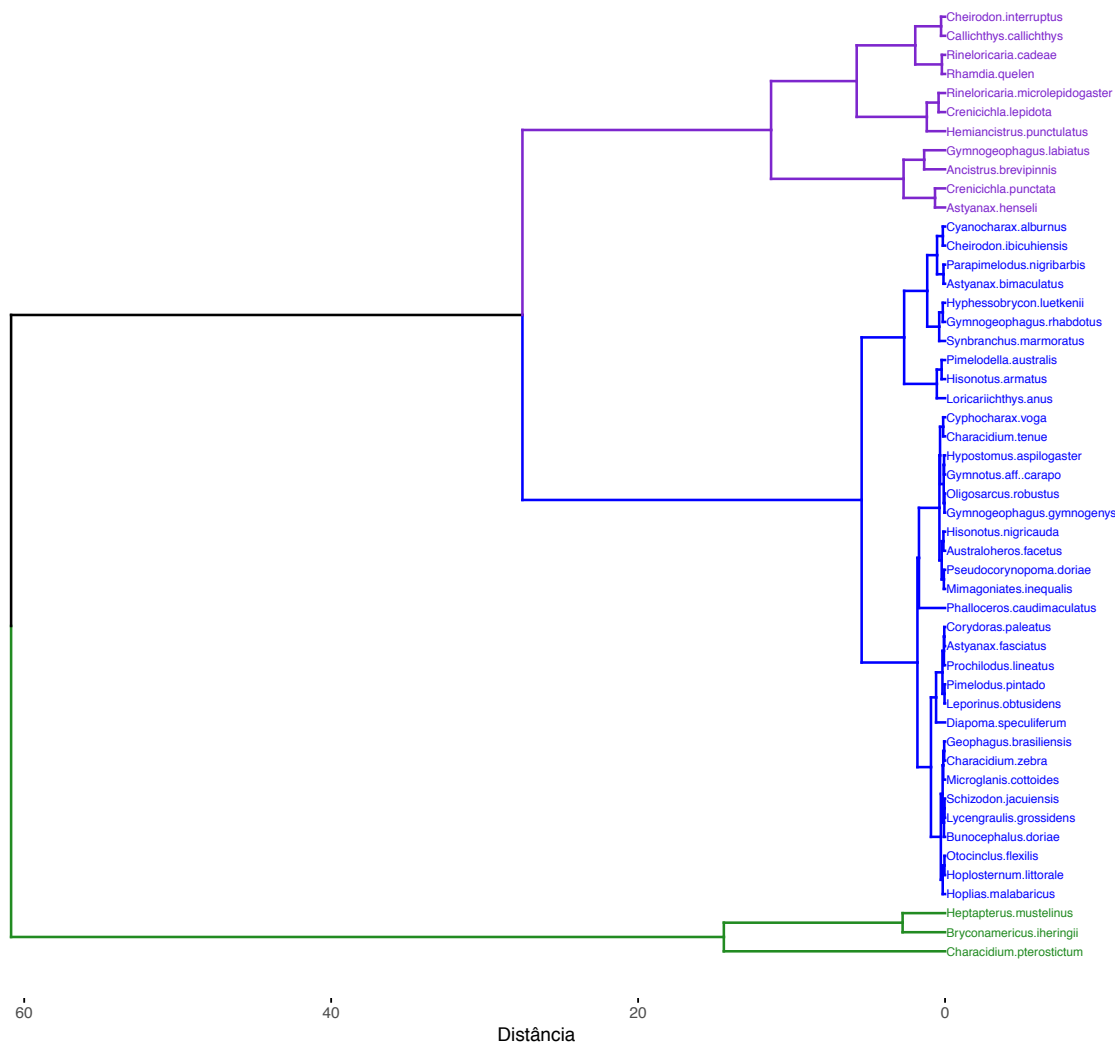


Figura 65- Dendrograma obtido com o algoritmo de Ward com base na distância euclidiana para agrupamento de 50 espécies de peixes bacia do rio dos Sinos. Dendrograma feito a partir da matriz de correlação entre as espécies e os coeficientes da regressão logística de resposta não linear (Modelo 2). Divisão em três clusters identificados pelas cores roxo (1), azul (2) e verde (3).

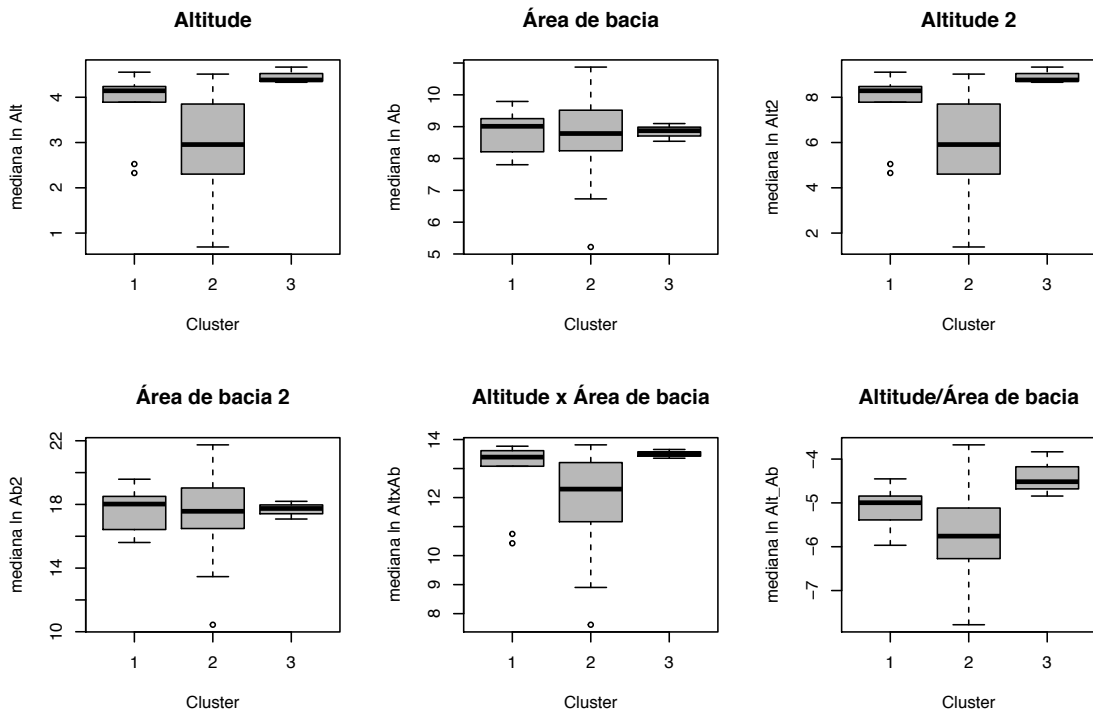


Figura 66- Distribuição dos valores da mediana de cada uma das variáveis, em escala logarítmica, do modelo de resposta não linear de acordo com a classificação por clusters identificados a partir do dendrograma da Figura 65.

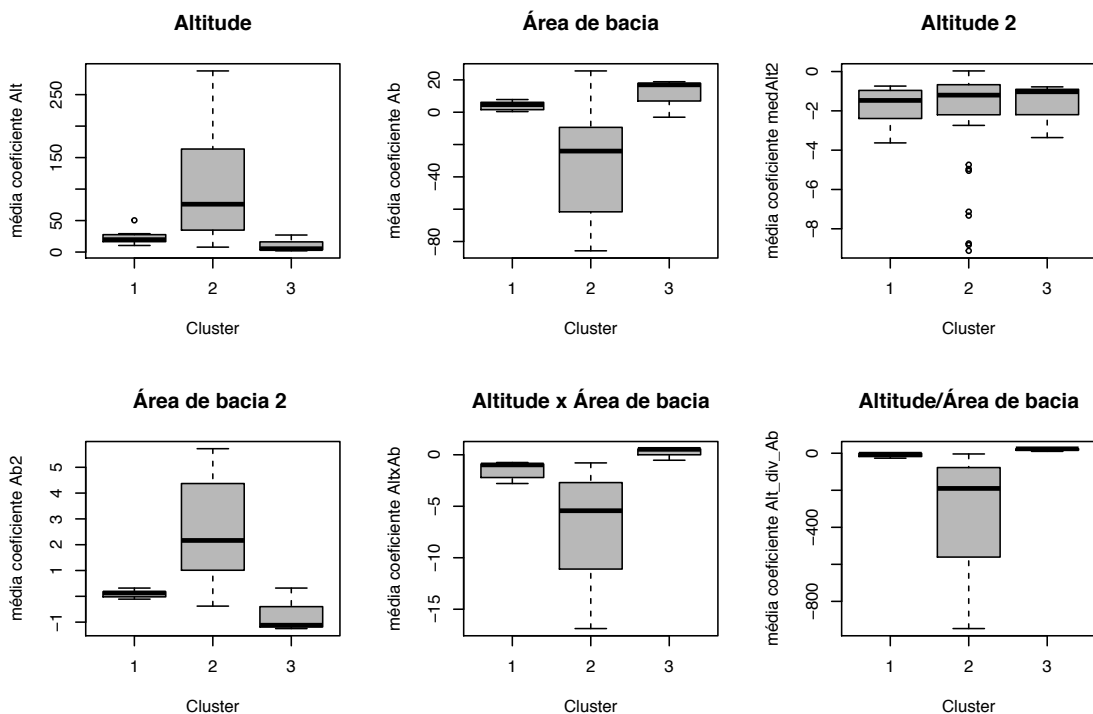


Figura 67- Distribuição dos valores da média dos coeficientes da regressão do modelo de resposta não linear (Modelo 2), após 30 repetições utilizando 50% dos dados, de acordo com a classificação por clusters identificados a partir do dendrograma da Figura 65.

A Figura 68 apresenta uma análise de componentes principais (PCA) realizada a partir dos coeficientes da regressão do modelo de resposta não linear (Modelo 2). Identifica-se que todas as variáveis estão fortemente correlacionadas com a primeira componente principal (PC₁), seja positivamente (Altitude - Alt, Área de bacia² - Ab²) ou negativamente (Ab, AltAb, Alt/Ab, Alt²), sendo que o eixo 1 explica 88,7% da variabilidade dos dados. O eixo 2, com poder de explicação substancialmente menor, de 9,1%, encontra-se relacionado com efeitos negativos não lineares das variáveis Altitude (Alt²) e Área de Bacia (Ab²). Embora se observe uma sobreposição entre as espécies pertencentes aos três clusters identificados através do dendrograma da Figura 65, é visível uma separação das espécies pertencentes ao cluster 3 (*Bryconamericus iheringii*- Bryihe; *Characidium pterostictum*- Chapte e *Heptapterus mustelinus*- Hepmus). Estas apresentam os escores mais baixos na primeira componente principal, seguindo-se das espécies pertencentes ao cluster 2.

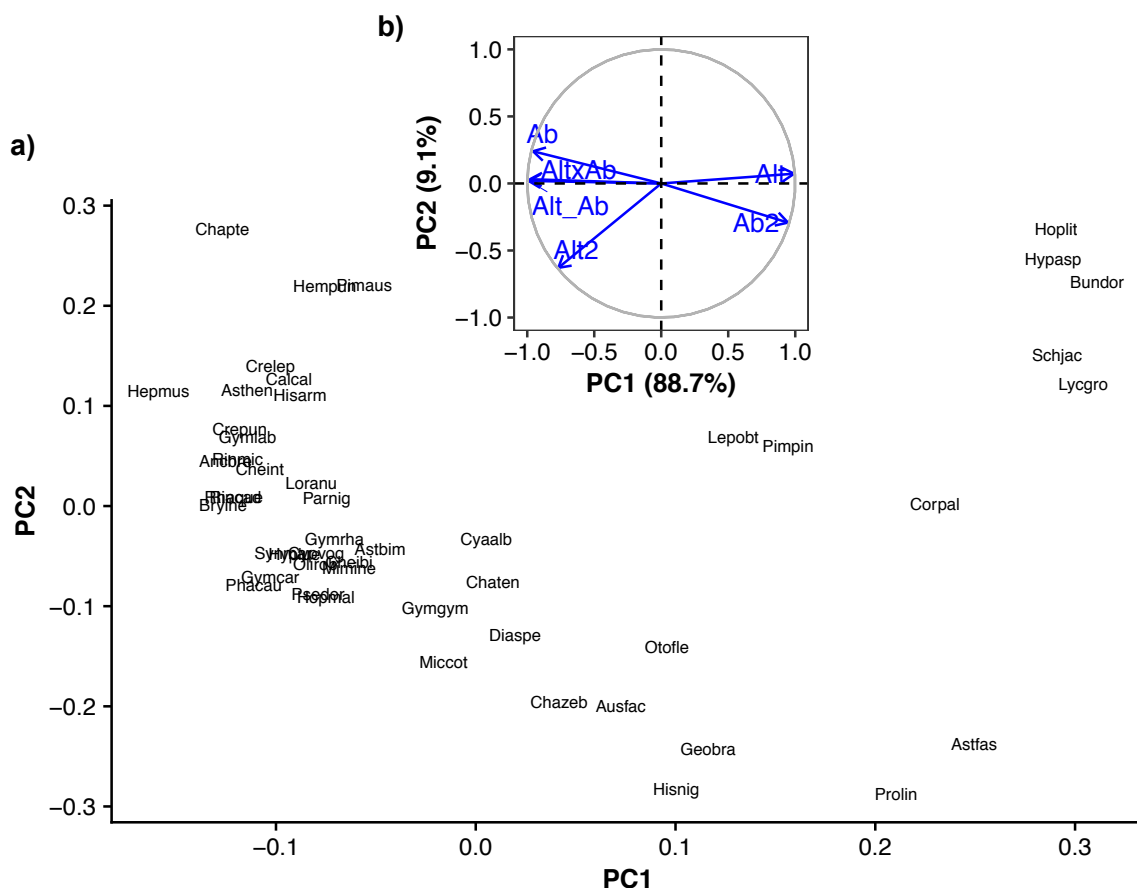


Figura 68- Diagramas de ordenação da análise de componentes principais para as seis variáveis independentes da bacia do rio dos Sinos: escores de a) espécies analisadas (Os nomes das espécies estão representados pelas três primeiras letras do nome genérico e as três primeiras letras do epíteto específico- exemplo: *Astyanax fasciatus*- Astfas) e b) variáveis geomorfológicas.

4. DISCUSSÃO

Com a realização deste trabalho pretendeu-se estimar modelos preditivos da distribuição de espécies de peixes na bacia hidrográfica do rio dos Sinos com base em preditores geomorfológicos, altitude e área de bacia, utilizando para isso dados provenientes de amostragens realizadas entre 1998 e 2014, contribuindo assim para um melhor conhecimento da ictiofauna presente na bacia. Foi também analisada a variação longitudinal da riqueza específica da bacia através de diferentes modelos estatísticos.

O grande objetivo da modelagem de distribuição de espécies constitui-se em poder prever a presença/ausência de uma espécie em áreas ainda não amostradas, usando o modelo mais parcimonioso. Isso representa um desafio na ecologia de água doce devido à inter-relação dos fatores ambientais, à conectividade lateral, longitudinal e vertical, assim como às múltiplas escalas dimensionais que influenciam a distribuição das espécies. Além disso, cada fator ambiental pode ter um impacto direto e indireto na distribuição de espécies, tornando a seleção de fatores únicos uma questão importante. Neste contexto, o presente trabalho torna-se importante para compreender de que forma os descritores geomorfológicos escolhidos afetam a distribuição das espécies nesta bacia, podendo assim analisar se a escala escolhida foi bem selecionada, e se apesar de ser uma bacia bastante impactada, a altitude e a área de bacia influenciam e podem ser utilizados no delineamento de estratégias de conservação e estudos de impacto nas espécies/comunidade/ecossistema desta bacia, ou em estudos de bacias com características semelhantes. Apesar das projeções dos modelos de distribuição de espécies terem potencial para servir com ferramentas confiáveis para fins de gestão e conservação, isso apenas ocorrerá se fatores como a dependência da escala, relatada no trabalho de Domisch *et al.* (2015) for tida em consideração.

Foram aplicados dois modelos logísticos que diferem no tipo de resposta que produzem, o Modelo 1- Modelo de resposta linear, usou como variáveis a altitude e a área de bacia; e o Modelo 2- Modelo de resposta não linear, que conjuga o Modelo 1 com o quadrado de cada um dos preditores, o produto e a divisão entre eles, de forma construir um modelo mais complexo.

Analisando a Tabela 4, observa-se que, para o Modelo 1, apenas sete espécies apresentaram um modelo de equação com apenas uma variável,

mostrando que tanto a Altitude como a Área de bacia apresentam um bom poder preditivo. As duas espécies consideradas de cabeceira (*Characidium pterostictum* e *Heptapterus mustelinus*) tiveram os seus modelos finais construídos apenas com a variável Altitude, pois a Área de bacia foi considerada não significativa ($p > 0,05$) o que nos mostra que quando utilizamos apenas estas duas variáveis a Altitude é a que mais influência a distribuição de espécies que exibem uma ocorrência em cotas mais elevadas, corroborando a segunda hipótese deste trabalho. Neste modelo os coeficientes da Área de bacia foram sempre positivos, o que não se observou para a Altitude, ou seja, quando considerada significativa a Área de bacia tem sempre um efeito positivo na distribuição das espécies, aumentando a probabilidade de ocorrência destas com um aumento da Área de bacia.

Em relação ao Modelo 2, 24 espécies tiveram o seu modelo logístico final elaborado com menos do que seis variáveis, para as restantes espécies todas as variáveis estudadas foram consideradas significativas ($p < 0,05$). As variáveis Altitude/Área de bacia, Área de bacia e Área de bacia² foram retiradas dos modelos finais em sete, seis e cinco vezes, respetivamente. *Astyanax henseli*, *Crenicichla punctata*, *Diapoma alburnum*, *Hypostomus aspilogaster* e *Rineloricaria microlepidogaster* tiveram o seu modelo construído com quatro variáveis, tendo-se verificado que em quatro modelos os descritores Área de bacia² e Altitude/Área de bacia foram excluídos.

No modelo de resposta não linear (Modelo 2) os coeficientes da altitude obtidos para todas as espécies nas quais esta variável foi considerada significativa, mostram a existência de um efeito positivo deste parâmetro na distribuição da espécie. Quanto mais elevados são estes valores, maior é o poder preditivo da variável independente sobre a probabilidade de ocorrência da espécie (Venticinque *et al.*, 2007). As espécies que ocorrem em amplitudes mais elevadas de altitude ou não tiveram essa variável considerada significativa (ex. *Heptapterus mustelinus*) ou comparativamente a outras espécies apresentaram valores menos elevados no coeficiente da regressão, o que poderá estar relacionado com uma maior influência da interação das restantes variáveis. Neste sentido, o uso de um conjunto de variáveis mais complexo poderá ter contribuído para uma menor influência da Altitude nas espécies que se encontram nas regiões mais elevadas, contrariamente ao verificado pelo Modelo 1.

Neste trabalho, utilizaram-se cinco métodos de avaliação dos modelos de distribuição de espécies, que foram: Área sob a curva ROC (AUC), sensibilidade, especificidade, True Skill Statistical (TSS) e acurácia, estes últimos quatro obtidos a partir da matriz de confusão. De acordo com a aplicação do modelo, as métricas mais importantes a analisar irão variar. Por exemplo, no caso de se pretender determinar a suscetibilidade do local a uma espécie invasora, o mais desejável é um modelo com uma sensibilidade elevada, de forma a evitar a previsão em habitats inadequados. Se o objetivo do modelo for indicar um habitat crítico para uma espécie de peixe ameaçada, o foco pode ser a obtenção de alta especificidade, evitando a proteção de zonas onde a espécie não ocorre (Rose *et al.*, 2016). A TSS é uma métrica independente da prevalência, o que torna apelativa a sua utilização, como indicado por Allouche *et al.* (2006), que recomenda a TSS como uma medida simples e intuitiva para o desempenho de modelos de distribuição de espécies quando as previsões são expressas como mapas de presença-ausência.

Foram identificadas diferenças significativas, através da aplicação do teste Mann-Whitney-Wilcoxon, entre os descritores de qualidade (AUC e TSS) em função do modelo estudado. Os valores de AUC do Modelo 2 foram sempre superiores aos obtidos pelo Modelo 1, corroborando com a nossa primeira hipótese de que modelos estatísticos com maior complexidade têm um melhor ajuste. No entanto, quatro espécies, *Oligosarcus robustus*, *Phallocerus caudimaculatus*, *Pseudocorynopoma doriae* e *Rineloricaria cadeae*, apresentaram valores de sensibilidade, especificidade e TSS superiores no Modelo 1, sugerindo que a complexidade introduzida no Modelo 2, diminuiu a qualidade da predição. Tal fato foi também observado por García-Callejas & Araújo (2016), num estudo que comparou os efeitos dos modelos e da complexidade dos dados nas previsões dos modelos de distribuição de espécies.

Nas Figuras 13, 15, 17, 19, 21 e 23 estão apresentados os modelos de distribuição das espécies *Ancistrus brevipinnis*, *Astyanax fasciatus* e *Gymnogeophagus gymnogenys* para os Modelos 1 e 2 respetivamente, diferindo entre si no número de pixels de informação de presença. Analisando a sensibilidade e a AUC verifica-se que a primeira espécie é a que apresenta os valores mais baixos, apesar de ser a que têm mais pontos de ocorrência e igualmente mais distribuídos. Estes resultados permitem-nos rejeitar a terceira hipótese: o número de pixels de informação está diretamente relacionado com a qualidade do modelo

proposto, ou seja, quanto menor o número de pixels utilizado pior será a qualidade do ajuste.

As espécies *Bunocephalus doriae*, *Hoplosternum littorale*, *Lycengraulis grossidens* e *Schizodon jacuiensis* apresentaram um hiperajuste no modelo de distribuição ajustado. Na construção dos modelos destas espécies todas as variáveis foram consideradas significativas, como se verifica na Tabela 4. Os coeficientes de regressão destas espécies apresentaram valores muito elevados, principalmente para a Altitude e Altitude/Área de bacia, onde os valores estão na ordem de grandeza das centenas e dos milhares. Para além do hiperajuste destas espécies ser evidente ao analisar a equação do modelo de distribuição, relativamente ao desempenho, os valores de AUC ficaram acima de 0,99 e os mapas de distribuição evidenciaram essa situação, como se pode observar na Figura 35 para a espécie *Lycengraulis grossidens* e nos mapas do Anexo 2, para as outras três espécies, onde a estimativa de presença passa abruptamente de um valor próximo de um para um valor próximo de zero. Este resultado estará relacionado com o fato de para além destas espécies apresentarem um número baixo de pontos de ocorrência, o que diminui o número de pixels de informação, os pontos estavam pouco dispersos em termos de distribuição geográfica, diminuindo a variabilidade interna dos pontos de informação. Assim, ao se utilizar a mesma máscara de modelagem que nas demais espécies, é introduzido um número muito grande de pixels de pontos onde estas não ocorrem. Sugere-se, portanto, que quando surgirem dados com estas características, as espécies sejam alvo de um processo de modelagem diferenciado, de forma a balancear-se o número de pixels com informação de presença e ausência.

Para além do hiperajuste dos modelos referidos, é possível verificar nos mapas de distribuição prevista de algumas espécies a ocorrência de pequenos hiperajustes na distribuição prevista para a toda a bacia do rio dos Sinos, devido ao efeito não linear introduzido no modelo através de combinações das variáveis. Este efeito não é identificável numa grande maioria das espécies quando se analisam apenas os valores da equação logística e o desempenho obtido pelo modelo, medido através da sensibilidade, especificidade, AUC e TSS. No entanto, é visível quando observamos os mapas de distribuição resultantes do processo de modelagem, onde se identificam trechos com uma menor probabilidade de ocorrência entre trechos de probabilidade elevada, chegando mesmo à espécie ser prevista como ausente (de

acordo com o ponto de corte do modelo) entre locais onde se prevê que ocorre, como se pode observar nas Figuras 31, 39 e 47 para *Phallocerus caudimaculatus*, *Leporinus obtusidens* e *Prochilodus lineatus*. Outras espécies apresentaram a mesma inconsistência na previsão de ocorrência obtida através do Modelo 2, como se pode observar em mapas disponíveis no Anexo 2.

Os modelos estatísticos gerados parecem explicar adequadamente as distribuições individuais da maioria das espécies de peixes dentro desta bacia, apesar de se ter utilizado apenas variáveis de macrohabitat derivadas de mapas de grande escala, como referido por Porter *et al.* (1999). Esse fato é notório quando, por exemplo, analisamos a Figura 49, onde se verifica que quase todos os modelos elaborados tiveram um AUC superior a 0,8, o que torna o seu desempenho classificado como Bom ou Excelente, de acordo com Swets (1988), significando uma boa capacidade de classificação dos pontos previstos.

Interpretando a Tabela 5 identifica-se que *Characidium pterostictum* apresentou o menor valor de especificidade para o Modelo 1, ou seja, o modelo tem uma acurácia baixa no acerto das ausências. Comparando com *Heptapterus mustelinus*, que foi alvo do mesmo processo de construção de presença presumida (pathway de presença), verificamos uma diferença enorme relativamente ao valor do pseudo- r^2 (tabela bruta apresentada no Anexo 4), sendo este de 0,70 *Heptapterus mustelinus* e de apenas 0,11 para *Characidium pterostictum*, o que nos indica que, apesar de ambas as equações logísticas terem sido criadas apenas com uma variável (Altitude), outras variáveis não consideradas terão maior influência na distribuição de *Characidium pterostictum*.

Rose *et al.* (2016) testaram a acurácia de três estratégias de modelagem para prever assembleias de peixes na Austrália subtropical e verificaram que a altitude foi o preditor com mais influência, seguido pelo declive e a área de bacia. No presente trabalho os modelos para duas espécies consideradas como de cabeceira, *Characidium pterostictum* e *Heptapterus mustelinus*, a apresentarem valores de sensibilidade de 75,96 e 93,13 no Modelo 1 e 89,62 e 95,05 no Modelo 2, indicando modelos de ótima previsibilidade.

No presente trabalho as espécies tiveram os seus modelos de distribuição construídos utilizando apenas variáveis de gradiente indireto. No entanto, quando a distribuição prevista foi comparada com a distribuição observada, verificou-se que o acerto das presenças e das ausências foi em média, superior a 80%, o que nos

indica que estas variáveis têm efeito significativo na distribuição das espécies. No entanto, deve-se ter em consideração a existência de subestimação (resíduos positivos) e de sobreprevisão (resíduos negativos) como se pode analisar nos mapas referentes à distribuição dos resíduos das espécies para as quais os mapas de probabilidade de presença foram apresentados. Este erro de previsão dos modelos pode dever-se a um conjunto de fatores, como por exemplo: erros de identificação de espécies, estipulação dos limites imprecisos de ocorrência das espécies, esforço amostral não distribuído equitativamente ao longo de toda a bacia, existência de outros parâmetros como a velocidade de corrente e declividade, assim como ao hiperajuste introduzido no Modelo 2 com a utilização das combinações de variáveis.

O trabalho realizado por Manjarrés-Hernandez *et al.* (2017) considerou a altitude como um fator importante na distribuição da ictiofauna límnic mundial. Já em diferentes pontos do globo, este preditor também foi considerado como o fator, ou um dos fatores, que mais influenciou na modelagem de distribuição de espécies (McDowall & Taylor, 2000; Pouilly *et al.*, 2006; Markovic *et al.*, 2012; Guo *et al.*, 2016). Os resultados do presente estudo ajustaram-se muito bem aos obtidos por outros autores, sugerindo que a altitude afeta a distribuição das espécies nos ambientes aquáticos. Este fato foi evidenciado através da análise de componentes principais realizada a partir dos coeficientes da regressão logística do modelo de resposta não linear (Figura 68).

Estudos que utilizaram regressões logísticas e incorporaram apenas altitude e área de bacia, desenvolvidos para espécies de peixes de bacias hidrográficas no Rio Grande do Sul, apresentaram aderências superiores a 75%, entre a distribuição prevista pelo modelo e os pontos conhecidos (Alves & Fontoura, 2009; Rodrigues *et al.*, 2011; Barradas *et al.*, 2012). Os valores de sensibilidade e especificidade obtidos aqui para *Leporinus obtusidens*, *Pimelodus pintado* e *Prochilodus lineatus* são consistentes com os obtidos por outros autores, em trabalhos de modelagem de distribuição realizados com essas espécies, mas em diferentes bacias, como podemos observar na Tabela 7.

Leporinus obtusidens, *Pimelodus pintado* e *Prochilodus lineatus* ocorreram em relativamente poucos pontos. Schulz & Costa (2015) relataram que as espécies de peixes migradores têm sofrido um declínio de abundância desde os anos 70, tendo como base informação fornecida por pescadores locais. Embora Alves & Fontoura

(2009) tenham relatado a ocorrência destas espécies em locais com altitude até 300 m, estas espécies não estiveram associadas a riachos de cabeceira, sendo que no presente estudo a altitude máxima de presença foi de 59 m. Tal fato pode ser devido ao menor tamanho de bacia do rio dos Sinos em comparação com os estudos anteriores, e a um processo de interação entre altitude e área de bacia já que as maiores altitudes de ocorrência foram, na ordem, na bacia do rio Uruguai (Barradas *et al.*, 2012), Jacuí (Alves & Fontoura, 2009), e Camaquã (Rodrigues *et al.*, 2011).

Tabela 7- Sumário de valores de sensibilidade (S) e especificidade (E), obtidos por vários autores, no estudo de modelos de distribuição de espécies, a partir de regressão logística de duas variáveis (Altitude e Área de bacia) para três espécies de peixes, capturadas em diferentes bacias hidrográficas do Rio Grande do Sul.

Autor	Bacia		<i>Leporinus obtusidens</i>	<i>Pimelodus pintado</i>	<i>Prochilodus lineatus</i>
Alves & Fontoura (2009)	Jacuí	S	82,9	93,3	82,0
		E	85,0	48,9	81,3
Rodrigues et al. (2011)	Camaquã	S	89,0	94,0	75,0
		E	85,0	91,0	86,0
Barradas et al. (2012)	Uruguai	S	84,6		80,9
		E	66,7		83,1
Presente estudo	Sinos	S	93,4 ± 0,35	93,4 ± 0,37	93,4 ± 0,41
		E	80,1 ± 1,03	80,1 ± 0,89	86,6 ± 1,01

Após a realização de um processo eliminação de cada uma das variáveis do Modelo 2, verificou-se que as variáveis que mais contribuíram para um melhor desempenho dos modelos foram Altitude² e a Altitude e Altitude x Área de bacia, com base na análise da variação da acurácia antes e após a eliminação da variável, como se observa na Figura 51. Relativamente à variação da AUC, após a retirada das variáveis uma a uma, observou-se que a eliminação das variáveis Altitude e Altitude² foram as que levaram a uma maior diminuição em relação à mediana de AUC do Modelo gerado com todas as variáveis. Com todas as variáveis, 26 espécies apresentavam um AUC acima de 0,95. A retirada da Altitude e da Altitude x Área de bacia levou a um decréscimo desse valor para 16, o que representa uma diminuição de aproximadamente 38%. Considerando a classificação proposta por Swets (1988), verifica-se uma diminuição de 20% no número de espécies que apresentaram um desempenho classificado como “Excelente”, quando a variável Altitude² foi retirada da equação.

Em sistemas límnicos espera-se que peixes de maior tamanho ocorram em águas mais profundas, enquanto que espécies sejam exclusivas em águas mais rasas, como relatado por Carvalho & Tejerina-Garro (2018) devido as águas mais profundas apresentam uma maior estabilidade e complexidade estrutural nos seus habitats (Súarez *et al.*, 2007). Os resultados destes autores sugerem ainda que o aumento na massa corporal dos peixes está ligado a um aumento na largura e na profundidade do canal. No trecho médio-inferior foram registradas espécies, como o caso de *Leporinus obtusidens*, com dimensões superiores a *Characidium pterostictum* e *Heptapterus mustelinus*, que foram consideradas espécies de cabeceira por não ocorrerem no ponto mais a jusante da bacia do rio dos Sinos, o que está de acordo com os resultados apresentados por Carvalho & Tejerina-Garro (2018).

Atualmente já está bem estabelecido na literatura que há variação da riqueza de espécies ao longo de um curso de água. De acordo com o conceito de rio contínuo (Vannote *et al.*, 1980), espera-se que a riqueza de espécies sofra um aumento gradual ao longo do gradiente longitudinal. À medida que o rio corre em direção à foz, há um aumento da largura e da profundidade do canal, contribuindo para o estabelecimento de um maior número de espécies. No entanto, segundo Naiman *et al.* (1988), este conceito nem sempre é possível de ser aplicado, principalmente em sistemas que sofreram alterações antropogênicas. As áreas mais

a montante apresentam um maior grau de conservação da mata nativa, o que contribui para uma maior homogeneidade do ambiente, o que de acordo com Petry & Schulz (2006), são características que contribuem para o gradiente de maior diversidade à jusante. Verifica-se que a diversidade de espécies tende a aumentar em locais onde a paisagem ao redor do rio é menos homogênea, devido à existência de áreas urbanas, áreas agrícolas e campo, devido à existência de uma maior carga de nutrientes que chegam ao rio, o que parece favorecer determinadas espécies.

Nas Figuras 11 e 53 observa-se um gradiente de aumento de riqueza desde a cabeceira até ao ponto mais a jusante da bacia, associado à diminuição da variabilidade dos fatores abióticos e ao aumento do volume de habitat disponível, o que é suportado pelo conceito de rio contínuo proposto por Vannote *et al.* (1980) e verificado por Peres-Neto *et al.* (1995) e Pouilly *et al.* (2006). Este aumento longitudinal suporta a nossa quarta hipótese sobre a existência de um maior número de espécies com a diminuição da altitude.

Vários autores têm estudado as variáveis que influenciam a riqueza das espécies. Camana *et al.* (2016), num estudo realizado em dois rios do Rio Grande do Sul demonstraram que a declividade pode ser uma característica que afeta a riqueza de peixes. Já Oberdorff *et al.* (1995) relatou que a riqueza de espécies estava altamente correlacionada com a área de bacia. Nos Himalaias, um estudo conduzido por Bhatt *et al.* (2012) sobre a relação entre a altitude e a distribuição da ictiofauna em rios, evidenciou que a área de bacia é um dos fatores que mais influencia a riqueza de espécies.

Relativamente aos modelos de riqueza construídos a partir de cada um dos modelos de regressão logística e múltipla de resposta linear e resposta não linear, verificou-se que a distribuição de resíduos foi inferior nos modelos de resposta não linear, como apresentado na Figura 62. Os quatro modelos de riqueza estimados apresentaram valores de resíduos maioritariamente positivos, o que mostra que o erro de omissão prevaleceu relativamente ao erro de comissão. Observou-se uma subestimação do número de espécies a partir do modelo de regressão múltipla de duas variáveis, estimando apenas 37 espécies no ponto mais a jusante da bacia, sendo que o observado foi de 48 espécies. Na regressão múltipla de seis variáveis ocorreu uma sobrestimação, com 52 espécies previstas no ponto mais a jusante. Esta diferença do número de espécies previstas pelos modelos de regressão múltipla relativamente aos modelos de regressão logística poderá ser explicada pela

utilização dos modelos de riqueza obtidos através de regressão logística de duas variáveis e de seis variáveis empregados como variável dependente no modelo de regressão múltipla. O modelo de regressão múltipla de seis variáveis apresentou um valor de r^2 superior relativamente à regressão múltipla de duas variáveis, o que sugere que o modelo será melhor, no entanto quando se comparam modelos com um número diferente de preditores devemos utilizar o r^2_{ajustado} para comparar os modelos, pois ele tem em consideração a incorporação de novos preditores, enquanto que o r^2 sempre aumenta quando o número de variáveis aumenta (Tabela 6). A regressão múltipla de duas variáveis obteve um r^2_{ajustado} de 0,87 e o da regressão múltipla de seis variáveis foi de 0,95, ou seja, 87% e 95% das respostas são explicadas pelo modelo, sugerindo assim, que a introdução das combinações das variáveis iniciais (Altitude², Área bacia², Altitude x Área de bacia e Altitude/Área de bacia) aprimorou nosso modelo de riqueza final mesmo sendo penalizado com mais descritores.

As Figuras 63 e 64 apresentam a distribuição dos resíduos de cada um dos modelos de riqueza estimados em função da Altitude e da Área de bacia. O que se pretende é que o nosso modelo não apresente nem inclinação nem interseção diferente de zero ($p > 0,05$), o que foi verificado nos modelos logístico e de regressão múltipla de seis variáveis em função da Altitude e, relativamente à Área de bacia, apenas o modelo de regressão múltipla de duas variáveis. Por exemplo, na Figura 63, o gráfico referente à regressão múltipla de duas variáveis apresenta valores de $p_{\text{inclinação}}$ e $p_{\text{interseção}}$ menores do que 0,05, o que nos mostra que para além do resíduo variar em função da variável, o nosso modelo tem uma tendência a subestimar a presença de espécies, no entanto observa-se que essa tendência diminui com o aumento da Altitude. Observando a Figura 59, onde a distribuição dos resíduos está apresentada, é possível verificar que em altitudes mais elevadas o modelo tendeu a uma superestimação. Quando o valor do $p_{\text{inclinação}}$ é inferior a 0,05, como ocorreu na regressão múltipla de duas variáveis para a Altitude e na regressão logística de duas variáveis para a Área de bacia, isso indica que existe uma influência da variável que não foi captada pelo modelo.

Neste trabalho foram modeladas 50 espécies utilizando para isso dois modelos, como foi referido anteriormente, a partir da análise das equações logísticas do Modelo 2, de cada uma das espécies e da associação dessa informação com a análise de agrupamento realizada e a análise de componentes principais,

verificamos que Altitude exerce um efeito positivo na distribuição das espécies enquanto que para 30 espécies o coeficiente da Área de bacia apresentou valores negativos.

O dendrograma da Figura 65 juntamente com as Figuras 66 a 68, contribuíram para uma melhor compreensão da distribuição das espécies modeladas, verificando-se que a correlação obtida entre as variáveis e as espécies promoveu a elaboração de um dendrograma a partir do qual as informações retiradas se mostraram de acordo com a ocorrência das espécies. Os limites de distribuição das espécies pertencentes a cada um dos clusters, representados na Figura 66 e a distribuição dos valores dos coeficientes da regressão apresentados na Figura 67, sugerem um agrupamento adequado sendo visível uma separação em quase todas as variáveis. Considerando a classificação em três clusters realizada a partir do dendrograma também se verifica que existe coerência dessa informação quando se observa a análise de componentes principais da Figura 68.

A modelagem de distribuição de espécies é uma ferramenta muito importante e deve ser considerada na gestão de espécies presentes numa bacia hidrográfica. Os modelos de distribuição de peixes têm o potencial de fornecer uma ferramenta poderosa de diagnóstico e previsão para melhorar as práticas de planeamento e gestão das bacias hidrográficas. É por isso importante que a validação dos modelos seja realizada contribuindo assim a difusão dos mesmos no meio científico, e permitindo esses modelos sejam utilizados em estudos realizados noutras regiões (capacidade de extrapolação dos modelos). Quando as condições ambientais da região modelada e da região que se pretende prever a ocorrência são semelhantes, os modelos de distribuição de espécies têm uma performance boa na previsibilidade de ocorrência, como foi relatado por Huang & Frimpong (2016), quando testaram a capacidade de extrapolação de três modelos de distribuição de espécies para cinco regiões diferentes. Por isso, os modelos de distribuição de espécies criados neste trabalho poderão ser utilizados noutras regiões, no entanto, sugere-se que as condições geomorfológicas da região a estudar sejam levadas em consideração antes de se aplicarem estes modelos.

O aumento na utilização de modelos de distribuição de espécies reflete os avanços contínuos na Informática, Estatística, Geoinformática e Ecoinformática, facilitando a utilização de um maior volume de dados e contribuindo para o seu fácil acesso através da digitalização de disponibilização deste em bases online como

speciesLink, GBIF entre outras (Lorini & Vale, 2015). De fato, a combinação de Geoinformática e Ecoinformática é um campo promissor que tem grande potencial para otimizar o apoio à decisão para a conservação e manejo da biodiversidade (Lorini *et al.*, 2011).

Em suma, com a realização deste trabalho podemos concluir que apesar do desempenho do modelo com maior complexidade ser superior ao do modelo de resposta linear, os resultados obtidos neste último indicam que mesmo com um número reduzido de variáveis, é possível obter bons resultados nos modelos de distribuição de espécies construídos. O modelo de resposta não linear levou à ocorrência de hiperajuste para algumas espécies o que contribuiu para a elaboração de mapas onde a distribuição prevista apresenta incoerências. Sugere-se então a utilização de modelos mais parcimoniosos sempre que possível e quando se pretende estudar uma resposta não linear, o ajuste deverá ser realizado por passos, excluindo as variáveis uma a uma, de forma a ver quais os modelos que, para além de obterem um melhor desempenho apresentam um mapa coeso da distribuição da espécie. Os resultados deste trabalho podem ajudar a direcionar novos estudos sobre a ecologia destas espécies e sobre políticas de conservação nesta bacia, não substituindo a necessidade de verificação dos dados em campo.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Agostinho A.A., Thomaz S.M. & Gomes L.C. (2005) Conservation of the biodiversity of Brazil's inland waters. *Conservation Biology* **19**, 646–652.

Allouche O., Tsoar A. & Kadmon R. (2006) Assessing the accuracy of species distribution models: Prevalence, kappa and the true skill statistic (TSS). *Journal of Applied Ecology* **43**, 1223–1232.

Alves T.P. & Fontoura N.F. (2009) Statistical distribution models for migratory fish in Jacui basin, South Brazil. *Neotropical Ichthyology* **7**, 647–658.

Anderson R.P., Lew D. & Peterson A.T. (2003) Evaluating predictive models of species' distribution: criteria for selecting optimal models. *Ecological Modelling* **162**, 211–232.

Araújo M.B. & Guisan A. (2006) Five (or so) challenges for species distribution modelling. *Journal of Biogeography* **33**, 1677–1688.

Araújo M.B. & Luoto M. (2007) The importance of biotic interactions for modelling species distributions under climate change. *Global Ecology and Biogeography* **16**, 743–753.

Austin M. (2007) Species distribution models and ecological theory: A critical assessment and some possible new approaches. *Ecological Modelling* **200**, 1–19.

Balian E. V., Segers H., Lévêque C. & Martens K. (2008) The freshwater animal diversity assessment- an overview of the results. *Hydrobiologia* **595**, 627–637.

Barradas J.R.S., Silva L.G., Harvey B.C. & Fontoura N.F. (2012) Estimating migratory fish distribution from altitude and basin area: a case study in a large Neotropical river. *Freshwater Biology* **57**, 2297–2305.

Bhatt J.P., Manish K. & Pandit M.K. (2012) Elevational Gradients in Fish Diversity in the Himalaya: Water Discharge Is the Key Driver of Distribution Patterns. *PLoS ONE* **7**.

Belliard J., Boët P. & Tales E. (1997) Regional and longitudinal patterns of fish community structure in the Seine River basin, France. *Environmental Biology of Fishes* **50**, 133–147.

Benedict M.Q., Levine R.S., Hawley W.A. & Lounibos L.P. (2007) Spread of the Tiger: Global risk of invasion by the mosquito *Aedes albopictus*. *Vector Borne Zoonotic Diseases* **7**, 76–85.

Bozzetti M. & Schulz U.H. (2004) An index of biotic integrity based on fish assemblages for subtropical streams in southern Brazil. *Hydrobiologia* **529**, 133–144.

Blume K.K., Macedo J.C., Meneguzzi A., Silva L.B., Quevedo D.M. & Rodrigues M.A.S. (2010) Water quality assessment of the Sinos river, Southern Brazil. *Brazilian Journal of Biology* **70**, 1185–1193.

Brotans L., Thuiller W., Araújo M.B. & Hirzel A.H. (2004) Presence-absence versus presence-only modelling methods for predicting bird habitat suitability. *Ecography* **27**, 437–448.

Camana M., Dala-Corte R.B. & Becker F.G. (2016) Relation between species richness and stream slope in riffle fish assemblages is dependent on spatial scale. *Environmental Biology of Fishes* **99**, 603–612.

Carvalho R.A. & Tejerina-Garro F.L. (2018) Headwater-river gradient: Trait-based approaches show functional dissimilarities among tropical fish assemblages. *Marine and Freshwater Research* **69**, 574–584.

Cetra M., Sarmiento-Soares L.M. & Martins-Pinheiro R.F. (2010) Peixes de riachos e novas Unidades de Conservação no sul da Bahia. *Pan-American Journal of Aquatic Sciences* **5**, 11–21.

Clark Labs (2012). *IDRISI Selva, Version 17,0*, Worcester, MA: Clark University.

COMITESINOS- Comitê de Gerenciamento da Bacia Hidrográfica do Rio dos Sinos. Disponível em: <http://www.comitesinos.com.br> Acesso em: 20 julho 2018.

Costa P.F. & Schulz U.H. (2010) The fish community as an indicator of biotic integrity of the streams in the Sinos River basin, Brazil. *Brazilian journal of biology = Revista brasileira de biologia* **70**, 1195–205.

Domisch S., Jähnig S.C. & Haase P. (2011) Climate-change winners and losers: Stream macroinvertebrates of a submontane region in Central Europe. *Freshwater Biology* **56**, 2009–2020,

Domisch S., Araújo M.B., Bonada N., Pauls S.U., Jähnig S.C. & Haase P. (2013) Modelling distribution in European stream macroinvertebrates under future climates. *Global Change Biology* **19**, 752–762.

Domisch S., Jähnig S.C., Simaika J.P., Kuemmerlen M. & Stoll S. (2015) Application of species distribution models in stream ecosystems: the challenges of spatial and temporal scale, environmental predictors and species occurrence data. *Fundamental and Applied Limnology* **186**, 45–61.

Dudgeon D., Arthington A.H., Gessner M.O., Kawabata Z.-I., Knowler D.J., Lévêque C., *et al.* (2006) Freshwater biodiversity: importance, threats, status and conservation challenges. *Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society* **81**, 163–82.

Elith J., Graham C.H., Anderson R.P., Dudi M., Ferrier S., Guisan A., *et al.* (2006) Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. *Ecography* **29**, 129–151.

FEPAM. Fundação Estadual de Proteção Ambiental Henrique Luis Roessler. Disponível em: http://www.fepam.rs.gov.br/qualidade/qualidade_sinos/sinos.asp
Acesso em: 17 julho 2018.

Ferreira F.C., Souza U.P. & Jr M.P. (2010) Zonação longitudinal da ictiofauna em ambientes lóticos. *Boletim da Sociedade Brasileira de Limnologia* **38**, 1–17.

Ficetola G.F., Thuiller W. & Miaud C. (2007) Prediction and validation of the potential global distribution of a problematic alien invasive species - The American bullfrog. *Diversity and Distributions* **13**, 476–485.

Figueiredo J.A., Drumm E., Rodrigues M.A. & Spilki F. (2010) The rio dos Sinos watershed: an economic and social space and its interface with environmental status. *Brazilian journal of biology = Revista brasleira de biologia* **70**, 1131–1136.

Fielding A.H. & Bell J.F. (1997) A review of methods for the assessment of prediction errors in conservation presence / absence models. *Environmental Conservation* **24**, 38–49.

Franklin J. (2010) *Mapping species distributions- spatial inference and prediction*. Cambridge University Press.

García-Callejas D. & Araújo M.B. (2016) The effects of model and data complexity on predictions from species distributions models. *Ecological Modelling* **326**, 4–12.

Garutti V. (1988) Distribuição longitudinal da ictiofauna de um córrego da região noroeste do Estado de São Paulo, bacia do rio Paraná. *Revista Brasileira de Biologia* **48**, 747–758.

Gotelli N.J. & Ellison A.M. (2011) *Princípios de estatística em Ecologia*. Artmed Editora SA, Porto Alegre.

Guisan A. & Thuiller W. (2005) Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. *Ecology Letters* **8**, 993–1009.

Guisan A., Broennimann O., Engler R., Vust M., Yoccoz N.G., Lehmann A., *et al.* (2006) Using niche-based models to improve the sampling of rare species. *Conservation Biology* **20**, 501–511.

Guisan A. & Zimmermann N.E. (2000) Predictive habitat distribution models in ecology. *Ecological Modelling* **135**, 147–186.

Guo C., Chen Y., Lek S. & Li Z. (2016) Large scale patterns in the diversity of lake fish assemblages in China and the effect of environmental factors. *Fundamental and Applied Limnology / Archiv für Hydrobiologie* **188**, 129–145.

Huang J. & Frimpong E.A. (2015) Using Historical Atlas Data to Develop High-Resolution Distribution Models of Freshwater Fishes. *PLoS ONE* **10**,

Hutchinson G.E. (1957) Concluding Remarks. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology* **22**, 415–427.

Jiménez-Valverde A., Lobo J.M. & Hortal J. (2008) Not as good as they seem: the importance of concepts in species distribution modelling. *Diversity and Distributions* **14**, 885–890,

Kuemmerlen M., Petzoldt T. & Domisch S. (2015) Ecological models in freshwater ecosystems. *Fundamental and Applied Limnology / Archiv für Hydrobiologie* **186**, 1–3.

Kumar S., Graham J., West A.M. & Evangelista P.H. (2014) Using district-level occurrences in MaxEnt for predicting the invasion potential of an exotic insect pest in India. *Computers and Electronics in Agriculture* **103**, 55–62.

Landis J.R. & Koch G.G. (1977) The measurement of observer agreement for categorical data. *Biometrics*, 159–174.

Lauzeral C., Grenouillet G. & Brosse S. (2014) The iterative ensemble modelling approach increases the accuracy of fish distribution models. *Ecography* **37**, 001–008.

Leal M.E., Breem C.Q. & Schulz U.H. (2009) Lista da ictiocenose da bacia do rio dos Sinos, Sul do Brasil. *Boletim do Instituto de Pesca* **35**, 307–317.

Liang L., Fei S., Ripy J.B., Blandford B.L. & Grossardt T. (2012) Stream habitat modelling for conserving a threatened headwater fish in the Upper Cumberland River, Kentucky. *River Research and Applications* **29**, 1207–1214.

Lobo J.M., Jiménez-Valverde A. & Real R. (2007) AUC: a misleading measure of the performance of predictive distribution models. *Global Ecology and Biogeography* **17**, 145–151.

Lobo J.M., Jiménez-Valverde A. & Hortal J. (2010) The uncertain nature of absences and their importance in species distribution modelling. *Ecography* **33**, 103–114.

Lorini M.L., Paese A. & Uezu A. (2011) GIS and spatial analysis meet conservation: A promising synergy to address biodiversity issues. *Natureza a Conservacao* **9**, 129–144.

Lorini M.L. & Vale M.M. (2015) Publication trends in species distribution modeling and the pioneer contribution of Dr. Rui Cerqueira to ecological biogeography and distribution modeling in Brazil. *Oecologia Australis* **19**, 16–31.

Manjarrés-Hernández A.M., Guisande C., García-Roselló E., Pelayo-Villamil P., González-Dacosta J., Heine J., *et al.* (2017) A procedure to assess the spatial variability in the importance of abiotic factors affecting distributions: the case of world freshwater fishes. *Current Zoology*.

Markovic D., Freyhof J. & Wolter C. (2012) Where are all the fish: Potential of biogeographical maps to project current and future distribution patterns of freshwater species. *PLoS ONE* **7**.

McDowall R.M. & Taylor M.J. (2000) Environmental indicators of habitat quality in a migratory freshwater fish fauna. *Environmental Management* **25**, 357–374.

Naiman R.J., Décamps H., Pastor J. & Johnston C.A. (1988) The Potential Importance of Boundaries of Fluvial Ecosystems. *Journal of the North American Benthological Society* **7**, 289–306.

Oberdorff T., Guégan J. & Hugueny B. (1995) Global Scale Patterns of Fish Species Richness in Rivers. *Ecography* **18**, 345–352.

Peres-Neto P.R., Bizerril C.R.S.F. & Iglesias R. (1995) An overview of some aspects of river ecology: a case study on fish assemblages distribution in an eastern brazilian coastal river. *Oecologia Brasiliensis* **1**, 317–334.

Peterson A.T., Soberón J., Pearson R.G., Anderson R.P., Martínez-Meyer E., Nakamura M., *et al.* (2011) *Ecological Niches and Geographic Distributions*. Princeton University Press, Princeton, USA.

Petry A.C. & Schulz U.H. (2006) Longitudinal changes and indicator species of the fish fauna in the subtropical Sinos River, Brazil. *Journal of Fish Biology* **69**, 272–290,

Phillips S.J., Anderson R.P. & Schapire R.E. (2006) Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling* **190**, 231–259.

Phillips S.J. & Dudík M. (2008) Modeling of species distributions with Maxent: new extensions and a comprehensive evaluation. *Ecography* **21**, 161–175.

Pouilly M., Barrera S. & Rosales C. (2006) Changes of taxonomic and trophic structure of fish assemblages along an environmental gradient in the Upper Beni watershed (Bolivia). *Journal of Fish Biology* **68**, 137–156.

Porter M.S., Rosenfeld J. & Parkinson E.A. (2000) Predictive Models of Fish Species Distribution in the Blackwater Drainage, British Columbia. *North American Journal of Fisheries Management* **20**, 349–359.

Reis R.E., Lucena Z.M.S., Lucena C.A. & Malabarba L.R. (2003) Peixes. In: *Livro vermelho da fauna ameaçada de extinção no Rio grande do Sul*. (Eds C.S. Fontana, G.A. Bencke & R.E. Reis), pp. 117–145, Editora da Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul.

Reis R.E. (2013) Conserving the freshwater fishes of South America. *International Zoo Yearbook* **47**, 65–70,

Reis R.E., Albert J.S., Di Dario F., Mincarone M.M., Petry P. & Rocha L.A. (2016) Fish biodiversity and conservation in South America. *Journal of fish biology* **89**, 12–47.

Reyes-Gavilán F.G., Garrido R., Nicieza A.G., Toledo M.M. & Braña F. (1996) Fish community variation along physical gradients in short streams of northern Spain and the disruptive effect of dams. *Hydrobiologia* **321**, 155–163.

Rodrigues L.H.R., Barradas J.R., Alves T.P. & Fontoura N.F. (2011) Modelagem estatística de distribuição de peixes migradores como subsídio ao licenciamento de barramentos na bacia Camaquã, RS. *Revista de Gestão de Água da América Latina* **8**, 31–41.

Rose P.M., Kennard M.J., Moffatt D.B., Sheldon F. & Butler G.L. (2016) Testing three species distribution modelling strategies to define fish assemblage reference conditions for stream bioassessment and related applications. *PLoS ONE* **11**.

Ruggiero M.A., Gordon D.P., Orrell T.M., Bailly N., Bourgoin T., Brusca R.C., *et al.* (2015) A higher level classification of all living organisms. *PLoS ONE* **10**, 1–60.

SEMA. Secretaria do Ambiente e Desenvolvimento Sustentável. Disponível em: <http://www.sema.rs.gov.br/bacias-hidrograficas> Acesso em: 25 de julho de 2018.

Schlosser I.J. (1990) Environmental variation, life history attributes, and community structure in stream fishes: Implications for environmental management and assessment. *Environmental Management* **14**, 621–628.

Schulz U. & Costa P. (2015) The effects of press and pulse disturbance by long and short-term pollution on the fish community in the Sinos River, RS, Brazil. *Brazilian Journal of Biology* **75**, 36–44.

Schulz U.H. & Leal M.E. (2012) Effects of stocking density on dispersal behavior of Brazilian freshwater dourado (*Salminus brasiliensis*) in a subtropical river headwater. *Neotropical Ichthyology* **10**, 409–415.

Soberón J. & Peterson A.T. (2005) Interpretation of models of fundamental ecological niches and species' distributional areas. *Biodiversity Informatics* **2**, 1–10.

Souza M.S., Zimmermann G.P.R., Dalzochio T., Goldoni A., Simões L.A.R., Gehlen G., *et al.* (2016) Avaliação da qualidade da água do Rio dos Sinos (Brasil) por meio do teste de micronúcleos em *Cyprinus carpio* e de análises físico-químicas e microbiológicas. *Acta toxicológica argentina* **24**, 193–199.

Strayer D.L. & Dudgeon D. (2010) Freshwater biodiversity conservation: recent progress and future challenges. *Journal of the North American Benthological Society* **29**, 344–358.

Súarez Y.R. & Petreire Jr M. (2007) Environmental factors predicting fish community structure in two neotropical rivers in Brazil. *Neotropical Ichthyology* **5**, 61–68.

Súarez Y.R., Valério S.B., Tondato K.K., Queli L., Ximenes L. & Alves R. (2007). Determinantes ambientais da ocorrência de espécies de peixes em riachos de cabeceira da bacia do rio Ivinhema, alto rio Paraná. *Acta Scientiarum Biological Sciences* **29**, 145–150.

Swets J.A. (1988) Measuring the accuracy of diagnostic systems. *Science (New York, N.Y.)* **240**, 1285–1293.

Tejerina-Garro F.L., Maldonado M., Ibañez C., Pont D., Roset N. & Oberdorff T. (2005) Effects of natural and anthropogenic environmental changes on riverine fish assemblages: A framework for ecological assessment of rivers. *Brazilian Archives of Biology and Technology* **48**, 91–108.

Thomas C.D., Cameron A., Green R.E., Bakkenes M., Beaumont L.J., Collingham Y.C., *et al.* (2004) Extinction risk from climate change. *Nature* **427**, 145–148.

Vannote R.L., Minshall G.W., Cummins K.W., Sedell J.R. & Cushing C.E. (1980) The River Continuum Concept. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* **37**, 130–137.

Venticinque E.M., Carneiro J.S., Moreira M.P. & Ferreira L. (2007) O uso de regressão logística para espacialização de probabilidades. *Megadiversidade*, 25–37.

Vörösmarty C., McIntyre P., Gessner M., Nature D.D.- & 2010 U. (2010) Global Threats to Human Water Security and River Biodiversity. *Nature Communications* **467**, 555–561.

Weber E., Hasenack H. & Ferreira, C.J.S (2004) *Adaptação do modelo digital de elevação do SRTM para o sistema de referência oficial brasileiro e recorte por unidade da federação*. Porto Alegre, UFRGS Centro de Ecologia.

Zar J.H. (1984) *Biostatistical Analysis*, 2nd edn. Prentice-Hall, Inc., Englewood Cliffs.

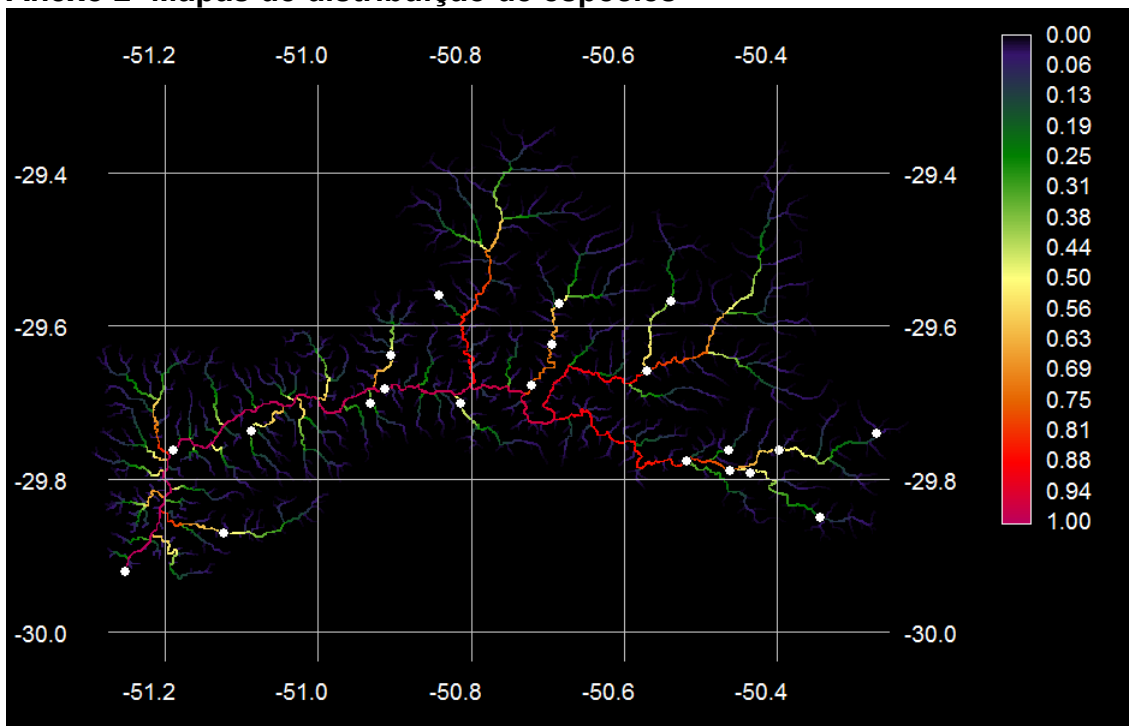
ANEXOS

Anexo 1 - Lista dos pontos amostrados

Latitude	Longitude	Anos de amostragem	Latitude	Longitude	Anos de amostragem
-29,35071489	-50,73587943	2014	-29,57807923	-50,82159772	2004
-29,3899846	-50,6867714	2014	-29,57895569	-50,5523992	2010-2011
-29,45220955	-50,71433414	2014	-29,5814272	-50,46610511	2010-2011,2014
-29,47259408	-50,80766842	2010-2011	-29,58155053	-50,44204464	2010-2011
-29,47404798	-50,83272174	2014	-29,5816122	-50,42137731	2014
-29,47551978	-50,76516959	2004	-29,58167387	-50,46585834	2010-2011,2014
-29,48737054	-50,80049815	2014	-29,58650993	-50,5633498	2014
-29,4934263	-50,85767553	2014	-29,59357032	-50,91147036	2004
-29,49975501	-50,77775507	2004	-29,60146424	-50,56843952	2010-2011
-29,50058613	-50,53668072	2014	-29,60971224	-50,56682006	2004
-29,50319615	-50,64095506	2010-2011	-29,61078081	-50,48590873	2010-2011
-29,50329251	-50,6497271	2014	-29,61341227	-50,56682006	2010-2011
-29,51639259	-50,66179349	2010-2011	-29,62147779	-50,69489221	2004
-29,54135277	-50,57762281	2014	-29,62901456	-50,80097019	2005
-29,54158055	-50,85243938	2014	-29,62952974	-50,49253581	2010-2011
-29,54485502	-50,36177974	2014	-29,63550803	-50,90457661	2005
-29,54560745	-50,67174157	2014	-29,63564708	-50,48145026	2014
-29,54745747	-50,67343814	2010-2011	-29,6483409	-50,4141542	2014
-29,55639913	-50,41187488	2014	-29,65643208	-50,57011541	2004
-29,55736736	-50,84260948	2004	-29,65829053	-50,38245145	2013
-29,56569723	-50,53921222	2014	-29,6713662	-51,13764141	2006
-29,567316	-50,5400605	2010-2011	-29,67324634	-51,06692767	2006
-29,56794678	-50,61839837	2014	-29,67481997	-50,721806	2006
-29,568116	-50,68508279	2010-2011	-29,67895803	-50,91277743	1998-1999
-29,57772235	-50,52255497	2014	-29,68644113	-50,90998232	2004

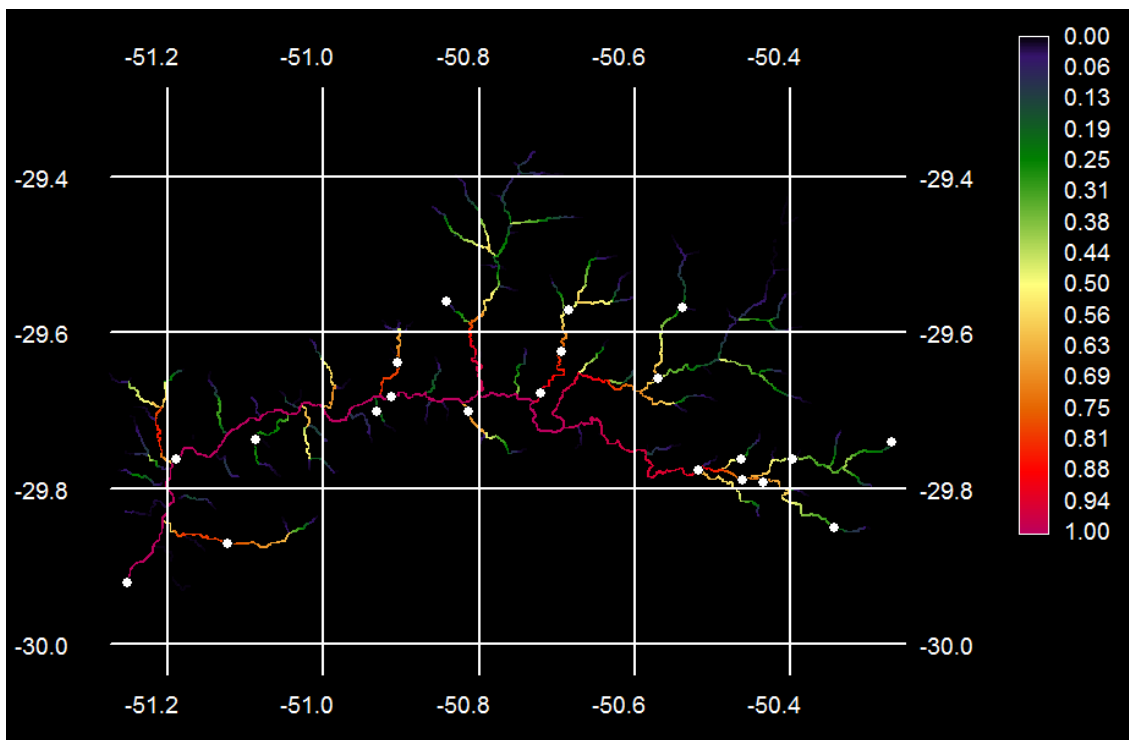
Latitude	Longitude	Anos de amostragem	Latitude	Longitude	Anos de amostragem
-29,69408037	-51,23521698	2006	-29,77309282	-50,51922713	1998-1999, 2009
-29,69824911	-50,81429004	2005	-29,77753481	-50,32588914	2010-2011
-29,69928224	-50,93081778	2005	-29,78579627	-50,46154369	2000-2001
-29,71822877	-51,0175228	2006	-29,78736337	-50,38405818	2014
-29,72575742	-51,1676787	2006	-29,7883668	-51,1092048	2005
-29,73232759	-51,1842903	2006	-29,78998422	-50,43487821	2005
-29,73395284	-51,08596929	2009-2010	-29,79167615	-50,31179392	2010-2011
-29,73507225	-51,08456961	2005	-29,79181865	-51,10924389	2006
-29,73689425	-50,93854546	2006	-29,79246549	-50,27339588	2014
-29,73752802	-50,27010805	2000-2001	-29,79310683	-50,30715457	2010-2011
-29,73913828	-50,27004488	2014	-29,8066243	-50,28770878	2014
-29,7490524	-50,28211114	2014	-29,81481457	-50,46170877	2006
-29,74990489	-50,28346939	1998-1999	-29,81889075	-50,39254104	2014
-29,75903574	-51,18848412	1998-1999	-29,84817494	-50,34391232	2000-2001
-29,75989603	-50,46419652	2006	-29,84894578	-50,33976729	2014
-29,76004447	-50,39744915	1998-1999	-29,85231327	-51,1475755	2006
-29,76315065	-51,21620993	2006	-29,86580792	-50,36704739	2014
-29,76534462	-51,12681407	2005	-29,86742691	-51,12267134	2006

Anexo 2- Mapas de distribuição de espécies



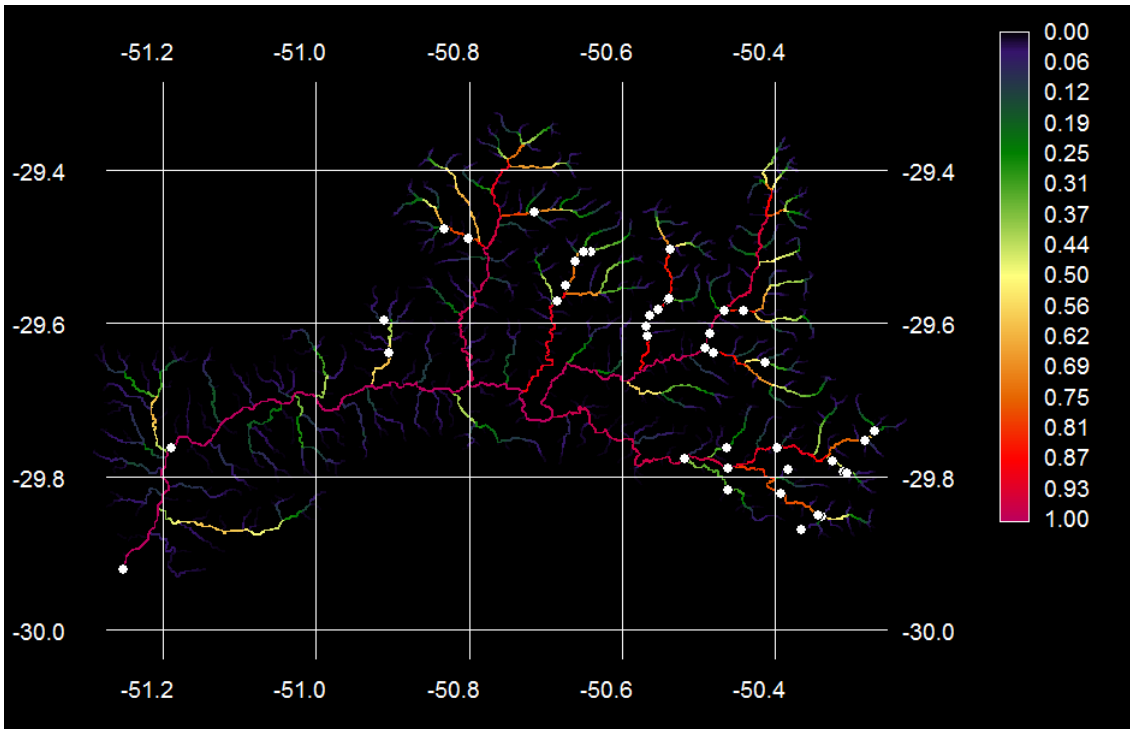
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Astyanax jacuhiensis* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -5,2 - 0,5 \ln \text{Alt} + 1,0 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,50.

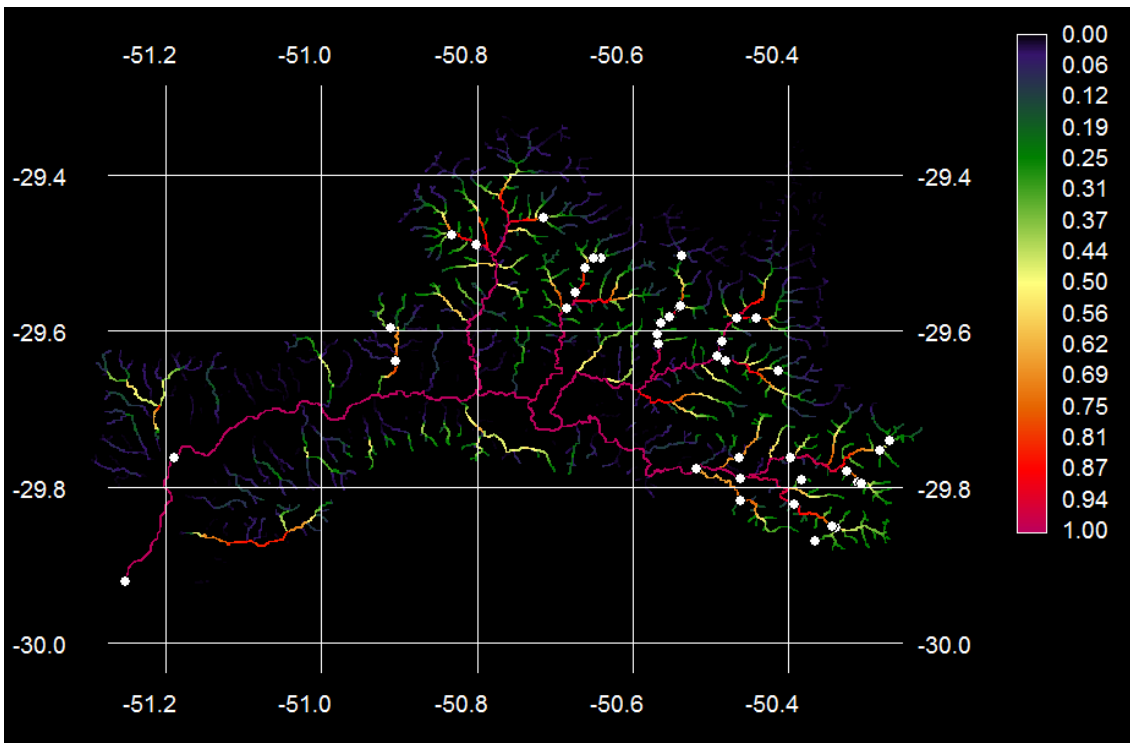


Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Astyanax jacuhiensis* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $13,5 + 59,7 \ln \text{Alt} - 10,3 \ln \text{Ab} - 0,6 \ln \text{Alt}^2 + 1,1 \ln \text{Ab}^2 - 4,8 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 158 \ln \text{Alt} / \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,49.

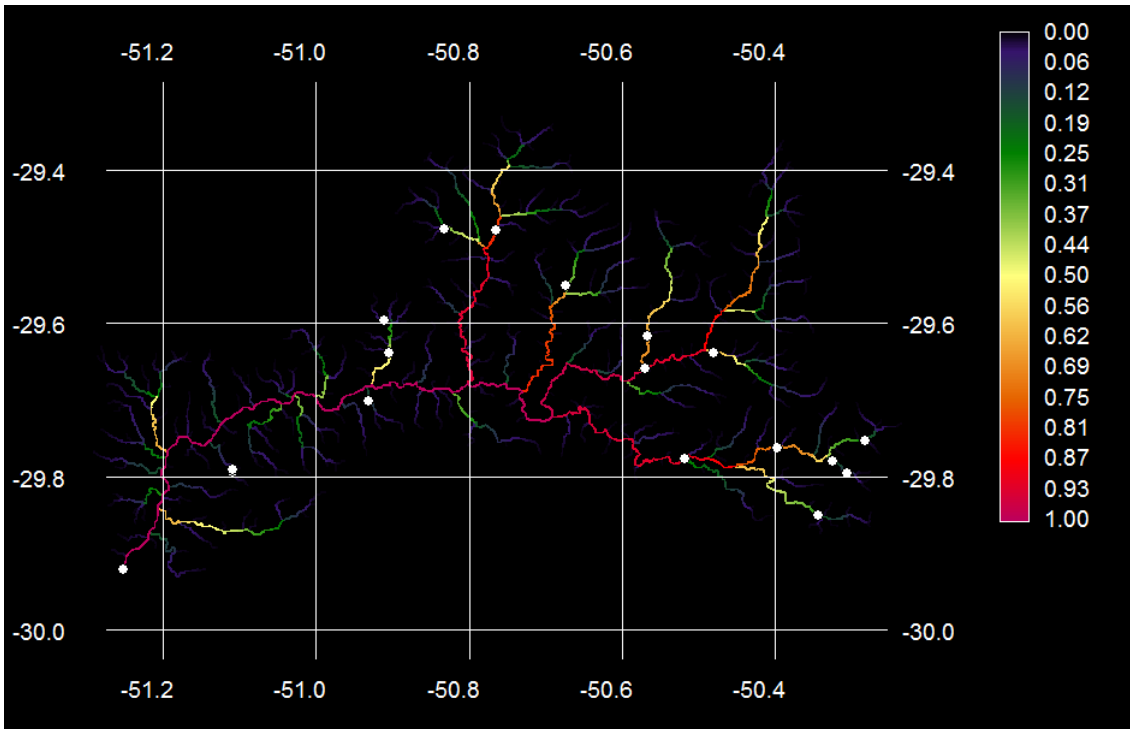


Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Astyanax henseli* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos. Equação do modelo: $P = -13,2 + 0,7 \ln \text{Alt} + 1,7 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,57.

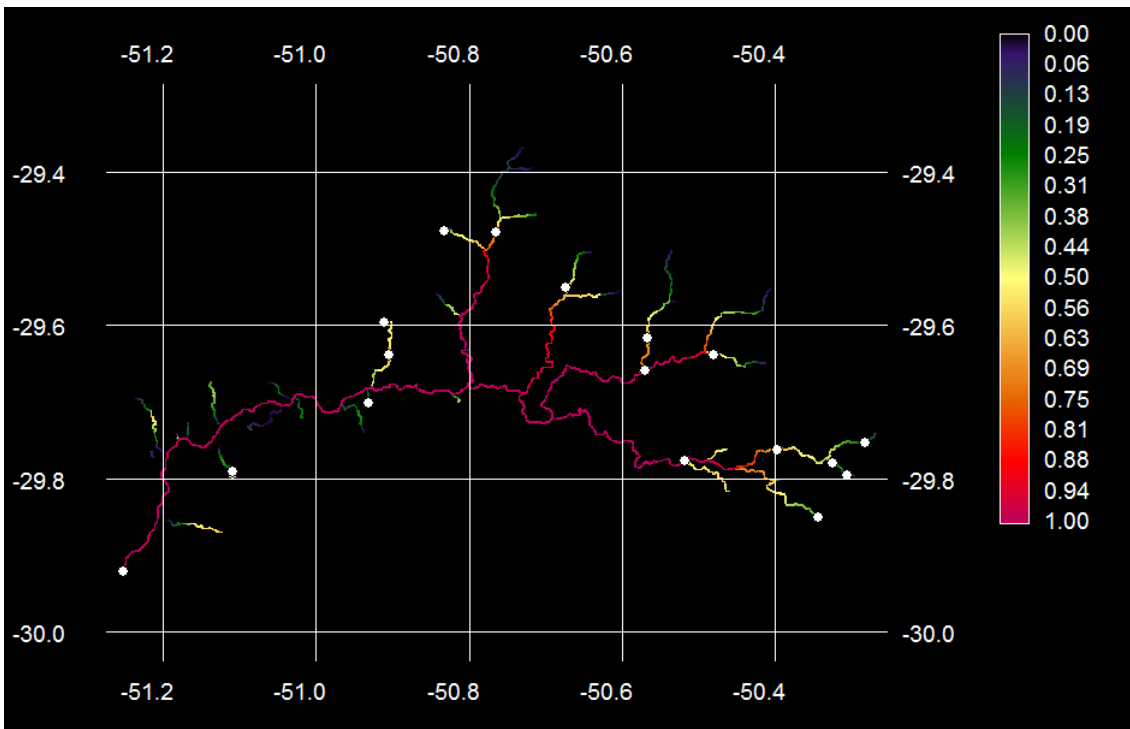


Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Astyanax henseli* obtido através do modelo de regressão logística de quatro variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -63,8 + 10,6 \ln \text{Alt} + 6,1 \ln \text{Ab} - 1,7 \ln \text{Alt}^2 - 1,1 \ln \text{Alt} \times \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,56.

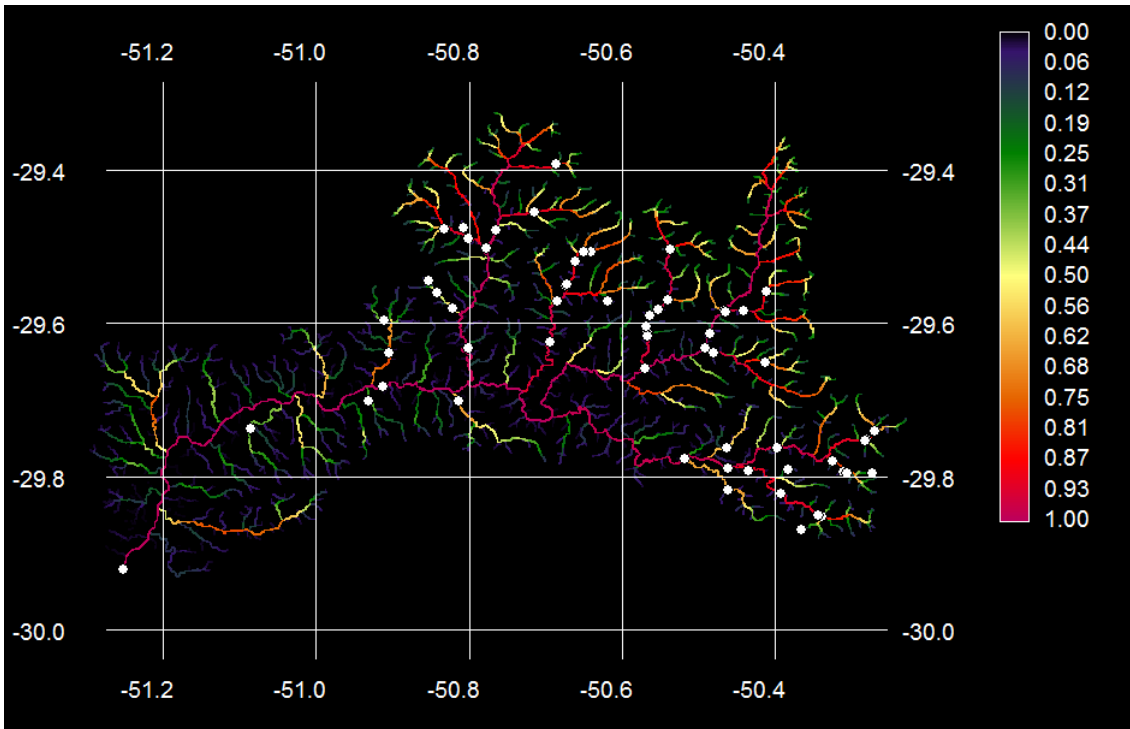


Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Australoheros facetus* obtido através do modelo de regressão logística de uma variável, para toda a bacia do rio dos Sinos. Equação do modelo: $P = -10,9 + 1,6 \ln Ab$. Ponto de corte = 0,50.



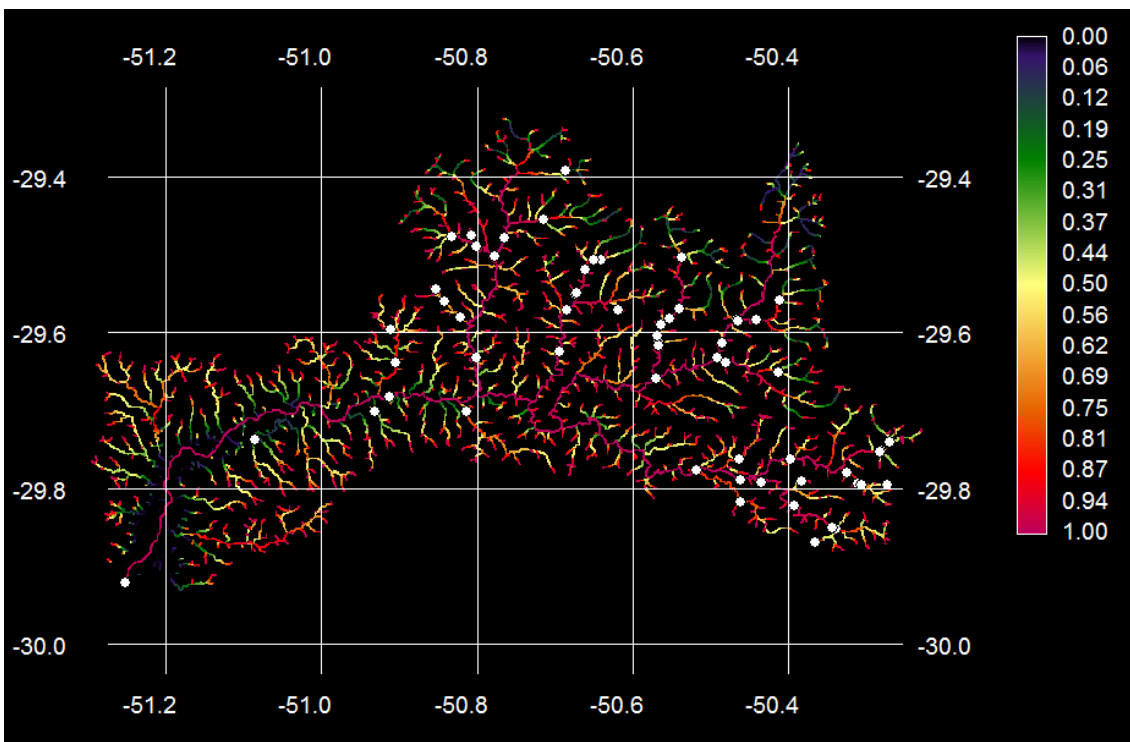
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Australoheros facetus* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $122 + 93,3 \ln Alt - 43,7 \ln Ab - 0,9 \ln Alt^2 + 3,6 \ln Ab^2 - 7,0 \ln Alt \times Ab - 269 \ln Alt/\ln Ab$. Ponto de corte = 0,49.



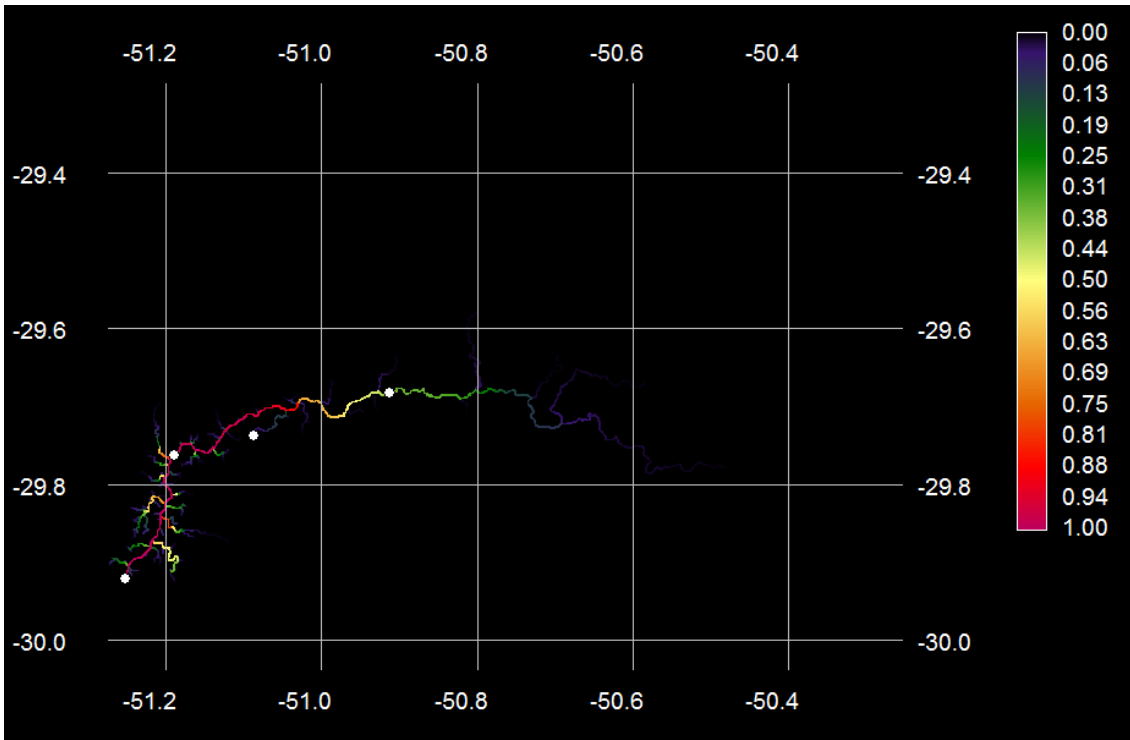
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Bryconamericus iheringii* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -10,9 + 0,9 \ln \text{Alt} + 1,4 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,62.



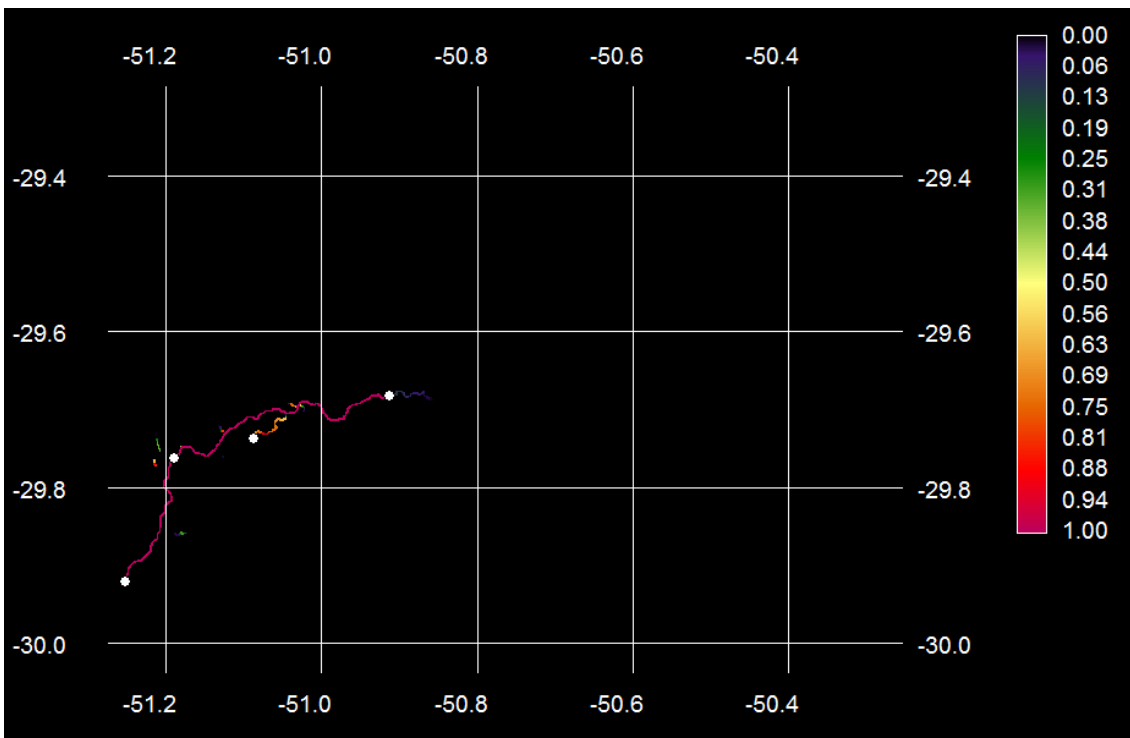
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Bryconamericus iheringii* obtido através do modelo de regressão logística de cinco variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -2,9 - 2,9 \ln \text{Ab} - 0,5 \ln \text{Alt}^2 + 0,3 \ln \text{Ab}^2 - 0,6 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 9,5 \ln \text{Alt} / \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,51.



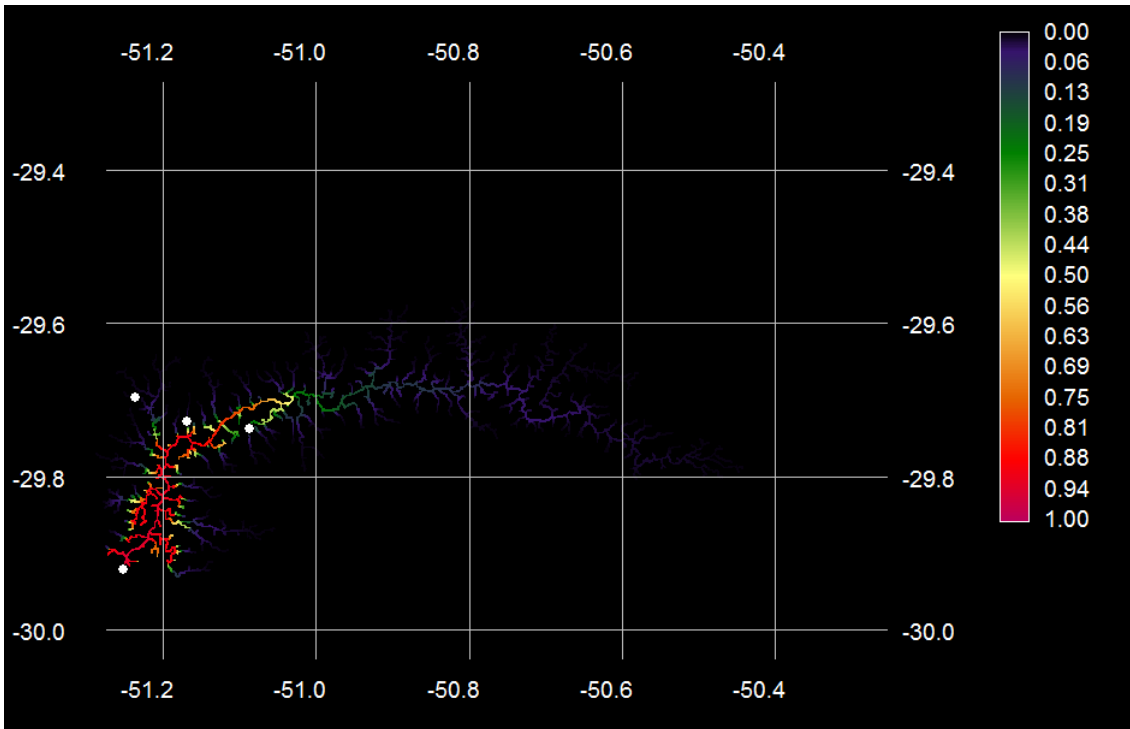
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Bunocephalus doriae* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -3,3 - 2,9 \ln \text{Alt} + 0,9 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,35.



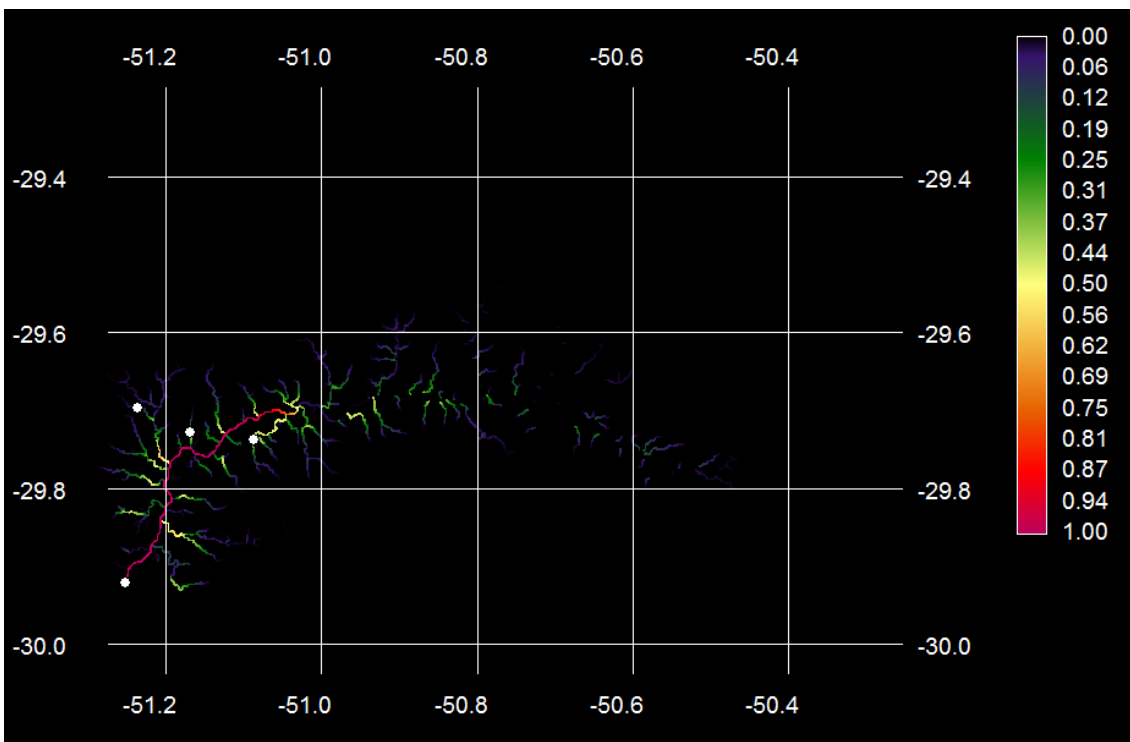
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Bunocephalus doriae* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $217 + 238 \ln \text{Alt} - 69,7 \ln \text{Ab} - 8,6 \ln \text{Alt}^2 + 4,6 \ln \text{Ab}^2 - 13,4 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 739 \ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,37.



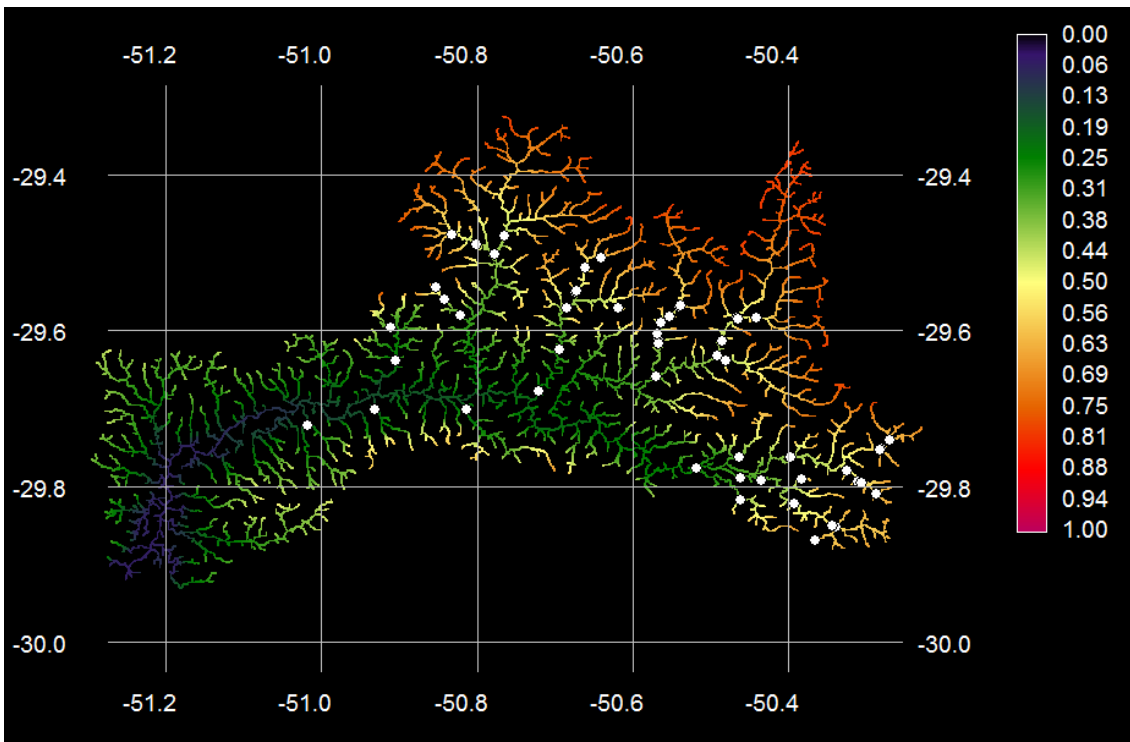
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Callichthys callichthys* obtido através do modelo de regressão logística uma variável, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $3,9 - 2,7 \ln \text{Alt}$. Ponto de corte = 0,4.



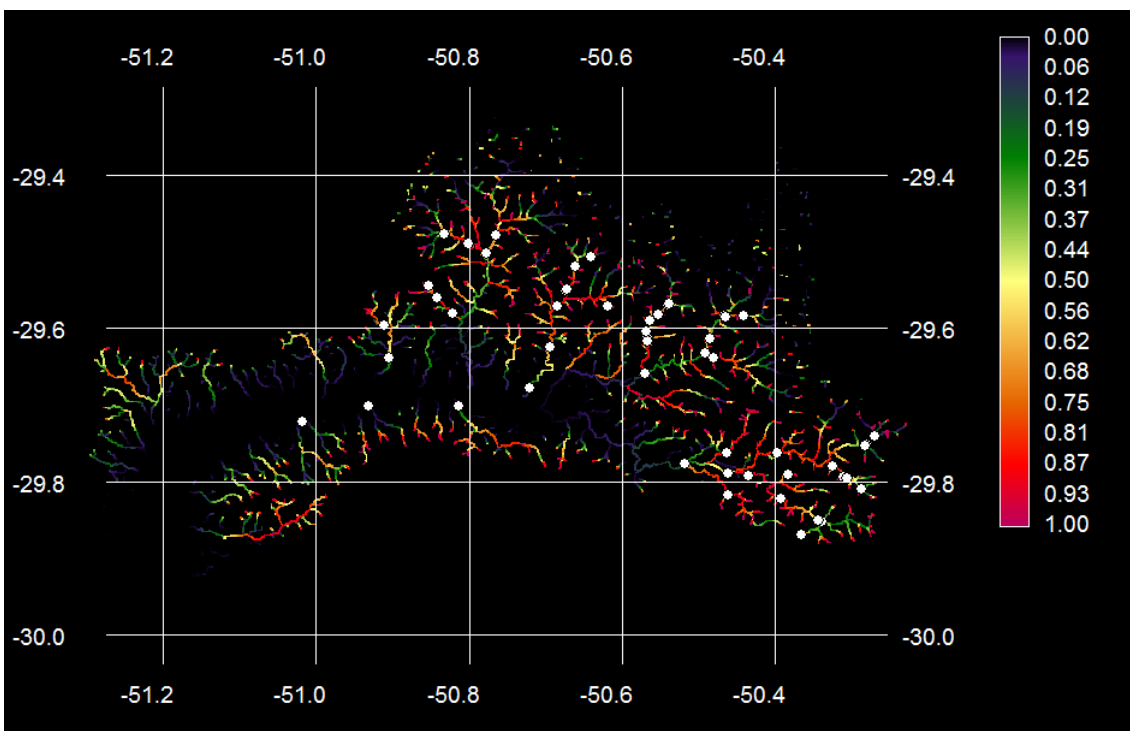
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Callichthys callichthys* obtido através do modelo de regressão logística de cinco variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -11,5 + 31,8 \ln \text{Alt} - 1,6 \ln \text{Alt}^2 + 0,2 \ln \text{Ab}^2 - 2,9 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 55,5 \ln \text{Alt} / \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,42.



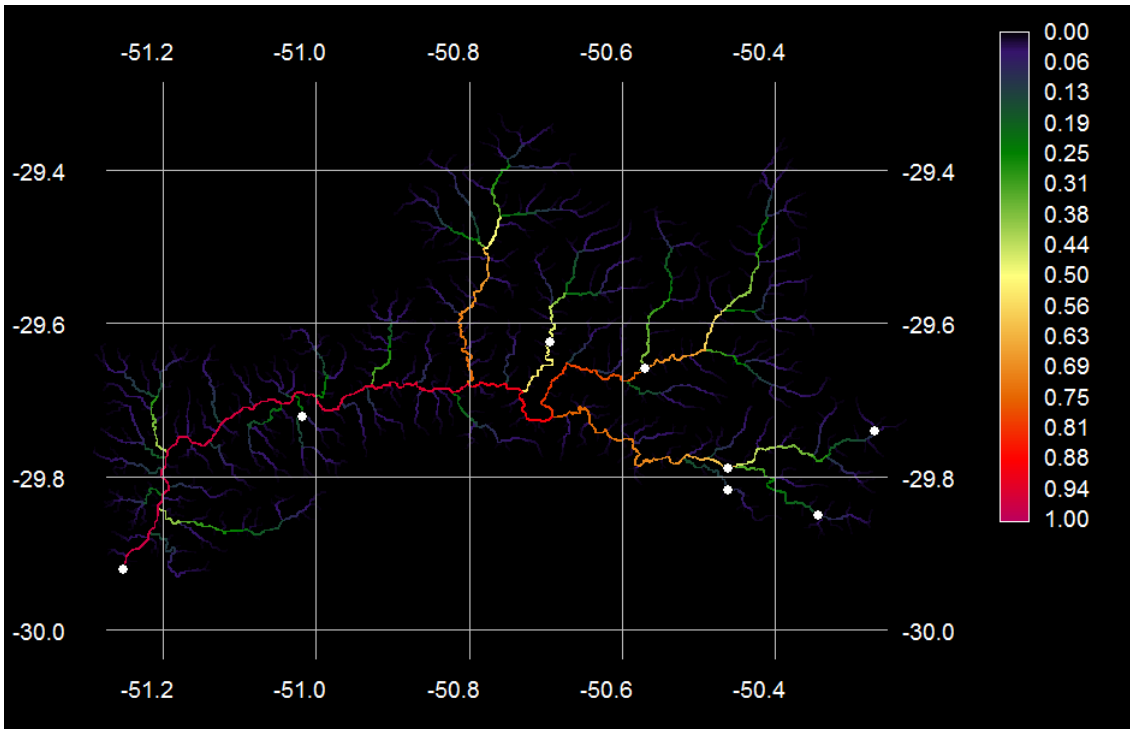
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Characidium pterostictum* obtido através do modelo de regressão logística de *uma variável*, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -3,1 + 0,7 \ln \text{Alt}$. Ponto de corte = 0,41.



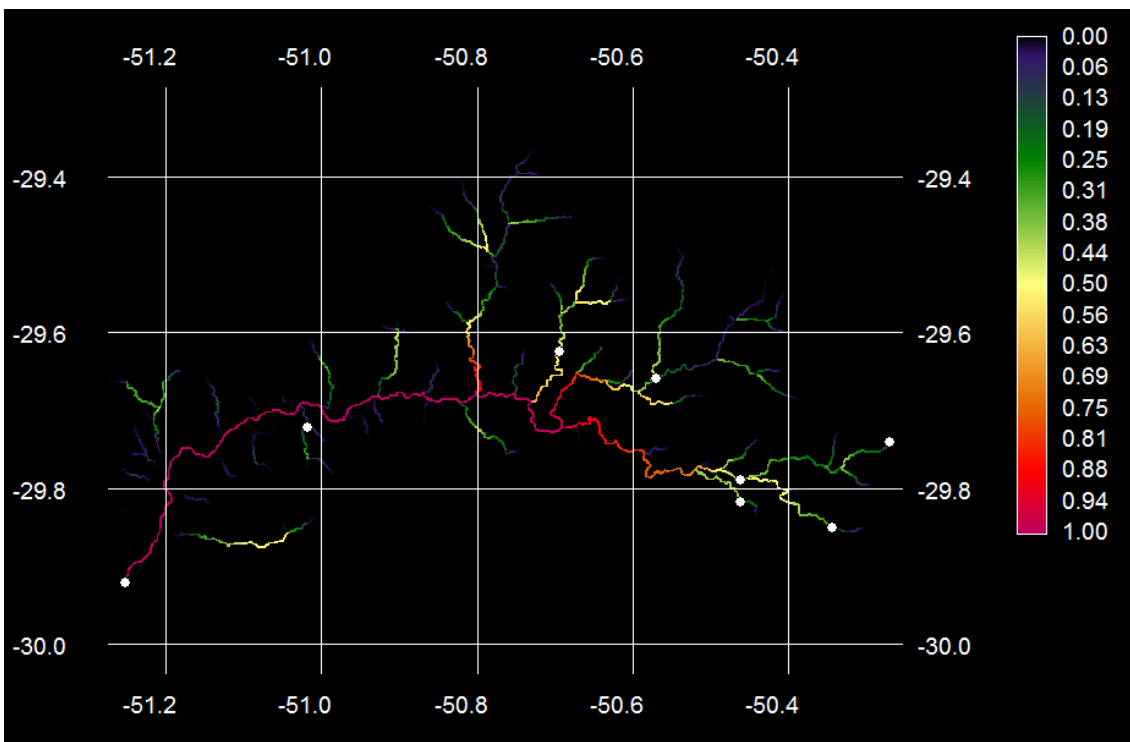
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Characidium pterostictum* obtido através do modelo de regressão logística de *seis variáveis*, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -114 + 22,9 \ln \text{Alt} + 17,9 \ln \text{Ab} - 3,0 \ln \text{Alt}^2 - 1,1 \ln \text{Ab}^2 - 0,4 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} + 23,2 \ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,50.



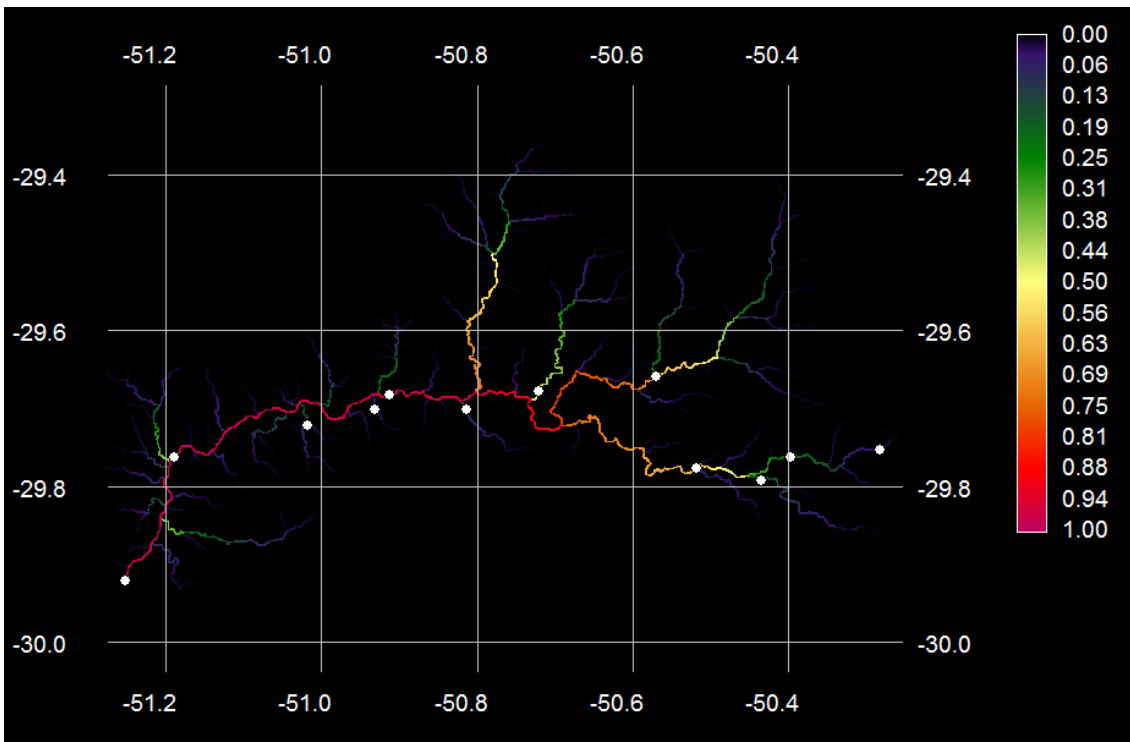
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Characidium tenue* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -8,0 - 0,1 \ln \text{Alt} + 1,1 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,44.



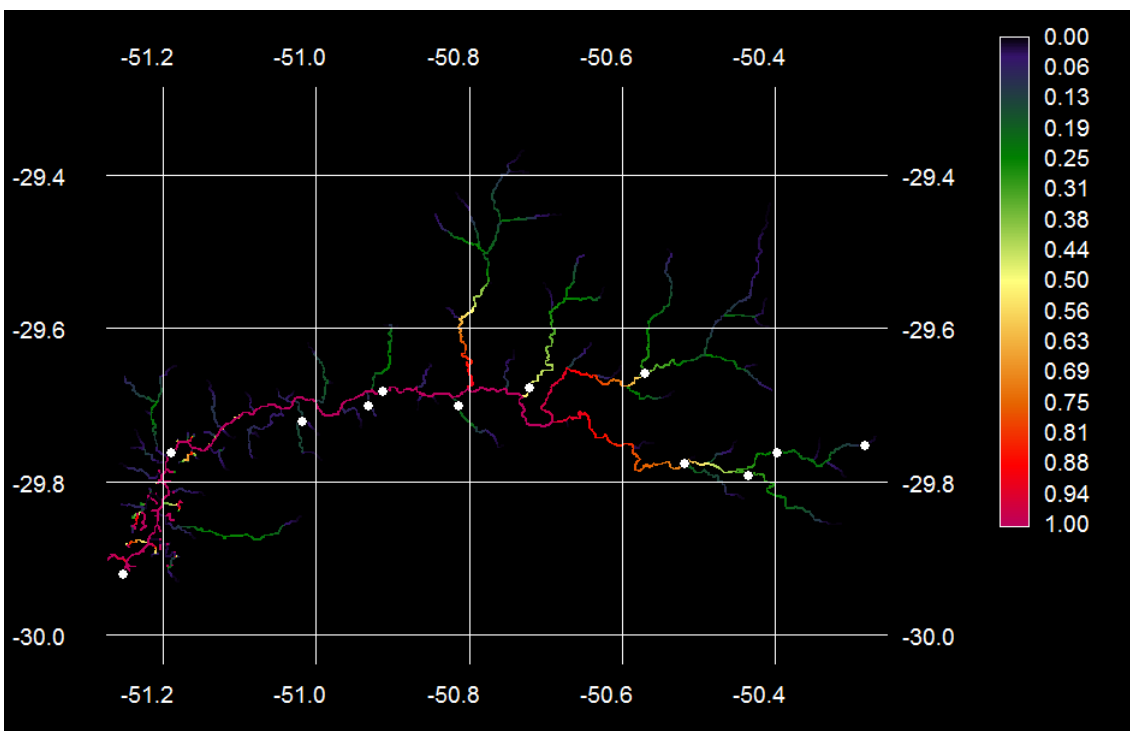
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Characidium tenue* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $44,1 + 84,6 \ln \text{Alt} - 21,7 \ln \text{Ab} - 1,1 \ln \text{Alt}^2 + 1,9 \ln \text{Ab}^2 - 6,3 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 230 \ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,43.



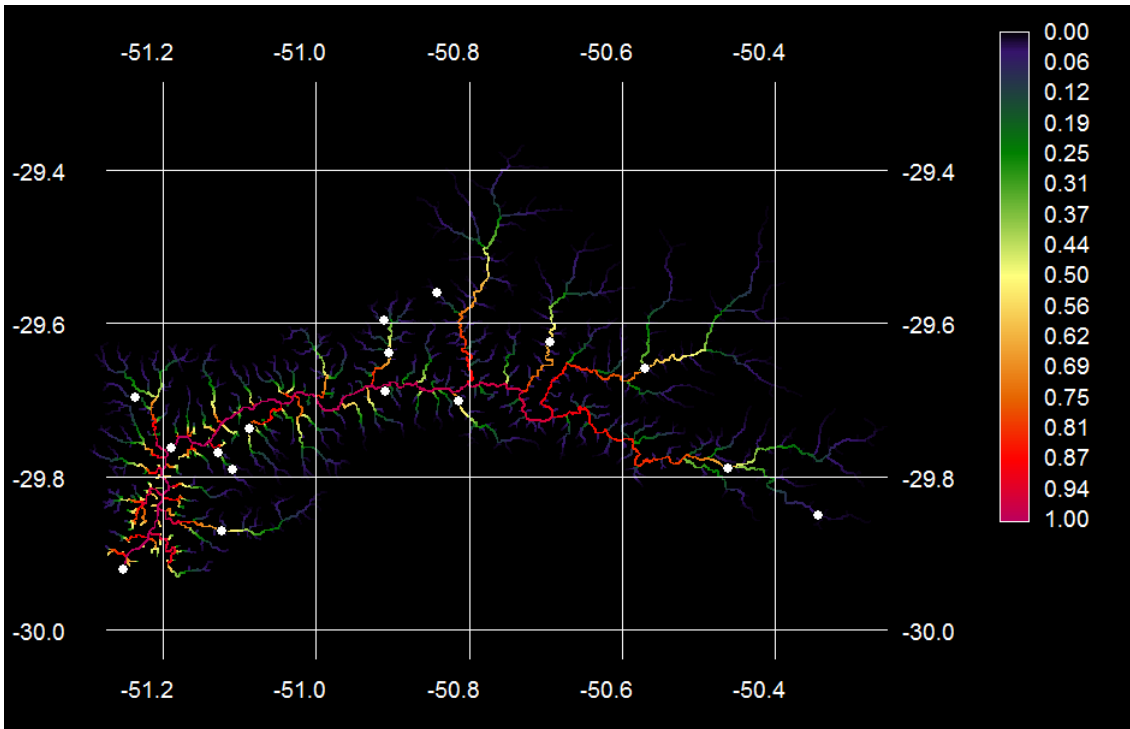
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Characidium zebra* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -10,2 - 0,3 \ln \text{Alt} + 1,4 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,47.



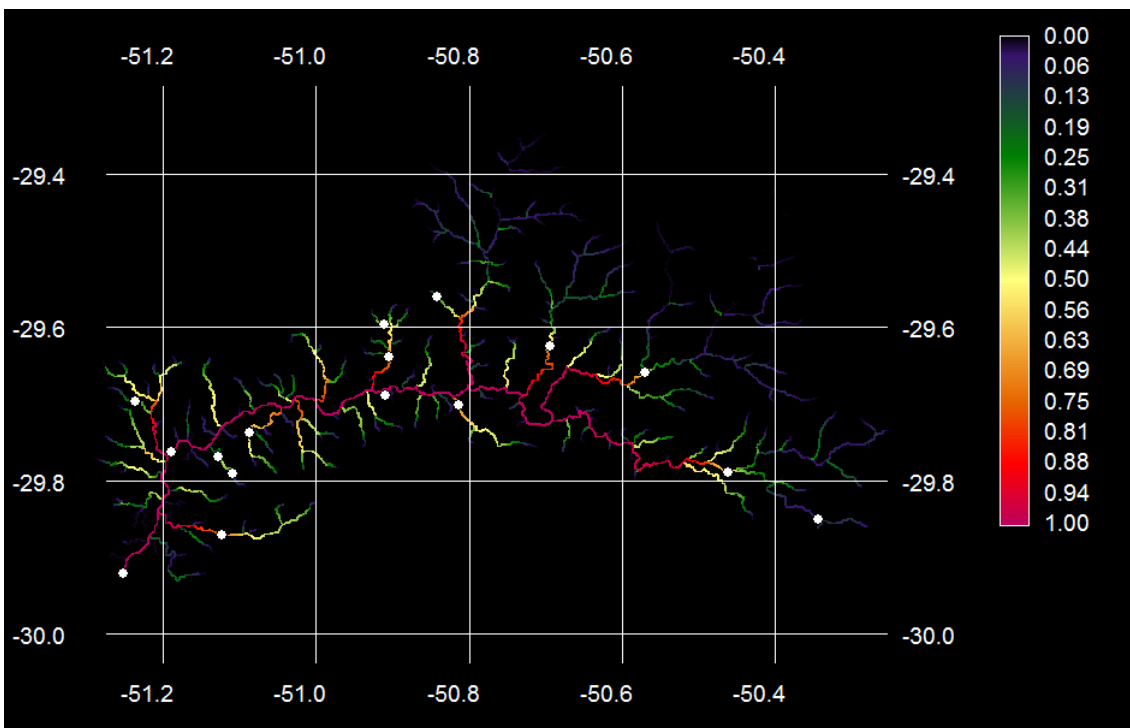
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Characidium zebra* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $98,8 + 86,2 \ln \text{Alt} - 32,4 \ln \text{Ab} - 0,4 \ln \text{Alt}^2 + 2,5 \ln \text{Ab}^2 - 6,2 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 276 \ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,29.



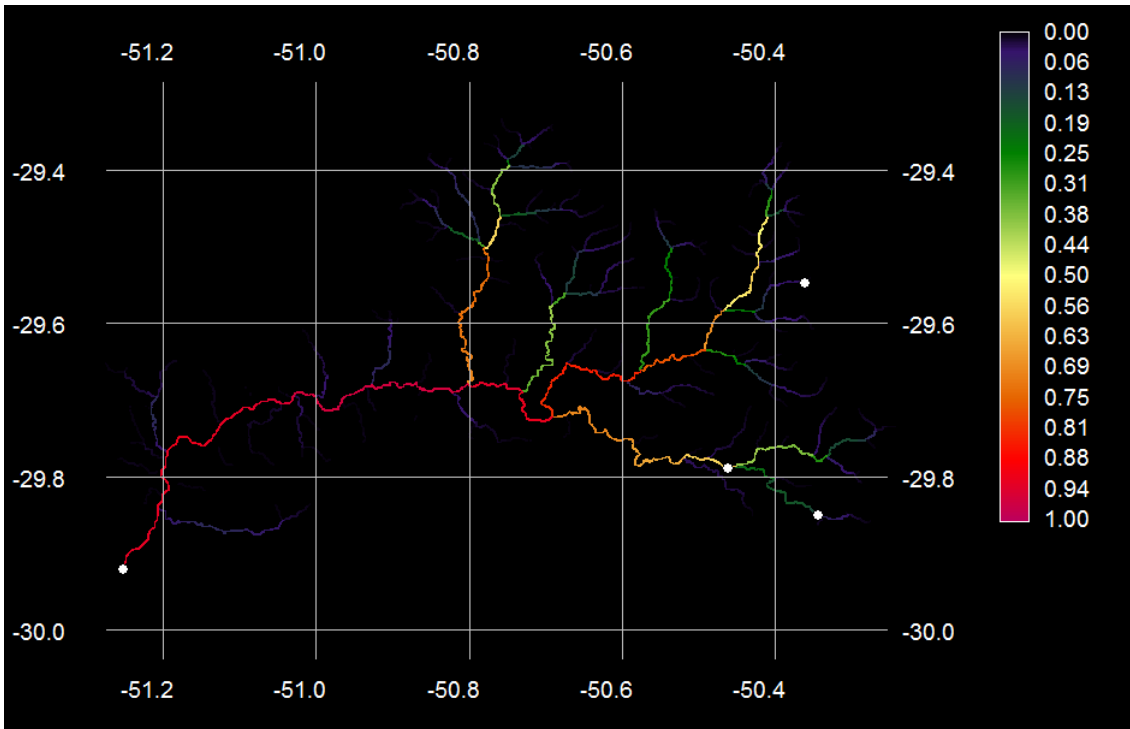
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Cheirodon ibicuihensis* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -0,9 - 1,5 \ln \text{Alt} + 0,8 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,52.



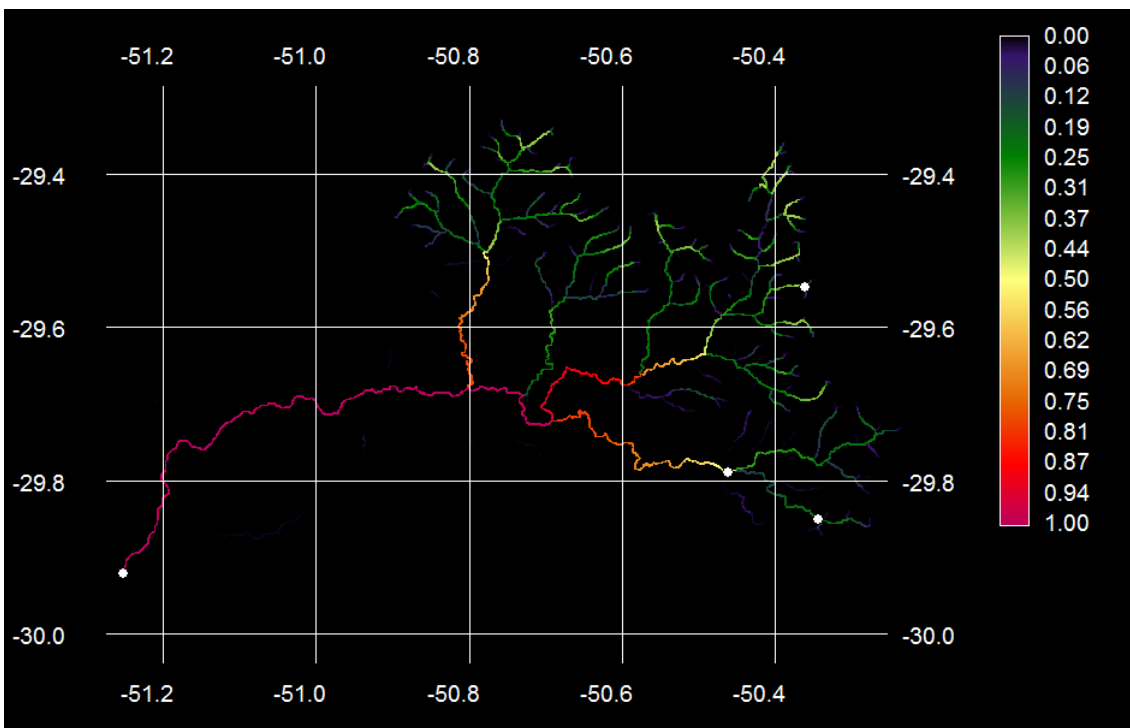
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Cheirodon ibicuihensis* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $18,1 + 41,4 \ln \text{Alt} - 10,9 \ln \text{Ab} - 0,4 \ln \text{Alt}^2 + 1,2 \ln \text{Ab}^2 - 3,9 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 96,5 \ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,46.



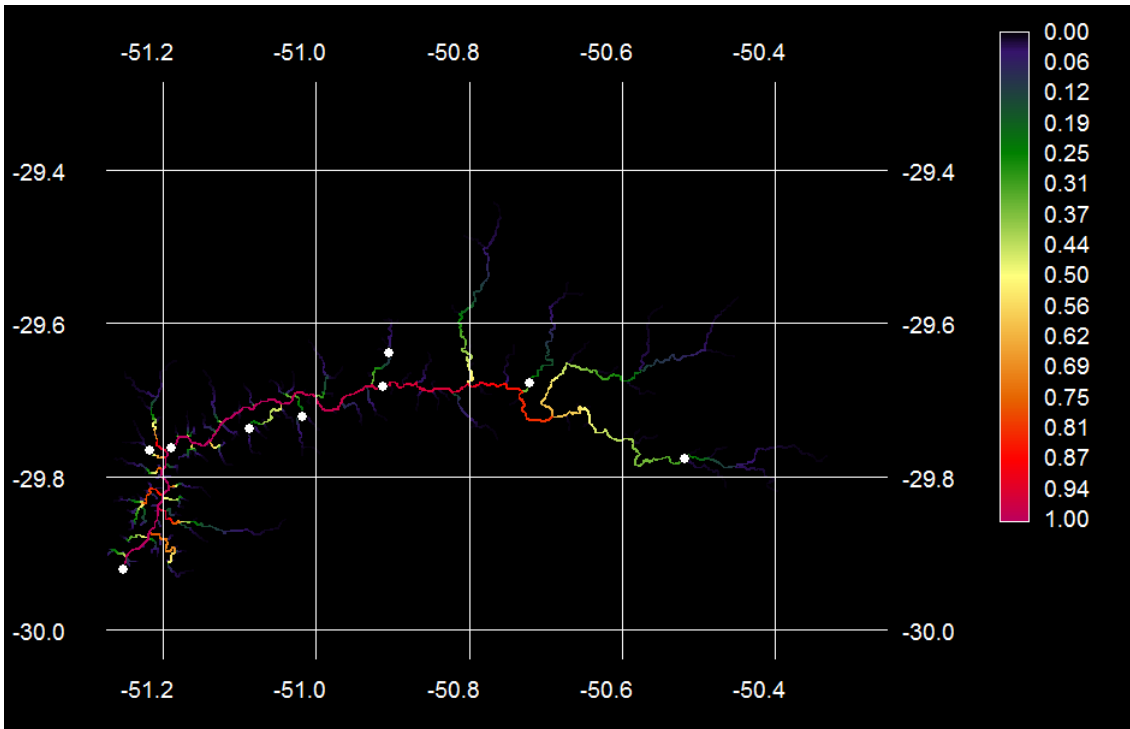
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Cheirodon interruptus* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -16,5 + 0,7 \ln \text{Alt} + 1,8 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,40,



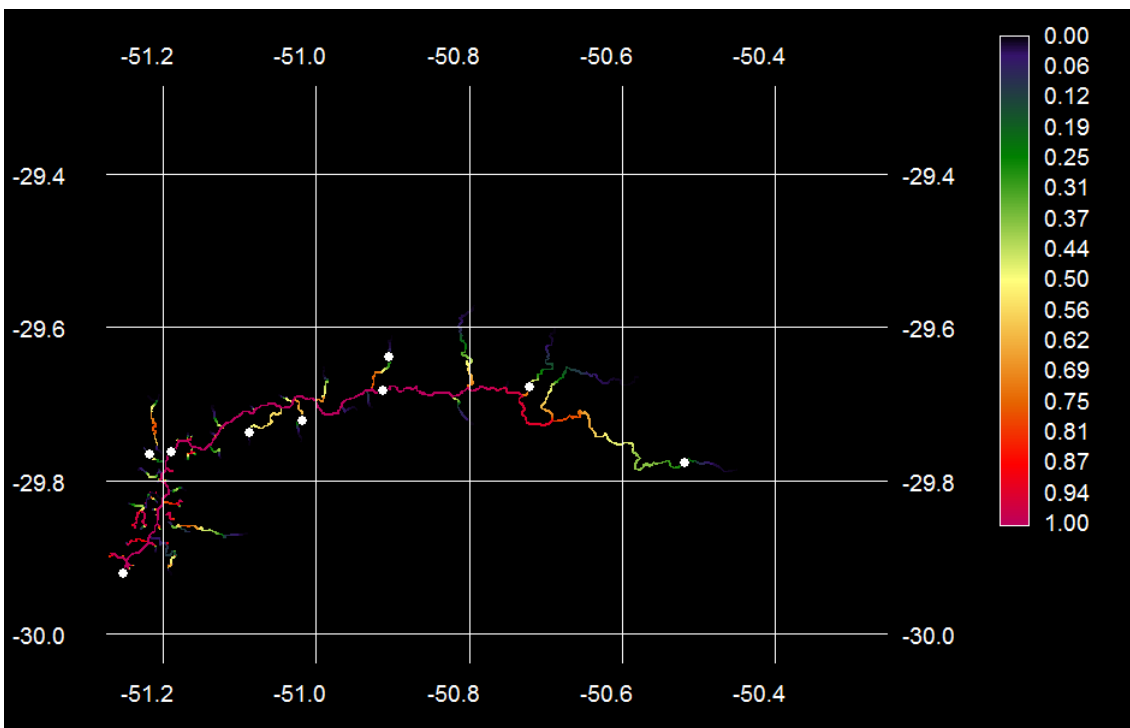
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Cheirodon interruptus* obtido através do modelo de regressão logística de cinco variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -87,9 + 28,5 \ln \text{Alt} + 9,1 \ln \text{Ab} - 1,0 \ln \text{Alt}^2 - 2,3 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 19,9 \ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,33.



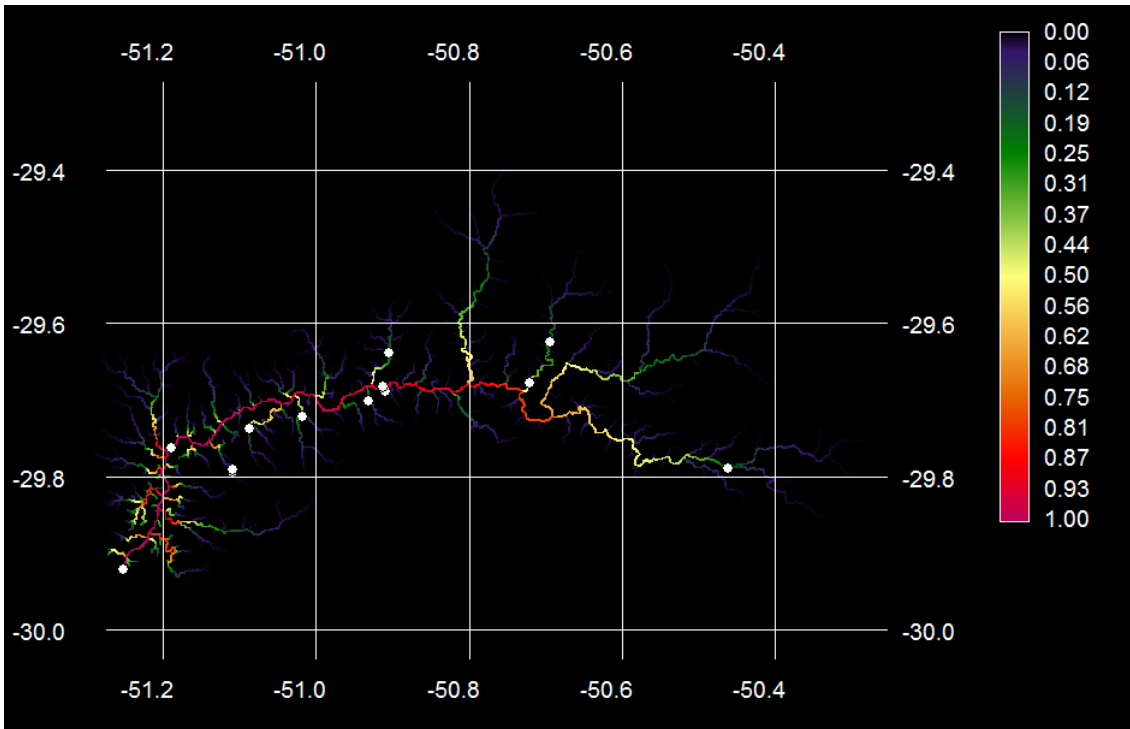
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Corydoras paleatus* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -4,6 - 2,1 \ln \text{Alt} + 1,2 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,41.



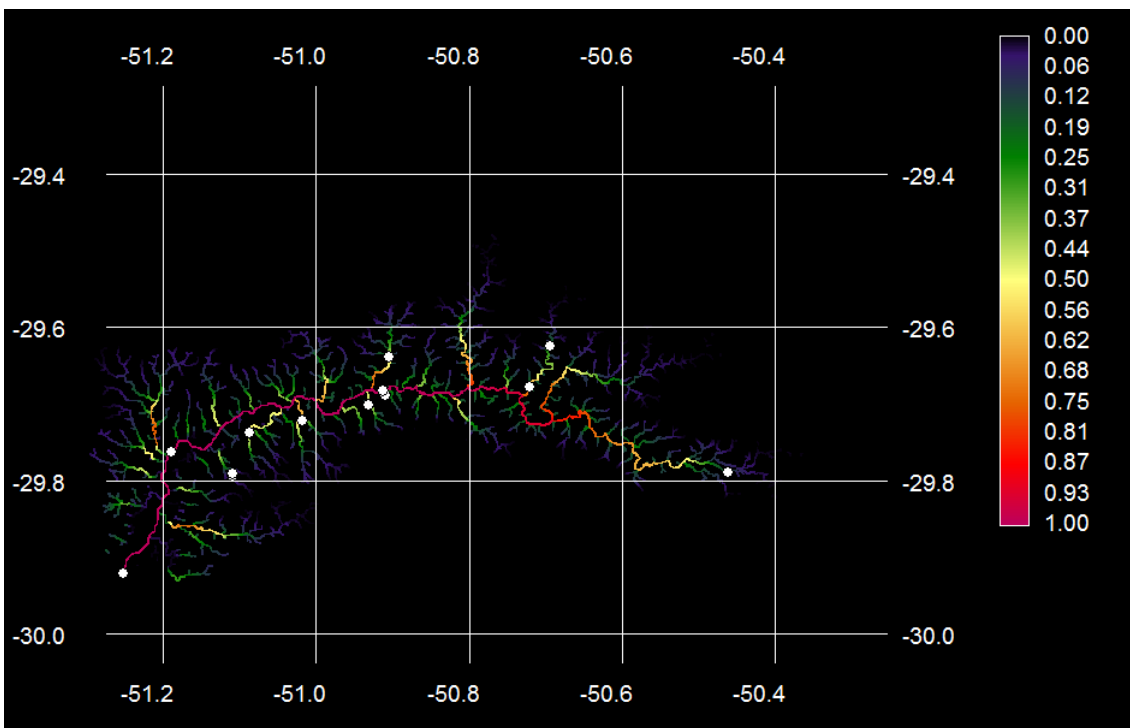
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Corydoras paleatus* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $103 + 123 \ln \text{Alt} - 31,1 \ln \text{Ab} - 3,7 \ln \text{Alt}^2 + 2,0 \ln \text{Ab}^2 - 6,8 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 420 \ln \text{Alt} / \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,50.



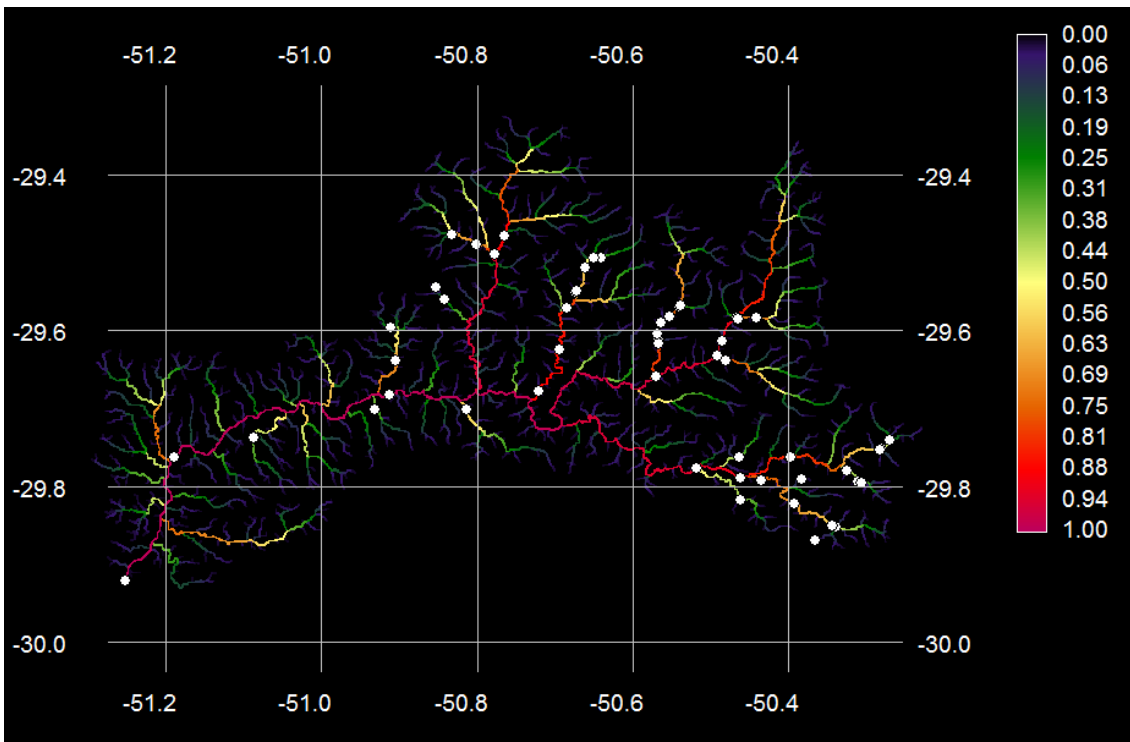
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Crenicichla lepidota* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -2,1 - 1,6 \ln \text{Alt} + 0,8 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,45.



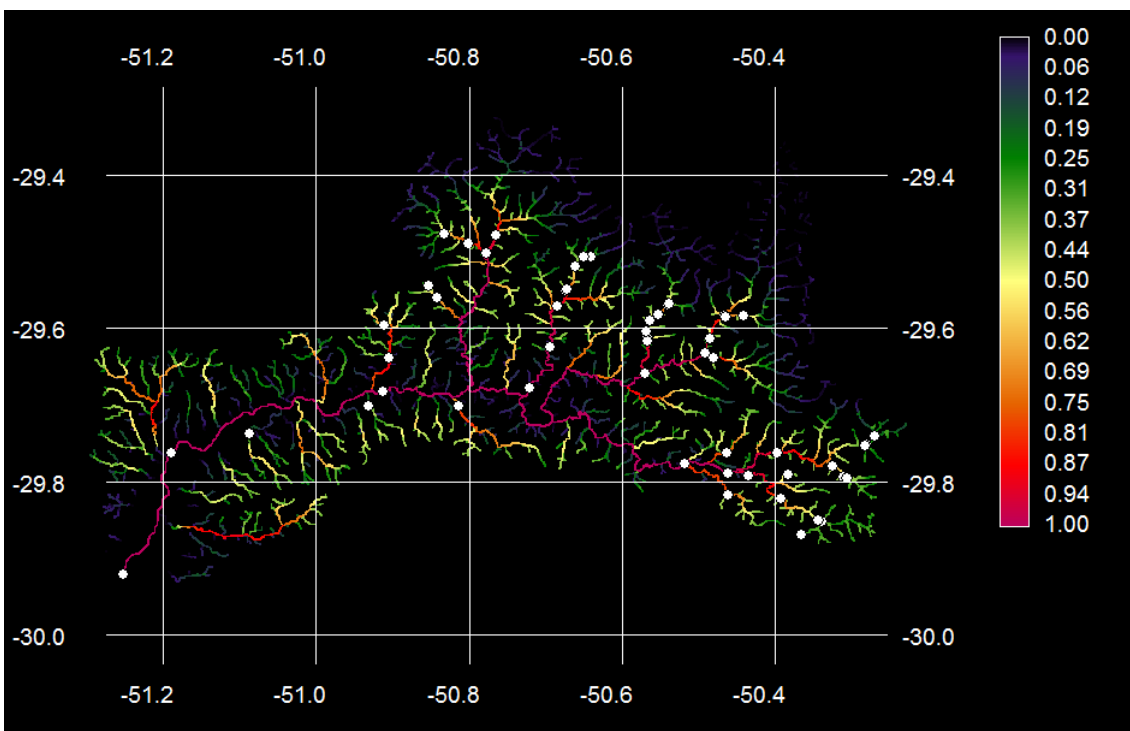
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Crenicichla lepidota* obtido através do modelo de regressão logística de cinco variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -16,6 + 9,6 \ln \text{Alt} + 1,2 \ln \text{Ab} - 1,5 \ln \text{Alt}^2 + 0,1 \ln \text{Ab}^2 - 0,5 \ln \text{Alt} \times \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,47.



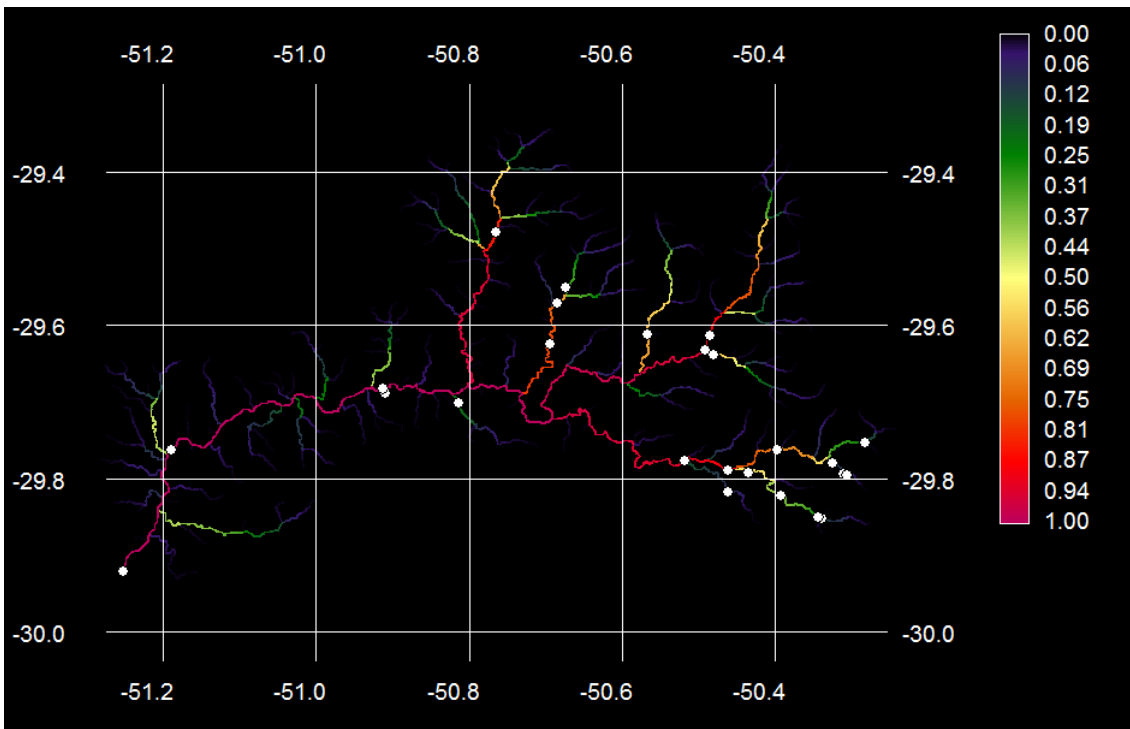
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Crenicichla punctata* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -7,4 - 0,1 \ln \text{Alt} + 1,2 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,58.



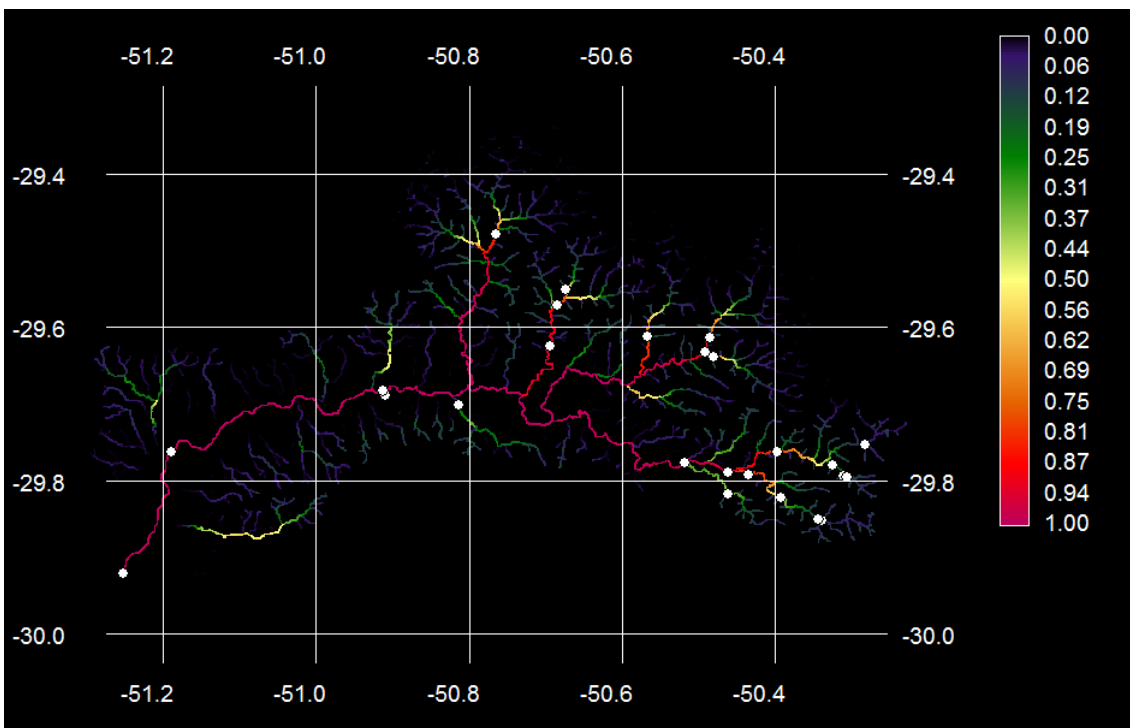
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Crenicichla punctata* obtido através do modelo de regressão logística de quatro variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -35,1 + 12,2 \ln \text{Alt} + 3,7 \ln \text{Ab} - 1,1 \ln \text{Alt}^2 - 0,7 \ln \text{Alt} \times \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,53.



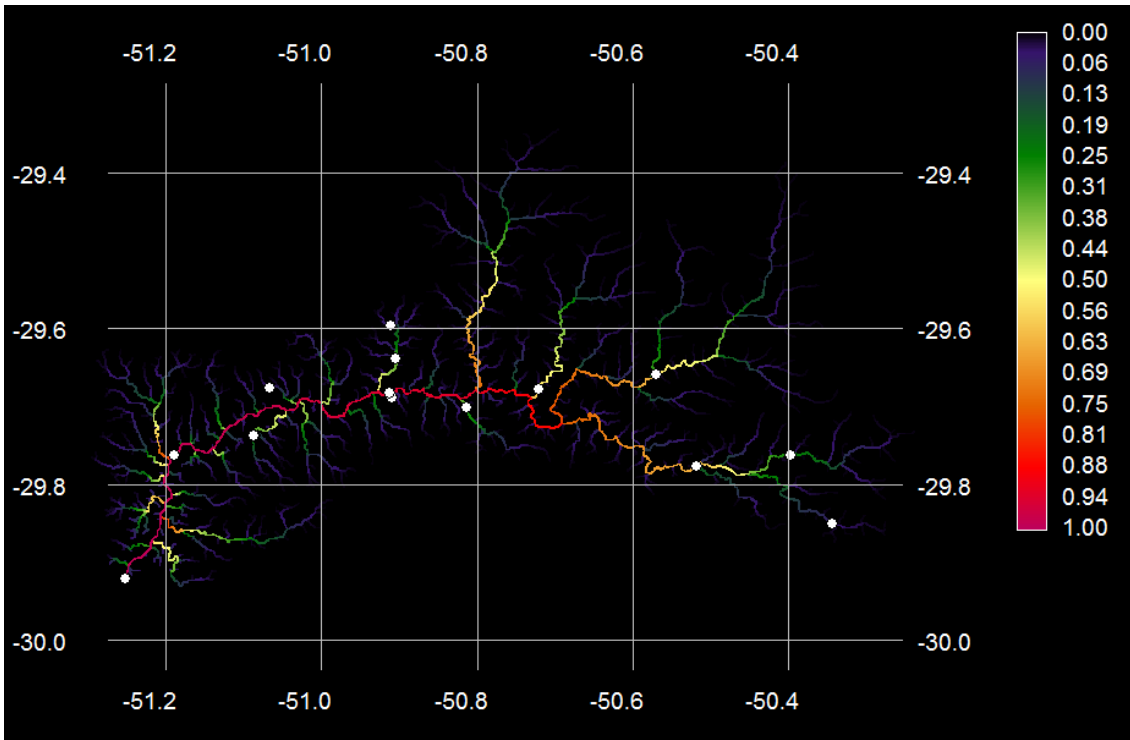
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Diapoma alburnum* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -14,3 + 0,2 \ln \text{Alt} + 1,9 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,45.



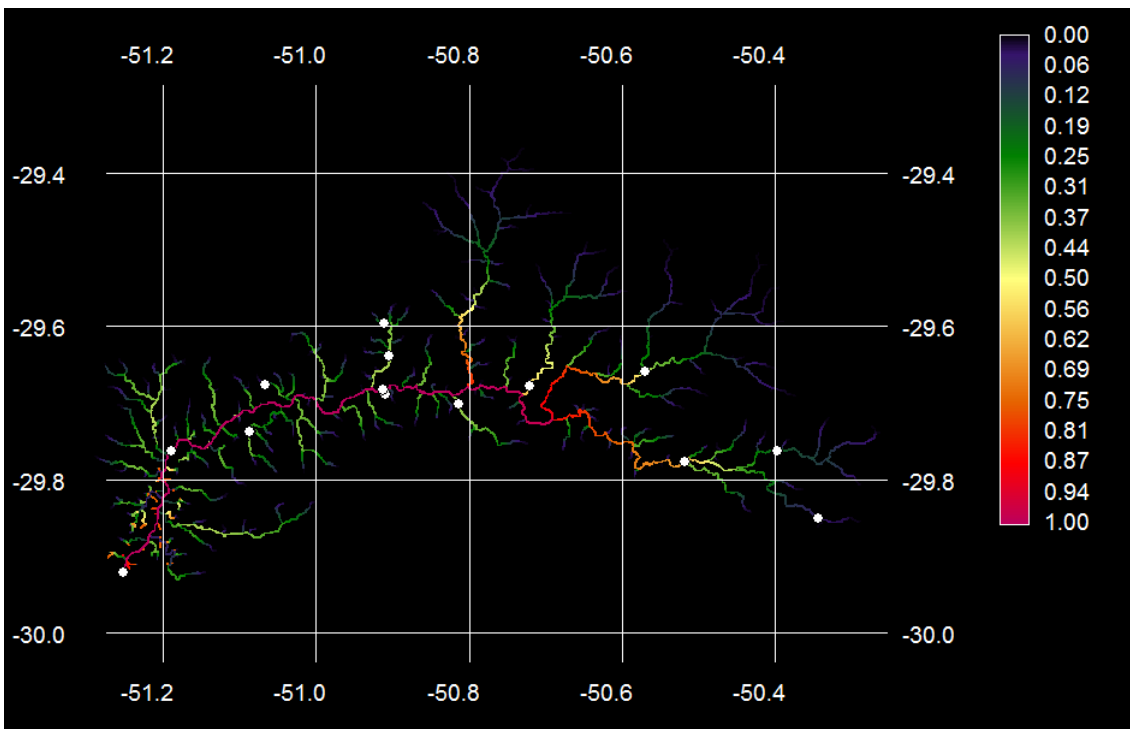
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Diapoma alburnum* obtido através do modelo de regressão logística de quatro variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -61,7 + 20,6 \ln \text{Alt} + 5,9 \ln \text{Ab} - 1,7 \ln \text{Alt}^2 - 1,2 \ln \text{Alt} \times \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,44.



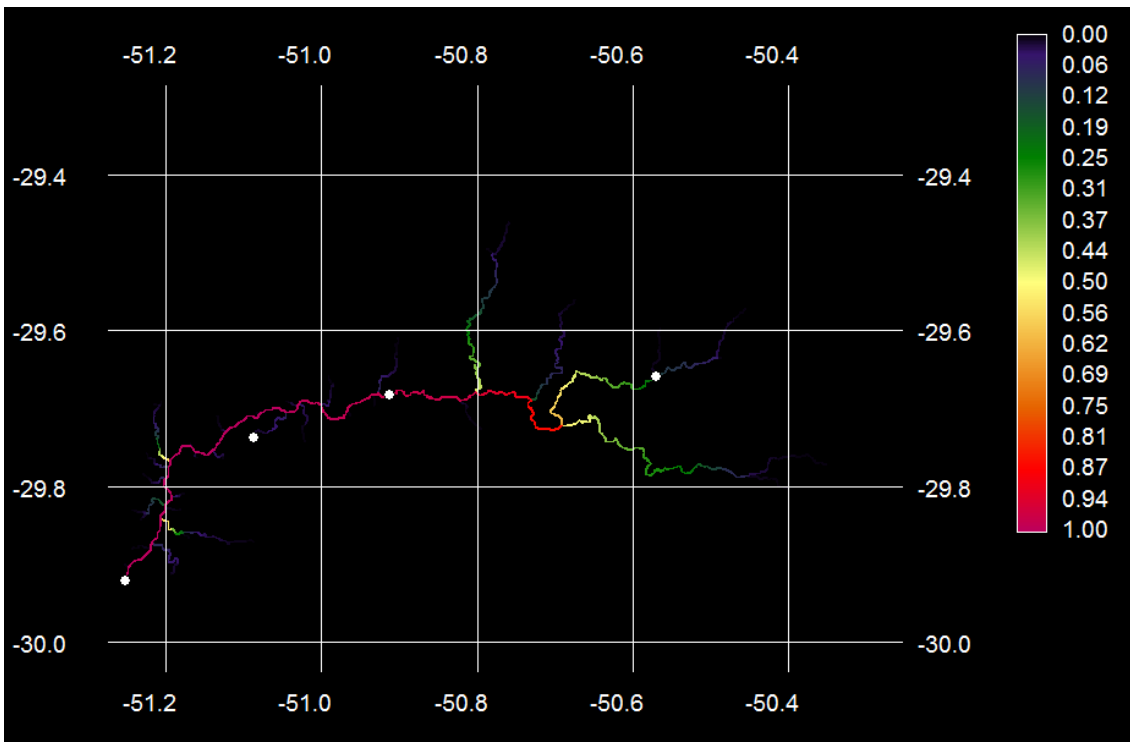
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Cyphocharax voga* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -0,7 - 0,7 \ln \text{Alt} + 0,9 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,47.



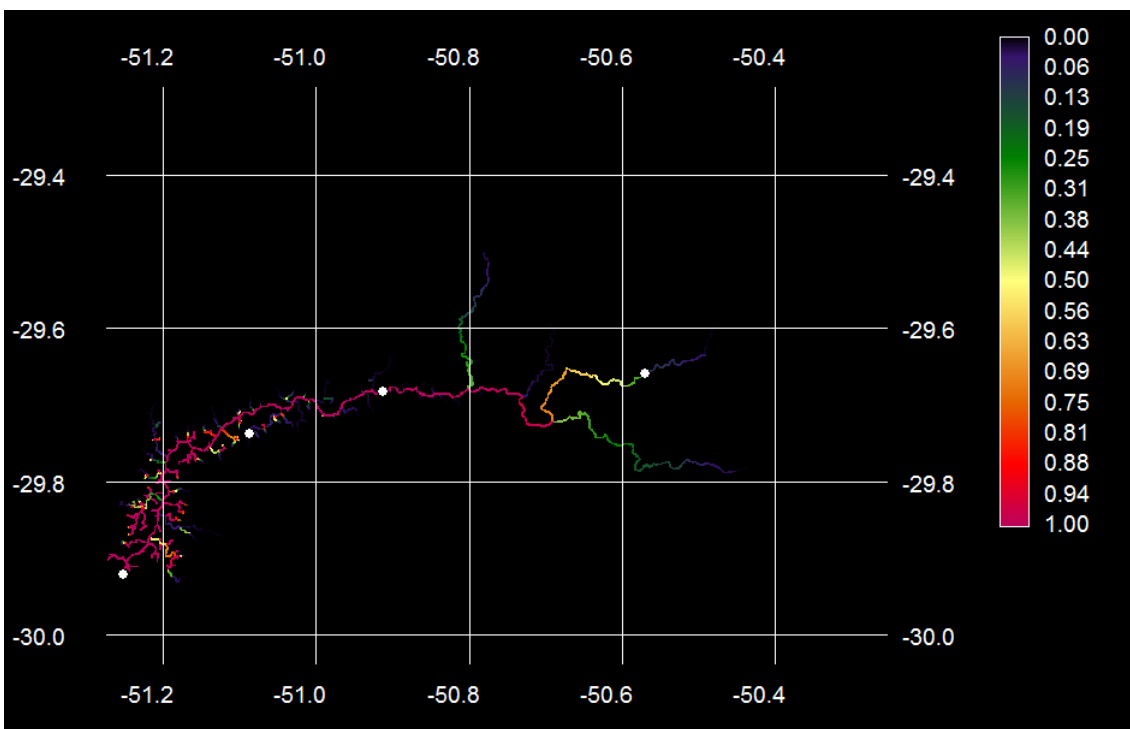
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Cyphocharax voga* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $26,6 + 25,9 \ln \text{Alt} - 10,3 \ln \text{Ab} - 0,5 \ln \text{Alt}^2 + 0,9 \ln \text{Ab}^2 - 1,9 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 70,6 \ln \text{Alt} / \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,37.



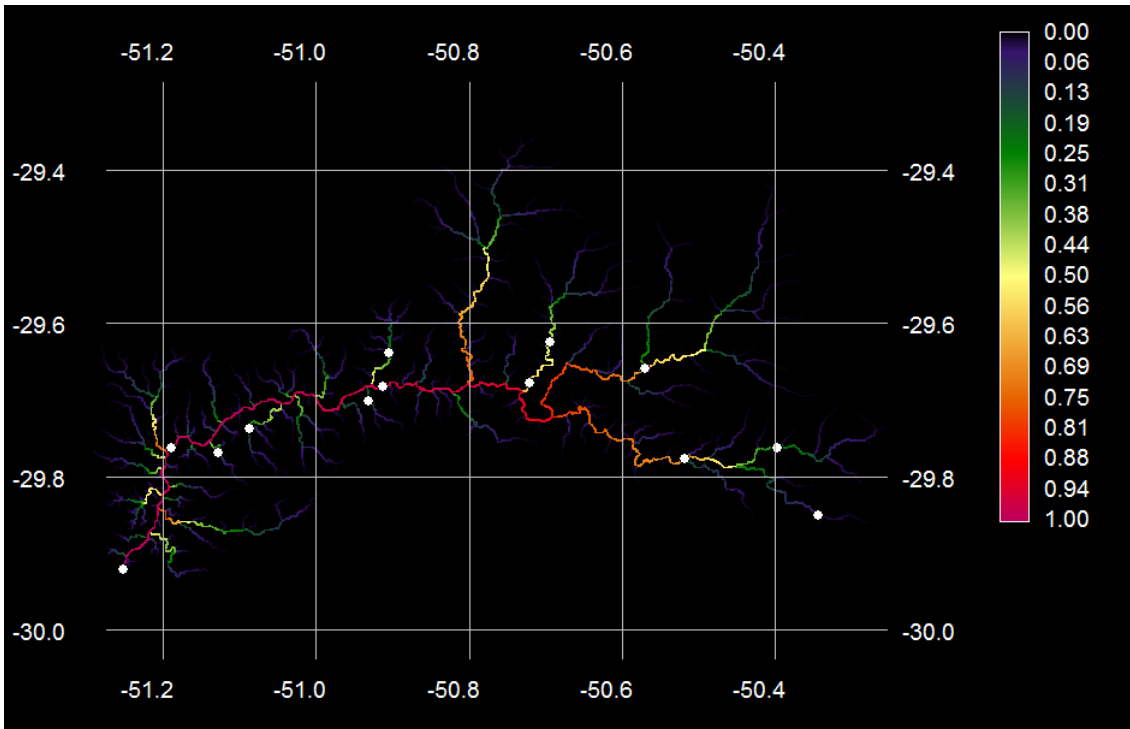
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Diapoma speculiferum* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -13,2 - 1,6 \ln \text{Alt} + 2,0 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,38.



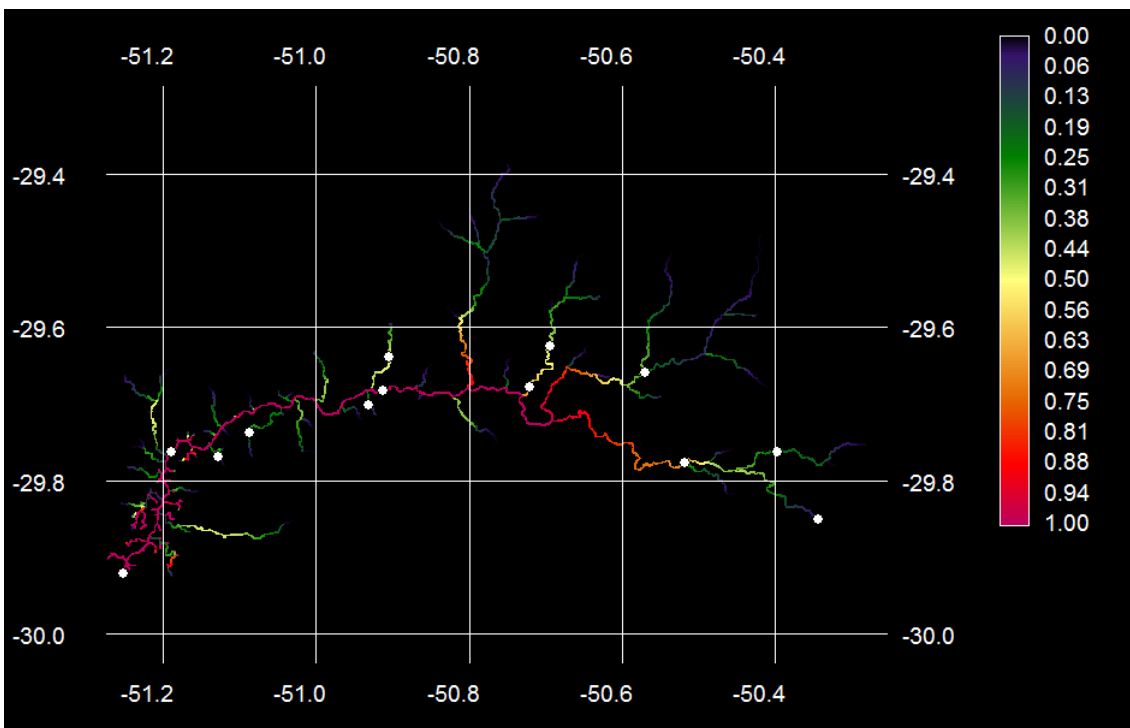
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Diapoma speculiferum* obtido através do modelo de regressão logística de cinco variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $65,9 + 9,0 \ln \text{Alt} - 17,4 \ln \text{Ab} - 0,4 \ln \text{Alt}^2 + 1,1 \ln \text{Ab}^2 - 61,1 \ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,35.



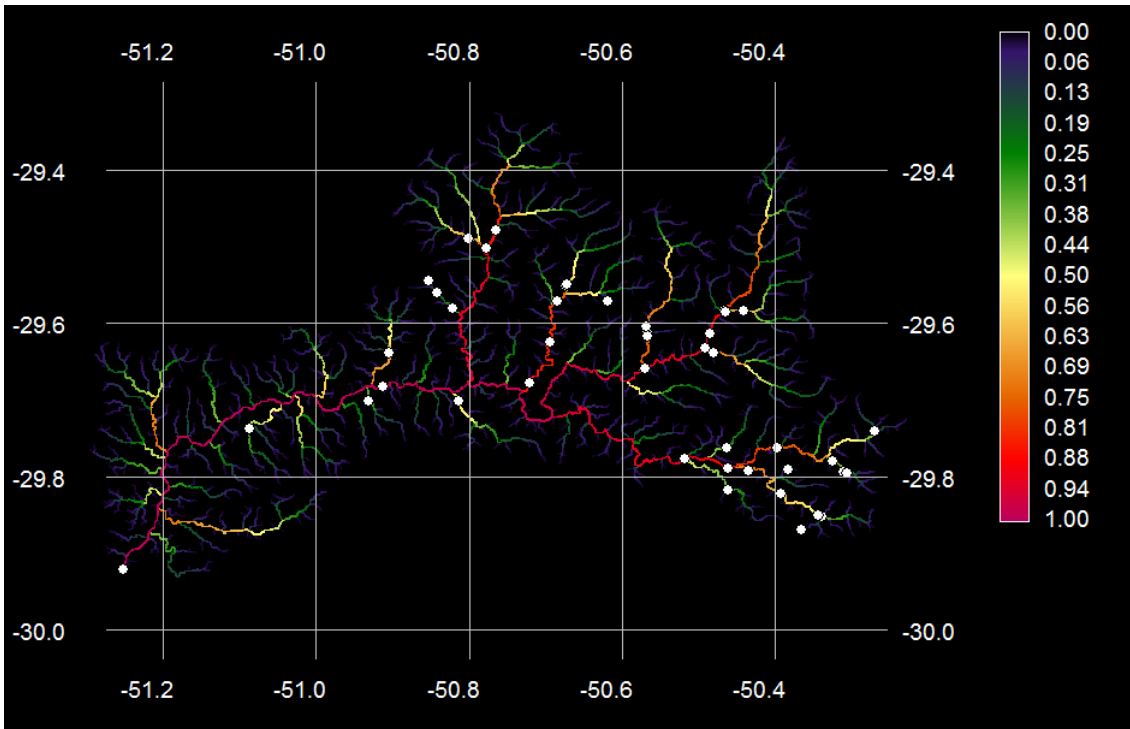
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Geophagus brasiliensis* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -6,1 - 0,8 \ln \text{Alt} + 1,1 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,48.



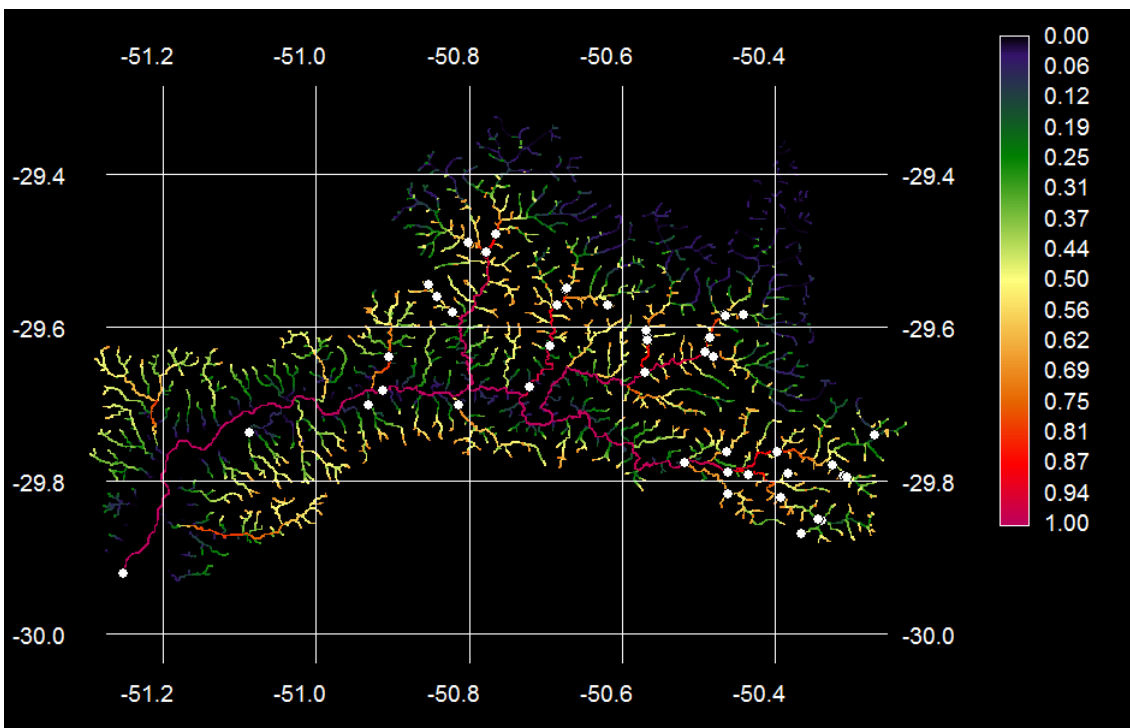
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Geophagus brasiliensis* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $125 + 113 \ln \text{Alt} - 38,6 \ln \text{Ab} - 0,5 \ln \text{Alt}^2 + 2,9 \ln \text{Ab}^2 - 8,1 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 374 \ln \text{Alt} / \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,41.



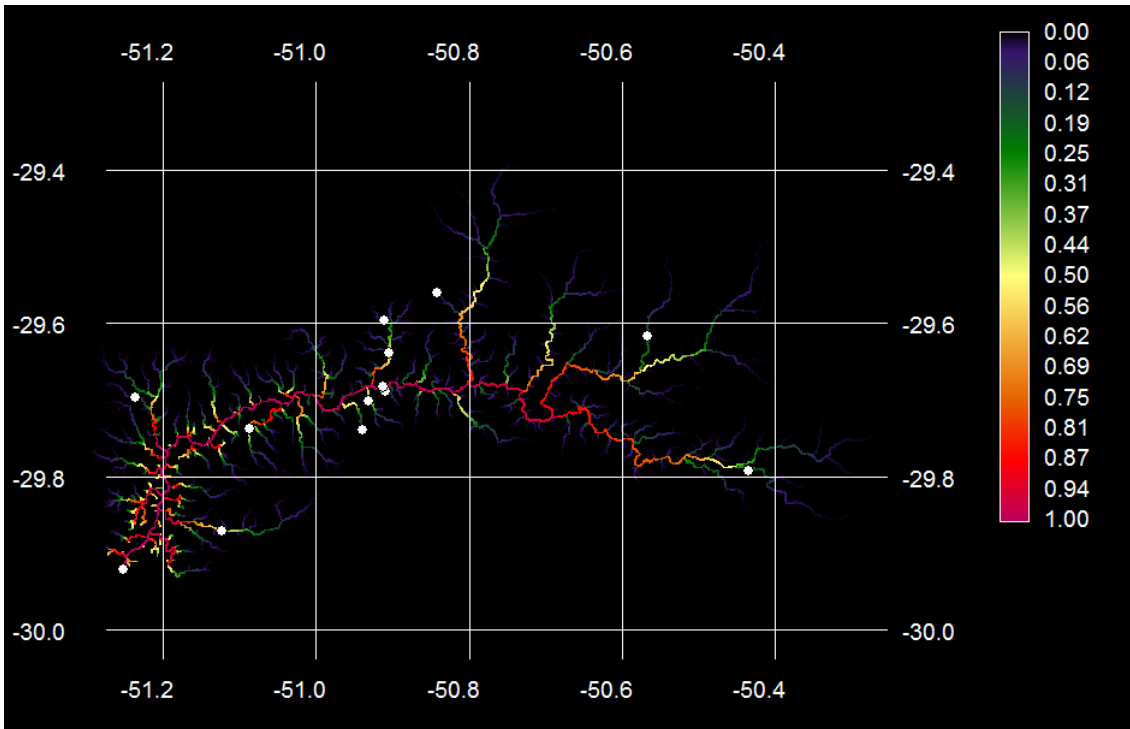
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Gymnogeophagus labiatus* obtido através do modelo de regressão logística de uma variável, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -7,2 + 1,1 \ln Ab$. Ponto de corte = 0,55.



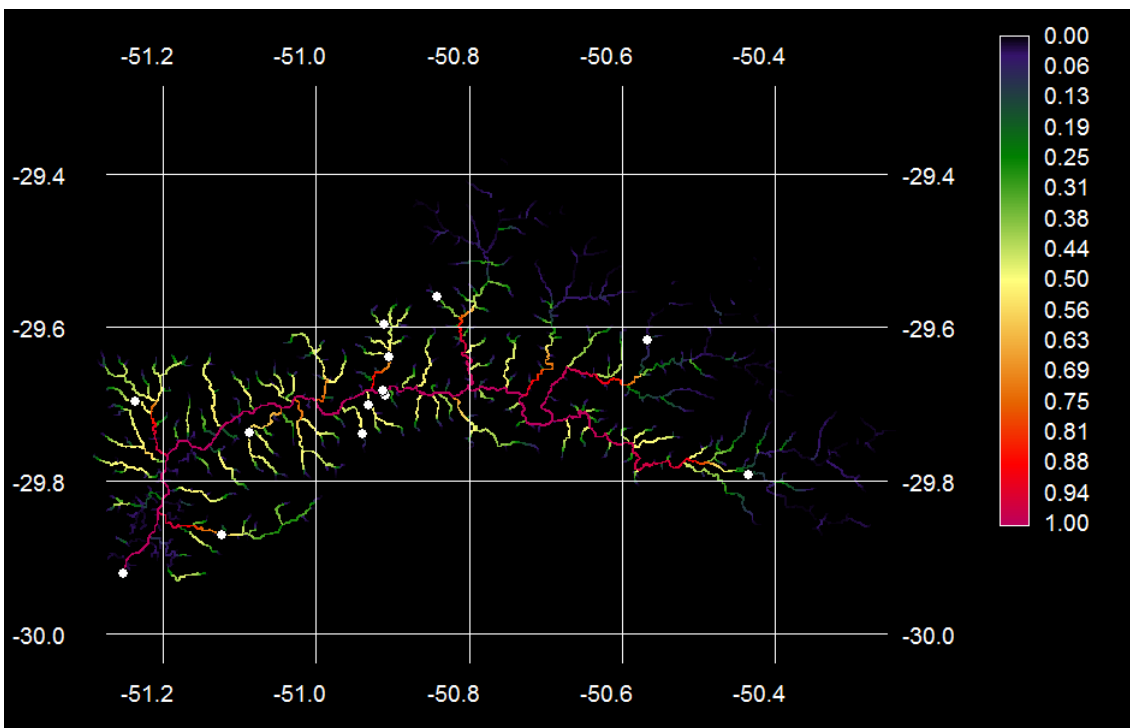
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Gymnogeophagus labiatus* obtido através do modelo de regressão logística de cinco variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -27,6 + 11,3 \ln Alt + 1,7 \ln Ab - 1,0 \ln Alt^2 + 0,1 \ln Ab^2 - 0,7 \ln Alt \times Ab$. Ponto de corte = 0,51.



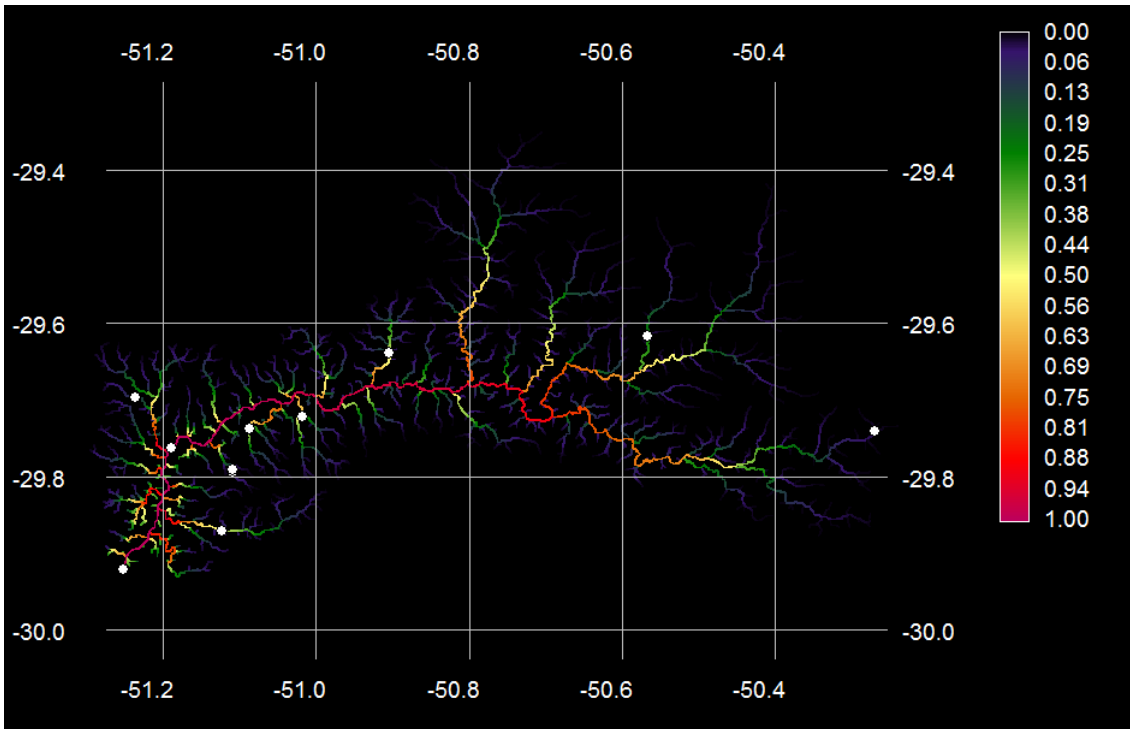
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Gymnogeophagus rhabdotus* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -0,7 - 1,8 \ln \text{Alt} + 0,9 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,53.

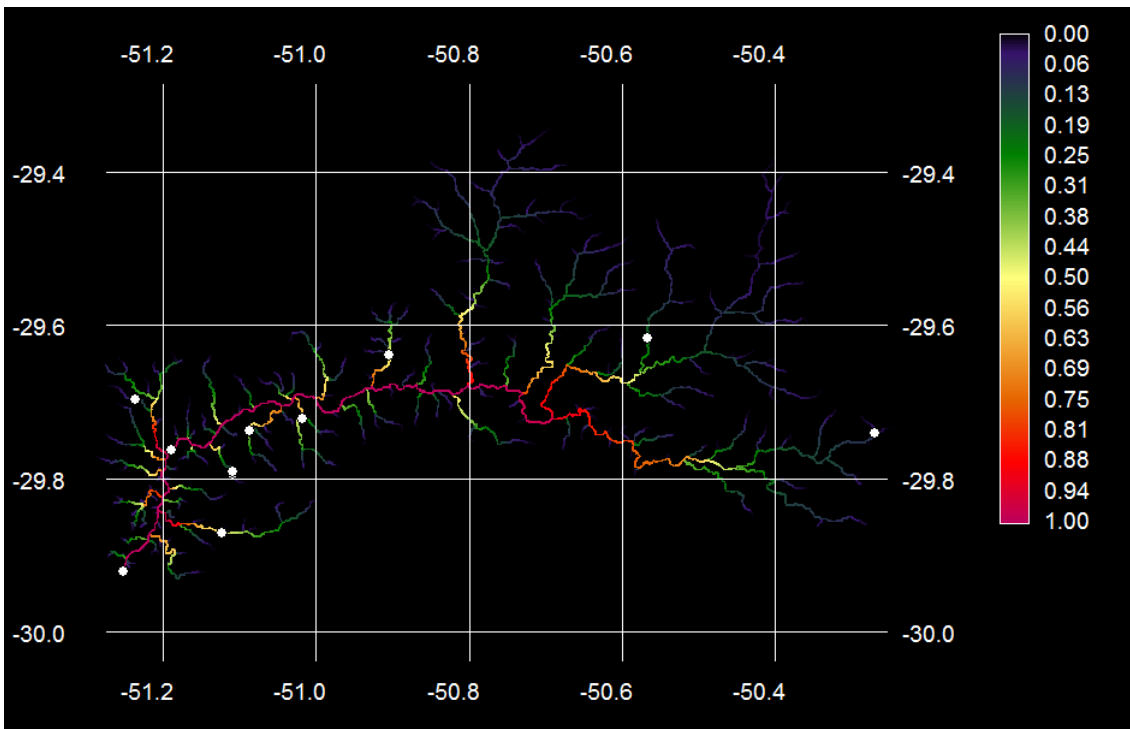


Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Gymnogeophagus rhabdotus* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $15,4 + 32,8 \ln \text{Alt} - 10,2 \ln \text{Ab} - 0,8 \ln \text{Alt}^2 + 1,1 \ln \text{Ab}^2 - 3,0 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 65,4 \ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,47.

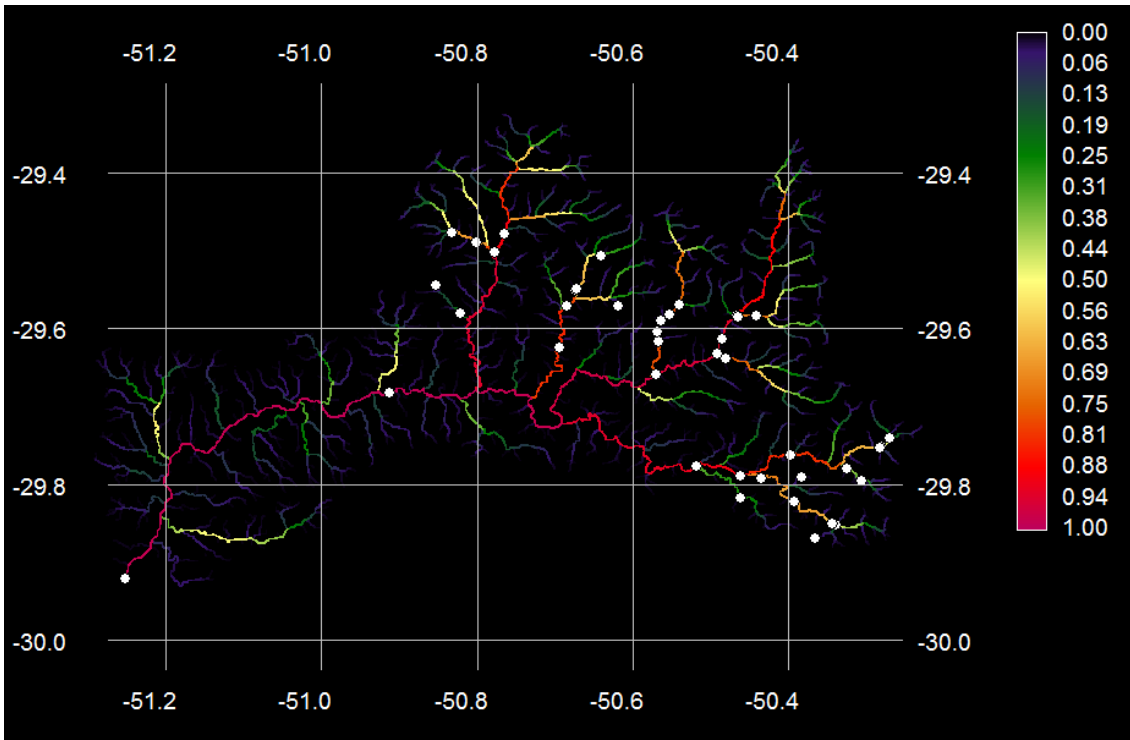


Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Gymnotus carapo* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos. Equação do modelo: $P = -2,0 - 1,1 \ln \text{Alt} + 0,7 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,51.



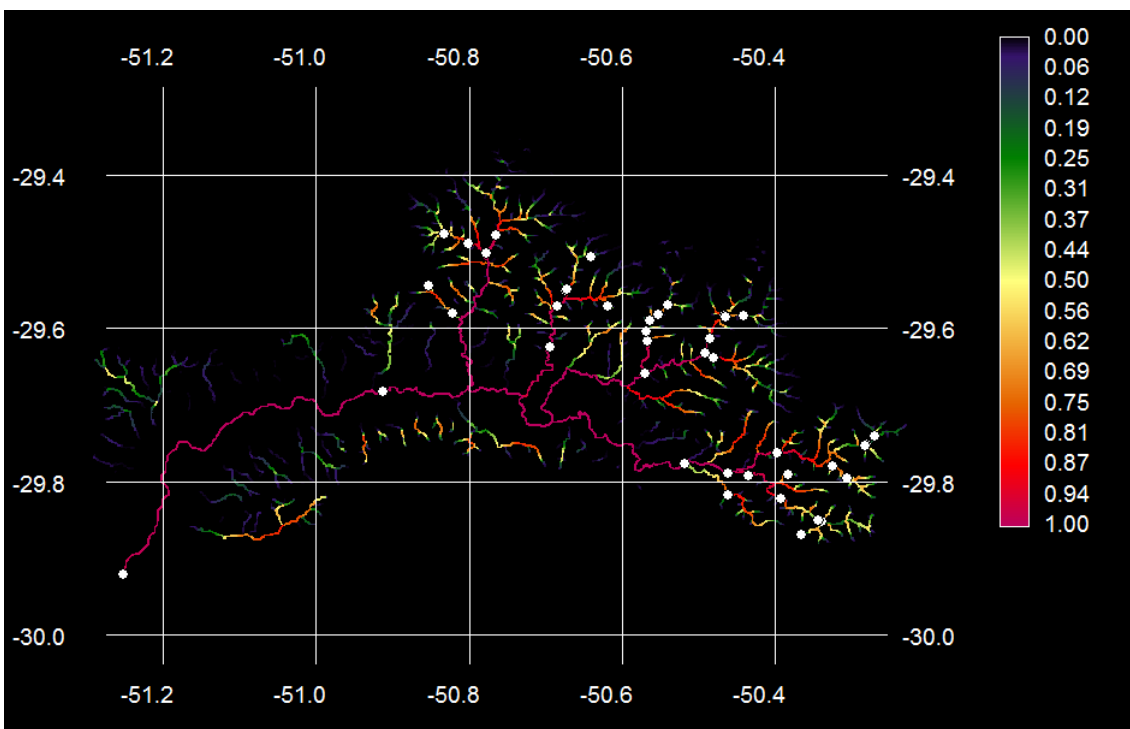
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Gymnotus carapo* obtido através do modelo de regressão logística de cinco variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $5,8 + 16,8 \ln \text{Alt} - 3,3 \ln \text{Ab} + 0,4 \ln \text{Ab}^2 - 1,6 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 46,2 \ln \text{Alt} / \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,41.



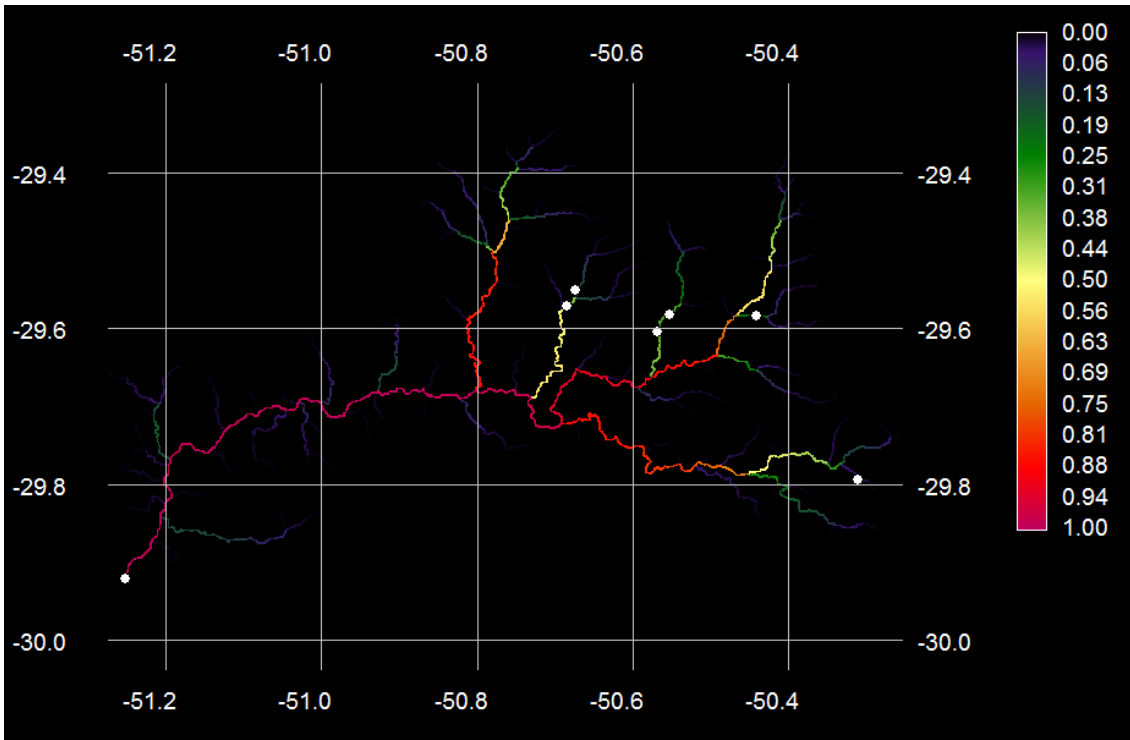
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Hemiancistrus punctulatus* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -11,1 + 0,5 \ln \text{Alt} + 1,4 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,55.

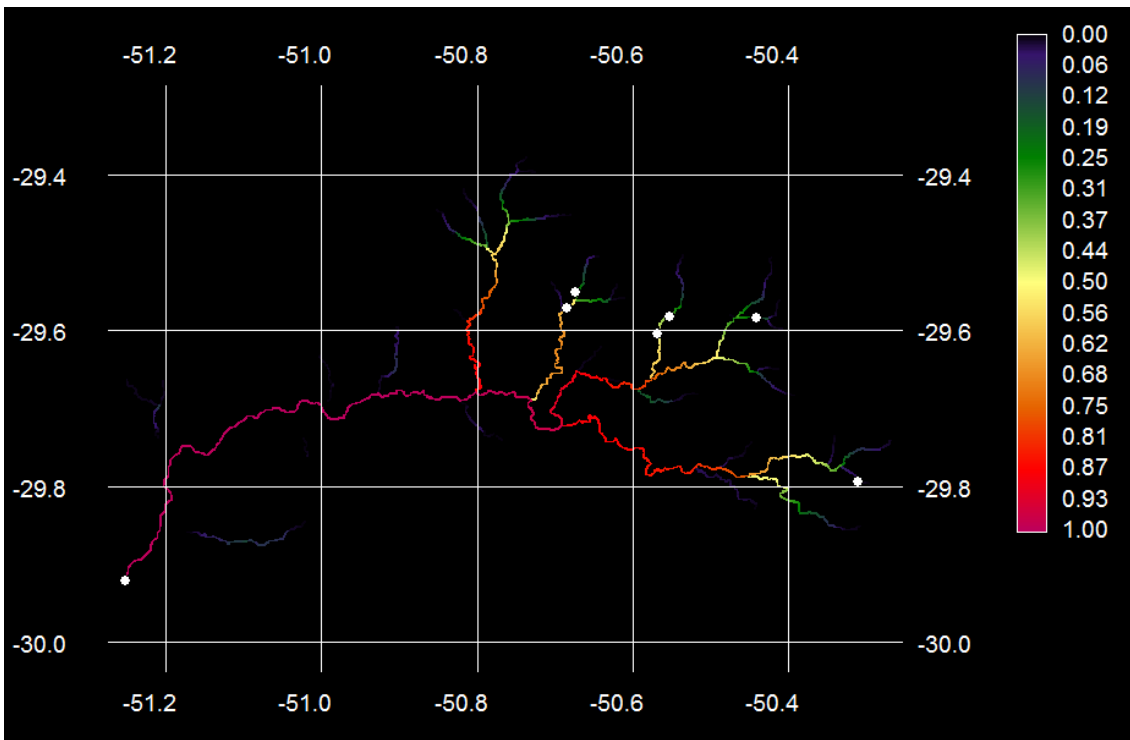


Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Hemiancistrus punctulatus* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -112 + 48,1 \ln \text{Alt} + 7,9 \ln \text{Ab} - 3,5 \ln \text{Alt}^2 + 0,2 \ln \text{Ab}^2 - 2,8 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 15,4 \ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,54.

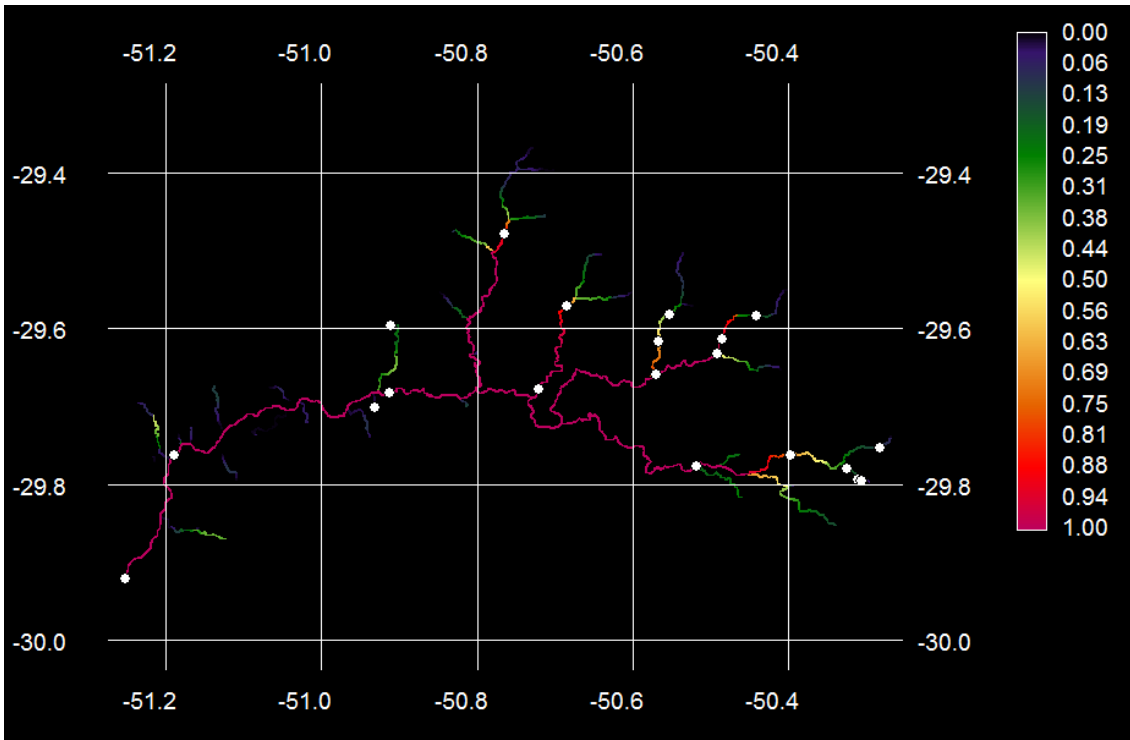


Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Hisonotus armatus* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos. Equação do modelo: $P = -16,3 + 0,3 \ln \text{Alt} + 2,0 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,50.

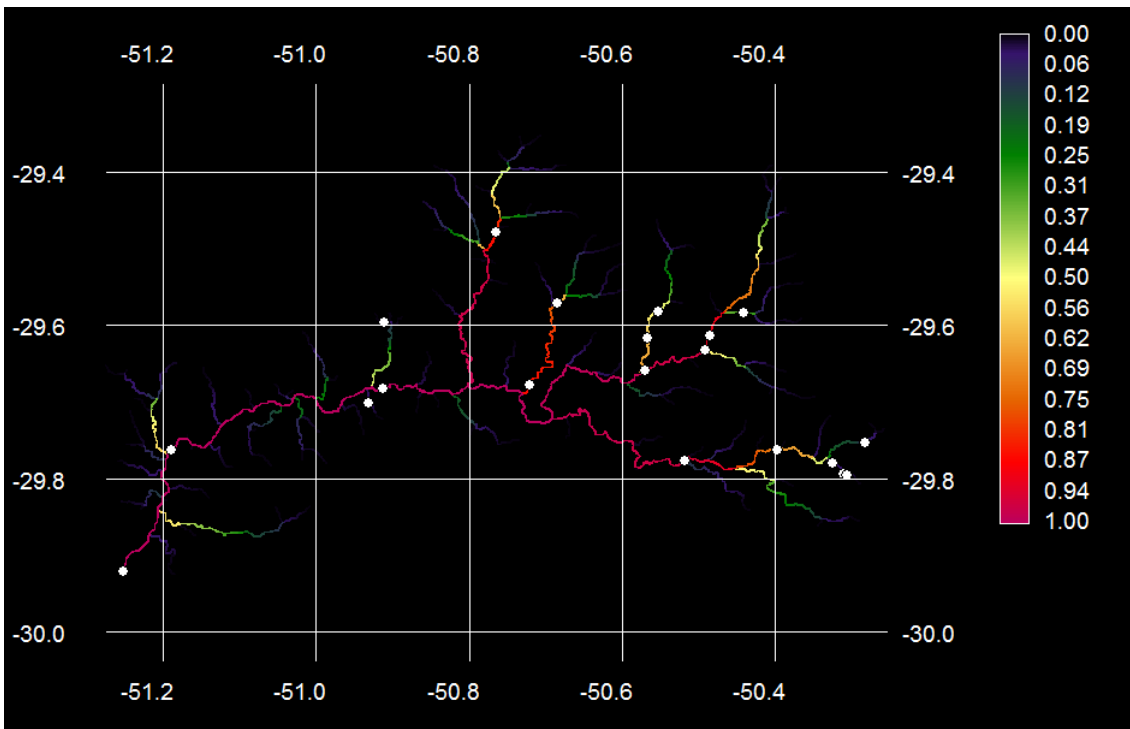


Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Hisonotus armatus* obtido através do modelo de regressão logística de cinco variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -72,9 + 43,0 \ln \text{Alt} + 7,2 \ln \text{Ab} - 1,5 \ln \text{Alt}^2 - 3,0 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 75,7 \ln \text{Alt} / \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,54.

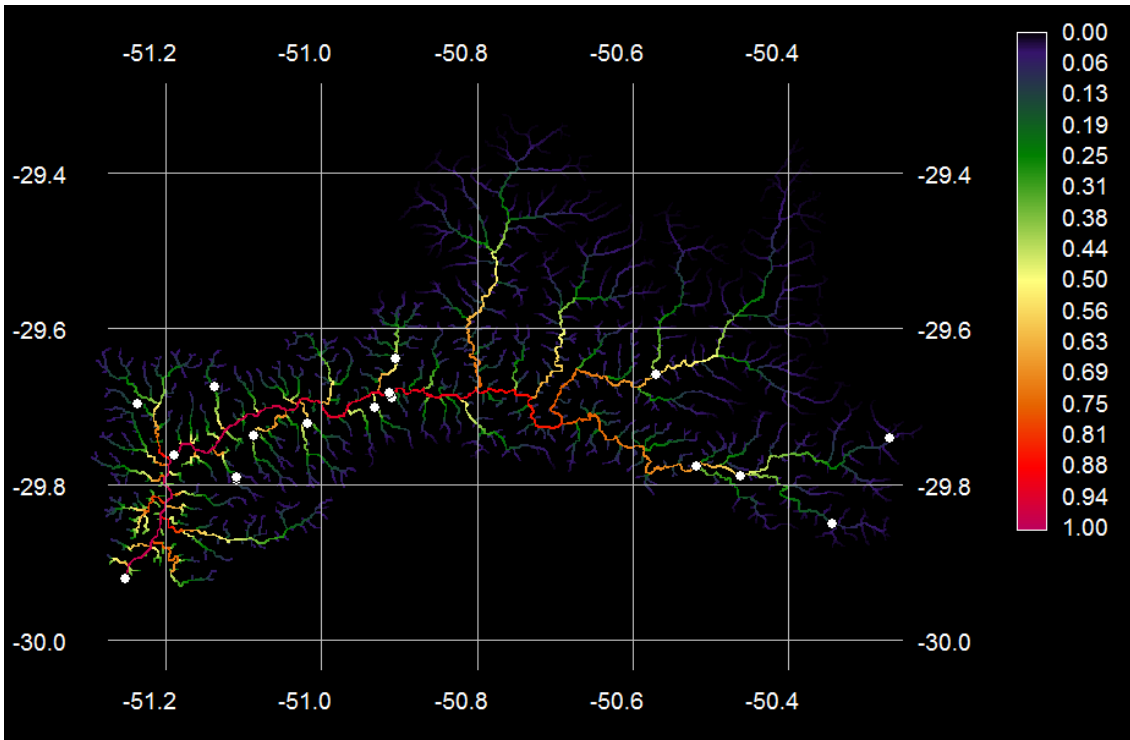


Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Hisonotus nigricauda* obtido através do modelo de regressão logística de uma variável, para toda a bacia do rio dos Sinos. Equação do modelo: $P = -17 + 2,4 \ln Ab$. Ponto de corte = 0,47.



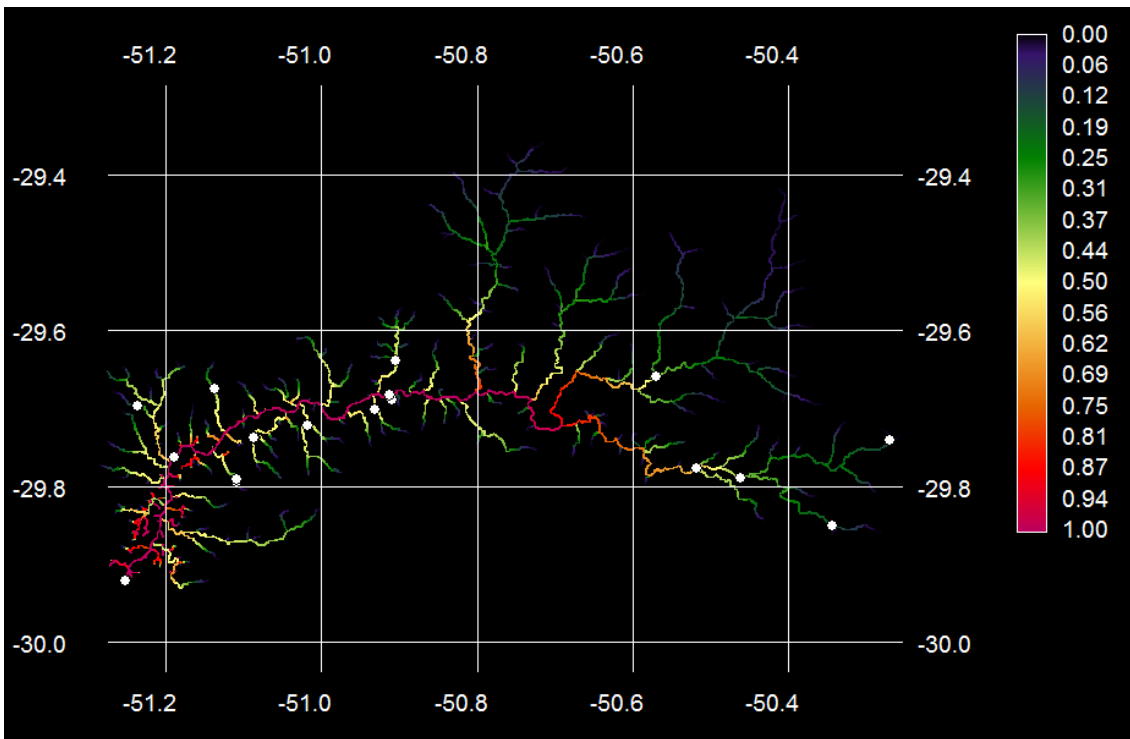
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Hisonotus nigricauda* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $152 + 100 \ln Alt - 55,6 \ln Ab - 0,9 \ln Alt^2 + 4,6 \ln Ab^2 - 7,7 \ln Alt \times Ab - 283 \ln Alt/\ln Ab$. Ponto de corte = 0,34.



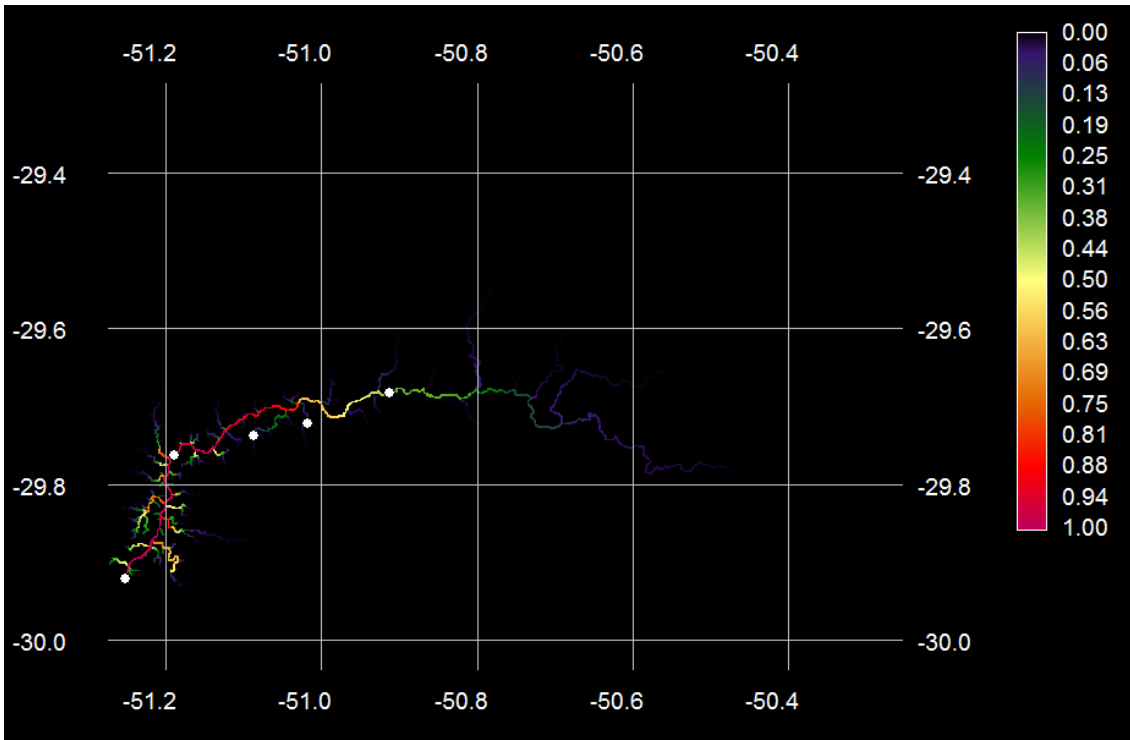
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Hoplias malabaricus* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -1,6 - 0,8 \ln \text{Alt} + 0,6 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,51.



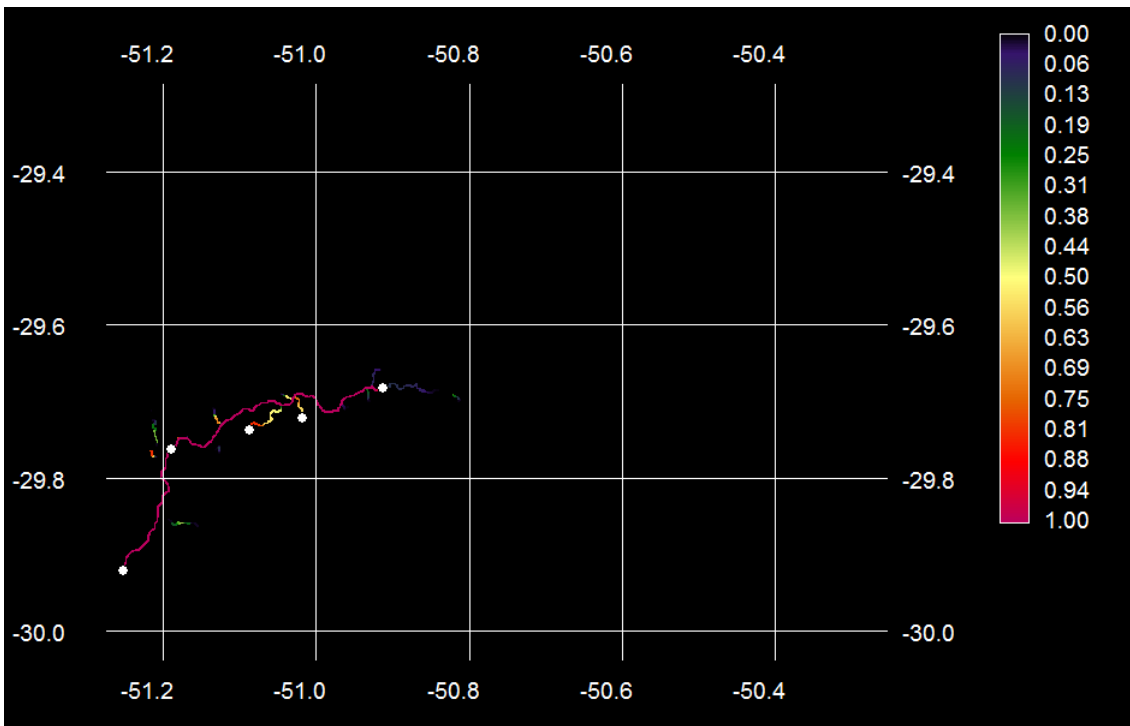
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Hoplias malabaricus* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $37,0 + 27,9 \ln \text{Alt} - 12,0 \ln \text{Ab} - 0,2 \ln \text{Alt}^2 + 1,0 \ln \text{Ab}^2 - 2,2 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 84,8 \ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,46.



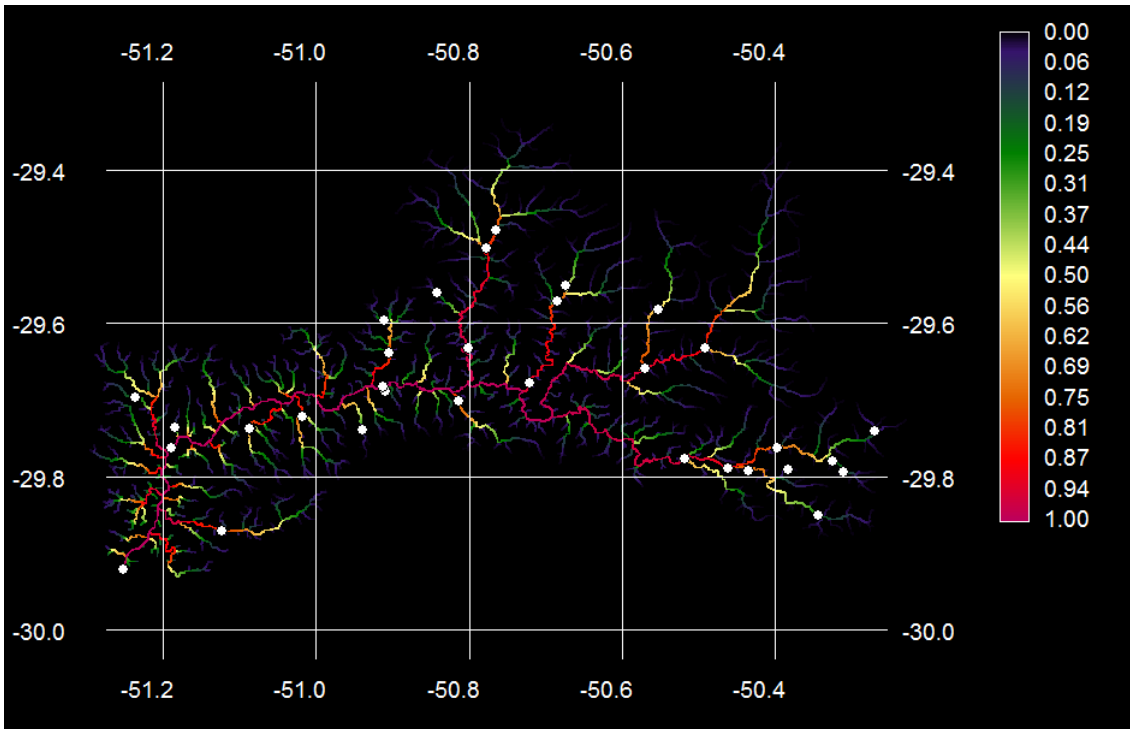
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Hoplosternum littorale* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -1,5 - 2,6 \ln \text{Alt} + 0,7 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,35.



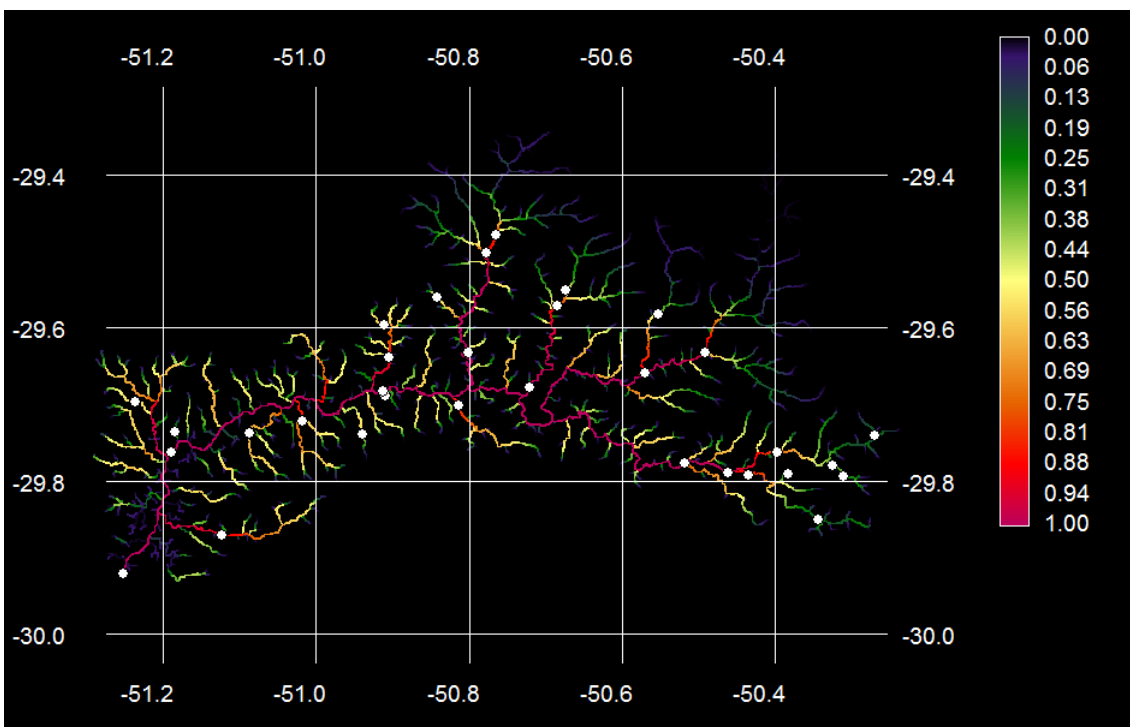
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Hoplosternum littorale* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $528 + 826 \ln \text{Alt} - 179 \ln \text{Ab} - 11,6 \ln \text{Alt}^2 + 14,0 \ln \text{Ab}^2 - 61,5 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 2478 \ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,48.



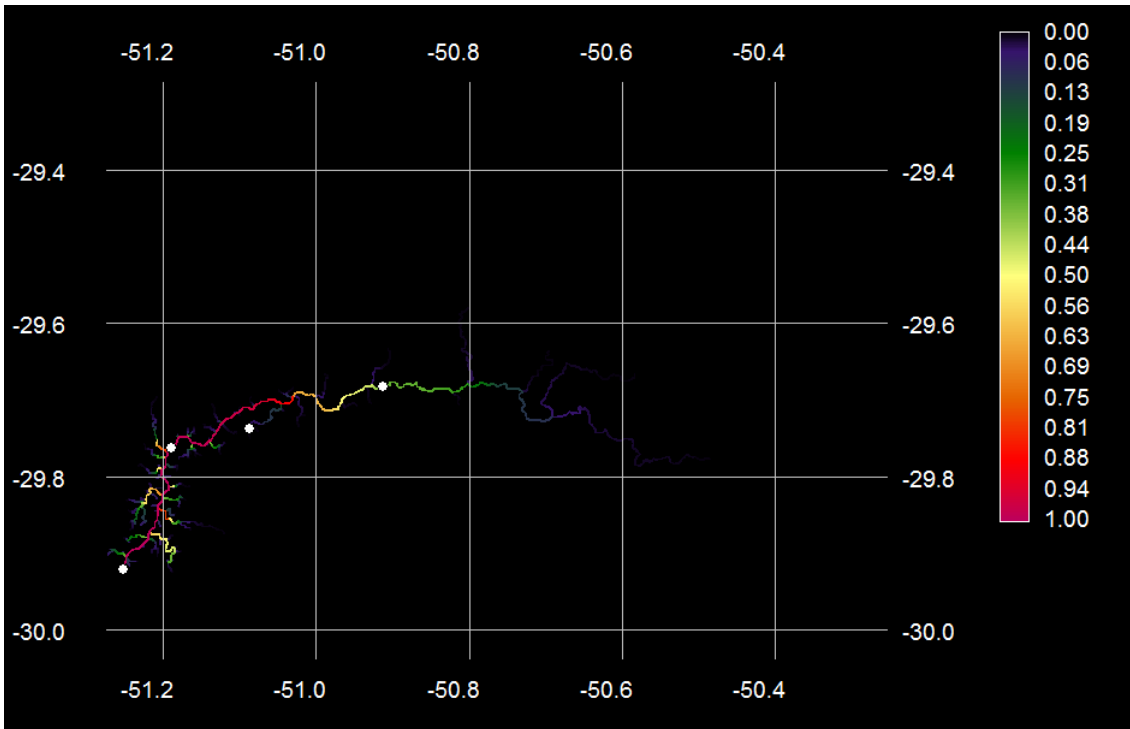
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Hyphessobrycon luetkenii* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -3,6 - 0,9 \ln \text{Alt} + 1,1 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,52.



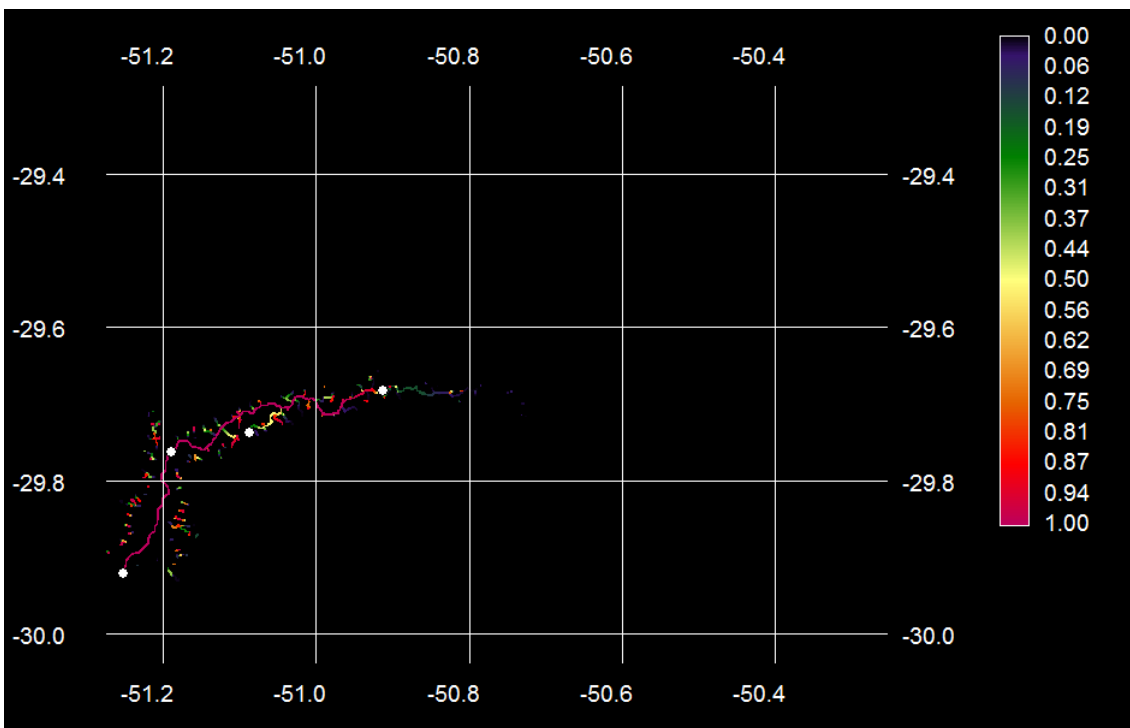
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Hyphessobrycon luetkenii* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $13,5 + 22,8 \ln \text{Alt} - 9,2 \ln \text{Ab} - 0,5 \ln \text{Alt}^2 + 1,1 \ln \text{Ab}^2 - 2,1 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 44,1 \ln \text{Alt} / \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,51.



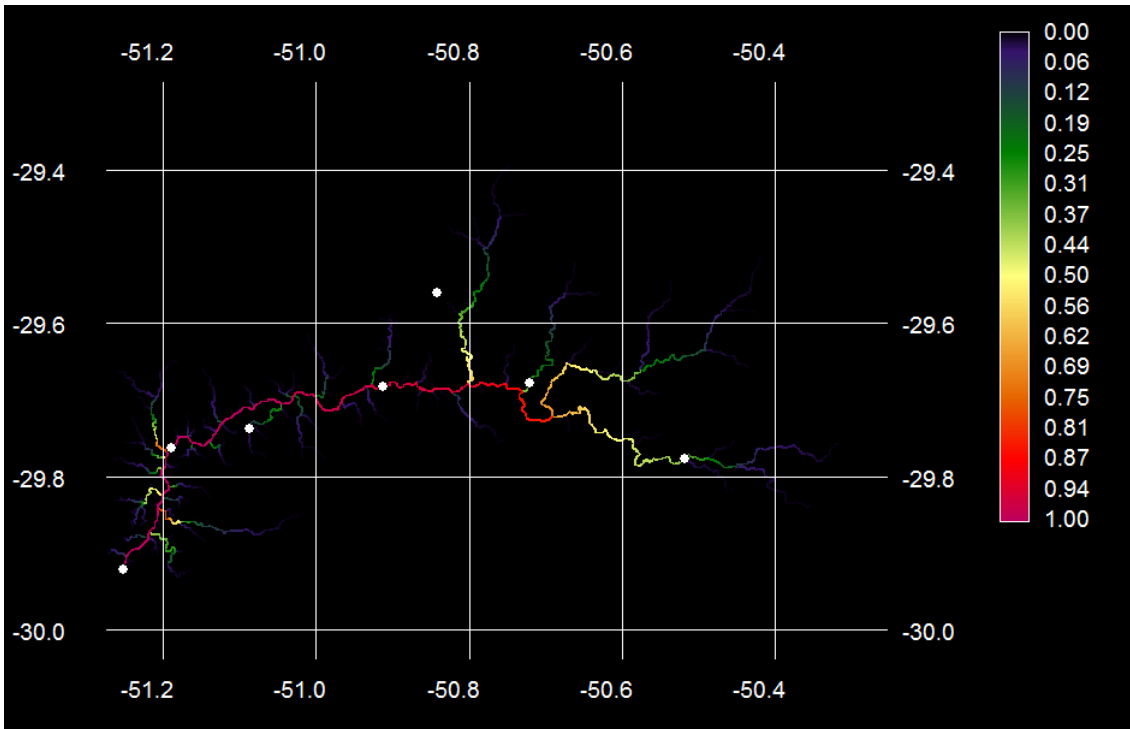
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Hypostomus aspilogaster* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -3,3 - 2,9 \ln \text{Alt} + 0,9 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,35.



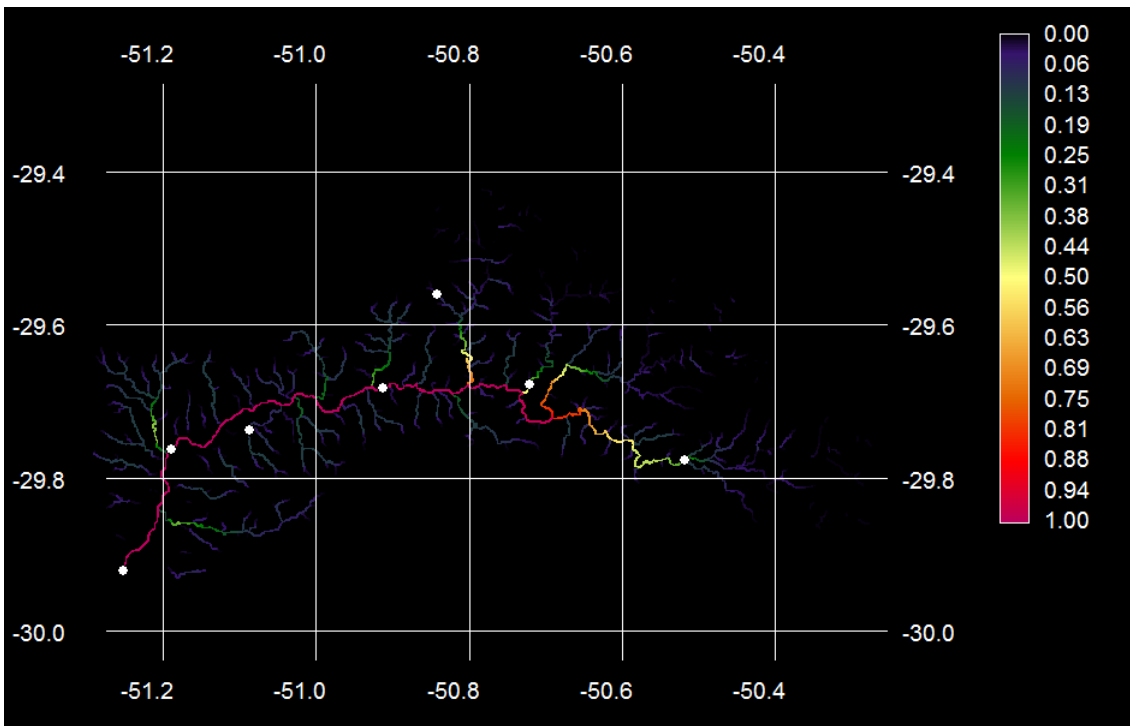
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Hypostomus aspilogaster* obtido através do modelo de regressão logística de quatro variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -66,9 + 75,4 \ln \text{Alt} - 17,1 \ln \text{Alt}^2 + 0,5 \ln \text{Ab}^2 - 2,9 \ln \text{Alt} / \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,40.



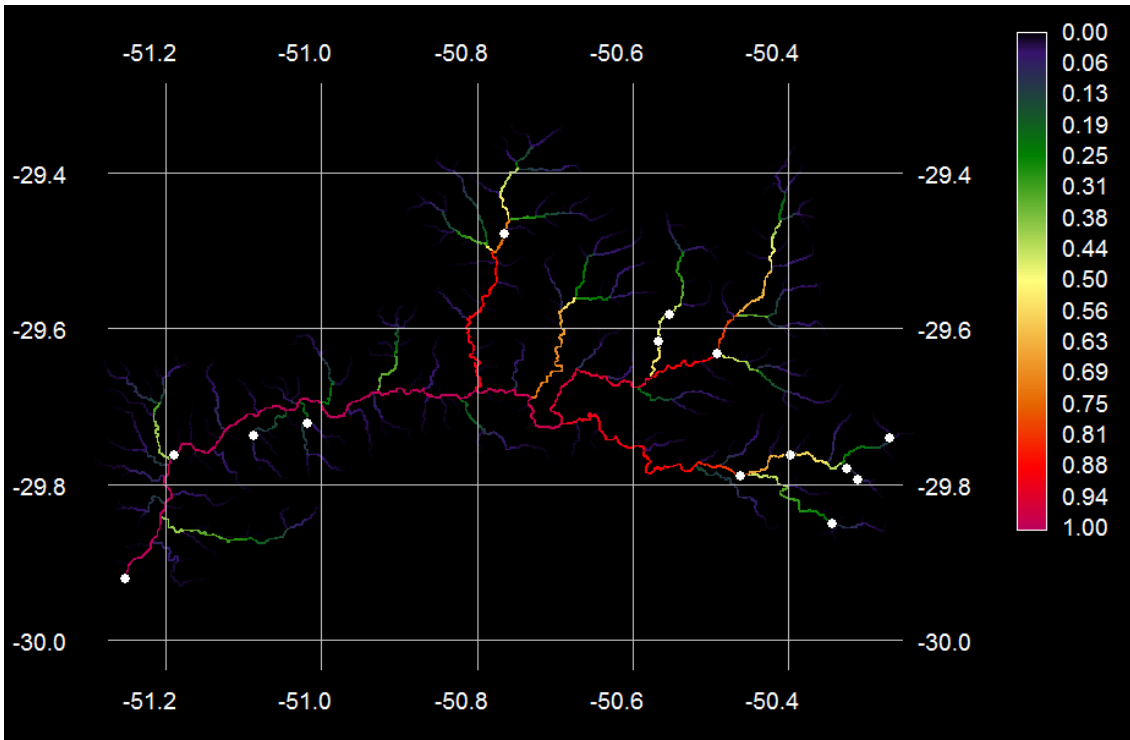
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Loricariichthys anus* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -7,3 - 1,4 \ln \text{Alt} + 1,3 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,43.



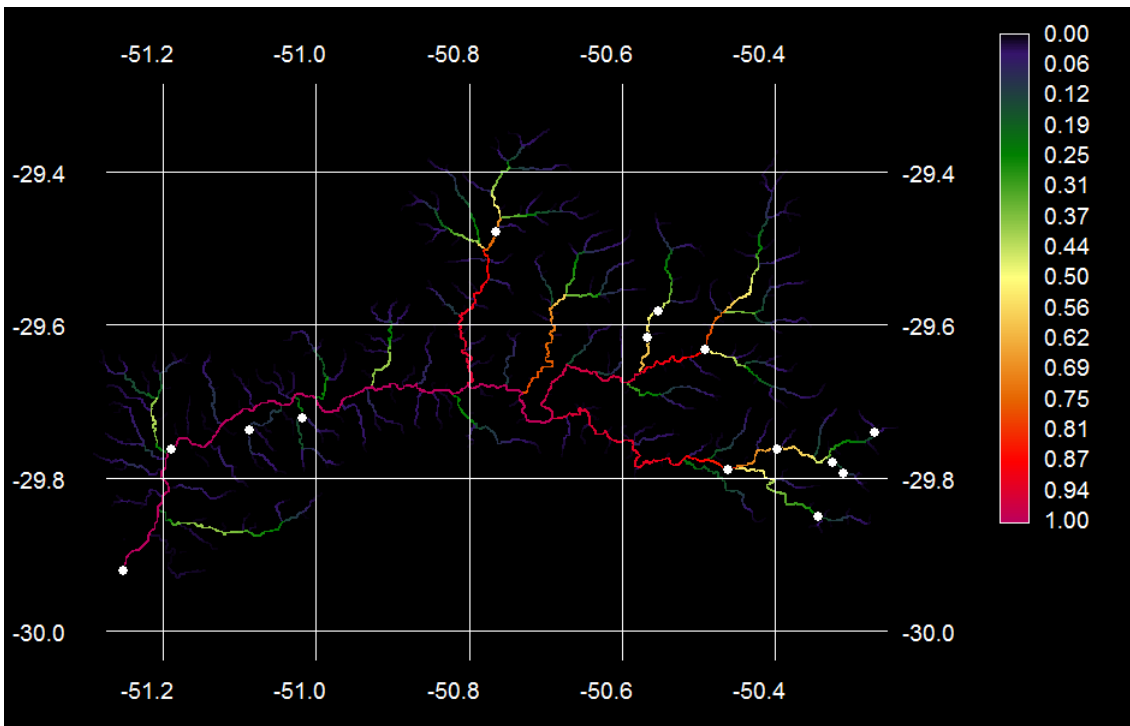
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Loricariichthys anus* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -10,9 + 26,0 \ln \text{Alt} - 3,4 \ln \text{Ab} - 1,0 \ln \text{Alt}^2 + 0,6 \ln \text{Ab}^2 - 2,3 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 38,9 \ln \text{Alt} / \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,39.



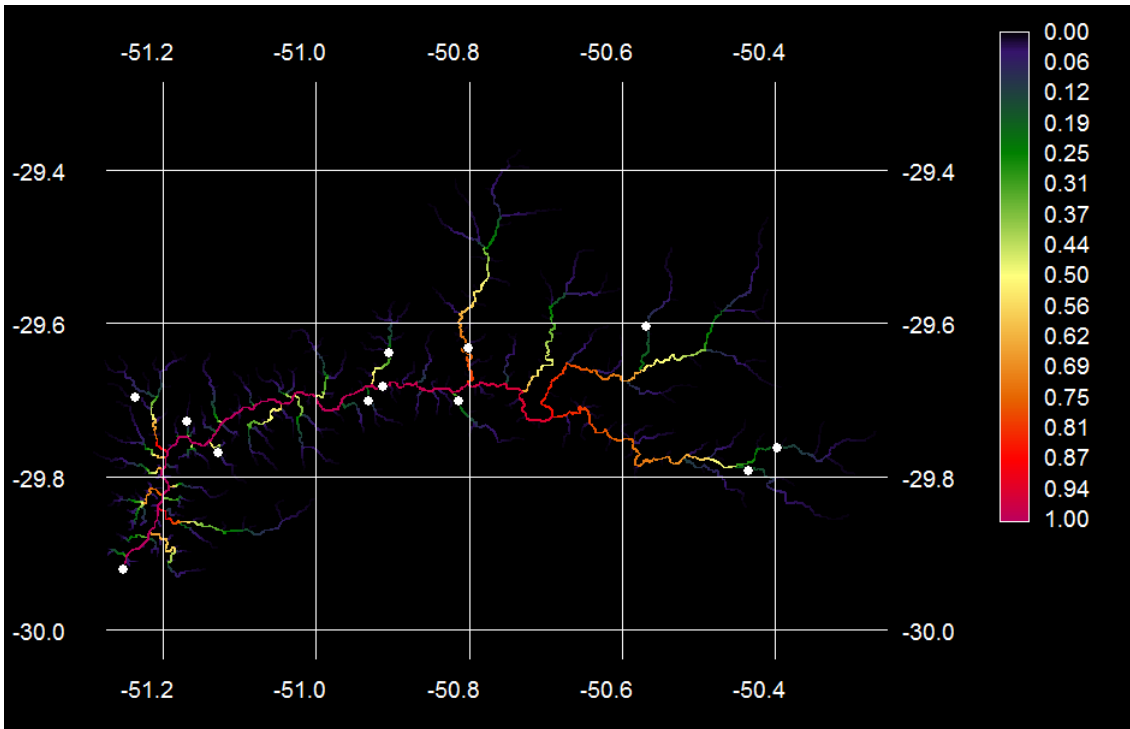
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Microglanis cottoides* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -12,11 + 1,1 \ln \text{Alt} + 1,6 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,44.



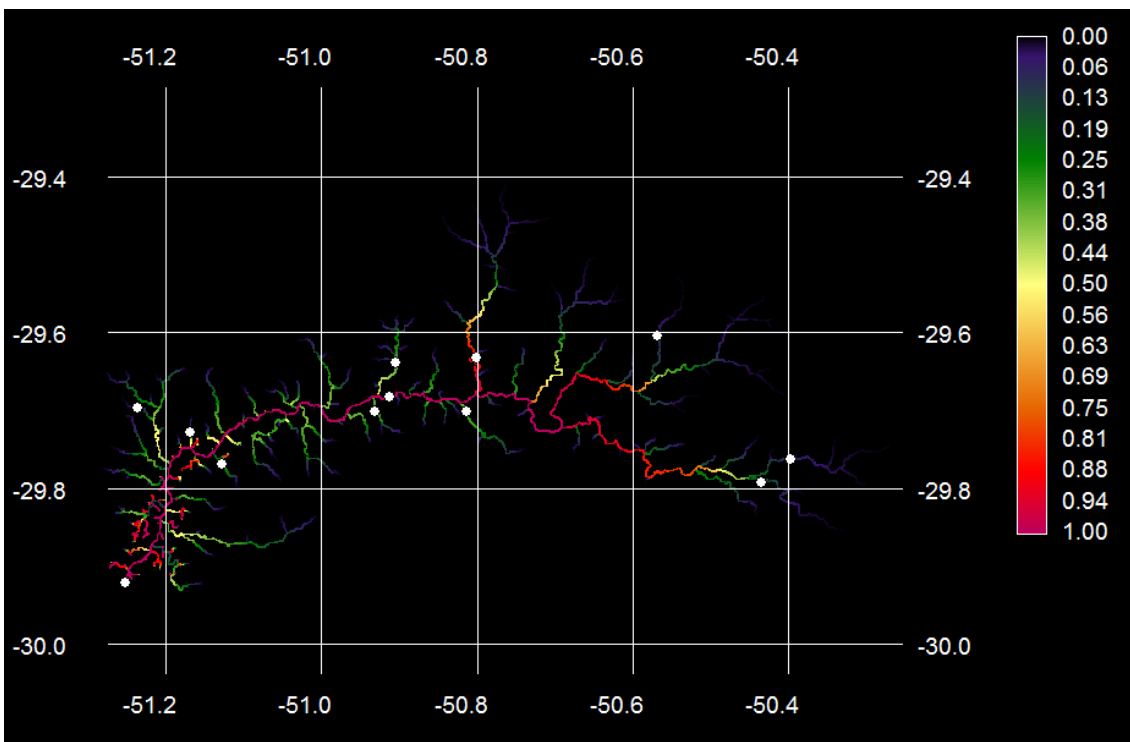
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Microglanis cottoides* obtido através do modelo de regressão logística de cinco variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -10,7 + 6,1 \ln \text{Alt} - 0,2 \ln \text{Alt}^2 + 0,2 \ln \text{Ab}^2 - 0,5 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 10,4 \ln \text{Alt} / \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,41.



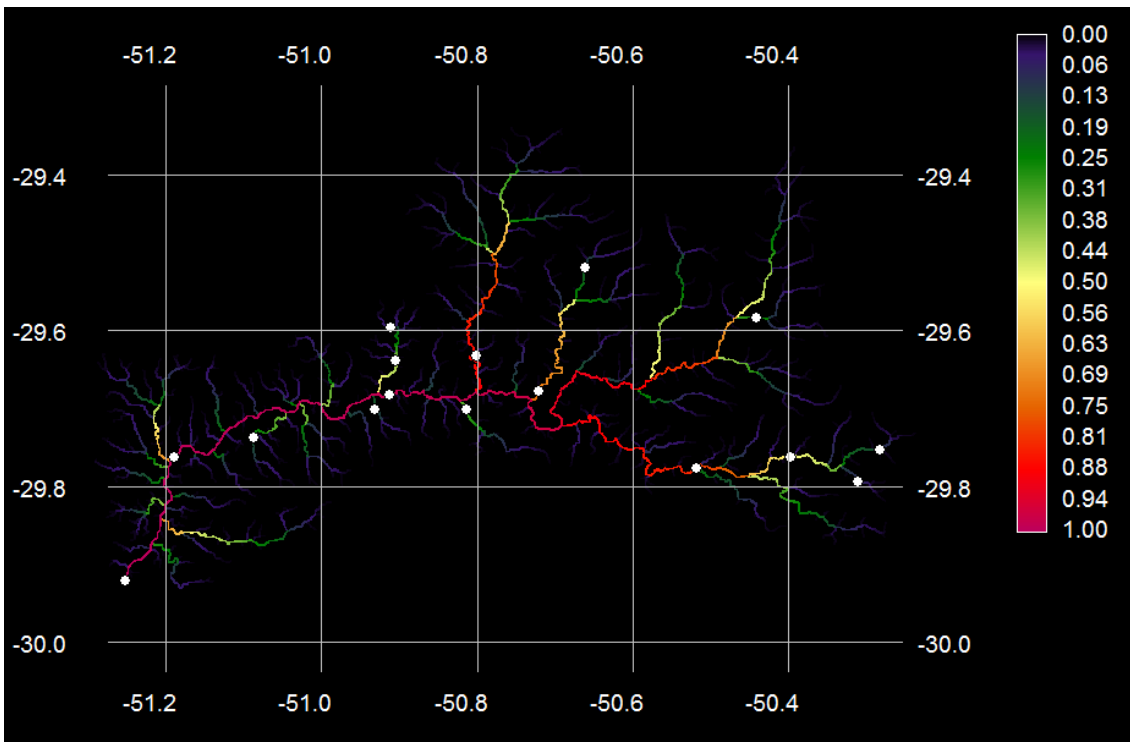
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Mimagoniates inequalis* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -5,6 - 1,2 \ln \text{Alt} + 1,2 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,49.



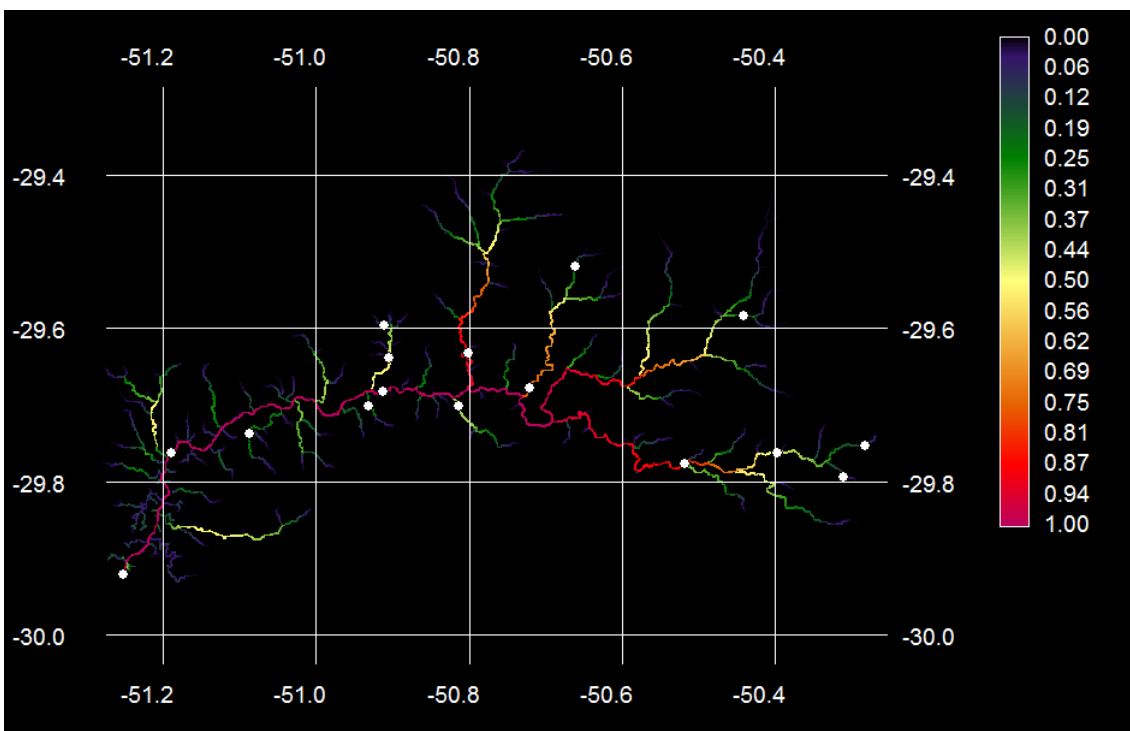
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Mimagoniates inequalis* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $52,1 + 39,3 \ln \text{Alt} - 17,9 \ln \text{Ab} - 0,5 \ln \text{Alt}^2 + 1,5 \ln \text{Ab}^2 - 3,0 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 115 \ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,38.



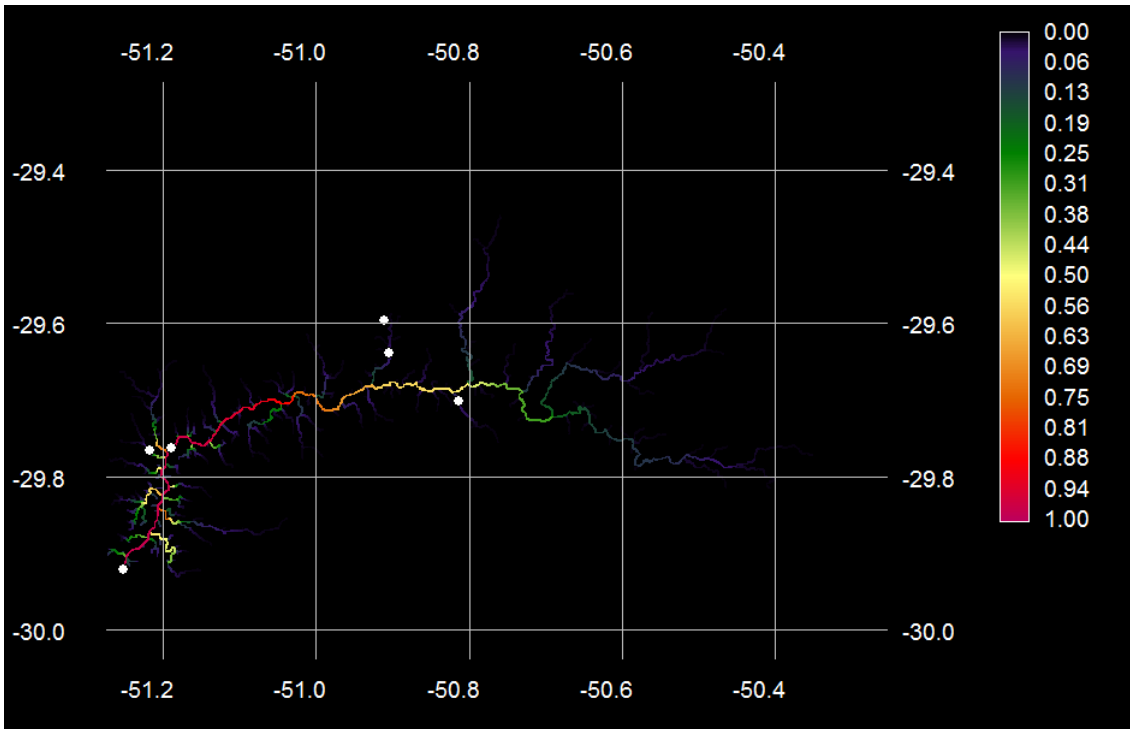
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Oligosarcus robustus* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -8,3 - 0,3 \ln \text{Alt} + 1,3 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,46.



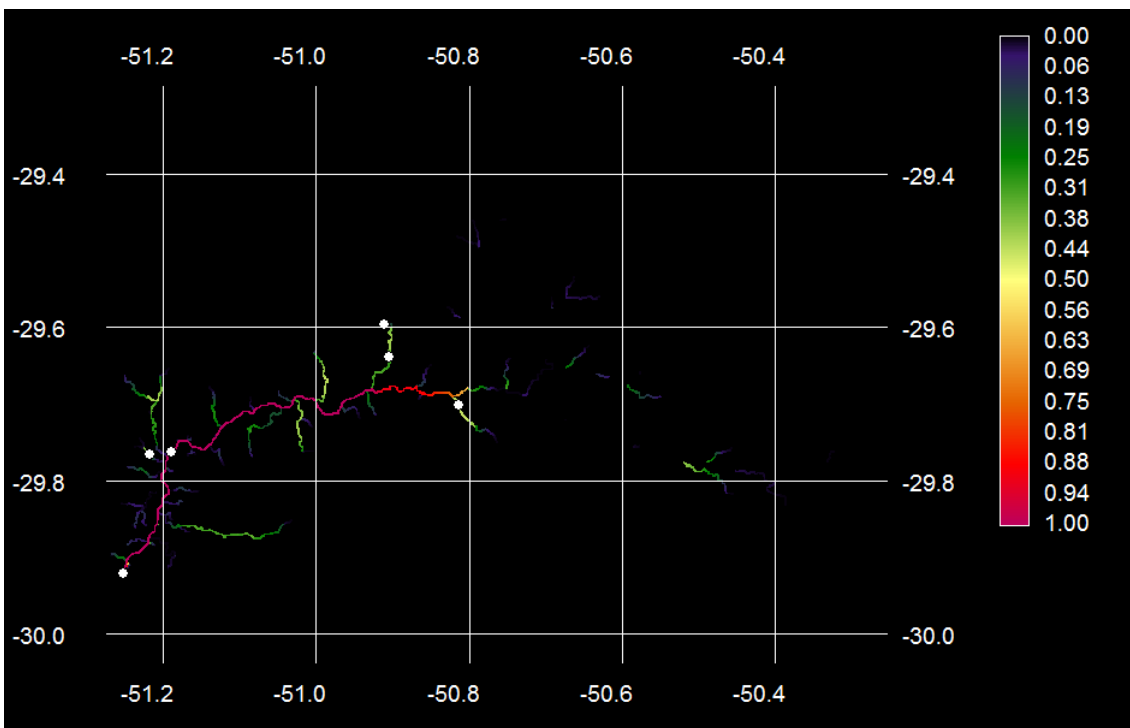
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Oligosarcus robustus* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $22,9 + 28,0 \ln \text{Alt} - 9,4 \ln \text{Ab} - 0,4 \ln \text{Alt}^2 + 0,8 \ln \text{Ab}^2 - 2,0 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 81,0 \ln \text{Alt} / \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,45.



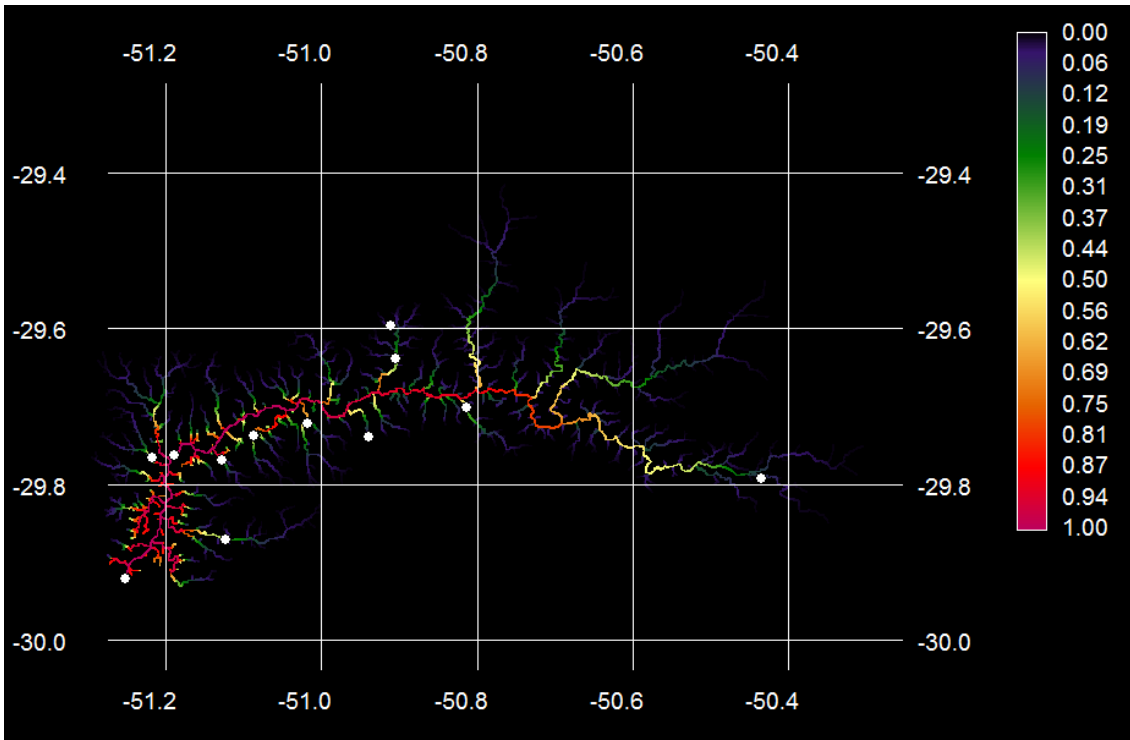
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Otocinclus flexilis* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -2,9 - 1,8 \ln \text{Alt} + 0,7 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,36.



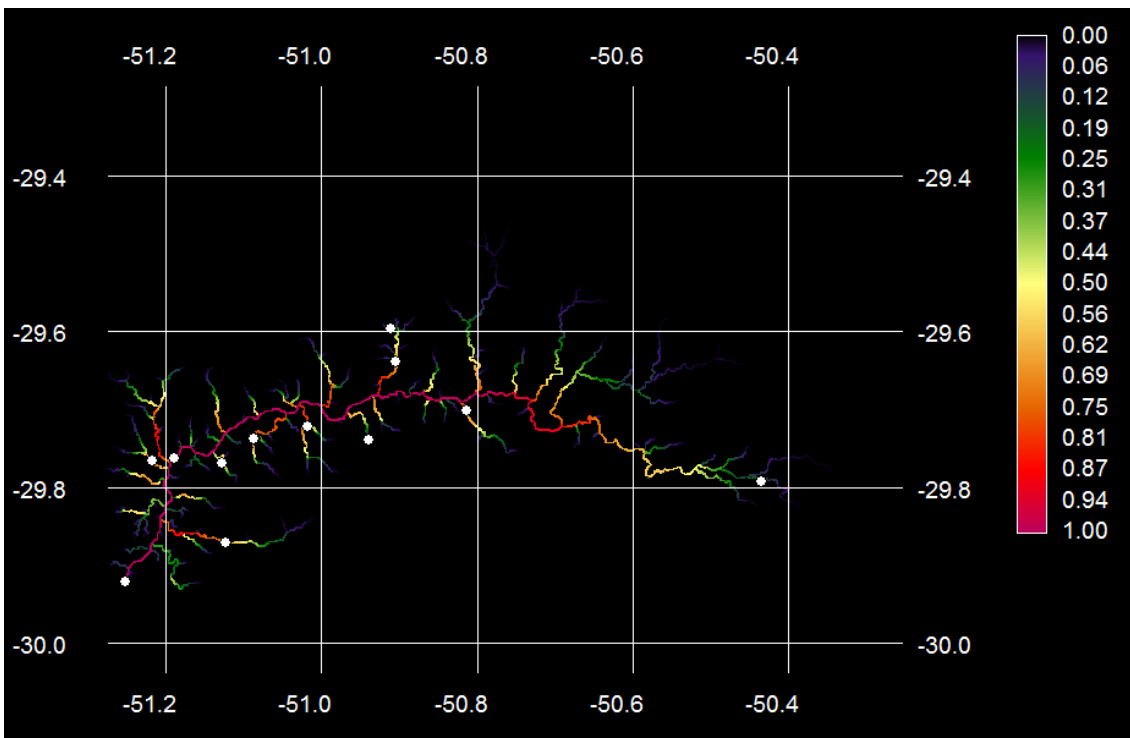
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Otocinclus flexilis* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $112 + 179 \ln \text{Alt} - 38,9 \ln \text{Ab} - 1,3 \ln \text{Alt}^2 + 3,1 \ln \text{Ab}^2 - 13,6 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 540 \ln \text{Alt} / \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,31.



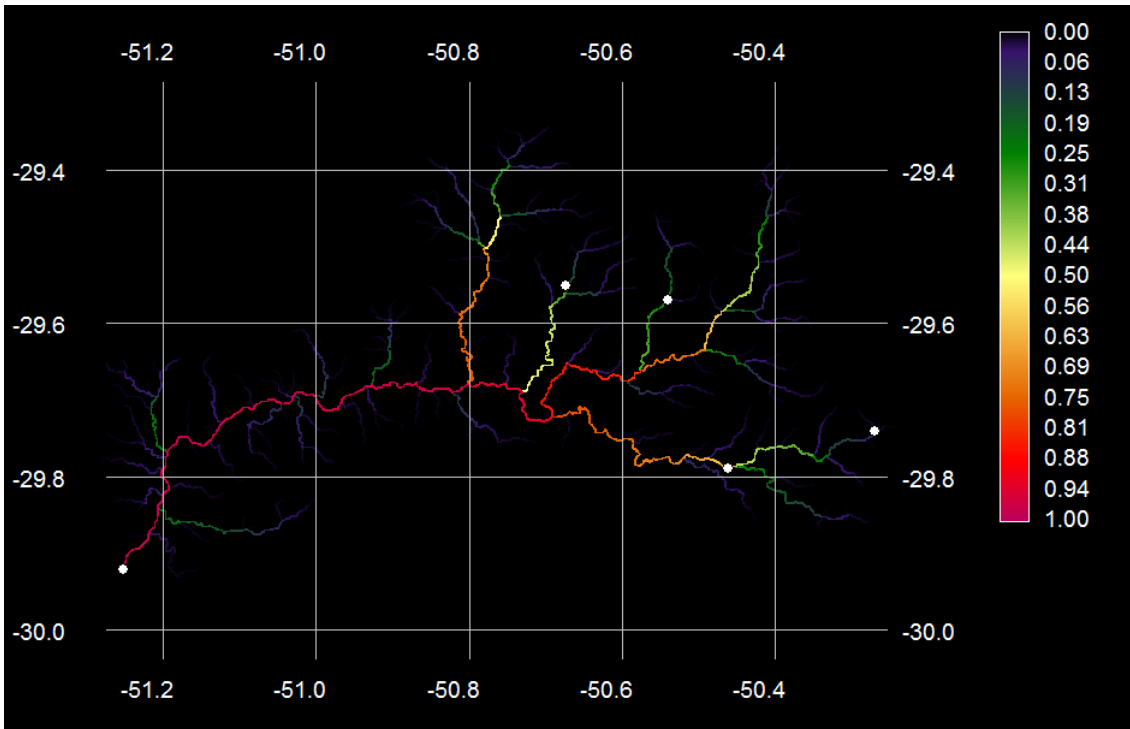
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Parapimelodus nigribarbis* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -1,7 - 2,2 \ln \text{Alt} + 0,6 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,49.



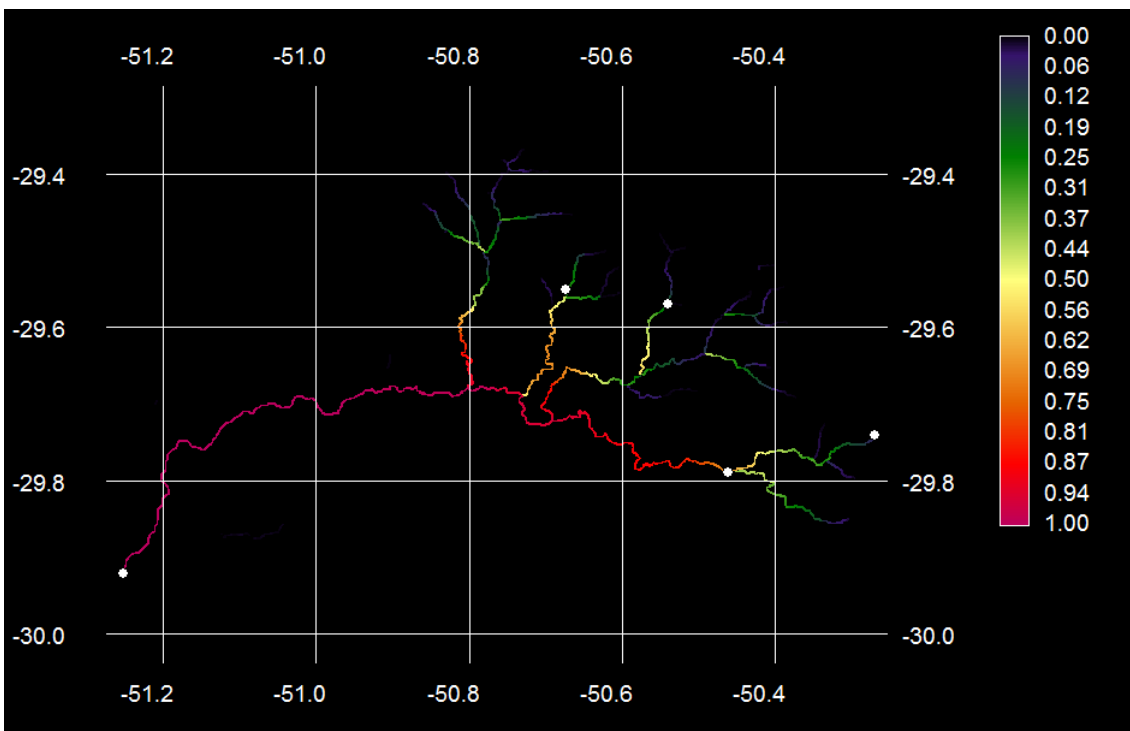
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Parapimelodus nigribarbis* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $8,9 + 31,1 \ln \text{Alt} - 5,1 \ln \text{Ab} - 1,0 \ln \text{Alt}^2 + 0,5 \ln \text{Ab}^2 - 2,3 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 79,1 \ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,51.



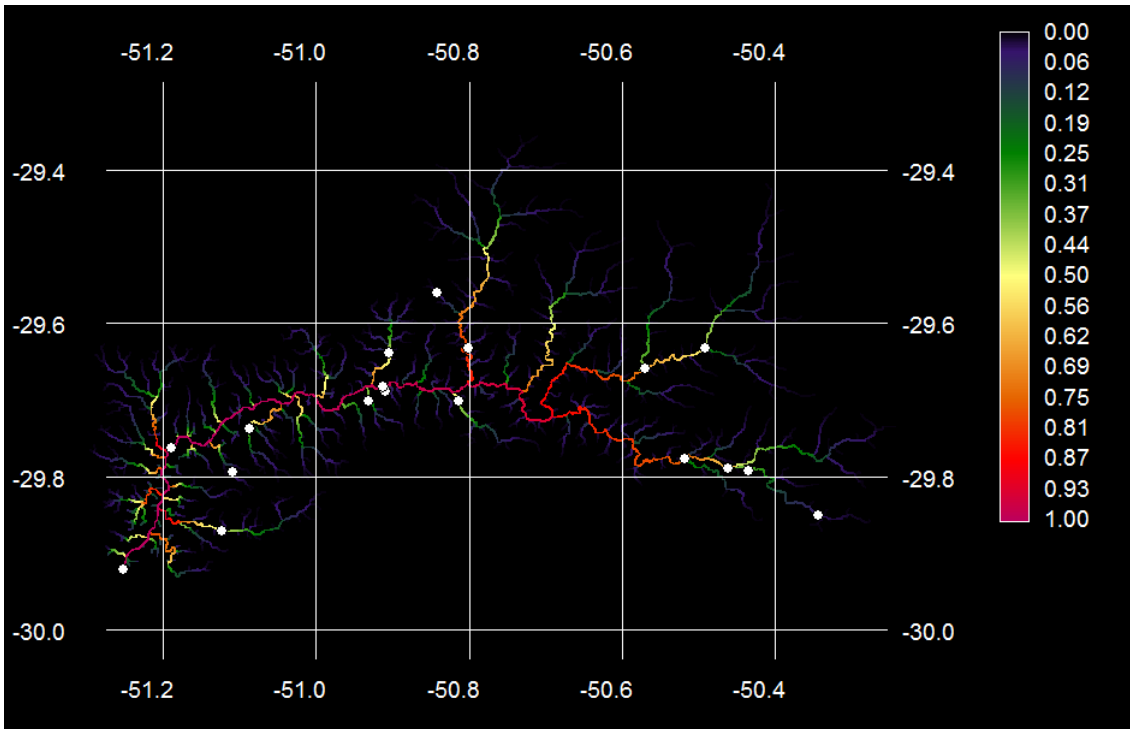
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Pimelodella australis* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -12,2 + 0,1 \ln \text{Alt} + 1,5 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,46.



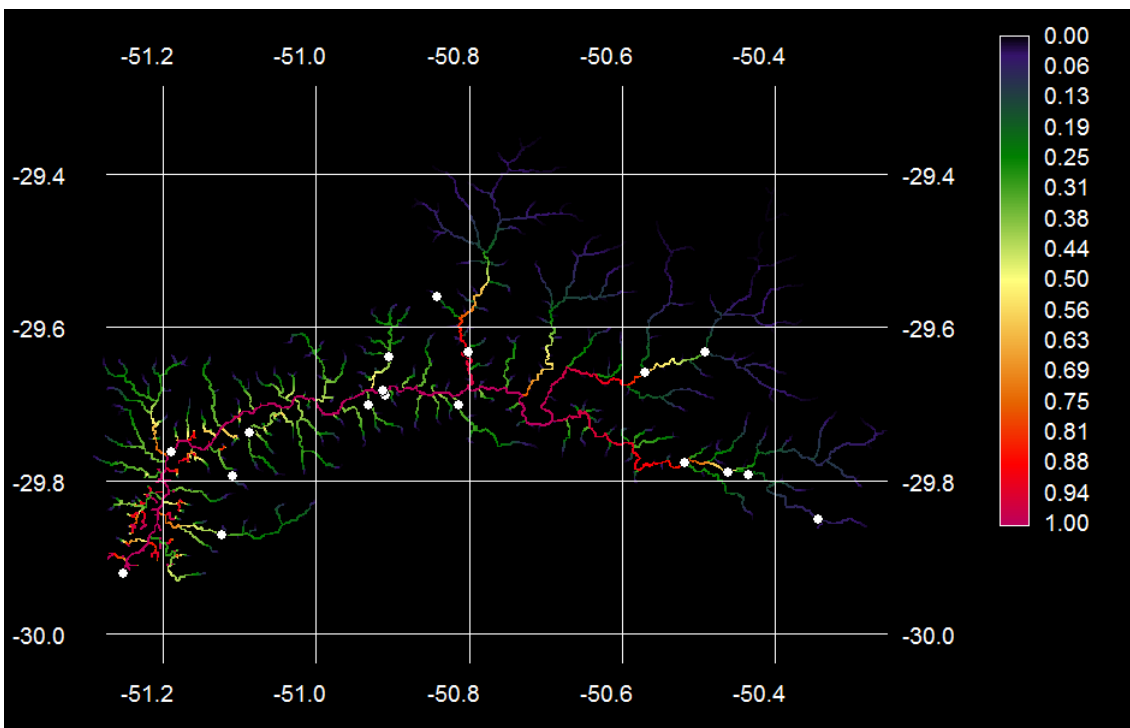
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Pimelodella australis* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -263 + 76,9 \ln \text{Alt} + 41,1 \ln \text{Ab} - 2,8 \ln \text{Alt}^2 - 1,4 \ln \text{Ab}^2 - 6,3 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 71,1 \ln \text{Alt} / \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,46.



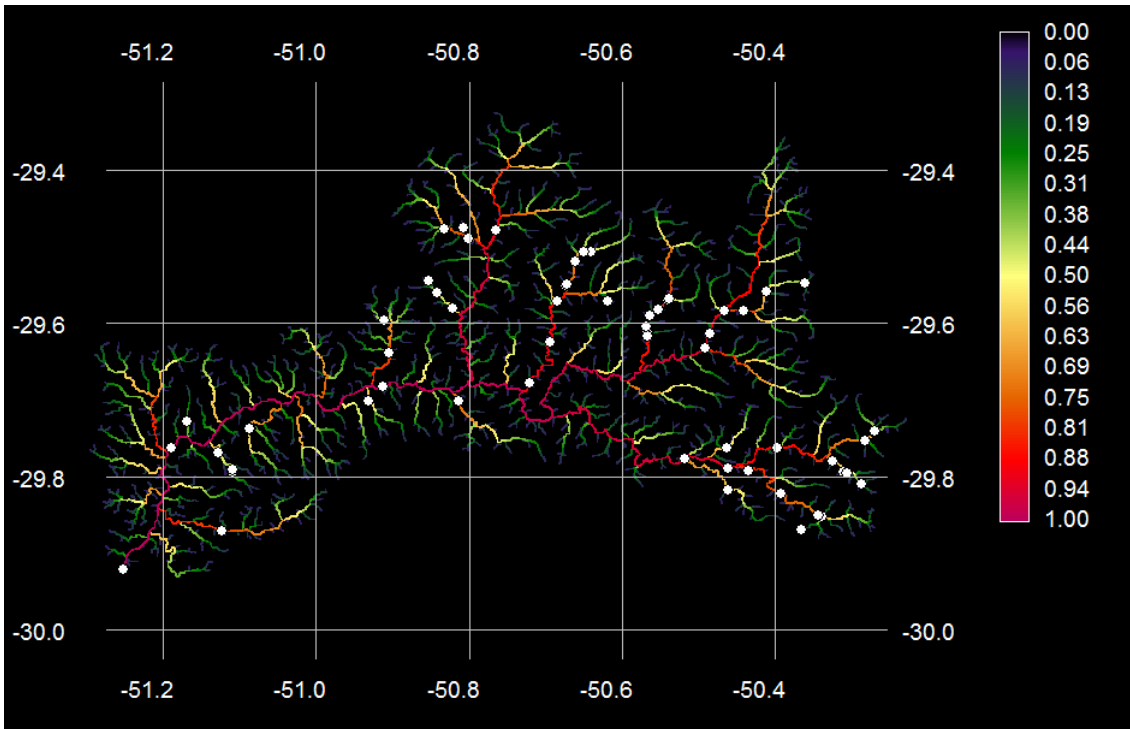
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Pseudocorynopoma doriae* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -3,7 - 1,0 \ln \text{Alt} + 1,0 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,52.

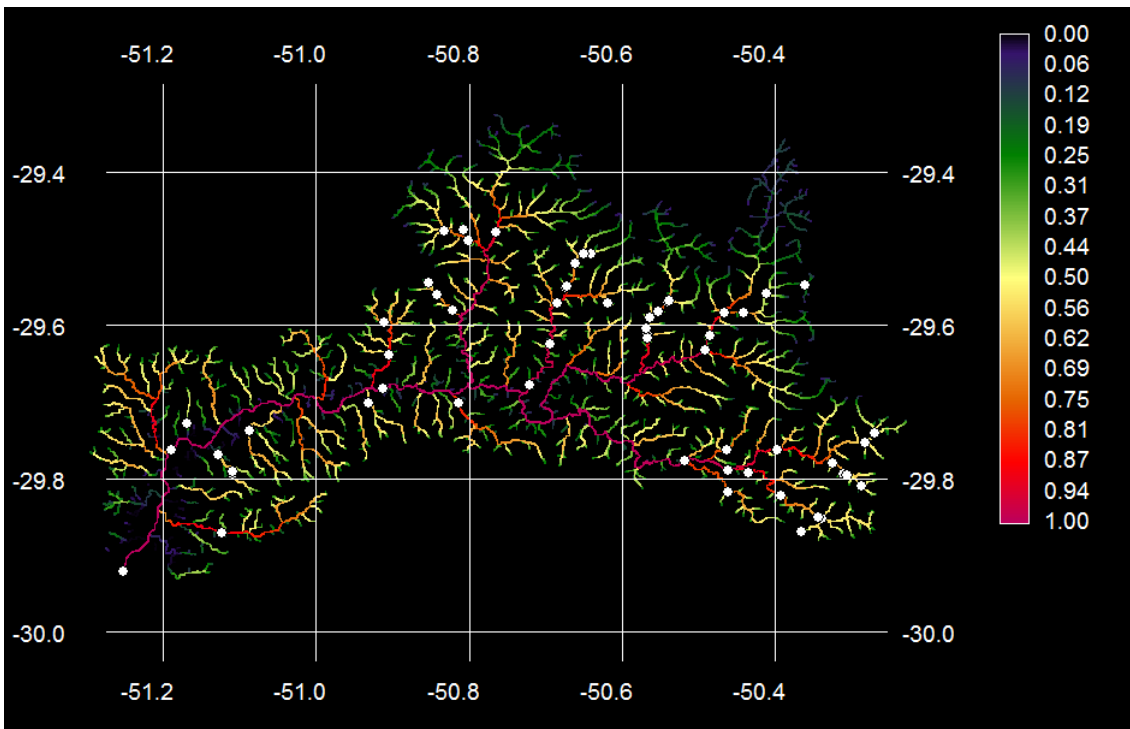


Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Pseudocorynopoma doriae* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $36,4 + 24,1 \ln \text{Alt} - 13,1 \ln \text{Ab} - 0,2 \ln \text{Alt}^2 + 1,1 \ln \text{Ab}^2 - 2,0 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 66,4 \ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,39.

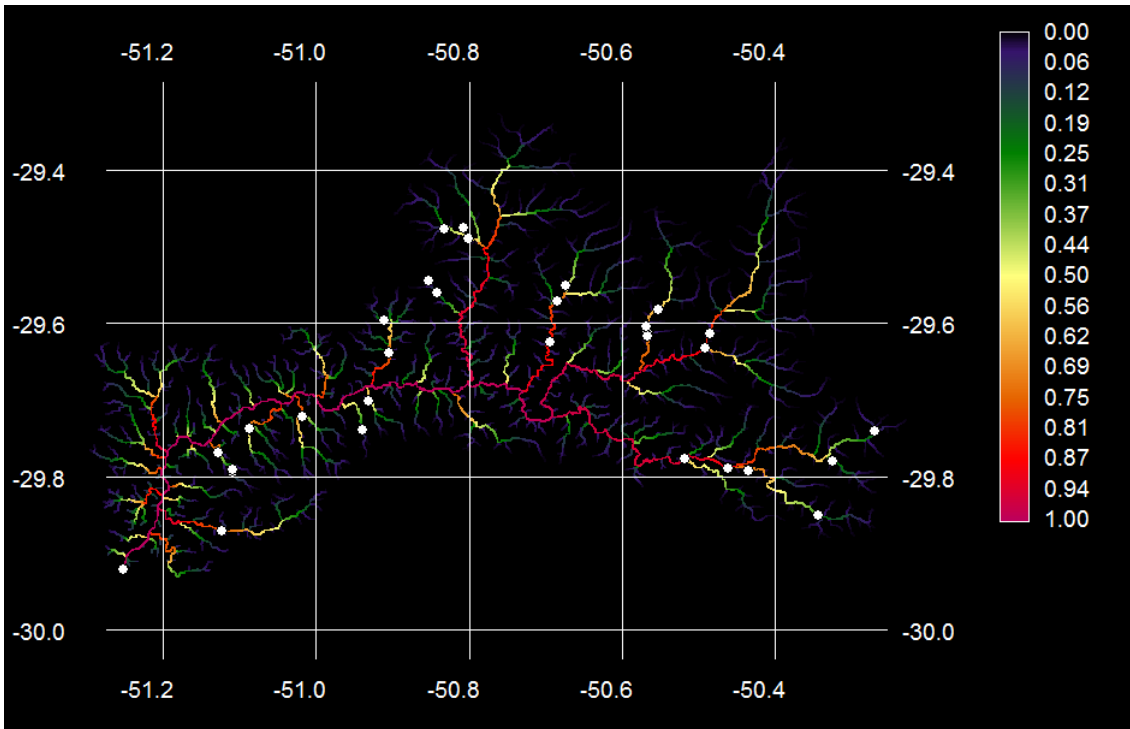


Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Rhamdia quelen* obtido através do modelo de regressão logística de uma variável, para toda a bacia do rio dos Sinos. Equação do modelo: $P = -5,0 + 0,9 \ln Ab$. Ponto de corte = 0,62.



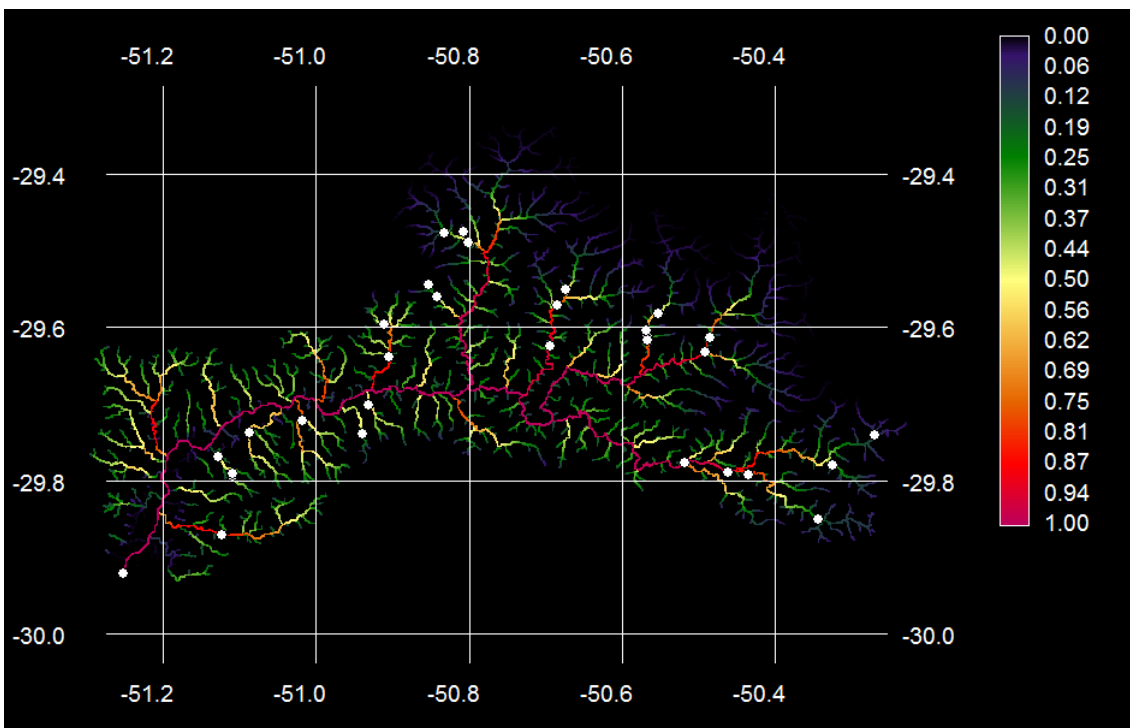
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Rhamdia quelen* obtido através do modelo de regressão logística de cinco variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -11,8 + 7,9 \ln Alt - 0,4 \ln Alt^2 + 0,2 \ln Ab^2 - 0,6 \ln Alt \times Ab - 5,6 \ln Alt / \ln Ab$. Ponto de corte = 0,56.



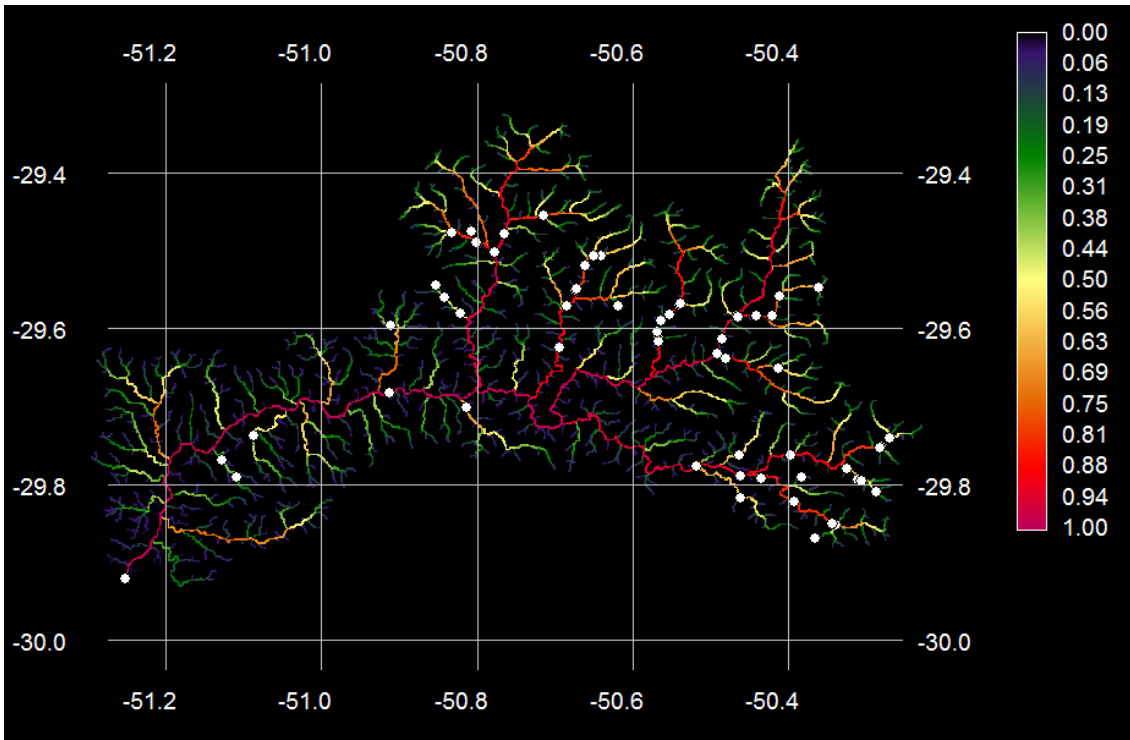
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Rineloricaria cadeae* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -4,5 - 0,6 \ln \text{Alt} + 1,1 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,52.



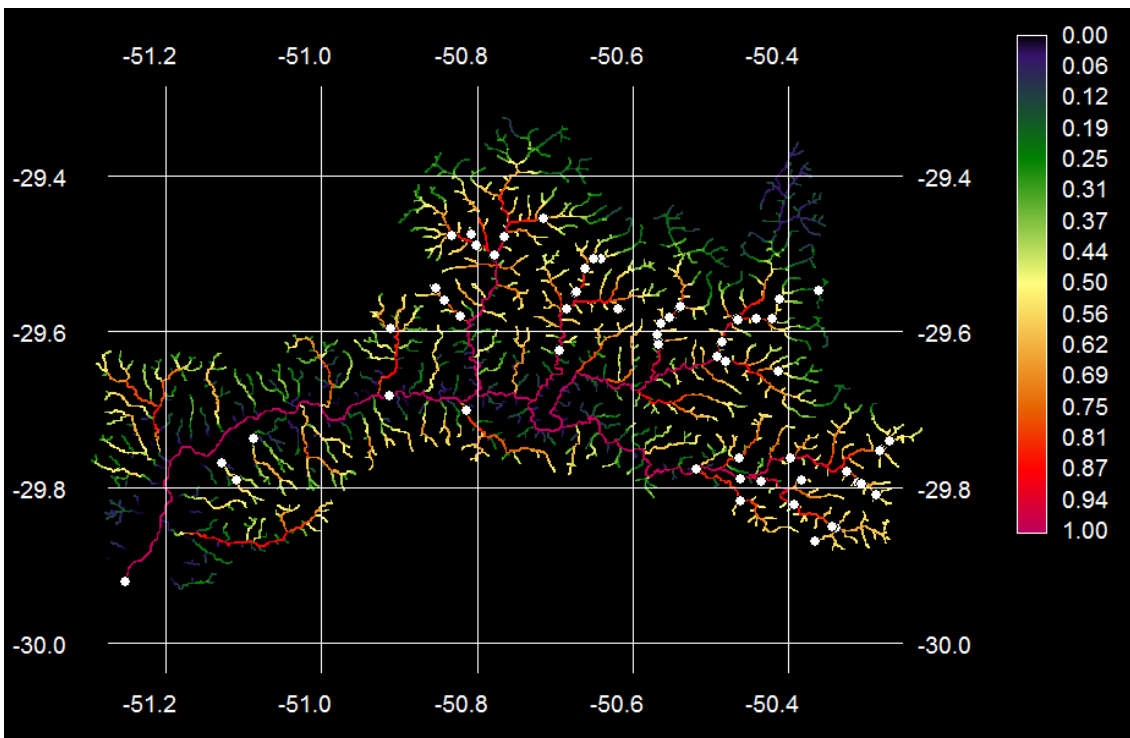
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Rineloricaria cadeae* obtido através do modelo de regressão logística de cinco variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -10,3 + 6,6 \ln \text{Alt} - 0,5 \ln \text{Alt}^2 + 0,2 \ln \text{Ab}^2 - 0,5 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 3,6 \ln \text{Alt} / \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,52.



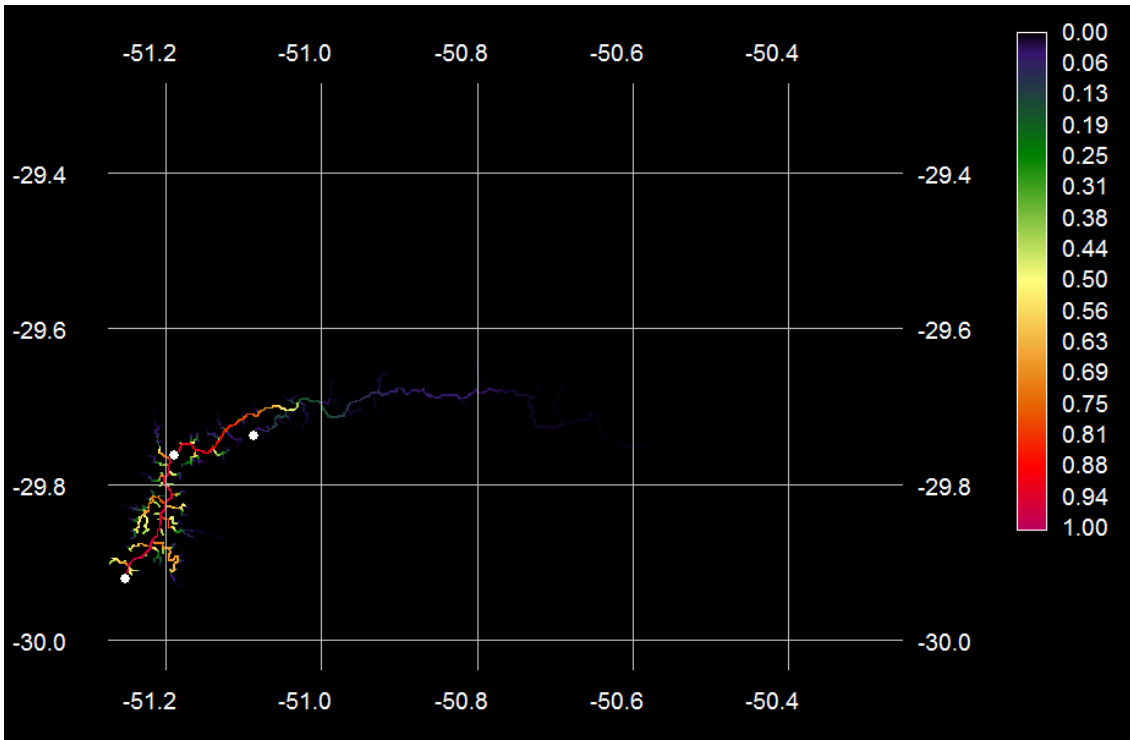
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Rineloricaria microlepidogaster* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -7,1 + 0,4 \ln \text{Alt} + 1,0 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,62.



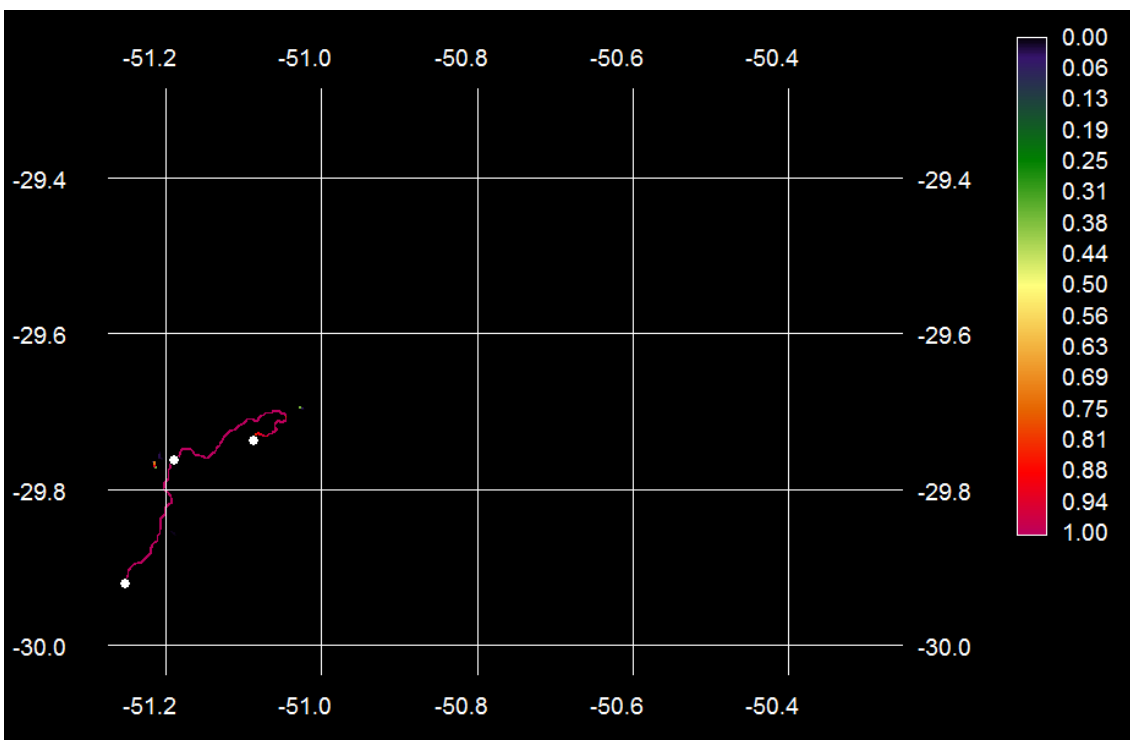
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Rineloricaria microlepidogaster* obtido através do modelo de regressão logística de quatro variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -26,7 + 8,9 \ln \text{Alt} - 2,8 \ln \text{Ab} - 0,7 \ln \text{Alt}^2 - 0,5 \ln \text{Alt} \times \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,60.



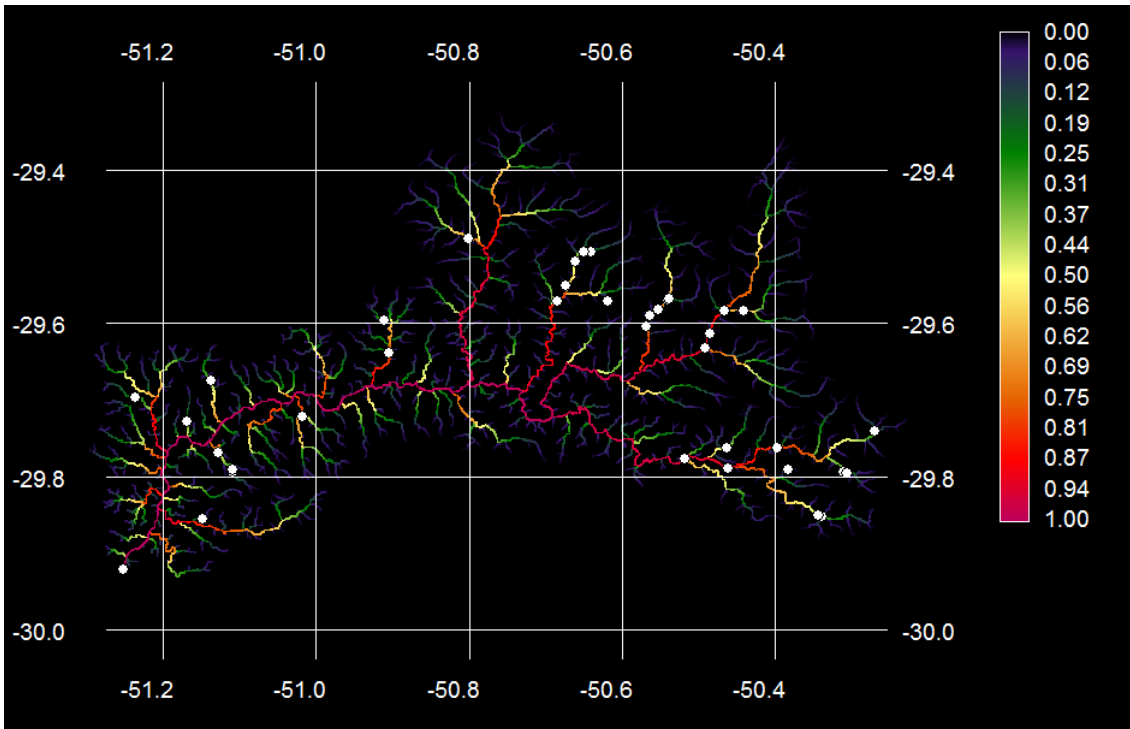
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Schizodon jacuiensis* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $0,8 - 3,2 \ln \text{Alt} + 0,4 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,48.



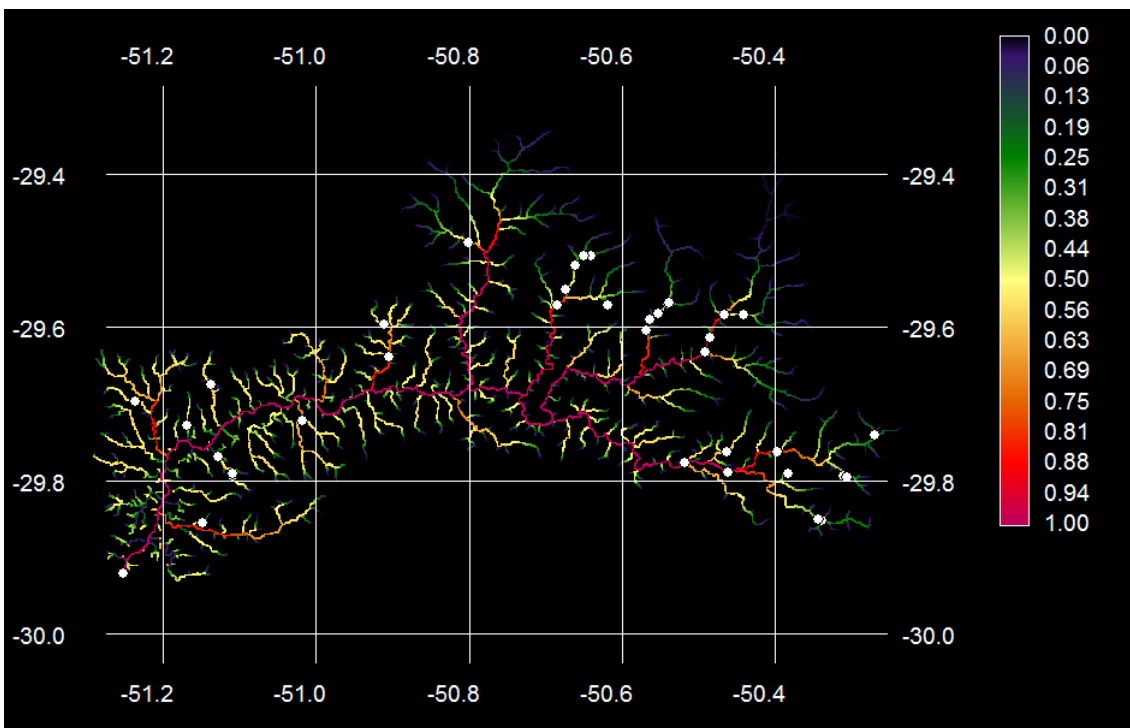
Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Schizodon jacuiensis* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $2235 + 8323 \ln \text{Alt} - 881 \ln \text{Ab} - 75,4 \ln \text{Alt}^2 + 77,4 \ln \text{Ab}^2 - 662 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 24453 \ln \text{Alt} / \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,68.



Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Synbranchus marmoratus* obtido através do modelo de regressão logística de duas variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $P = -4,8 - 0,5 \ln \text{Alt} + 1,1 \ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,57.



Mapa de probabilidade de presença presumida da espécie *Synbranchus marmoratus* obtido através do modelo de regressão logística de seis variáveis, para toda a bacia do rio dos Sinos.

Equação do modelo: $17,9 + 15,6 \ln \text{Alt} - 8,9 \ln \text{Ab} - 0,4 \ln \text{Alt}^2 + 0,9 \ln \text{Ab}^2 - 1,3 \ln \text{Alt} \times \text{Ab} - 32,6 \ln \text{Alt}/\ln \text{Ab}$. Ponto de corte = 0,52.

Anexo 3- Valores da acurácia e da AUC após retirada de cada uma das variáveis do modelo de resposta não linear (Modelo 2).

Espécie	Modelo 2	ACURÁCIA								Modelo 2	AUC							
		Alt	Ab	Alt ²	Ab ²	AltAb	Alt/Ab	Alt	Ab		Alt ²	Ab ²	AltAb	Alt/Ab				
<i>Ancistrus brevipinnis</i>	87,61	83,96	87,89	82,78	87,38	85,10	0,908	0,869	0,901	0,858	0,907	0,890	0,908					
<i>Astanax jacuhensis</i>	81,09	81,28	81,28	81,68	82,34	80,26	0,920	0,903	0,920	0,919	0,917	0,899	0,915					
<i>Astanax fasciatus</i>	90,25	89,19	90,29	89,15	90,25	89,46	0,961	0,947	0,954	0,950	0,953	0,946	0,950					
<i>Astanax henseli</i>	90,48	85,92	86,24	84,86		89,93	0,965	0,933	0,910	0,926		0,947						
<i>Australoheros facetus</i>	85,41	85,29	86,35	79,87	86,39	86,24	0,945	0,928	0,941	0,915	0,941	0,933	0,938					
<i>Bryconamericus lheringii</i>	91,15		90,17	86,00	89,78	87,69	0,953		0,952	0,928	0,950	0,926	0,948					
<i>Bunocephalus doriae</i>	97,76	97,25	98,51	96,50	98,07	98,11	0,995	0,994	0,998	0,995	0,998	0,997	0,998					
<i>Callichthys callichthys</i>	94,65	94,49		94,81	95,32	94,26	0,983	0,979		0,982	0,975	0,974	0,979					
<i>Characidium pterostictum</i>	85,96	84,74	82,70	75,15	82,27	86,12	0,930	0,915	0,903	0,824	0,907	0,928	0,924					
<i>Characidium tenue</i>	84,23	78,80	81,48	81,79	81,32	78,80	0,925	0,877	0,918	0,895	0,915	0,880	0,904					
<i>Characidium zebra</i>	86,63	86,35	86,63	86,63	86,63	85,76	0,927	0,918	0,922	0,919	0,922	0,918	0,921					
<i>Cheirodon ibicuihensis</i>	86,51	86,71	86,55	87,06	86,55	86,32	0,951	0,937	0,948	0,944	0,946	0,939	0,944					
<i>Cheirodon interruptus</i>	87,06	87,38	83,44	87,50		86,71	0,923	0,918	0,895	0,921		0,916	0,917					
<i>Corydoras paleatus</i>	91,39	90,33	90,92	88,95	90,80	90,64	0,979	0,975	0,977	0,969	0,977	0,976	0,976					
<i>Crenicichla lepidota</i>	86,71	83,56	86,55	84,31	87,06	87,10	0,950	0,934	0,949	0,936	0,951	0,947						
<i>Crenicichla punctata</i>	86,39	79,00	80,34	77,04		82,27	0,929	0,889	0,867	0,870		0,911						
<i>Cyphocharax voga</i>	82,46	78,96	81,28	78,77	81,60	79,63	0,898	0,892	0,898	0,887	0,898	0,894	0,897					
<i>Diapoma albumum</i>	87,53	85,65	85,33	85,33		86,43	0,963	0,940	0,923	0,934		0,949						
<i>Diapoma speculiferum</i>	95,64	95,36	92,96	96,46	92,25		0,984	0,982	0,973	0,983	0,971		0,978					
<i>Geophagus brasiliensis</i>	85,33	82,85	84,19	84,07	84,31	82,46	0,934	0,911	0,918	0,927	0,916	0,912	0,914					
<i>Gymnotus carapo</i>	84,00	84,07	84,00		83,80	83,72	0,899	0,899	0,899		0,899	0,898	0,899					
<i>Gymnogeophagus gymmogenys</i>	87,14	86,55		86,91	85,29	86,71	0,950	0,940		0,946	0,936	0,942	0,944					
<i>Gymnogeophagus labiatus</i>	85,21	77,70	85,37	76,29	85,17	83,25	0,927	0,889	0,925	0,877	0,928	0,913						
<i>Gymnogeophagus rhabdotus</i>	89,07	88,67	88,99	88,01	88,99	88,99	0,967	0,958	0,964	0,958	0,962	0,959	0,963					
<i>Hemiancistrus punctulatus</i>	90,56	84,55	90,29	85,41	90,52	88,75	0,973	0,941	0,973	0,912	0,972	0,958	0,970					

Anexo 3 (continuação)

Espécie	Modelo 2	ACURÁCIA								AUC									
		Variável eliminada do Modelo 2				Variável eliminada do Modelo 2				Variável eliminada do Modelo 2				Variável eliminada do Modelo 2					
		Alt	Ab	Alt ²	Ab ²	AltXAb	Alt/Ab	Alt	Ab	Alt ²	Ab ²	AltXAb	Alt/Ab	Alt	Ab	Alt ²	Ab ²	AltXAb	Alt/Ab
<i>Heptapterus mustelinus</i>	93,83		92,06	94,02	91,47	94,02	93,47	0,987		0,984	0,986	0,982	0,985	0,985					
<i>Hisonotus armatus</i>	88,64	87,65	86,24	87,65		87,65	88,08	0,951	0,946	0,921	0,945		0,946	0,952					
<i>Hisonotus nigricauda</i>	88,87	89,54	89,34	88,56	89,42	89,62	89,54	0,964	0,962	0,964	0,954	0,964	0,963	0,964					
<i>Hoplosternum littorale</i>	98,74	96,66	97,25	95,01	97,25	96,85	97,84	0,998	0,989	0,996	0,992	0,995	0,991	0,995					
<i>Hoplias malabaricus</i>	77,62	74,95	76,13	78,21	76,09	75,07	75,58	0,860	0,847	0,851	0,858	0,849	0,845	0,847					
<i>Hypostomus aspiogaster</i>	98,51	96,85		96,85	95,99		97,64	0,998	0,990		0,986	0,989		0,995					
<i>Hypheobrycon luethenii</i>	84,03	82,66	82,66	82,62	82,74	82,78	82,50	0,930	0,925	0,931	0,919	0,931	0,926	0,929					
<i>Leporinus obtusidens</i>	92,21	92,02	91,94	91,58	92,02	92,02	92,02	0,984	0,982	0,982	0,976	0,981	0,983	0,982					
<i>Loricariichthys anus</i>	93,28	92,65	93,24	90,92	92,65	93,35	93,28	0,965	0,963	0,965	0,963	0,966	0,964	0,966					
<i>Lycengraulis grossidens</i>	99,65	96,85	99,65	96,85	98,86	96,85	98,82	1,000	0,993	1,000	0,997	0,999	0,993	0,998					
<i>Microglanis cottoides</i>	84,74	84,62		83,17	80,77	84,70	84,70	0,918	0,918		0,916	0,903	0,919	0,919					
<i>Mimagoniatales inequalis</i>	86,83	86,28	86,63	85,80	86,51	86,12	86,59	0,943	0,941	0,941	0,940	0,942	0,940	0,940					
<i>Oligosarcus robustus</i>	81,52	81,71	81,24	81,91	81,28	81,95	81,60	0,906	0,906	0,906	0,898	0,906	0,905	0,906					
<i>Otocinclus flexilis</i>	95,99	93,04	94,30	93,63	94,26	93,04	94,26	0,986	0,951	0,981	0,975	0,979	0,952	0,973					
<i>Parapimelodus nigribarbis</i>	86,94	87,93	87,61	87,65	88,05	87,61	87,89	0,956	0,953	0,955	0,954	0,955	0,952	0,954					
<i>Phallocerus caudimaculatus</i>	75,82	77,51	75,07	77,31	75,86	77,78	75,50	0,842	0,842	0,838	0,846	0,838	0,844	0,841					
<i>Pimelodella australis</i>	88,79	83,56	88,48	87,42	88,36	81,56	89,19	0,957	0,930	0,955	0,948	0,956	0,926	0,956					
<i>Pimelodus pintado</i>	92,21	92,02	91,94	91,58	92,02	92,02	92,02	0,984	0,982	0,982	0,976	0,981	0,983	0,982					
<i>Prochilodus lineatus</i>	91,66	92,02	92,02	91,90	91,94	92,02	92,02	0,967	0,966	0,966	0,966	0,966	0,966	0,966					
<i>Pseudocorynopoma doriae</i>	83,88	83,44	84,51	83,33	84,51	83,52	84,51	0,920	0,917	0,917	0,918	0,916	0,917	0,918					
<i>Rhamdia quelen</i>	82,50	82,07		79,87	78,88	82,07	82,34	0,880	0,862		0,844	0,835	0,869	0,877					
<i>Rineloricaria cadeae</i>	81,83	81,64		82,74	82,23	81,95	81,79	0,912	0,907		0,900	0,899	0,909	0,911					
<i>Rineloricaria microlepidogaster</i>	87,22	81,87	82,27	80,46		84,39		0,921	0,867	0,839	0,855		0,890						
<i>Schizodon jaculensis</i>	99,65	96,85	99,65	96,85	98,86	96,85	98,82	1,000	0,993	1,000	0,997	0,999	0,993	0,998					
<i>Synbranchus marmoratus</i>	82,38	80,30	80,69	78,77	80,42	80,26	80,57	0,904	0,895	0,902	0,888	0,901	0,897	0,900					

Anexo 4- Valores do pseudo r^2 dos modelos estatísticos de distribuição presumida (Modelo 1- regressão logística de duas variáveis e Modelo 2- regressão logística de seis variáveis) para as 50 espécies da bacia do rio dos Sinos.

Espécies	pseudo r^2		Espécies	pseudo r^2	
	Modelo 1	Modelo 2		Modelo 1	Modelo 2
<i>Ancistrus brevipinnis</i>	0,2757	0,4055	<i>Heptapterus mustelinus</i>	0,703	0,7808
<i>Astyanax jacuhiensis</i>	0,3852	0,5015	<i>Hisonotus armatus</i>	0,5603	0,606
<i>Astyanax fasciatus</i>	0,568	0,6499	<i>Hisonotus nigricauda</i>	0,6215	0,6893
<i>Astyanax henseli</i>	0,4749	0,6474	<i>Hoplosternum littorale</i>	0,6745	0,9044
<i>Australoheros facetus</i>	0,4737	0,5756	<i>Hoplias malabaricus</i>	0,3132	0,3627
<i>Bryconamericus iheringii</i>	0,4225	0,5562	<i>Hypostomus opiliogaster</i>	0,7264	0,8972
<i>Bunocephalus doriae</i>	0,7264	0,8605	<i>Hyphessobrycon luetkenii</i>	0,4459	0,5296
<i>Callichthys callichthys</i>	0,6182	0,7406	<i>Leporinus obtusidens</i>	0,6903	0,7698
<i>Characidium pterostictum</i>	0,1107	0,5163	<i>Loricarichthys anus</i>	0,5855	0,6773
<i>Characidium tenue</i>	0,366	0,5117	<i>Lycengraulis grossidens</i>	0,7344	0,9823
<i>Characidium zebra</i>	0,4937	0,5594	<i>Microglanis cottoides</i>	0,4888	0,5001
<i>Cheirodon ibicuihensis</i>	0,497	0,608	<i>Mimagoniates inequalis</i>	0,5311	0,5958
<i>Cheirodon interruptus</i>	0,4682	0,5446	<i>Oligosarcus robustus</i>	0,4362	0,467
<i>Corydoras paleatus</i>	0,6239	0,7456	<i>Otocinclus flexilis</i>	0,5643	0,7811
<i>Crenicichla lepidota</i>	0,5137	0,6089	<i>Parapimelodus nigrirhabdis</i>	0,5533	0,6202
<i>Crenicichla punctata</i>	0,3397	0,5013	<i>Phallocerus caudimaculatus</i>	0,2278	0,323
<i>Cyphocharax voga</i>	0,3985	0,4627	<i>Pimelodella australis</i>	0,4708	0,6174
<i>Diapoma alburnum</i>	0,5348	0,6456	<i>Pimelodus maculatus</i>	0,6903	0,7698
<i>Diapoma speculiferum</i>	0,704	0,7742	<i>Prochilodus lineatus</i>	0,6487	0,6845
<i>Geophagus brasiliensis</i>	0,4579	0,5366	<i>Pseudocorynopoma doriae</i>	0,4587	0,5156
<i>Gymnotus carapo</i>	0,4236	0,4564	<i>Rhamdia quelen</i>	0,2581	0,3379
<i>Gymnogeophagus gymnogenys</i>	0,5397	0,596	<i>Rineloricaria cadeae</i>	0,4065	0,4658
<i>Gymnogeophagus labiatus</i>	0,3421	0,5047	<i>Rineloricaria microlepidogaster</i>	0,282	0,4098
<i>Gymnogeophagus rhabdotus</i>	0,5457	0,6665	<i>Schizodon jacuiensis</i>	0,7344	0,9823



Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul
Pró-Reitoria de Graduação
Av. Ipiranga, 6681 - Prédio 1 - 3º. andar
Porto Alegre - RS - Brasil
Fone: (51) 3320-3500 - Fax: (51) 3339-1564
E-mail: prograd@pucrs.br
Site: www.pucrs.br