

**Universidad Nacional de Córdoba**

**FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS, FÍSICAS Y NATURALES**

**ESCUELA DE BIOLOGÍA**

**Tesina de Grado de Cs. Biológicas**

---

**El bentos de Caleta Potter (Antártida): Un meta-análisis usando  
modelos de distribución de especies.**

---

Tesinista: Camila Neder

Firma: \_\_\_\_\_

Director: Ricardo Sahade

Firma: \_\_\_\_\_

Co-Directora: Kerstin Jerosch

Lugar de trabajo: Universidad Nacional de Córdoba- FCEyN – Departamento de Diversidad

Biológica y Ecología, Ecología Marina.

### **Tribunal examinador**

Ricardo Sahade  
Javier Nori  
Eduardo Trumper

Fecha de Oral y Exposición:

---

Calificación:

---

Nombre y Apellido \_\_\_\_\_ Firma: \_\_\_\_\_

Nombre y Apellido \_\_\_\_\_ Firma: \_\_\_\_\_

Nombre y Apellido \_\_\_\_\_ Firma: \_\_\_\_\_

## ÍNDICE

ÍNDICE.....	3
Palabras Claves:.....	6
1. INTRODUCCIÓN .....	6
2. METODOLOGÍA.....	9
2.1 Área de Estudio .....	9
2.2 Datos biológicos .....	10
2.3 Datos ambientales.....	11
2.4 Análisis estadístico y modelización .....	12
2.4a Técnicas de modelización.....	12
2.4b. BIOMOD- Calibración de los modelos.....	13
2.4c. BIOMOD- Evaluación de los modelos.....	13
2.4d. BIOMOD- Predicciones modelo y Proyecciones .....	15
3. RESULTADOS .....	18
3.1 Evaluación de los modelos .....	18
3.2 Variables de importancia en la modelización .....	20
3.3 Proyecciones y Modelo Ensamble final por grupo .....	21
Porifera.....	25
Cnidaria .....	26
Mollusca .....	27
Asteroidea .....	28
Ascidiacea.....	28
4. DISCUSIÓN.....	29
5. CONCLUSIÓN .....	37
6. BIBLIOGRAFÍA.....	38
ANEXO I .....	44

Valor promedio de valores evaluativos ROC, Kappa y Accuracy por algoritmo y grupo .....	44
Porifera Score Evaluativo 15 Variables .....	46
Porifera Score Evaluativo Variables Reducidas .....	46
Cnidaria Score Evaluativo 15 Variables .....	47
Cnidaria Score Evaluativo Variables Reducidas .....	47
Mollusca Score Evaluativo 15 Variables.....	48
Mollusca Score Evaluativo Variables Reducidas .....	48
<i>Laternula</i> elliptica Score Evaluativo .....	49
<i>Nacella concinna</i> Score Evaluativo.....	49
Asteroidea Score Evaluativo 15 Variables.....	50
Asteroidea Score Evaluativo Variables Reducidas .....	50
Ascidiacea Score Evaluativo 15 Variables .....	51
Ascidiacea Score Evaluativo Variables reducidas.....	51
ANEXO II .....	52
Porifera.....	52
Modelo Ensamble Porifera (1ºmodelización) .....	52
Modelos para EM de Porifera (2ºmodelización).....	52
Cnidaria .....	53
Modelo Ensamble de Cnidaria (1º modelización).....	53
Modelos para EM Final de Cnidaria (2º modelización).....	54
Ascidiacea.....	55
Modelo Ensamble (1ºmodelización).....	55
Modelos para EM de Ascidiacea .....	56
ANEXO III .....	57
Presencia de Asteroidea.....	57

## AGRADECIMIENTOS

*A todos aquellos que plantaron en mí  
la semilla de la pasión por el aprendizaje  
y la importancia de la palabra al transmitir.*

Los logros muchas veces se adjudican sólo al autor del hecho y si bien mucho de cierto tiene, aquí nada de todo esto hubiese sido sin un equipo de trabajo y apoyo que sostiene constantemente. Gracias a mi director R.S por confiar en mí y darme la oportunidad de vivir la experiencia de trabajar en un instituto extranjero y adentrarme en la dinámica de la ciencia y la investigación. A la gente que conocí en el AWI, F.S, K.J, D.A, L.W, H.P por enseñarme con paciencia y permitir el intercambio de conocimiento. A la todo el grupo de EcoMarina por abrirme sus puertas con tanta buena onda. A la banda de Bremerhaven completa completita, que mantuvo a flote cada emoción. Al grupo de la facu, destacando esas 6 personitas que estuvieron siempre haciendo todo más divertido y dinámico M.O, D.A, B.N, A.F, I.R, M.C. A los grandes amigos de la vida que disfrutaban de la lluvia, de ser trotamundos, del mate y la charla, de patín.. Y por supuesto a mi familia por alentarme siempre a hacer lo que sueño. Sin este gran grupo que viene asociado, los logros no serían lo mismo.

# El bentos de Caleta Potter (Antártida): Un meta-análisis usando modelos de distribución de especies.

---

## Palabras Claves:

MDEs (Modelos de Distribución de Especies), comunidades epibentónicas, Antártida, BIOMOD2.

## 1. INTRODUCCIÓN

El uso de modelos de distribución de especies (MDEs) utilizando diversas herramientas estadísticas, informáticas y geográficas resulta un mecanismo eficaz para predecir la distribución de la diversidad biológica ante la ausencia de datos exhaustivos de presencia de especies y sobre la disponibilidad de datos ambientales y con ello entender procesos del ecosistema (Lobo et al. 2003; Mateo et al. 2011; Reiss et al. 2011). La aplicación de estos modelos se inició en ecosistemas terrestres algunas décadas atrás siendo reciente su aplicación en ambientes marinos (Guisan y Zimmermann 2000; Robison et al. 2011) como el bentos modelado con nueve algoritmos diferentes en el mar del Norte (Reiss et al. 2011) o la comunidad epibentónica del Golfo St. Lawrence de Canadá con Modelos Lineales Generalizados (Moritz et al. 2013). Sus resultados además de permitir una mejor aproximación al entendimiento de las relaciones entre las variables ambientales y la distribución de especies, pueden complementar el manejo de actividades de conservación en el espacio marino como así también proyectar escenarios frente a los impactos del cambio climático global (Seoane et al. 2001; Pearson et al. 2003; Reiss et al. 2011; Cao et al. 2013; Moritz et al. 2013). Para la construcción de los MDEs (o MDC si se habla de comunidad), los valores conocidos de la distribución de las especies o grupo de especies (presencias) se relacionan con las variables independientes que se consideran que caracterizan el ambiente. De existir dicha relación, se extrapola al resto del área de estudio obteniendo un valor de idoneidad ambiental para la especie según las variables implementadas. Es decir un valor que refleja la similitud ambiental en cada punto de la zona analizada que favorecería el desarrollo de la especie. (Phillips 2008; Mateo et al. 2011).

La Península Antártica es una de las áreas del planeta donde el calentamiento global ha mostrado la mayor rapidez y magnitud, el incremento de la temperatura en los últimos 60 años alcanzó los 2,5 °C, mientras que el incremento medio en el planeta fue de 0,6 °C (Vaughan et al. 2001; Schofield et al. 2010; IPCC 2011). Los cambios de la criósfera en la Península Antártica a lo

largo del último siglo han sido ampliamente documentados y asociados con el calentamiento de la atmósfera (Vaughan et al. 1996; Cook et al. 2005, 2010; Rückamp et al. 2011). Se registró un adelgazamiento de la capa de hielo tanto en la zona Este como Oeste de la Antártida (Vaughan et al. 2005) como así también desde el 1950 al año 2009, una pérdida de la plataforma de hielo de unos 28117 km<sup>2</sup> es decir un 18% del área original de hielo flotante (Cook et al. 2010). Los mayores colapsos fueron observados en las barreras de hielo como las de Larsen y Filchner donde ciertos sectores sufrieron una retracción conservando menos del 70% original (Larsen B) o incluso una desintegración total como el Larsen A que sólo conserva 10% del área original. Hubo una marcada disminución del hielo plurianual y de la formación de hielo estacional, sumado a la retracción que están sufriendo la gran mayoría de los glaciares (Cook et al. 2005; Barnes y Peck 2008).

Estas alteraciones ambientales han mostrado sus efectos en algunos ecosistemas de la Península Antártica. Esto ha provocado el surgimiento de numerosas predicciones en cuanto a las respuestas biológicas asociadas al cambio climático tanto a nivel de especie como ecosistémico, incluyendo cambios en abundancia, diversidad y estructura (Clarke et al. 2007; Abele et al. 2010; Schofield et al. 2010; Schloss et al. 2012; Bers et al. 2012). Como por ejemplo en las comunidades bentónicas antárticas, el principal factor de disturbio físico es el impacto causado por el hielo en sus diferentes formas, témpanos, hielo de fondo, la formación anual o plurianual, etc. Esto produce una zonación en los patrones estructurales de la comunidad como una baja diversidad y gran porcentaje de suelo desnudo en aguas poco profundas por encima del límite mínimo de formación de hielo de fondo. La diversidad, abundancia y cobertura aumentan con la profundidad que actúa como atenuante del impacto del hielo (Dayton et al. 1969; Klöser et al. 1994a; Barnes D. et al. 1999).

Caleta Potter es una de las regiones más estudiadas de la Península Antártica. Es un fiordo que se encuentra en el extremo más meridional de la Isla 25 de Mayo -Shetlands del Sur- (Fig. 1). Este fiordo está rodeado por el Glaciar Fourcade que se encuentra en retracción constante desde las pasadas dos décadas provocando un gran aporte de sedimento fino al sistema (Sahade et al. 2008; Schloss et al. 2008, 2012; Rückamp et al. 2011). Las tasas de sedimentación en la Bahía de Maxwell, de la cual Caleta Potter es tributaria, son tres veces superiores a las registradas entre 1940 y 1980 (Monien et al. 2011) y que dentro de los valores medios de Caleta Potter, el material particulado inorgánico en suspensión ha aumentado de 5-10 a 20-30 mg/L en los últimos 20 años (Philipp et al. 2011; Schloss et al. 2012). En la Caleta, los impactos de hielo pueden alcanzar hasta los 28 m – 30 m de profundidad debido a una elevación del fondo que evita un avance del hielo de fondo más allá de dicha profundidad (Klöser et al. 1994b). De esta manera, a

30 m o mayores profundidades la estructuración de la comunidad bentónica está regulada por las interacciones biológicas como competencia y predación (Sahade et al. 1998; Momo et al. 2008).

Recientemente se reportó un inesperado cambio en las comunidades bentónicas de Caleta Potter que fue relacionado al proceso de cambio climático experimentado por la Península Antártica. La comunidad bentónica en este ecosistema costero antártico está representada principalmente por organismos filtradores y suspensívoros: bivalvos, pennatuláceos, ascidias y esponjas (Sahade et al. 2008). En aquellas áreas que presentan una exposición directa a la sedimentación, zona interna y zona de mayores profundidades del área central, se visualizaron mayores cambios en la composición de especies, abundancia, y estructura de la comunidad bentónica. Ésta pasó de una comunidad diversa caracterizada por un patrón de zonación según la profundidad, dominada por el bivalvo *L. elliptica* y el penatuláceo *M. daytoni* a bajas profundidades (15 m – 20 m) y ascidias como organismo suspensívoros a mayores profundidades; a una estructura de ensamble mixto con una dominancia de organismo suspensívoros principalmente esponjas junto a otros grupos funcionales que adquieren mayor relevancia como predadores y detritívoros (Zamboni 2010; Sahade et al. 2008, 2015). El incremento de las tasas de sedimentación en el último siglo junto a la respuesta fisiológica mostrada debido a la concentración de sedimentos por los grupos más afectados (ascidias) y los favorecidos (pennatuláceos y bivalvos), indican que éste habría sido factor responsable de los cambios de estructura observados (Torre 2012, 2013; Sahade et al. 2015).

Debido a un programa de monitoreo permanente, llevado a cabo ininterrumpidamente desde 1991, en Caleta Potter se cuenta con una extensa base de datos ambientales y de la estructura y diversidad de sus comunidades bentónicas (Schloss et al. 2012; Bers et al. 2012; Sahade et al. 2015). Los cambios observados en las comunidades bentónicas de Caleta Potter y el retroceso mostrado por la mayoría de los glaciares de la Península Antártica sugieren que una importante cantidad de fiordos y bahías sujetas al efecto del retroceso glaciario podrían estar presentando procesos similares al descrito en Caleta Potter. Debido a la dificultad que presenta la realización de muestreos exhaustivos de las comunidades bentónicas en estas áreas remotas, la utilización de MDEs resulta fundamental para predecir no sólo patrones de distribución de grupos importantes sino también posibles respuestas ante el cambio climático.

Es por ello que se pretende abordar el presente trabajo con la finalidad de predecir áreas de distribución potencial de distintos taxa bentónicos en Caleta Potter y en áreas de la Península Antártica que presenten condiciones ambientales similares.

De dicho objetivo se desprenden los siguientes objetivos específicos:

Construir un modelo de distribución de especies (MDEs) por taxa que permita explicar áreas de distribución potencial en Caleta Potter y describir afinidades con parámetros ambientales significativos.

Describir la estructura y distribución espacial de 5 taxa bentónicos dominantes en Caleta Potter.

Realizar un análisis comparativo de la eficiencia de 10 métodos de modelización de distribución de especies según el valor evaluativo asignado para la determinación de la distribución en Caleta Potter de los 5 taxa estudiados.

## 2. METODOLOGÍA

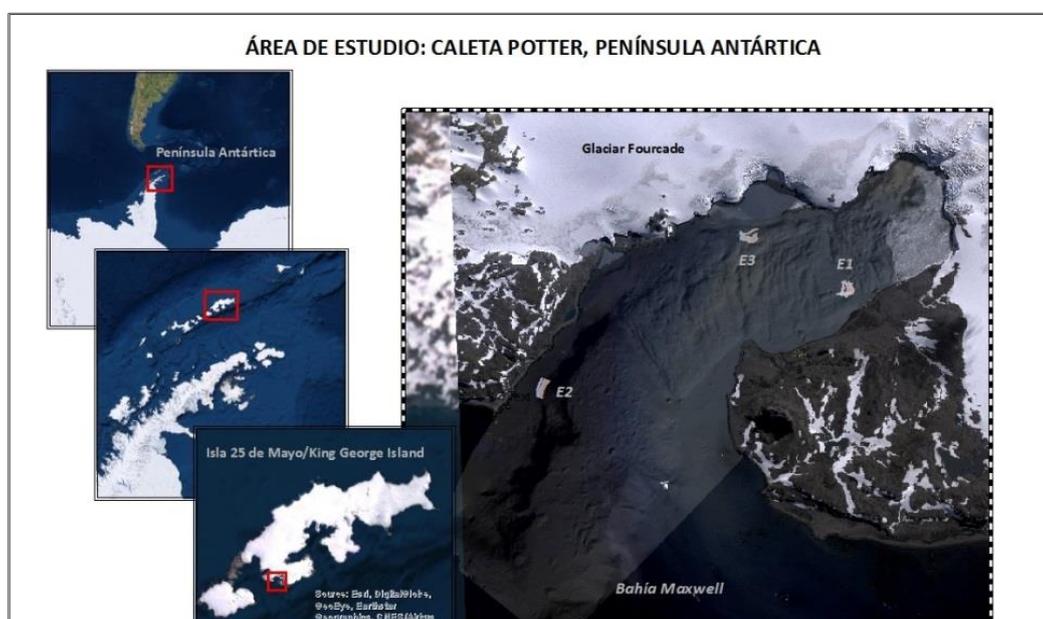
### 2.1 Área de Estudio

Caleta Potter es un fiordo que se encuentra en el extremo más meridional de la Isla 25 de Mayo - King George Island- del archipiélago de las islas Shetland del Sur, al Noroeste de la Península Antártica. Se extiende desde 58° 35.0' a 58° 41.0' W y desde 62° 13.9' de 62° 15.7' S, próximo a la entrada de la Bahía de Maxwell, ubicado entre las penínsulas Barton y Potter (Fig. 1). La morfología de la Caleta Potter se caracteriza principalmente por un paisaje glacial, tiene una extensión de unos 4.7 km de largo por unos 1.6 km de ancho.

En el fondo de Caleta Potter se han observado profundas depresiones por debajo de los 20m de profundidad causados por la acción de icebergs y la retracción glaciaria con la consecuente formación de morrenas. Esto divide el fiordo en una zona interna con aguas de profundidades < 50 m, una zona externa con profundidades máximas ~200 m y una zona central de profundidades entre 30 y 70 m. La Morrena Castillo separa la zona interna de la central, y Morrena Potter la zona central de la externa. Cada una de estas zonas se ve representada por una estación que lleva su nombre. La estación interna (E1) está ubicada en la desembocadura de los arroyos Potter y Matías (62° 13' 48" S y 58° 39' 0" W), y se ve fuertemente afectada por agua de deshielo de los glaciares y la descarga de sedimentos. Limo y arcilla son los sedimentos que caracterizan esta estación como también la dominancia de organismos suspensívoros y filtradores (Sahade et al. 1998). La Estación del medio (-E3- 62° 13' 12" S y 58° 40' 12" W) se ve menos afectada por la entrada de sedimentos que la

Estación interna en aguas poco profundas (15 a 20 m), pero de manera similar entre 25 y 30 m (Philipp et al. 2011). En la Estación del medio, el sustrato está formado por depósitos de morrena intercaladas con sedimentos finos. La estación exterior (-E2- 62° 13' 24" S y 58° 43' 12" W) es la menos influenciada por la sedimentación y se caracteriza por sustratos duros que se encuentran principalmente dominados por macroalgas hasta los 30 m de profundidad (Quartino et al. 2001).

Hass (no publicado) separa la Caleta en tres zonas de acuerdo al hallazgo de siete hábitats según el tipo de sedimentación, a la rugosidad del sustrato y a la dominancia de especies bentónicas: zona dinámica, zona de transición o zona subsecuente y una zona quasi persistente hacia la caleta externa. En la medida en que las descargas de sedimento por desglaciación continúen, la zona dinámica se transformaría en la zona subsecuente que a su vez será reemplazada por la zona quasi persistente en un período de tiempo cuando el glaciar se haya retraído en su totalidad lo que afectaría el establecimiento de algunas especies bentónicas filtradoras.



## 2.2 Datos biológicos

Durante los meses Diciembre-Enero de los años 1994, 1998 y 2009 se realizaron campañas antárticas con base en Carlini y se trazaron 4 transectas de unos 200 m de longitud cada una, paralelas a la línea de costa, correspondientes a profundidades de 15 m, 20 m, 25 m y 30 m para los años 1994 y 2009; y sólo 20 m y 30 m para el 1998, en las tres estaciones mencionadas. Se tomaron 50 muestras fotográficas del fondo marino con una distancia aproximada 4 metros entre sí.

A partir de esas muestras se creó una matriz de presencia/ausencia (1-0 respectivamente) separada por periodo y se agrupó a las especies halladas en 15 grupos correspondientes a su clase

taxonómica: 1. Phaeophytas, 2. Rhodophytas, 3. Porifera, 4. Cnidaria, 5. Ctenophore, 6. Bryozoo, 7. Polichaeta, 8. Nematoda, 9. Mollusca, 10. Isopoda, 11. Crinoideo, 12. Asteroidea, 13. Ophiura, 14. Echinoideo, 15. Ascidiaceae.

Para la modelización se trabajó con los datos de muestreo del 2009, un total de 600 muestras con presencia o ausencia de 5 grupos elegidos por su abundancia en Caleta Potter y su representatividad en ecosistemas costeros antárticos: Porifera, Cnidaria, Mollusca, Asteroidea y Ascidiaceae. La distribución geográfica de estos grupos en las tres estaciones de Caleta Potter se mapeó usando ArcGIS (Versión 10,3, ESRI, Inc.). En Porifera quedaron incluidas de las especies halladas en el muestreo *Micale acerata*, *Dendrilla antartica*, *Stylocordyla borealis*, *Halicionidae* sp., *Rosella antartica*, *Rosella* sp. y otras especies no identificadas. Dentro de Cnidaria las especies involucradas son *Malacobelemnion daytoni*, *Urticinopsis antartica* y *Actiniaria* sp. Mollusca está caracterizado por *Laternula elliptica*, *Nacella concinna*, *Neobuccinum eatoni*, *Marsenopsis mollis* y una especie de Gastropoda no identificada. Asteroidea contiene a *Diplasteria brucei*, *Odontaster validus*, *Perknaster fuscus antarticus*, *Perknaster aurorae*, ejemplares de *Perknaster* de especie no identificada y otros de género no identificado. Dentro del grupo Ascidiaceas se incluye a *Molgula pedunculata*, *M.enodis*, *Cnemidocarpa verrucosa*, *Corella eumyota*, *Pyura setosa*, *P.obesa*, *Sycozoa gaimardi*, *Sycozoa silliginoides*, *Aplidium radiatum*, *Aplidium falklandicum*, *Tylobranchion speciosus*, *Synoicum* sp., *Ascidia challengerii*, *Distaplia cylindrica*, *Dicarpa insinuosa* y *Styela wandeli*.

### 2.3 Datos ambientales

Se utilizó el conjunto de variables ambientales obtenidas a través del programa permanente de monitoreo ECOS del Instituto Antártico Argentino y los obtenidos durante los programas Imcoast e ImcoNet (Interdisciplinary Modelling of Climate Change in Coastal Western Antarctica – Network for Staff Exchange and Training; Marie Curie Actions IRSES). Para la modelización se tomaron en cuenta 15 variables previamente seleccionadas por análisis de regresión y por la información de la historia natural de los grupos y especies con las que se trabaja que indican cuales pueden resultar más relevantes para los grupos de especies. Estas fueron: Profundidad (Jerosch y Scharf 2015), se ha determinado en estudios previos que resulta una variable estructurante de la comunidad bentónica, índice de posición batimétrica a gran escala -bpi- el cuál hace referencia a la relación de la profundidad en un punto respecto al de al lado para indicar con valores negativos la existencia de valles, nullos de llanuras o pendientes constantes y positivos crestas del sustrato (Jerosch y Scharf 2015); distancia a la costa como variable para medir la relación ante los impactos de hielo, distancia

al glaciar ya que resulta importante evaluar la distribución de los organismos frente a esta variable como medida de la retracción que sufre el glaciar en la pasada dos décadas, probabilidad de sustrato duro (Jerosch y Scharf *en prensa*) como variable determinante para permitir el asentamiento de ciertos grupos bentónicos; rugosidad del fondo causada por compresión lateral como una medida de la erosión del sustrato (por ej. acción del hielo o impacto de las olas) (Lim et al. 2013); banda de imagen satélite 4 que es una cantidad del reflejo de infrarrojo como una medida de la biomasa en las capas superficiales de agua ; contenido de sustrato fino en la superficie del sedimento(Wöfl et al. 2013; Jerosch et al. no publicado) que permite estimar el aporte de sedimento en suspensión; Óxido férrico  $Fe_2O_3$  en sedimento superficial, Dióxido de sílice en sedimento superficial  $SiO_2$ , Carbono total orgánico (TOC), Azufre total (TS) (Monien et al. 2014) que hacen referencia al contenido de material inorgánico del sedimento, los primeros son además elementos importantes el hierro como micronutriente y el sílice para esponjas y el TOC como fuente de alimento para los organismos bentónicos; pendiente en relación a la probabilidad de impacto del hielo, luz recibida, impacto de sedimentos en columna de agua entre otras (Scharf y Jerosch no publicado); promedio de la turbidez en la columna de agua de 0-10m (Ruiz E. en prensa) considerándola importante como una media en relación al paso de luz capaz de afectar la producción primaria y velocidad máxima de corriente (Lim et al. 2013).

## 2.4 Análisis estadístico y modelización

### 2.4a Técnicas de modelización

Existen distintos tipos de técnicas disponibles para la modelización clasificadas según su complejidad, el tipo de relación que efectúan entre los datos de partida y de respuesta y según las posibles aplicaciones en el campo de la ecología y conservación biológica en algoritmos descriptivos, algoritmos estadísticos y algoritmos de aprendizaje (Rangel y Loyola 2012). Cada una de estos, en el orden mencionado, aumentan en complejidad y precisión como así también en dificultad para la interpretación ecológica de los parámetros modelados. En el presente trabajo se utilizaron 10 algoritmos diferentes. Estos fueron dentro de los algoritmos descriptivos: SRE –surface range envelope- (Busby 1991); de los estadísticos: Modelos Lineares Generalizados -GLM generalized linear models-(McCullagh et al. 1989), Modelos Aditivos Generalizados -GAM generalized additive models- (Hastie et al. 1986), Regresión multivariada adaptativa – MARS multivariate adaptive regression splines– (Friedman 1991)-, Árboles de clasificación – CTA Classification tree analysis - (Breiman et al. 1984), Análisis discriminantes -FDA flexible discriminant

analysis- (Hastie et al. 1994); y de los de aprendizaje: Random forest –RF- (Breiman 2001), GBM generalized boosted models- (Ridgeway 1999), Redes neuronales –ANN assisted neural network– (Ripley et al.1996, Pearson et al. 2002), Modelos de máxima entropía –MAXENT- (Phillips y Dudík 2008).

A partir de los modelos individuales se generan ciertos *modelos consenso o ensamble* en los que el modelo final indica el grado de coincidencia entre varios modelos generando un promedio ponderado de acuerdo a su precisión (Araújo et al. 2007; Marmion et al. 2009; Rangel y Loyola 2012). BIOMOD2 (Thuiller et al. 2009), siglas de la frase inglesa MODElización de la BIODiversidad, es una herramienta programada específicamente para la generación de modelos de consenso (Mateo 2011), creada como plataforma para compilar varias técnicas para la previsión de distribución de especies.

#### 2.4b. BIOMOD- Calibración de los modelos

Se utilizó el programa R Studio 0,99.484 y R versión 3.1.3 para poder hacer uso de la plataforma biomod2 (Thuiller et al. 2013). Los 10 algoritmos incluidos en la modelización fueron GLM, GAM, MAXENT, CTA, ANN, GBM, MARS, SRE, FDA, RF.

Las predicciones se hicieron con el área total de Caleta Potter. De esta manera, el conjunto de datos se dividió en dos: un 70% del total de datos para la calibración del modelo y el 30% restante para evaluar las predicciones del modelo (Randin et al. 2006; Thuiller 2010). Esta es una alternativa eficaz para la modelización cuando no se poseen datos independientes para realizar la evaluación de los modelos. Se trabajó con presencia y ausencias reales con una prevalencia de 0.5, sin dar peso diferenciado (Yweights) a alguna de ellas. Se realizaron 5 repeticiones de esta subdivisión de datos, con 3 permutaciones para cada modelo para cada taxa para la evaluación de la importancia de las variables. Adicionalmente en el caso del grupo Mollusca se modelizó por separado dos de las especies más abundantes del grupo.

#### 2.4c. BIOMOD- Evaluación de los modelos

Considerando una probabilidad de ocurrencia de 0 a 1, la exactitud estadística de los modelos se analiza según la relación entre lo observado y lo que se predice, pudiendo nombrar 4 situaciones: Sensitividad (S), Especificidad (E), Falso Positivo (FP) y Falso Negativo (FN) (Allouche et al. 2006, Thuiller y Araújo 2010). La sensitividad está asociada a los sitios positivos que corresponden con los sitios de presencia de las muestras. Lo mismo sucede con la especificidad, pero considerando los sitios de ausencia. Los falsos positivos son aquellos sitios que se predicen como positivos por

encontrarse por encima del umbral de probabilidad de ocurrencia, pero se observa ausencia. Los falsos negativos en cambio, son aquellos que están por debajo del umbral pero se observa presencia del objeto de estudio.

Se usaron cuatro diferentes métodos de evaluación que se calculan sobre la base de los errores de omisión y comisión recién mencionados: ROC (Receiver Operating Characteristic curve), Accuracy, Kappa, TSS (True Skill Statistics).

Curva ROC o también conocido como el área bajo la curva (AUC), es un método gráfico que representa la relación entre la fracción de FP (1-E) y S. No es necesaria la definición de un umbral de probabilidad.

Accuracy es un método simple dado por  $(S+E)/\text{Total}$  que indica la fracción correcta.

Kappa evalúa utilizando estadística de Cohen Kappa. Expresa la correlación no obtenida por azar entre dos variables cuantitativas. Se basa en una matriz de clasificación siendo necesario establecer un umbral de probabilidad. BIOMOD calcula Kappa para todos los umbrales de probabilidad de 0 a 1, y el valor máximo se guarda como valor Kappa expresando la mejor correlación.

TSS es el más utilizado en la bibliografía para responder a cuestiones ecológicas cuando las predicciones son expresadas como presencia-ausencia (Allouch et al. 2006), compara el número de datos correctos menos aquellos obtenidos por azar. Se define como  $TSS = S + E - 1$ .

Tanto para Kappa como para TSS los rangos van de -1 a 1, donde 1 indica una perfecta correlación y valores de 0 o menores están asociados al azar. Para dos métodos de igual performance, tendrán el mismo valor de TSS.

Para evaluar la efectividad de los diferentes métodos de modelización dos eventos resultan fundamentales. Por un lado, el cálculo de valores de ROC, TSS, Kappa que permita determinar la calidad del modelo como lo indica la Tabla 1 (Thuiller y Araújo 2010). Se determinó como buen modelo aquel al que se le asigne un valor evaluativo de 0,6-0,8 de Kappa/TSS y 0.8-0,9 de ROC.

Accuracy	AUC	Kappa/TSS
Excellent or high	0.9 – 1	0.8 – 1
Good	0.8 – 0.9	0.6 – 0.8
Fair	0.7 – 0.8	0.4 – 0.6
Poor	0.6 – 0.7	0.2 – 0.4
Fail or null	0.5 – 0.6	0 – 0.2

**Tabla 1.** Índices de clasificación para predecir la exactitud del modelo. (Extraída de Manual Biomod Thuiller, 2010)

Por el otro, el análisis de respuesta a las distintas variables utilizadas en la modelización. Un modelo estable, es aquél en donde las diferentes corridas con sus permutaciones en los datos,

responden de una misma forma a las variables. Esto implica el análisis puntual de dos factores en cada corrida, que se ordene la importancia de las variables en la fabricación del modelo de una manera semejante y que no existan distintas curvas de respuestas para cada variable implicada.

La determinación de la importancia de cada variable resulta una herramienta eficaz para comparar la relación variable – respuesta de los modelos, aun cuando estos no están basados en los mismos algoritmos, técnicas o supuestos. En BIOMOD se extrae una medida relativa de la importancia de cada variable que es independiente del modelo empleado (Thuiller et al. 2012). El procedimiento implicado en la determinación del valor de importancia es el siguiente: una vez que los modelos han sido calibrados, se hace una predicción estándar. Luego, una de las variables es aleatorizada y se realiza una nueva predicción. El valor de correlación se calcula entre la nueva predicción y la estándar y es considerado como una estimación de la importancia de la variable en el modelo. Una buena correlación implica que la aleatorización de la variable no tiene gran influencia en la predicción del modelo, por ende la variable es considerada poco importante en la construcción del modelo. De lo contrario, una baja correlación entre ambas predicciones es decir que existe una diferencia significativa entre las predicciones, muestran una alta importancia de la variable para el modelo. De esta forma, el valor final de importancia de la variable se obtiene de restar 1 con el valor de correlación. Así, valores altos revelan una alta importancia de la variable y valores cercanos a 0 indican que la variable no es importante.

Para la determinación de la estabilidad de un modelo frente a la curva de respuesta en la variable, se esperarí que cada una de las curvas individuales pertenecientes a cada corrida de un mismo modelo se solapen; y que frente a los diferentes valores que toma la variable ambiental, exista una variación en la probabilidad de ocurrencia o desarrollo de la especie para que dicha variable sea considerada relevante.

#### 2.4d. BIOMOD- Predicciones modelo y Proyecciones

Para cada modelo se realizó un mapa que muestra el rango de probabilidad de ocurrencia del grupo de taxa superior analizado en cada repetición, y un mapa con su media.

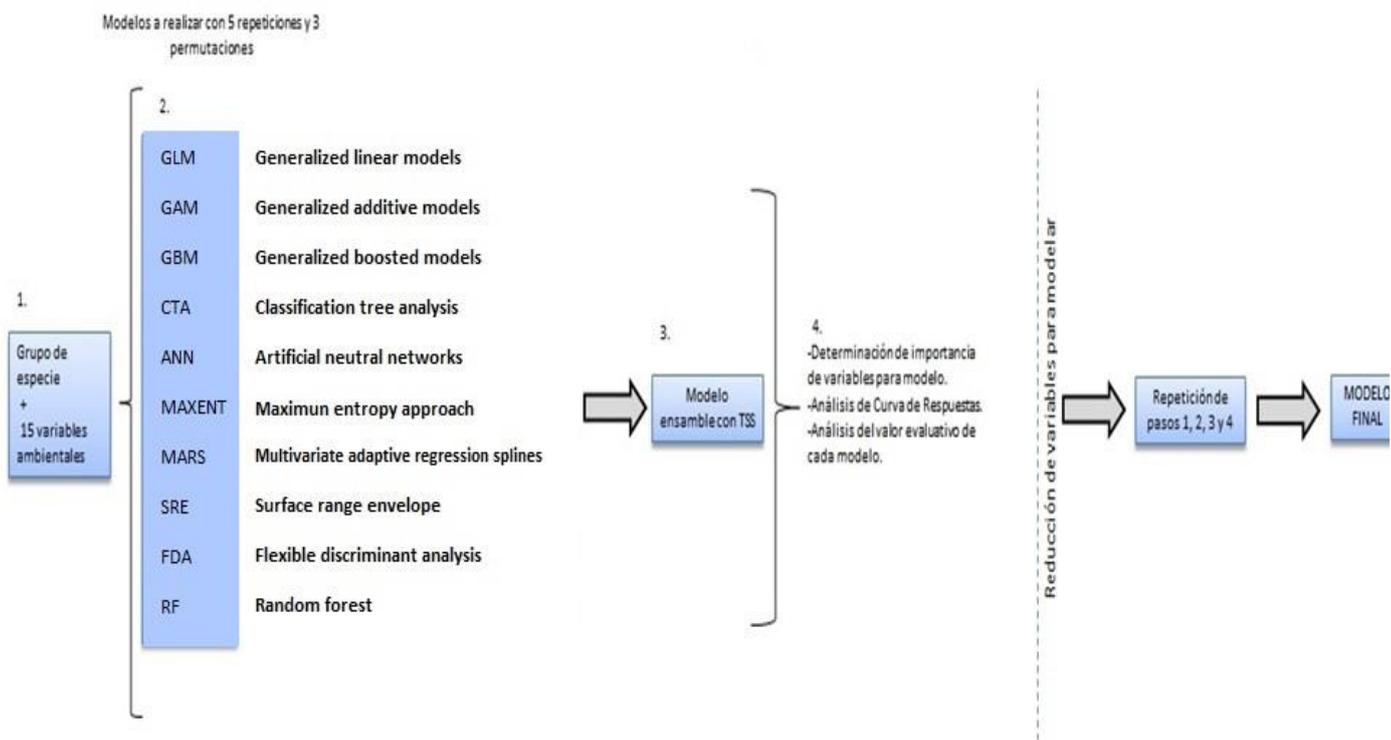
Se determinó un valor de umbral de TSS según el rango de valores obtenidos para cada grupo de especie, seleccionando el mayor valor evaluativo posible de TSS (superior a 0,6) de manera tal que quede incluido al menos el 15% de los modelos. Con aquellas corridas por modelo cuyo valor evaluativo iguale o supere el umbral determinado para TSS, se construyó el modelo consenso. Se procedió a hacer el *Modelo Ensamble* (EM) dando un peso ponderado a las proyecciones de cada

modelo según los diferentes valores de evaluación asignados, de manera tal que permita resumir la información de las áreas aptas para un posible desarrollo del grupo taxonómico. Se realizó un mapa con la desviación estándar del EM, donde el análisis de la superposición de las proyecciones de la media y del desvío estándar permite determinar la calidad predictiva de dicho ensamble.

Para una mejor construcción y proyección de un modelo de distribución de especie más exacto, representado por variables más significativas, se redujo la cantidad de variables ambientales seleccionadas y se procedió a realizar una segunda modelización con los 10 algoritmos, 5 corridas, 3 permutaciones y la construcción del modelo ensamble. Si el EM de esta segunda modelización es catalogado como buen modelo, se lo consideró modelo final para el taxa analizado. La selección de las variables corresponden a aquellas cuyo ranking de importancia en la primera modelización demuestren estar dentro de las cinco primeras o cuya importancia esté catalogada dentro de un 55% de influencia para la construcción de los modelos. La distribución final potencial del grupo fue mapeada utilizando el software ArcGIS (versión 10,3.1, ERSI Inc.).

La probabilidad de ocurrencia o desarrollo del modelo final se clasificó de acuerdo al porcentaje en alta (P1) de 100-80%, alta (P2) 80-60%, media (P3) 60-40%, baja (P4) 40-20% y muy baja probabilidad (P5) 20-0%. A partir de esta determinación con la utilización de ArcGIS y su herramienta complementaria de ArcMap se extrajo el valor promedio de las variables ambientales que corresponde a una Alta probabilidad es decir, aquellas probabilidades incluidas en los rangos de probabilidad P1 y P2.

Para comprender de mejor manera la secuencia de las proyecciones realizadas, un organigrama apropiado sería como el de la Fig. 2.



**Fig. 2.** Metodología para la modelización. Paso 1: Selección de grupo de especie y 15 variables ambientales. Paso 2: Modelización con 10 algoritmos, 5 repeticiones, 3 permutaciones. Paso 3: Construcción del modelo ensamble (EM) según umbral de valor de TSS. Paso 4: Determinación y análisis de importancia de la variables para modelo y construcción del EM. Análisis de Curva de respuesta y valores evaluativos para cada algoritmo. Paso 5: Reducción de variables para realizar segunda modelización. Se repite paso 1, 2, 3 y 4 donde el EM resultante es el modelo final. Esta segunda modelización es considerada la modelización final.

### 3. RESULTADOS

#### 3.1 Evaluación de los modelos

Los 5 grupos bentónicos de Caleta Potter modelados mostraron diferentes proyecciones según los 10 algoritmos tanto en la primera como en la segunda modelización. En cuanto a los valores evaluativos, la Tabla 2 muestra los promedios de Kappa, TSS, ROC y Accuracy para cada uno de los grupos. Al comparar ambas modelizaciones, se observa que Cnidaria es el grupo que en promedio obtiene los mayores valores evaluativos y puede ser caracterizado como excelente modelo según la determinación de Thuiller (2010). Los demás grupos como modelos regulares o malos en promedio.

Al realizar una segunda modelización con una reducción de las variables, los valores evaluativos medios generales o promedios de gran parte de los algoritmos se vieron aumentados (Tabla 2) <sup>1</sup> concediendo la inferencia de que una mayor especificación de las variables influyentes al grupo resulta en modelos de mejor calidad. Sin embargo, no hay diferencias significativas que permitan afirmar dicha hipótesis (F = 0,07, p = 0,79 para Porifera; H = 0,11, p = 0,73 para Cnidaria; H = 0,82, p = 0,36 para Mollusca; H = 0,20, p = 0,65 para Asteroidea; H = 5,14, p=0,82 para Ascidiacea).

Kappa	TSS	ROC	Accuracy		Kappa	TSS	ROC	Accuracy
0,433	0,549	0,797	0,905	<b>PORIFERA</b>	0,405	0,531	0,782	0,903
0,88	0,88	0,95	0,94	<b>CNIDARIA</b>	0,886	0,887	0,954	0,944
0,329	0,331	0,685	0,666	<b>MOLLUSCA</b>	0,355	0,36	0,698	0,676
0,332	0,339	0,695	0,716	<b>ASTEROIDEA</b>	0,333	0,345	0,696	0,717
0,465	0,551	0,791	0,834	<b>ASCIDIAS</b>	0,45	0,596	0,818	0,822

**Tabla 2.** Valores promedios de métodos evaluativos para cada grupo. Set de la izquierda corresponde a la primera modelización mientras que el set de la derecha a la segunda modelización. Modelización considerada como final

En esta segunda modelización, modelización final, al analizar el promedio de TSS para cada algoritmo y promedio total (Tabla 3) por grupo, Cnidaria es el único clasificado como excelente modelización. Sin embargo, las proyecciones otorgan distribuciones potenciales muy diferentes entre sí en cada algoritmo para un mismo grupo. Porifera y Ascidia muestran un 44% y 64% respectivamente de modelos buenos en su modelización<sup>1</sup>. En el caso de Mollusca y Asteroidea ningún valor superó el umbral asignado para TSS de manera que la construcción del modelo ensamble final fue descartada.

<sup>1</sup> Para mayor detalle ver Anexo I, valores evaluativos para ambas modelizaciones para todos los algoritmos y grupos, la línea roja señala la lista de corridas y algoritmos que quedan incluidas con un TSS > 0,6.

Aquellos algoritmos que en promedio general recibieron el mayor y menor valor de TSS, ROC, Kappa y Accuracy son GBM y SRE diferenciándose significativamente de los demás con un  $p < 0,01$  (Ver Tabla 3 y Anexo I). Según los valores de TSS, al algoritmo GBM se le asigna un valor evaluativo de 0,63 y a SRE de 0,30 para el segundo. Los valores intermedios ordenan a RF en segundo lugar, seguido por ANN, MARS, GLM, FDA, CTA, GAM, MAXENT y por último SRE (Tabla 3). El orden del segundo y penúltimo algoritmo coinciden con los demás valores evaluativos analizados. En el caso de la modelización de Cnidaria con ANN, 4 de 5 modelizaciones fallaron y no otorgaron ningún valor evaluativo, de manera tal que el valor mostrado para este modelo en la Tabla 3, como así también para la imagen 3a, corresponde a una única corrida. De incluir dichas ausencias de valores, en promedio general para todos los grupos ANN descendería cinco lugares pasando a ante penúltimo lugar, pero no afectaría la excelencia de modelización de Cnidaria puesto que el 86% de las corridas efectuadas corresponderían a modelos buenos.

	PORIFERA	CNIDARIA	MOLLUSCA	ASTEROIDEA	ASCIDIAS	Promedio
GBM	<b>0,674</b>	0,937	<b>0,433</b>	<b>0,441</b>	<b>0,671</b>	<b>0,6312*</b>
RF	<b>0,674</b>	0,94	0,391	0,402	0,661	<b>0,6136</b>
ANN	0,666	0,924**	0,428	0,371	0,622	<b>0,6022</b>
MARS	0,606	0,946	0,384	0,418	0,648	<b>0,6004</b>
GLM	0,651	<b>0,948</b>	0,393	0,347	0,647	<b>0,5972</b>
FDA	0,606	0,946	0,357	0,363	0,608	<b>0,576</b>
CTA	0,579	0,922	0,336	0,343	0,572	<b>0,5504</b>
GAM	0,299	0,942	0,41	0,424	0,648	<b>0,5446</b>
MAXENT	0,32	0,736	0,296	0,341	0,402	<b>0,419</b>
SRE	0,232	0,66	0,175	0,001	0,48	<b>0,3096*</b>
<b>Promedio</b>	<b>0,531</b>	<b>0,890</b>	<b>0,360</b>	<b>0,345</b>	<b>0,596</b>	
<b>Nº presencias (N)</b>	<b>32</b>	<b>241</b>	<b>265</b>	<b>203</b>	<b>82</b>	TSS

**Tabla 3.** Valores promedios de True Skill Statistic (TSS) de los cinco grupos de especies bentónicas para los diferentes métodos de modelo de distribución de especie (MDS) utilizados, con la cantidad de ocurrencias (N). Los modelos de más alto y bajo desempeño (GBM y SRE respectivamente) de acuerdo a su valor evaluativo. -Ver en texto aclaración para \*\* debido a falla en ANN- \*Hay diferencias significativas que dividen en dos grupos separando GBM Y SER con un  $p < 0,01$ .

En el caso de Porifera, RF y GBM son buenos modelos que obtienen el mayor valor evaluativo de TSS (0,674), aunque RF podría ser considerado el de mejor desempeño entre los dos debido a que presenta mayor valor de KAPPA y ROC además de que frente al análisis de curva de respuesta fue el algoritmo que mostró mayor estabilidad en las corridas y una respuesta diferenciada de acuerdo a los distintos valores de las variables.

Para Cnidaria GLM es el modelo que responde de mejor forma considerando su valor evaluativo, puesto que a nivel de la determinación de la importancia de las variables sólo ordena de igual manera a la primera variable a lo largo de cada corrida. Mientras que para el resto de los grupos lo es GBM. Aun cuando es GLM para Mollusca y Ascidiaceas quien muestra resultados estables en las curvas de respuesta entre sus corridas y en el análisis de la importancia de la variable. GLM en Mollusca posiciona a BPI, concentración de  $Fe_2O_3$  y contenido de sustrato fino en la superficie del sedimento como las tres primeras variables más importantes, mientras que para Ascidiaceas el algoritmo destaca a profundidad en primer puesto, seguida de distancia al glaciar y por último a BPI.

### 3.2 Variables de importancia en la modelización

Las variables que en promedio para todos los algoritmos y cinco grupos modelados resultaron más importantes fueron la profundidad (0,445), BPI (0,399), probabilidad de sustrato duro (0,358) y sustrato fino en sedimento superficial (0,342). La Tabla 4 resume el valor de importancia de variable por grupo modelado. Porifera señala en promedio, como variable más importante a TOC; Cnidaria a la probabilidad de sustrato duro, Mollusca y Asterozoa al índice de posición batimétrica (BPI) y Ascidiaceas a la profundidad.

**Promedio del valor de importancia de variable**

Gr3_PORIFERA	TOC	0,365	Gr9_MOLLUSCA	BPI	0,430
	Profundidad	0,337		Fe <sub>2</sub> O <sub>3</sub>	0,341
	Turbidez	0,333		Sustrato fino	0,324
	Distancia Costa	0,303		Distancia Costa	0,258
	Fe <sub>2</sub> O <sub>3</sub>	0,298	Distancia Glaciar	0,201	
	SiO <sub>2</sub>	0,260	Gr12_ASTEROIDEO	BPI	0,512
	BPI	0,248		Sustrato fino	0,389
	Distancia Glaciar	0,241		SiO <sub>2</sub>	0,288
	Velocidad máx.	0,218		TOC	0,214
	Prob. Sustrato duro	0,201		Distancia Glaciar	0,198
Gr4_CNIDARIO	Prob. Sustrato duro	0,515	Gr15_ASCIDIACEA	Profundidad	0,553
	Fe <sub>2</sub> O <sub>3</sub>	0,261		Distancia Glaciar	0,413
	Turbidez	0,239		BPI	0,405
	Distancia Glaciar	0,226		Sustrato fino	0,313
	TOC	0,167		Turbidez	0,167
	TS	0,162			

**Tabla 4.** Valores promedios de importancia de variable en la segunda modelización. Promedio del valor asignado por cada algoritmo para la variable.

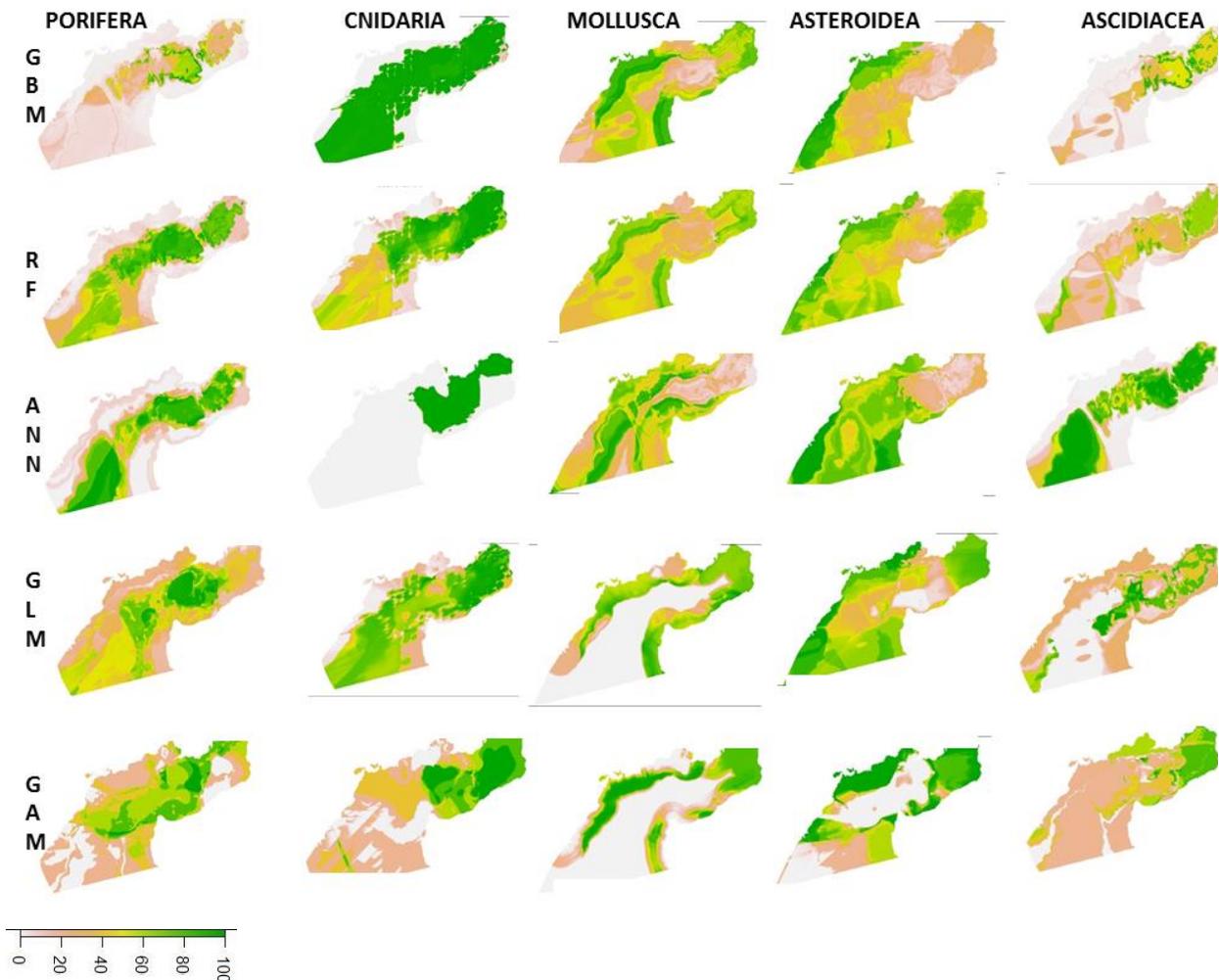
De la primera a la segunda modelización el ranking de importancia de variable se vio modificado para Porifera y Ascidiacea. Sin embargo, Cnidaria, Mollusca y Asteroidea mantuvieron el primer orden de la variable antes mencionada como la más importante; donde se vio, en los tres casos, su valor aumentado en la segunda modelización, tomando una mayor importancia.

### [3.3 Proyecciones y Modelo Ensamble final por grupo](#)

A pesar de que cada algoritmo produjo diferentes predicciones para determinar el área de alta probabilidad de ocurrencia, muchos modelos por cada grupo coinciden en ciertas áreas como: (1) área interna de la Caleta con una distancia a la costa mayor a 300 m – 400 m aproximadamente para Porifera y Ascidiacea, (2) zona Noreste de la Caleta incluyendo estaciones interna y central para Cnidaria, (3) contorno de la Caleta con una distancia a la costa de no más de 200 m aproximadamente coincidente con bajas profundidades para Mollusca aun cuando su modelización final de EM haya sido descartada, (4) la costa Noroeste para Asteroidea a pesar de suprimir su EM.

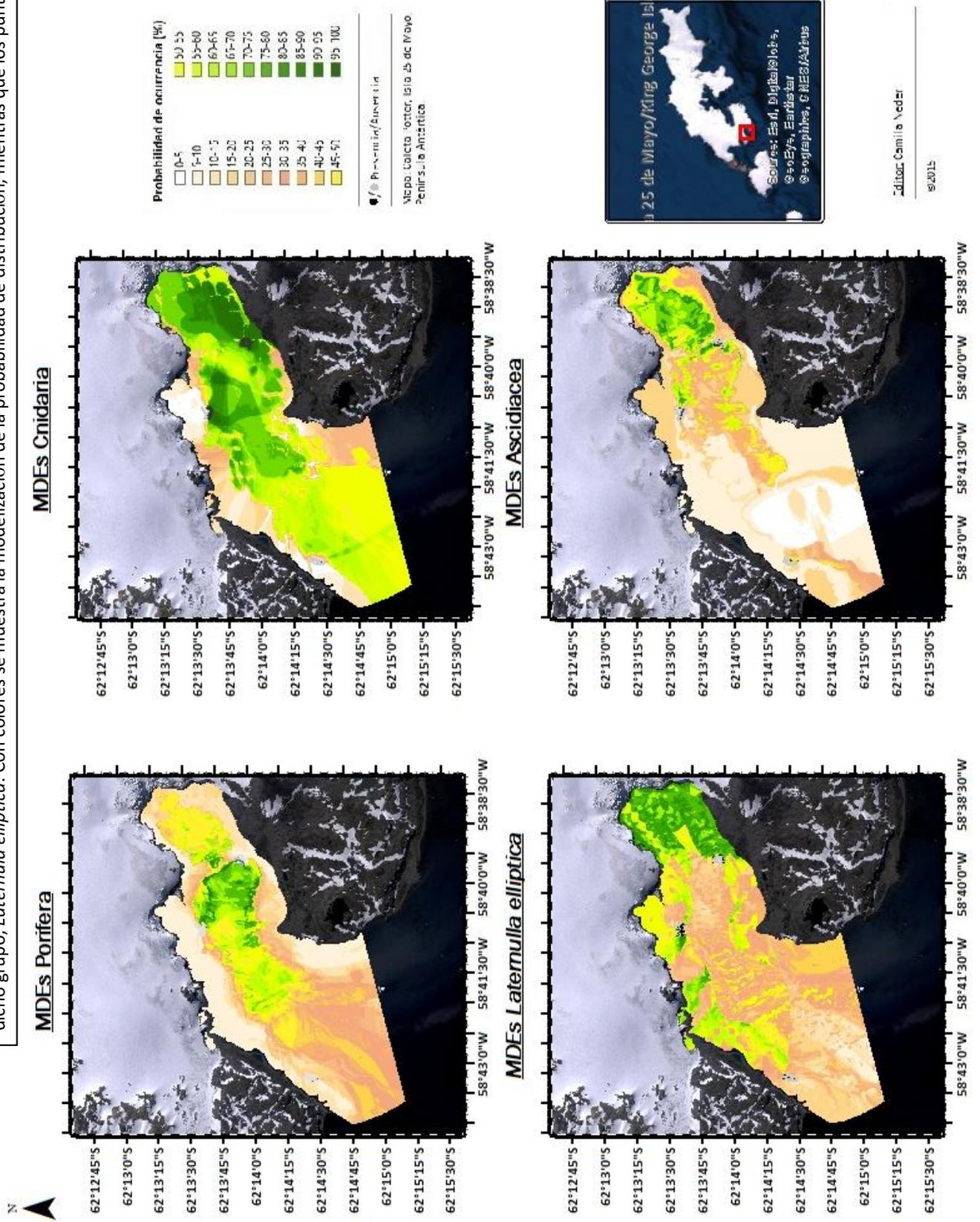
Se observa mediante comparación visual de los mapas predictivos (Fig. 3ab) que aquellos grupos que tienen sensibilidad más restringida es decir una presencia concentrada en una estación,

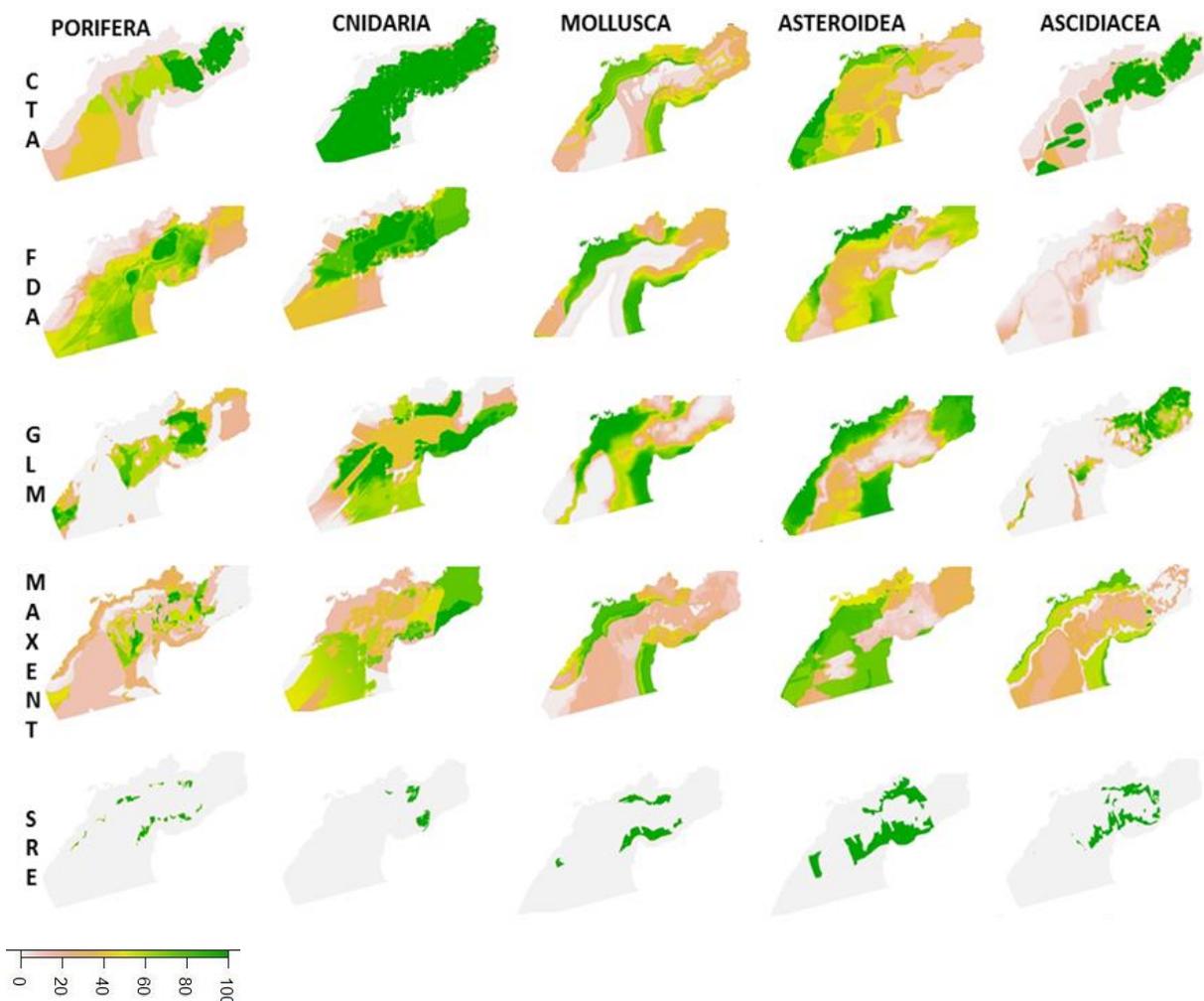
presentan una mayor similitud en el patrón predicho por el modelo en esa área. Como ocurre con Cnidaria en el área próxima a la E1 y E3 a diferencia de Asteroidea donde los diferentes modelos proyectan mapas muy diferentes entre sí.



**Figura 3a.** Proyecciones de la media de la probabilidad de ocurrencia (%) de las 5 corridas por algoritmo realizada cada grupo. Las columnas representan los taxa modelados, mientras que las filas coinciden con los algoritmos. Sólo Porifera, Cnidaria y Ascidiacea corresponden a modelos buenos. Esta imagen continua en la figura 3b. Ver en Tabla 3 los valores evaluativos de TSS promedios.

Fig. 4. Modelos de Distribución de Porifera, Cnidaria, *Laternula elliptica* y Ascidiacea. Modelos ensamblados finales para 3 grupos bentónicos característicos de Caleta Potter, Península Antártica. La modelización de Mollusca se ve representada por un ejemplar de dicho grupo, *Laternula elliptica*. Con colores se muestra la modelización de la probabilidad de distribución, mientras que los puntos





**Figura 3a.** Proyecciones de la media de la probabilidad de ocurrencia (%) de las 5 corridas por algoritmo realizada cada grupo. Las columnas representan los taxa modelados, mientras que las filas coinciden con los algoritmos. Sólo Porifera, Cnidaria y Ascidiacea corresponden a modelos buenos. Esta imagen es continuación de la figura 3a. Ver en Tabla 3 los valores evaluativos de TSS promedios.

Solamente Porifera, Cnidaria y Ascidiacea resultaron grupos cuya modelización superó el valor evaluativo de  $TSS > 0,6$  de manera tal que se procedió a la realización del modelo ensamble (EM) con dichos grupos. Las proyecciones finales se muestran en la figura 4. Se observa que las más altas probabilidades de ocurrencia de los grupos o especies modeladas acontecen en la caleta interna en la zona dinámica y de transición. La Tabla 5 resume el promedio de importancia de variables según cada uno de los modelos ensambles. El promedio de la importancia de variable para los cuatro modelos ensambles juntos da como resultado valores muy próximos entre sí, ordenando en primer lugar a probabilidad de sustrato duro (0,351), distancia a la costa (0,299), BPI (0,276), profundidad (0,271) y contenido de sedimento fino (0,269).

**Valor promedio de importancia de variable en Modelo Ensamble**

Gr3_PORIFERA_EM	BPI	0,349	Laternula elliptica_EM	Velocidad máx.	0,401
	TOC	0,259		Distancia Costa	0,234
	SiO <sub>2</sub>	0,175		Distancia Glaciar	0,215
	Distancia Costa	0,161		Turbidez	0,163
	Distancia Glaciar	0,150		TS	0,133
	Prob. Sustrato duro	0,149		BPI	0,132
	Turbidez	0,100		Sustrato fino	0,109
	Profundidad	0,099		TOC	0,098
	Fe <sub>2</sub> O <sub>3</sub>	0,085		Profundidad	0,079
	Velocidad máx.	0,081			
Gr4_CNIDARIO_EM	Prob. Sustrato duro	0,552	Gr15_ASCIDIA_EM	Profundidad	0,636
	Turbidez	0,336		Distancia Costa	0,503
	Fe <sub>2</sub> O <sub>3</sub>	0,307		Sustrato fino	0,428
	TOC	0,245		BPI	0,348
	Distancia Glaciar	0,190		Turbidez	0,193
	TS	0,178			

**Tabla 5.** Valores promedios de la importancia de variables asignada por cada algoritmo de buena calidad incluido en el EM.

### Porifera

Para la realización del modelo ensamble se optó por un valor de 0,7 de TSS quedando incluido 11 de 50 modelizaciones correspondientes a los modelos RF, MARS, GBM, GLM, ANN, FDA y CTA<sup>2</sup>. La figura 4 muestra una alta probabilidad de ocurrencia para Porifera en la zona central o de transición de la Caleta, siendo mayor en la isóbata próxima a los 20 m de profundidad comprendida entre la E1 y E3. La zona externa o quasi-persistente de la caleta, como así también las regiones distantes de la costa a unos 200 ó 400 m presenta una baja probabilidad. En cuanto al desvío estándar se observan valores más extremos que en la primera modelización, es decir más bajos en las zonas próximas a la costa y próximas a Morrena Castillo y altos en el área central y externa de la Caleta (Ver comparación de A1 y B2 en Anexo II). En esta modelización final las variables más importantes en la construcción del EM son BPI (0,348) y TOC (0,259); y en un tercer orden SiO<sub>2</sub> en sedimento superficial (0,175). Se destaca una probabilidad de ocurrencia menor al 15% (P5) y un muy bajo desvío estándar en las zonas de alta probabilidad de sustrato duro; como así también un valor promedio de un 10% de probabilidad de sustrato duro en las áreas de alta probabilidad de ocurrencia (P1 y P2).

<sup>2</sup> Para mayor detalle ver en Anexo II las proyecciones de los modelos incluidos para la realización del EM y en Anexo I su respectivo valor evaluativo que supera el umbral asignado, señalado con una línea azul.

El rango de valores promedios de las variables que coinciden con las zonas de Alta probabilidad (P1-P2) son los observados en la siguiente tabla:

**Valores medios de Alta Probabilidad**

	Media	DE
BPI	-26,27	15,55
TOC	0,65	0,15
SiO <sub>2</sub>	53,2	0,33
Distancia Costa	478,31	147,27
Distancia Glaciar	1778,64	646,49
Sustrato Duro	0,1	0,19
Turbidez	2,22	0,95
Fe <sub>2</sub> O <sub>3</sub>	8,04	0,36
Velocidad Máx	0,07	0,04
Profundidad	-34,2	6,79

**Tabla 6: Valores medios de las variables de alta probabilidad de desarrollo u ocurrencia de Porifera.** El orden de las variables corresponde a la importancia establecida para la construcción del EM de este filo.

### Cnidaria

Para la construcción del modelo ensamble, se utilizó un umbral de 0,95 para TSS, de manera que quedan incluidos 12 de 50 modelos (Ver B3, Anexo II); corridas pertenecientes a los mismos modelos que quedaron incluidos en la primera modelización: GLM, GBM, GAM, CTA, FDA, MARS, RF.

La variable más importante para la construcción del EM continúa siendo probabilidad de sustrato duro con un valor de 0,552 de importancia, pero cambió el orden del segundo y tercer lugar, invirtiéndose lo sucedido en el ranking obtenido luego de la construcción de los modelos individuales. Turbidez pasó a tener el segundo puesto y concentración de Fe<sub>2</sub>O<sub>3</sub> en sedimento superficial el tercero.

La figura 4 muestra el modelo ensamble realizado para Cnidaria. Se observa ciertos puntos con valores altos de probabilidad de desarrollo que coinciden con valores bajos de probabilidad de sustrato duro. En comparación con la primera modelización, la desviación estándar disminuyó en esta segunda modelización en la Caleta en su totalidad (Ver B4 en Anexo II).

El set de valores promedios de las variables que coinciden con las zonas determinadas en el modelo ensamble como Alta probabilidad de ocurrencia (P1-P2) son los observados en la Tabla 7.

<b>Valores medios de Alta Probabilidad</b>		
	Media	DE
Prob Sustrato duro	0,31	0,32
Turbidez	2,29	2,06
Fe2O3	8,11	0,41
TOC	0,52	0,2
Distancia Glaciar	1934,32	1285,05
TS	0,08	0,04

**Tabla 7:** Valores medios de variables ambientales de alta probabilidad de desarrollo u ocurrencia de Cnidaria.

### Mollusca

El modelo ensamble se descartó puesto que los valores evaluativos son de poca confiabilidad.

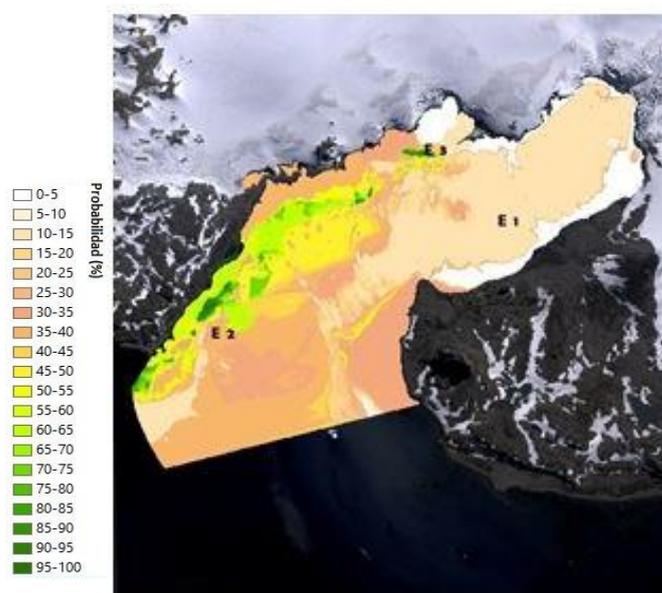
Al realizar la modelización por separado de dos especies más abundantes del grupo, las segundas modelizaciones con variables reducidas mostraron, en ambas, un aumento del valor evaluativo para los diferentes modelos corridos respecto a los valores hallados en la modelización por grupo. 8 de 50 modelos (pertenecientes a GBM, CTA, MAXENT, MARS y FDA) corresponden a modelos buenos (TSS >0,6) para *Laternula elliptica* y 9 de 50 (pertenecientes a GLM, FDA, GBM y MAXENT) para *Nacella concinna* (Ver Anexo I para más detalle de valores evaluativos).

En el caso *L.elliptica* la velocidad máxima de corriente, distancia a la costa y distancia al glaciar fueron determinadas como las variables que contribuyen en más de un 55% en la construcción del EM. Sin embargo, en el análisis de curva respuesta sólo velocidad máxima de corriente para el modelo GBM resultó consistente, mostrando una tendencia a una disminución de probabilidad de ocurrencia de *L.elliptica* en velocidades mayores a 0,15 m/s. En cuanto a las distancia a la costa y al glaciar, no hubo variaciones de la probabilidad de desarrollo frente a los distintos valores tomados por las variables en dicho algoritmo.

El modelo ensamble de la figura 4 muestra una alta probabilidad de ocurrencia de *Laternula elliptica* en la zona dinámica próxima al frente glaciar y una baja probabilidad en la zona externa de la Caleta.

En cambio, para *N.concinna* la profundidad es la variable que más contribuye a la construcción del modelo ensamble, seguida por SiO<sub>2</sub> y proporción de contenido de sustrato fino en sedimento. Existe una baja y muy baja probabilidad de ocurrencia de *N. concinna* en la zona interna de la Caleta hasta la Morrena Castillo y la costa aledaña a la E1, zona que recibe las mayores descargas de

material fino. Al analizar las curvas de respuestas para los modelos de mejor valor evaluativo, GBM muestra estabilidad. Se muestra una tendencia a una alta probabilidad de ocurrencia o desarrollo de *N.concinna* en profundidades entre 15-25 m, zonas de distancias entre 200 m y 350 m de la costa, de bajo contenido de sustrato fino y alta concentración de SiO<sub>2</sub> (Fig. 5.). Sin embargo, es la misma zona quien presenta un alto desvío estándar. Existe una muy baja probabilidad de ocurrencia o desarrollo en la zona interna de la Caleta hasta la Morrena Castillo, zona que recibe las mayores descargas de material fino.



**Fig. 5. Modelo ensamble para *Nacella concinna* con variables reducidas.** Izq.: Media de modelos usados en EM.

### Asteroidea

Ya que los Score evaluativos resultaron de modelos no buenos, el EM fue descartado.

### Ascidiacea

Frente a los valores evaluativos, se optó por establecer un umbral de 0,67 para la construcción del modelo ensamble, donde 9 de 50 quedaron comprendidos (Ver B5 en Anexo II). Incluye a los modelos GBM, GLM, GAM, MARS, RF y FDA.

En la construcción del modelo ensamble se observa que hay un menor desvío estándar respecto a la primera modelización (Ver B6 en Anexo II). La importancia de las variables en la construcción de dicho modelo fue asignada a profundidad con un valor de 0,64, seguida de distancia al glaciar 0,50 y contenido de sustrato fino en sedimento superficial 0,43 como las tres primeras.

En la Fig. 4 se puede observar que la mayor probabilidad de ocurrencia se encuentra hacia dentro de la caleta y al noreste, asociado a la distancia al glaciar; frente a una menor distancia una mayor probabilidad de ocurrencia. Esto coincide con la zona que recibe un mayor aporte de sedimentación, por ende un mayor aporte de contenido de sustrato fino.

La determinación del rango de valores de las variables que coinciden con las zonas determinadas en el modelo ensamble como Alta probabilidad de ocurrencia (P1-P2) se observa promediado en la Tabla 8.

<b>Valores medios de Alta Probabilidad</b>		
	Media	DE
Profundidad	-31,4	7,18
Distancia glaciar	686,9	412,98
BPI	-26,86	17,71
Sustrato fino	0,84	0,1
Turbidez	5,21	1,82

**Tabla 8:** Valores medios de variables ambientales de alta probabilidad de desarrollo u ocurrencia de Ascidiacea. El orden de las variables coincide con el orden de importancia para la modelización y construcción del EM

#### 4. DISCUSIÓN

Los modelos de distribución de especie permiten obtener información relevante para aproximarse al entendimiento de procesos del ecosistema basados en la relación de la distribución de la diversidad biológica y variables ambientales, frente a una falta de datos exhaustivos. Existen pocos estudios de modelización de la distribución de especies o grupos de especies marinas. Algunas investigaciones en bentos marino muestran un buen desempeño de algoritmos como GBM de acuerdo a un método evaluativo de ROC y Kappa (Reiss et al.2011). En el presente trabajo también se encontró que GBM se desempeñó como el mejor algoritmo, seguido de RF de acuerdo a los cuatro modelos evaluativos utilizados TSS, Kappa, ROC y Accuracy. Mientras que el algoritmo de más bajo desempeño fue SRE seguido de MAXENT. Sin embargo, es necesario comprender que los valores evaluativos asignados en las modelizaciones dependen de la relación de las variables biológicas y ambientales involucradas, de las repeticiones y permutaciones efectuadas.

La evaluación de los modelos en este estudio fue principalmente basada en TSS por ser el más utilizado en la bibliografía para responder a cuestiones ecológicas debido a que es una forma simple e intuitiva de medir el desempeño de mapas predictivos a partir de presencia y ausencia; que a diferencia de ROC, por ejemplo, no puede ser utilizado para la construcción de mapas a partir

de presencia-ausencia (Allouche 2006). Además siendo dependiente de un valor de umbral resulta mejor que Kappa y porque es una buena medida de comparar métodos diferentes ya que dos métodos de modelización con igual desempeño tendrán igual valor evaluativo de TSS (Thuiller 2010). Los demás métodos evaluativos fueron utilizados como complemento para la determinación de la calidad de un modelo.

El resultado de la modelización de la distribución en Caleta Potter de cinco grupos característicos de la Península Antártica con la implementación de 10 métodos de modelización diferentes, demuestra buenos a regulares modelos para Porifera, Cnidaria y Ascidiacea, y pobres a nulas modelizaciones con bajos valores de TSS para los grupos de Mollusca y Asteroidea. Una posible explicación ecológica para esto son los requerimientos ambientales diferentes y el hábitat que ocupan las diferentes especies involucradas en el grupo de la modelización. Esta idea condice con lo hallado en otros estudios donde agrupar especies con diferentes requerimientos de hábitat o especies con amplias distribuciones en diferentes condiciones ambientales, muestran valores evaluativos muy bajos (Guisan y Hofer 2003 en Allouche 2006, Reiss et al. 2011). Así también como considerar que los sitios donde los modelos fueron calibrados no están limitados a esa escala espacial por las variables ambientales modeladas perdiendo la tolerancia total en la que los taxa tienen un buen desarrollo (McPherson y Jetz 2007). Para Mollusca, dos especies más abundantes de las cinco que ingresan en esta agrupación son *Laternula elliptica* y *Nacella concinna*. *L.elliptica* es dominante entre los 15-20 m en la estación 1 asociada a un tipo de sustrato blando por su característica infaunal, pero coloniza todas las estaciones. Por otro lado, *N. concinna* se encuentra sólo en las estaciones externa y central de la Caleta, caracterizadas por sustratos duros o mixtos y asociada a macroalgas por el tipo de alimento que consume (biofilm y microalgas bentónicas) que se desarrollan sobre ellas. De esta forma, al estar ambas especies incluidas en el mismo grupo, existe presencia de Mollusca frente a las distintas combinaciones de profundidades y sustrato (variables determinantes en la caracterización de Caleta Potter), lo que evita la posibilidad de establecer una modelización de alta calidad en relación a la presencia de grupo y variable importante. Por esta razón se optó por realizar la modelización por separado de estas dos especies y en la segunda modelización con variables reducidas mostraron un aumento del valor evaluativo para los diferentes modelos corridos respecto a los valores hallados en la modelización por grupo, lo que indica que la subdivisión de este grupo resulta necesaria para una mejor modelización. Los resultados muestran una probabilidad de desarrollo que no se ve solapada, hecho que permitiría confirmar esta idea de subdivisión al encontrar que 16% de los modelos son buenos para *L. elliptica*

mientras un 20% para *N. concinna* vs ninguno al modelar el grupo completo. Por otro lado, para Asteroidea, a pesar de ser uno de los grupos de más número de presencia hallados, da valores evaluativos muy bajos en la modelización con los diferentes modelos corridos. La distribución potencial de este grupo responde al contenido de sustrato fino en sedimento superficial y en la distribución real se observa cierto gradiente en relación a dicha variable donde la presencia del Asteroidea es mayor en las estaciones de sustrato duro o mixto, en  $E1 < E3 < E2$  (Ver C1 en Anexo III). Esto demostraría diferentes requerimientos ambientales a los que responden las distintas especies como *Perknaster* sp. espongióvoras u *Odontaster validus* oportunista, ambas con gran tolerancia a altas profundidades y mayores abundancias en sustrato duro (Majón-Cabeza 2001, McClintock 2005). Asimismo, interacciones biológicas como competencia y predación no son incluidas en estas modelizaciones de la distribución potencial, pero pueden tener un importante rol en la distribución de estos grupos.

Los modelos de buen desempeño de Porifera, Cnidaria, Ascidiacea y *Laternula elliptica* devuelven en el modelo ensamble proyecciones que permiten predecir su distribución potencial en Caleta Potter. Los valores más altos de probabilidad de desarrollo u ocurrencia se dan en el área interna y central (zona dinámica y de transición) de la caleta, área que se ve más afectada por un aporte de sedimento fino desde los arroyos Matías y Potter provocado por arrastre de deshielo y que se ha visto incrementado a causa de la retracción del glaciar. Se destaca las áreas de alta distribución potencial o desarrollo de *Laternula elliptica*, Ascidiacea y Porifera en relación a la distancia al glaciar, alejándose de este según han sido mencionadas. Cnidaria ocupa áreas de alta probabilidad de distribución que coinciden con los demás taxa nombrados. Sin embargo es necesario tener en cuenta que al modelar en ambiente marino se tiene una tercera dimensión que sería la profundidad, por lo que la superposición de las áreas observadas no necesariamente implicaría un compartimiento del hábitat. De esta manera se puede inferir que esta distribución en conjunto se da por la profundidad que es coincidente en el eje de distancia al glaciar. Las variables modeladas que en promedio resultaron dentro de las 5 más importantes para los cuatro modelos ensamblados finales son la característica del tipo de sustrato representada por probabilidad de sustrato duro y contenido de sedimento fino, la profundidad (per sé o índice de posición batimétrica) y la distancia al glaciar. De esta forma, la mayor probabilidad de ocurrencia se encuentra asignada por la superposición del área de menor distancia al glaciar donde las profundidades son menores y de baja probabilidad de sustrato duro. Hay una baja probabilidad de ocurrencia de Porifera y Ascidiacea de P5 o P4 en la zona de alta probabilidad de sustrato duro y

una alta de P1 o P2 para Cnidaria en sustratos blandos. Esto se puede ratificar con las imágenes de las muestras obtenidas en estudios anteriores (Sahade 1998, Zamboni 2010) donde las esponjas y las anémonas *Urticinopsis antartica*, *Actiniaria* sp. y el penatuláceo *M. daytoni* que forman parte del grupo Cnidaria, sólo se encuentran en sustrato blando, mientras que las ascidias se hayan en ambos tipos de sustratos. Esta última especie mencionada, *M. daytoni*, es la más abundante de las tres y se encuentra adaptada para vivir en sedimento blando (Servetto 2013). Sin embargo, en cuanto a Porifera y Ascidiacea, este hecho se contradice con lo expuesto en otros estudios donde se destaca la dominancia de las esponjas en material grueso como sustrato o el requerimiento de sustrato duro para el asentamiento de los tunicados (Koltun en 1969, Lambert 2005). Colonizar sustrato blando es uno de los principales problemas de las esponjas para sobrevivir a ambientes marinos profundos (Barthel 1993). Sin embargo una característica particular del bentos antártico es la dominancia de filtradores epibentónicos sésiles como ascidias y esponjas aún sobre sustratos blandos (Gili et al. 2006). En cuanto a la profundidad se destaca como primera variable importante sea por mayor profundidad para una mayor probabilidad de ocurrencia modelada en ascidias o por el índice de posición batimétrica con valores negativos (valles) modelados para las esponjas. Un análisis de la importancia de esta variable que excede la modelización del presente trabajo, se alude a la interpretación de la reducción del impacto del hielo con el aumento de profundidad ya que tanto esponjas como ascidias no resisten este impacto ni tienen tasas de recambio poblacional elevadas que les permita tolerar dicho disturbio como sería el caso de bivalvos que pueden enterrarse evitando el impacto o pennatuláceos cuyas poblaciones se recuperarían rápidamente (Sahade et al. 1998).

Otras variables además del sedimento fino, profundidad y distancia al glaciar resultan importantes individualmente en la modelización de algunos grupos de especie, como las concentraciones de dióxido de sílice ( $\text{SiO}_2$ ), óxido de hierro ( $\text{Fe}_2\text{O}_3$ ), carbono orgánico total (TOC). Sin embargo, las características autoecológicas de la especie e interacciones biológicas pueden afectar significativamente la exactitud de la distribución modelada (Randin et al. 2006; Reiss et al. 2011) y aun cuando no hayan sido involucradas en la presente modelización, deben ser consideradas para una mejor interpretación de las áreas de potencial distribución. Por ejemplo la capacidad de colonización, la movilidad y dispersión con las posibles barreras del sistema, la presencia de especies más competitivas, la tolerancia a ciertas variables ambientales como sedimento fino, impacto de hielo considerando distancia al glaciar y profundidad, entre otras.

En cuanto a la capacidad de colonización, movilidad y dispersión, se puede destacar el caso de especies bentónicas sésiles como las incluidas en Porifera, Cnidaria y Ascidiacea. La dispersión de su larva pelágica y de vida libre puede facilitar el asentamiento en un hábitat óptimo donde la especie se desarrollará por un largo tiempo en poblaciones de fondo. Así, la posibilidad de asentamiento está relacionada con la disponibilidad de un sustrato adecuado, las corrientes, la temperatura, la luz, la capacidad de mecanismos de protección a las radiaciones UV recibidas, etc. (Gutierrez 2007, Lambert 2005). Las larvas lecitotróficas típicas de Porifera y Ascidiaceas presentan una capacidad reducida de movilidad y corta dispersión (McClintock 2005, Lambert 2005). Por otro lado, Ascidiacea demuestra características competitivamente favorables y de buenos colonizadores (Lambert 2005), entonces ante sustrato libre por la acción de hielo de fondo, ascidias podrían asentarse sobre sustrato menos profundo a diferencia de poríferas que deberían de hacerlo más allá de los 28 m donde no se ha observado formación de hielo de fondo. Esto se vería relacionado con la segunda variable más importante en la modelización de Ascidiacea del presente trabajo y del análisis en conjunto de los taxa, la distancia al glaciar y como posible explicación al no solapamiento del área de mayor probabilidad de ocurrencia modelada en Porifera y Ascidiacea aun cuando ambas pertenecen a organismos sésiles filtradores.

Considerando el disturbio ocasionado por el material particulado, los organismos bentónicos filtradores frente a un aumento de sedimento fino se verían influidos por un umbral de tolerancia (Torre 2013). Ante la superación de este límite, dichos organismos cuya captación de alimento y respiración se encuentra asociada a la misma estructura (en especial ascidias que posee una branquia filtradora del alimento encargada también de realizar el intercambio de gases), podrían sufrir un colapso poblacional. La idea de un umbral de tolerancia de material particulado en suspensión resulta fundamental para comprender el área modelada de mayor probabilidad de distribución que comparten Cnidaria con Porifera, *Laternula elliptica* y Ascidiacea, y a su vez Ascidiacea con *L.elliptica*. Torre (2012) señala que las ascidias se verían gravemente afectadas frente a un aumento de sedimento fino, muestran un gasto energético mayor frente a la gran cantidad de agua filtrada y la baja energía adquirida por obtención de alimento; a diferencia del penatuláceo *M.daytoni*, cuya tasa respiratoria no se vio afectada significativamente por un aumento de sedimento, y del bivalvo infaunal *L.elliptica* que mostró cierta tolerancia a altas concentraciones y adaptación a la turbidez por su capacidad de enterrarse hasta 50 cm en el sedimento (Servetto 2013). Aún cuando las relaciones de interacción biológica no hayan sido consideradas en la modelización, esto se podría interpretar la distribución modelada en el presente

trabajo donde *Laternula elliptica* ante una retracción del glaciar con exposición del sustrato libre podría asentarse y hacer frente al disturbio causado por el impacto de hielo a bajas profundidades. Frente a un aumento de sedimento fino registrado en la Caleta podría reducir la abundancia de ascidias, competitivamente superiores, por superación del umbral de tolerancia lo que permitiría una dominancia de poríferas a profundidades de 20 m en Caleta Potter y posibilitaría a *M.daytoni* y *L.elliptica* a ampliar su distribución aun cuando la zona donde presenta una alta probabilidad de ocurrencia reciba grandes impactos de hielo. Esto se correlaciona con el cambio de estructura de comunidad presenciado en la Caleta desde 1994 a 2010, donde a mayores profundidades los organismos suspensívoros dominantes pasaron de ser ascidias a poríferas (Sahade et al. 2015). Sumado a esto, la rápida maduración sexual de los oocitos de *M.daytoni* (Servetto 2013) y la característica infaunal de *L.elliptica* permitiría comprender la alta probabilidad de ocurrencia haciendo frente a los disturbios causados por hielo. Cabe aclarar que el penatuláceo mencionado es la especie más abundante de las tres modeladas en el grupo de Cnidaria, de manera que se sugiere realizar una modelización individual para permitir una mejor comprensión.

En ambas modelizaciones de Porifera, una de las variables más importantes para la construcción del modelo ensamble fue la concentración de dióxido de sílice ( $\text{SiO}_2$ ). Las esponjas encontradas e identificadas en las muestras que se utilizaron para la modelización, corresponden a especies de clase Demospongiae (*Micale acerata*, *Halicionidae* sp., *Stylocordyla borealis*, *Dendrilla antartica*) y Hexactinellida (*Rosella* sp.). Hexactinellida posee la particularidad que su tejido celular y esqueleto está formado por espículas de sílice, en cambio Demospongiae por una matriz de esponjina que puede o no contener espículas de sílice (Boury-Enault 2006; Reiswig 2006; Drozdov 2011). No obstante, estas dos clases en zonas antárticas, tienen un bajo contenido de materia orgánica en sus estructuras y un gran contenido inorgánico representado en mayor parte de esqueleto silíceo a diferencia de otras esponjas presentes en latitudes tropicales o templadas (Barthel 1995). Además, las bajas temperaturas y los altos niveles de sílice (Nelson et al. 1981) del Océano Antártico son dos de las razones que explican la dominancia de Porifera ya que permiten su desarrollo estructural en todas las Hexactinellida y en muchas Demospongias (Uriz 1987; Downey et al. 2012). Sin embargo, los fenómenos de precipitación de sílice para la formación de estas estructuras esqueléticas no parecen mostrar en Porifera una relación directa con la concentración (Uriz 1987). Por lo que se podría justificar la importancia de esta variable en la distribución modelada para Porifera por una relación inversa de causa-efecto. Es decir, una redisolución biogénica del sílice de la estructura de esponjas muertas podría aumentar la concentración de dióxido de sílice en sustrato, fenómeno que

es más constante en sistemas de océanos abiertos como el observado en el mar Wedell (Nelson 1981; Barthel 1993). Aunque no se han reportado estudios que permitan confirmar esta idea en Caleta Potter, sí se encontró en Caleta Marian ubicada al igual que Potter en la Bahía Maxwell, una correlación del SiO<sub>2</sub> con el sílice biogénico (Monien 2011). La relación existente entre la importancia de TOC y la alta probabilidad de desarrollo de Porifera y Ascidiacea puede deberse a que este es la principal fuente de alimento de estos grupos (Tatián 2002; McClintock et al. 2005). Para Cnidaria resulta importante en la modelización el óxido de hierro (Fe<sub>2</sub>O<sub>3</sub>). Se lo podría relacionar con la importancia del hierro como condicionante para la producción primaria y la consecuente cadena trófica sin embargo, el hierro no es un compuesto limitante en Caleta Potter en donde además, la producción primaria local es muy baja (Schloss et al. 2012). Sería factible la idea de un requerimiento puntual de hierro para el grupo, a pesar de no haberse hallado estudios que permitan explicar dicha relación para las especies involucradas en este trabajo.

La utilidad de MDEs con la construcción de un modelo ensamble capaz de resumir la información relevante para describir la distribución potencial en Caleta Potter de cinco grupos bentónicos característicos de Antártida y aproximarse a un análisis de los procesos implicados en dicha distribución, queda presentada en este estudio. Aun cuando los MDEs no revelan la relación causa-efecto de las variables ambientales y la fauna bentónica, se destaca la importancia de variables como contenido de sustrato fino en sedimento superficial, probabilidad de sustrato duro, profundidad y BPI. Sin embargo, más allá de una interpretación puntual de la importancia de las variables ambientales en la determinación de áreas potenciales de distribución de los grupos, resulta fundamental considerar los problemas de transferibilidad en la modelización. Se denomina transferibilidad a la capacidad de un algoritmo, calibrado en un contexto, de predecir la distribución de la especie en un contexto diferente de áreas no muestreadas (Townsend et al. 2007; Phillips 2008). Un modelo con datos de entrada que cubren el mismo o un rango más amplio en la región calibrada, es más probable que dé predicciones más precisas en la región de evaluación que a la inversa (Randin et al. 2006). En este caso si bien el área de calibración es la misma que la de evaluación; la determinación del rango de tolerancia ambiental para los grupos de especies capaz de definir las áreas de potencial distribución, se asigna en función de las presencias en las 3 estaciones de muestreo empleadas y de su relación con los valores de las variables ambientales que existan en dichos sitios. De esta manera al no tener una dispersión de las muestras que colmen todo el rango de valores que toman las variables ambientales, se pierde parte de la tolerancia total permitida. Lo que sería equivalente a no capturar el rango ambiental completo de los grupos de

especies por una restricción de datos reduciendo la aplicabilidad predictiva del modelo, principalmente en proyecciones en otras regiones o a futuro con la utilización de dichas variables pero con valores que describen aquellas nuevas regiones o tiempo (Thuiller et al. 2004; Phillips 2008). Entre otras interpretaciones en la transferibilidad se puede mencionar a las interacciones biológicas o a la presencia del taxón en distintas regiones con idoneidades ambientales diferentes (Randin et al. 2006). Ambas explicadas con anterioridad en la presente modelización para interpretar las áreas de potencial distribución de los grupos analizados.

Una de las aplicaciones de los MDEs es la predicción de cambios de patrones de distribución en respuesta al cambio climático. A partir de lo observado en otras investigaciones (Abele et al. 2012; Schloss et al. 2012; Sahade et al. 2015) y de las variables importantes en la distribución modelada en el presente trabajo, se podría inferir que frente a un aumento de la temperatura atmosférica con tasas de retracción de glaciación cada vez más rápidas como las registradas en la Península Antártica (Cook 2005), las áreas de potencial distribución de los grupos o especies bentónicas se podrían ver modificadas. Sin embargo, la interpretación de la escala espacial y temporal en la que se aplican los MDEs es de suma importancia cuando se desea extrapolar el modelo desarrollado a otra región u otro tiempo, como así también tener en cuenta los errores de transferibilidad mencionados anteriormente. El grano de la escala o área de observación y muestreo, describe la exactitud y predicción de las especies y permite un análisis determinado de las variables, de esta manera también presenta un límite de extrapolación (Townsend 2007; Elith J. y Leathwick JR. 2009). Así, según la extensión deseada es el tipo de análisis que se puede efectuar. Los estudios macroecológicos y de cambios mundiales tienden a ser de escala continental o mundial (por ejemplo Thuiller 2003), mientras que los estudios dirigidos a la comprensión ecológica o planificación de la conservación tienden a extensiones locales o regionales (por ejemplo Opiel et al. 2011).

De esta manera, resulta fundamental comprender que la escala espacial en la que se ha modelado, la dispersión de los datos, los requerimientos de la especie, las interacciones biológicas y las características autoecológicas provocarán una variación en la relación de importancia de los factores ambientales y en consecuencia en la correcta interpretación de los modelos de distribución de especie. Por ende, para un mejor desempeño e interpretación de los MDEs las variables ambientales implicadas en la modelización deberían idealmente representar factores limitantes para la especie, fuentes de disturbio; como así también muestreos de las variables

biológicas en áreas que permitan abarcar un abanico de valores diferentes de las variables ambientales implicadas para poder captar el mayor rango de tolerancia.

## 5. CONCLUSIÓN

Cada modelo individual utilizado en el presente trabajo responde a una idoneidad particular, sin embargo se puede determinar que SRE es un modelo simple de distribución que otorga los valores mínimos evaluativos y proyecta la presencia de la especie o grupo de especies sólo en los lugares de muestreo o muy próximos a ellos, mientras que GBM fue el de mayores valores evaluativos. En los cinco grupos bentónicos modelados en el presente trabajo, sólo Porifera, Cnidaria y Ascidiacea dieron como resultado modelos ensambles buenos o excelentes. En el caso de Mollusca se optó por una modelización por separado donde la proyección de *Laternula elliptica* resulta un buen modelo, se sugiere hacer lo mismo para Cnidaria con *Malacobelemnion daytoni* para una mejor comprensión del grupo. De esta manera, las mayores probabilidades de desarrollo o probabilidad de existencia de Porifera, Cnidaria, *L.elliptica* y Ascidiacea se dan en el área interna y central de la Caleta, respondiendo al tipo de sustrato, la profundidad y distancia a la costa como variables de importancia en la modelización de los EM. Se puede destacar a la baja probabilidad de sustrato duro y a altos contenidos de sustrato fino como variables importantes en la distribución de los grupos aumentando la probabilidad de ocurrencia modelada, resaltando la posibilidad de un umbral de tolerancia de material inorgánico en suspensión que regule la estructura de la comunidad bentónica de Caleta Potter. Además se observó áreas de distribución respecto a la distancia al glaciar; *Laternula elliptica* próxima al frente glaciar, con Ascidiacea y Porifera hacia dentro de la Caleta respectivamente y Cnidaria presente en las tres áreas de los demás taxa analizados.

Con este estudio también se demuestra que los MDEs pueden mejorar el entendimiento de la distribución y las características ecológicas de los organismos marinos, aun cuando se disponga de datos no ampliamente distribuidos. Comprendiendo que cada modelo depende de las variables analizadas, las repeticiones, las permutaciones y los métodos evaluativos; ofrecer un abanico de modelos de distribución de especie o un modelo consenso que unifique la información de aquellos más relevantes que permitan predecir la distribución potencial de ciertos grupos de especies y una aproximación a la comprensión de los procesos implicados, es útil para la ciencia y el manejo de futuras investigaciones en Caleta Potter, como así también en áreas costeras antárticas.

## 6. BIBLIOGRAFÍA

- Abele, D. , Braun, M. , Falk, U. , Kuhn, G. , Hass, H. C. , Dominguez, M. , Monien, P. , Brumsack, H. J. , Wasilowska, H. , Tatur, A. , Schloss, I. , Hernando, M. , Quartino, M. L. , Torre, L. , Sahade, R. and Philipp, E. (2010): An interdisciplinary approach to climate and coastal systems changes on King George Island , *American Geophysical Union Fall Meeting 2010, San Francisco, USA. December*
- 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 (6), s. 1223–1232. doi:10.1111/j.1365-2664.2006.01214.x
- Araújo, M. B. y New, M. 2007. Ensemble forecasting of species distributions. *Trends in ecology and evolution*, 22:42-47.
- Barnes David (1999) The influence of ice on polar nearshore benthos. *Mar Biol Assoc UK* 79(03):401 - 407
- Barnes, D. K. a & Peck, L. S. (2008). Vulnerability of Antarctic shelf biodiversity to predicted regional warming. *Climate Research*, 37 (Epica 2004), s. 149–163. doi:10.3354/cr00760
- Barthel, D. (1992). Do hexactinellids structure antarctic sponge associations? *Ophelia*, 36 (2), s. 111–118. doi:10.1080/00785326.1992.10430362
- Barthel, D. & Tendal, O. S. (1993). The sponge association of the abyssal Norwegian-Greenland Sea: Species composition, substrate relationships and distribution. *Sarsia*, 78 (2), s. 83–96. doi:10.1080/00364827.1993.10413524
- Barthel, D. (1995). Tissue composition of sponges from the Weddell Sea, Antarctica: not much meat on the bones. *Marine Ecology Progress Series*, 123 (1990), s. 149–153. doi:10.3354/meps123149
- Bers, A. V., Momo, F., Schloss, I. R. , Abele, D. and Braun, M. (2012): Analysis of trends and sudden changes in environmental long-term data from King George Island (Antarctica): Relationships between global climatic oscillations and local system response , *XXXII SCAR and Open Science Conference , 13 July 2012 - 25 July 2012 .*
- Breiman, L., Friedman, J.H., Olshen, R.A., and Stone, C.J. (1984) Classification and regression trees. *Chapman and Hall*, New York.
- Breiman, L. (2001), "Manual On Setting Up, Using, And Understanding Random Forests V3. *Random Forests, Machine Learning* 45(1), 5-32.
- Boury-Enault, N. (2006). Systematics and evolution of Demospongiae. *Canadian Journal of Zoology*, 84 (2), s. 205–224. doi:10.1139/z06-003
- Busby JR (1991) BIOCLIM - a bioclimate analysis and prediction system. In: Margules CR, Austin MP, editors. *Nature Conservation: Cost Effective Biological Surveys and Data Analysis*. Canberra, Australia: CSIRO. pp. 64-68.
- Cao, Y. et al. (2013). Using Maxent to model the historic distributions of stonefly species in Illinois streams: The effects of regularization and threshold selections. *Ecological Modelling*, 259, s. 30–39. doi:10.1016/j.ecolmodel.2013.03.012
- Clarke, A. et al. (2007). Climate change and the marine ecosystem of the western Antarctic Peninsula. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 362 (1477), s. 149–166. doi:10.1098/rstb.2006.1958

- Clarke, A. 1996 The influence of climate change on the distribution and evolution of organisms. In *Animals and temperature: phenotypic and evolutionary adaptation*, vol. 59 (ed. I. A. Johnston & A. F. Bennett). *Society for Experimental Biology seminar series*, pp. 375–407. Cambridge, UK: Cambridge University Press
- Cook, A. J. (2005). Retreating Glacier Fronts on the Antarctic Peninsula over the Past Half-Century. *Science*, *308* (5721), s. 541–544. doi:10.1126/science.1104235
- Cook, A. J. & Vaughan, D. G. (2010). Overview of areal changes of the ice shelves on the Antarctic Peninsula over the past 50 years. *The Cryosphere*, *4*, s. 77–98. doi:10.5194/tcd-3-579-2009
- Dayton, P. K., Robilliard, G. & Devries, A. (1969). Anchor ice formation McMurdo Sound, Antarctica, and its Biological effects. *Science*, *163* (4), s. 237–238.
- Downey RV, Griffiths HJ, Linse K, Janussen D (2012) Diversity and Distribution patterns in high southern latitude sponges. *PLoS ONE* *7*(7):e41672 doi:10.1371/journal.pone.0041672
- Drozdov, A. L. & Karpenko, A. a. (2011). Structural Arrangement and Properties of Spicules in Glass Sponges. *ISRN Materials Science*, 2011, s. 1–8. doi:10.5402/2011/535872
- Elith, J. & Graham H., C. (2009). Do they? How do they? WHY do they differ? On finding reasons for differing performances of species distribution models. *Ecography*, *32*, s. 66–77. doi:10.1111/j.1600-0587.2008.05505.x
- Elith, J. & Leathwick, J. R. (2009). Species Distribution Models: Ecological Explanation and Prediction Across Space and Time. *Annu Rev Ecol Syst*, *40* (2009), s. 415–436. doi:10.1146/annurev.ecolsys.l
- Friedman J.,(1991) “Multivariate Additive Regression Splines”. *Annals of Statistics*.
- Guisan, A. & Hofer, U. (2003) Predicting reptile distributions at the mesoscale: relation to climate and topography. *Journal of Biogeography*, *30*, 1233–1243
- Guisan, A. & Zimmermann, N. E. (2000). Predictive habitat distribution models in ecology. *Ecological Modelling*, *135*, s. 147–186. doi:10.1016/S0304-3800(00)00354-9
- Gutiérrez-Aguirre, M. A. (2007). Factores bióticos y abióticos que determinan el asentamiento del meroplancton. *Teoría y Práxis*, *4*, s. 89–97. doi:10.1590/S0036-36342004000100006
- Hass H.C, Wölf A., Wittenberg N., Tosonotto G., Betzler C., Kuhn G. Marine habitats and the sedimentary development of Potter Cove (King George Island, South Shetland Islands, Antarctica) since the end of the Little Ice Age. *Unpublish*
- Hastie, T.J. and Tibshirani, R. (1990) Generalized additive models. *Chapman and Hall*, London.
- Hastie, T., Tibshirani, R and Buja, A. (1994) Flexible Discriminant Analysis by Optimal Scoring, *JASA*, 1255-1270
- Jerosch, K., & Scharf, F. (2015). High resolution bathymetric compilation for Potter Cove, WAP, Antarctica: detailed data description. *PANGEA*
- Klöser H, Ferreryra G, Schloss I et al (1994a) Hydrography of Potter Cove, a Small Fjord-like Inlet on King George Island (South Shetlands). *Estuarine, Coastal Shelf Science* *38*:523-537. Doi 10.1006/ecss.1994.1036
- Klöser, H., Mercuri, G., Laturnus, F., Quartino, M. L. & Wiencke, C. (1994b). On the competitive balance of macroalgae at Potter Cove (King George Island, South Shetlands). *Polar Biology*, *14* (1), s. 11–16. doi:10.1007/BF00240266

- Lim C.-H., Lettmann K., Wolff J.-O. (2013): Numerical study on wave dynamics and wave-induced bed erosion characteristics in Potter Cove, Antarctica. *Ocean Dynamics* 63:1151–1174
- Lobo, J. M., & Hortal, J. (2003). Modelos predictivos: un atajo para describir la distribución de diversidad biológica. *Revista Ecosistemas*, 12(1).
- Manjón-Cabeza, M. E., Lirio, Y. & Ramos, a. (2001). Distribution of asteroid genera (Echinodermata) off South Shetland Islands and the Antarctic Peninsula. *Bol. Inst. Esp. Oceanogr.*, 17 (3 e 4), s. 263–270,
- Marmion, M.; Parviainen, M.; Luoto, M.; Heikkinen, R.K. y Thuiller, W. (2009). Evaluation of consensus methods in predictive species distribution modelling. *Diversity and distributions*, 15:59-69
- Mateo, R. G., Felicísimo, Á. M. & Muñoz, J. (2011). Modelos de distribución de especies: Una revisión sintética. *Revista Chilena de Historia Natural*, 84 (2), s. 217–240, doi:10,4067/S0716-078X2011000200008
- Mateo, R. G., Felicísimo, Á. M. & Muñoz, J. (2012). Modelos de distribución de especies y su potencialidad como recurso educativo interdisciplinar. *Reduca (Biología)*, 5 (1), s. 137–153.
- McClintock, J. B., Amsler, C. D., Baker, B. J. & van Soest, R. W. M. (2005). Ecology of antarctic marine sponges: an overview. *Integrative and comparative biology*, 45 (2), s. 359–368. doi:10,1093/icb/45.2.359
- McCullagh, P. and Nelder, J.A. (1989) Generalized linear models *Chapman and Hall*. Key
- Momo, F. R., Sahade, R., & Tatián, M. (2008). Benthic animal communities of Potter Cove (King George Island, Antarctica): observed patterns and explanatory models. *Ber Polar Meeresforsch*, 571, 162-167.
- Monien, P., Schnetger, B., Brumsack, H.-J., Hass, H. C. & Kuhn, G. (2011). A geochemical record of late Holocene palaeoenvironmental changes at King George Island (maritime Antarctica). *Antarctic Science*, 23 (03), s. 255–267. doi:10,1017/S095410201100006X
- Monien, P et al. (2014): Sediment and pore water geochemistry of sediment cores, Potter Cove, King George Island. doi:10,1594/PANGAEA.832335, *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 141, 26-44, doi:10,1016/j.gca.2014.06.003
- Moritz, C. et al. (2013). Modelling spatial distribution of epibenthic communities in the Gulf of St. Lawrence (Canada). *Journal of Sea Research*, 78, s. 75–84. doi:10,1016/j.seares.2012.10.009
- Nelson, D. M. & Gordon, L. I. (1982). Production and pelagic dissolution of biogenic silica in the Southern Ocean. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 46 (4), s. 491–501. doi:10,1016/0016-7037(82)90153-3
- Opper, S., Meirinho, A., Ramírez, I., Gardner, B., O’Connell, A. F., Miller, P. I., & Louzao, M. (2012). Comparison of five modelling techniques to predict the spatial distribution and abundance of seabirds. *Biological Conservation*, 156, 94-104.
- Pearson, R.G., Dawson, T.P., Berry, P.M., and Harrison, P.A. (2002) SPECIES: A Spatial Evaluation of Climate Impact on the Envelope of Species. *Ecological Modelling*, 154, 289-300,
- Pearson, R. G. & Dawson, T. P. (2003). Predicting the impacts of climate change on the distribution of species: are bioclimate envelope models useful? *Global ecology and biogeography*, 12(5), 361-371.
- Peck, L. S. 2005 Prospects for survival in the Southern Ocean: vulnerability of benthic species to temperature change. *Antarctic Science*. 17, 497–507. (doi:10,1017/S095410 2005002920)
- Philipp, E. E., Husmann, G., & Abele, D. (2011). The impact of sediment deposition and iceberg scour on the Antarctic soft shell clam *Laternula elliptica* at King George Island, Antarctica. *Antarctic Science*, 23(02), 127-138.

- Phillips, S. J. (2008). Transferability, sample selection bias and background data in presence-only modelling: a response to Peterson et al.(2007). *Ecography*, 31(2), 272-278.
- Phillips, S. J., & Dudík, M. (2008). Modeling of species distributions with Maxent: new extensions and a comprehensive evaluation. *Ecography*, 31(2), 161-175.
- Quartino, M., Klöser, H., Schloss, I., & Wiencke, C. (2001). Biomass and associations of benthic marine macroalgae from the inner Potter Cove (King George Island, Antarctica) related to depth and substrate. *Polar Biology*, 24(5), 349-355.
- Randin, C. F., Dirnböck, T., Dullinger, S., Zimmermann, N. E., Zappa, M., & Guisan, A. (2006). Are niche-based species distribution models transferable in space?. *Journal of Biogeography*, 33(10), 1689-1703.
- Rangel, T. F. & Loyola, R. D. (2012). Labeling Ecological Niche Models. *Natureza & Conservação*, 10 (2), s. 119-126. doi:10.4322/natcon.2012.030
- Reiss, H., Cunze, S., König, K., Neumann, H. & Kröncke, I. (2011). Species distribution modelling of marine benthos: a North Sea case study. *Marine Ecology Progress Series*, 442, s. 71–86. doi:10.3354/meps09391
- Ridgeway, G. (1999) The state of boosting. *Computing Science and Statistics*, 31, 172-181.
- Reiswig, H. M. (2006). Classification and phylogeny of Hexactinellida (Porifera). *Canadian Journal of Zoology- Revue Canadienne De Zoologie*, 84 (2), s. 195–204. doi:10.1139/z05-174
- Ripley, B.D. (1996) Pattern Recognition and Neural Networks Cambridge.
- Robinson LM et al., 2011. Pushing the limits in marine species distribution modelling: lessons from the land present challenges and opportunities. *Global Ecology and Biogeography*, 20:789-802. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1466-8238.2010.00636.x>
- Rückamp, M., Braun, M., Suckro, S. & Blindow, N. (2011). Observed glacial changes on the King George Island ice cap, Antarctica, in the last decade. *Global and Planetary Change*, 79 (1-2), s. 99–109. doi:10.1016/j.gloplacha.2011.06.009
- Sahade, R., Tatián, M., Kowalke, J., Kühne, S. & Esnal, G. B. (1998). Benthic faunal associations on soft substrates at Potter Cove, King George Island, Antarctica. *Polar Biology*, 19 (2), s. 85–91. doi:10.1007/s003000050218
- Sahade R., Tarantelli S., Tatián M. y Mercuri G. (2008) Benthic community shifts: A possible linkage to climatic change? *Berichte zur Polarforschung* 571:331-337
- Sahade R., Lagger C., Torre L., Momo F., Monien P., Schloss I., Barnes D. K. A. , Servetto N., Tarantelli S., Tatián M., Zamboni N., Abele D. (2015) Climate change and glacier retreat drive shifts in an Antarctic benthic ecosystem. *Science. Adv.* 1, e1500050 (2015).
- Schloss, I. R. et al. (2012). Response of phytoplankton dynamics to 19-year (1991–2009) climate trends in Potter Cove (Antarctica). *Journal of Marine Systems*, 92 (1), s. 53–66. doi:10.1016/j.jmarsys.2011.10.006
- Schloss I.R., Ferreyra G.A, González O., Atencio A., Fuentes V., Tosonotto G., Mercuri G., Sahade R., Tatián M. y Abele D. (2008). Long-term hydrographic conditions and climate trends in Potter Cove. *Wiencke, C., Ferreyra, G., Abele, D., Marensi, S.(eds): The Potter Cove coastal ecosystem, Antarctica. Synopsis of research performed 1999-2006 at the Dallmann Laboratory and Jubany Station, King George Island (Isla 25 de Mayo). Ber. Polarforsch. Meeres*
- Schofield, O. et al. (2010). How do polar marine ecosystems respond to rapid climate change? *Science* (New York, N.Y.), 328 (5985), s. 1520–1523. doi:10.1126/science.1185779

- Seoane, J. & Bustamante, J. (2001). Modelos predictivos de la distribución de especies: una revisión de sus limitaciones. *Ecología*.
- Servetto, N., Torre, L. & Sahade, R. (2013). Reproductive biology of the Antarctic «sea pen » *Malacobelemnon daytoni* ( *Octocorallia* , *Pennatulacea* ,. *Polar Research*, 32, s. 1–11.
- Tatián, M., Sahade, R., Kowalke, J., Kivatinitz, S.C., and Esnal, G.B. 2002. Food availability and gut contents in the ascidian *Cnemidocarpa verrucosa* at Potter Cove, Antarctica. *Polar Biology*. 25: 58–64.
- Thuiller, W.; Lafourcade, B.; Engler, R. y Araújo, M.B. (2009). BIOMOD - a platform for ensemble forecasting of species distributions. *Ecography*, 32:369-373.
- Thuiller, W., Lafourcade, B. & Araujo, M. (2010). Presentation Manual for BIOMOD. Universitè Joseph Fourier.
- Thuiller, W., Georges, D., Engler, R. & Lafourcade, B. (2012). BIOMOD : Tutorial, s. <http://www.ecochange-project.eu>.
- Thuiller, W., Georges, D., Engler, R. (2015). biomod2: Ensemble platform for species distribution modeling. R package version 3.1-64. <http://CRAN.R-project.org/package=biomod2>
- Torre L., N Servetto, ML Eöry, F Momo, M Tatián, D Abele, R Sahade (2012) Respiratory responses of three Antarctic ascidians and a sea pen to increased sediment concentrations. *Polar biology* 35 (11), 1743-1748
- Torre L. (2013) Tesis Doctoral: Modelación del efecto de la retracción glaciaria sobre comunidades bentónicas antárticas. UNC.FCEfyN
- Townsend Peterson, A., Papeş, M., & Eaton, M. (2007). Transferability and model evaluation in ecological niche modeling: a comparison of GARP and Maxent. *Ecography*, 30(4), 550-560.
- Uriz M.J (1987). Estado actual del conocimiento de las esponjas antárticas. Peculiaridades faunísticas y temas de interés en investigación. *Actas del segundo Symposium Español de Estudios Antárticos*; Editorial CSIC - CSIC Press, Jan 1, 1987; 335-374 pp
- Vaughan, D. G. & Doake, C. S. M. (1996). Recent atmospheric warming and retreat of ice shelves on the Antarctic Peninsula. *Nature*. doi:10.1038/379328a0
- Vaughan, D. G. (2001). CLIMATE CHANGE: Devil in the Detail. *Science*, 293 (5536), s. 1777–1779. doi:10.1126/science.1065116
- Vaughan, D. (2005). How Does the Antarctic Ice Sheet Affect Sea Level Rise? *Science*, 308 (June), s. 1877–1878. Localiseret på <http://www.sciencemag.org/content/308/5730/1877.short>
- Vaughan, D.G., J.C. Comiso, I. Allison, J. Carrasco, G. Kaser, R. Kwok, P. Mote, T. Murray, F. Paul, J. Ren, E. Rignot, O. Solomina, K. Steffen and T. Zhang (2013): Observations: Cryosphere Supplementary Material. In: *Climate Change 2013: The Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change* [Stocker, T.F., D. Qin, G.-K. Plattner, M. Tignor, S.K. Allen, J. Boschung, A. Nauels, Y. Xia, V. Bex and P.M. Midgley (eds.)]. Available from [www.climatechange2013.org](http://www.climatechange2013.org) and [www.ipcc.ch](http://www.ipcc.ch).
- Wöflf, A.C.; Hass, H Christian; Kuhn, Gerhard (2013): Grain size, TOC, TC, TN, TS and sulphate distribution in surface sediments from Potter Cove, King George Island, Antarctica. doi:10.1594/PANGAEA.815205

- Wöfl, A. C. et al. (2014). Distribution and characteristics of marine habitats in a subpolar bay based on hydroacoustics and bed shear stress estimates-Potter Cove, King George Island, Antarctica. *Geo-Marine Letters*, s. 435–446. doi:10,1007/s00367-014-0375-1
- Zamboni, N. (2010). Comunidades epibentónicas de Caleta Potter, Antártida: estructura, distribución y dinámica espacio-temporal. Tesina de grado UNC, s. 57.
- Zuur, A., Ieno E., Meesters E. (2009) *A beginner's to R*. Springer, London.

## ANEXO I

### Valor promedio de valores evaluativos ROC, Kappa y Accuracy por algoritmo y grupo

	PORIFERA ROC	CNIDARIA ROC	MOLLUSCA ROC	ASTEROIDEA ROC	ASCIDIAS ROC	<i>Promedio_ROC</i>
GBM	0,8694	0,9876	<b>0,7434</b>	0,7452	<b>0,8606</b>	<b>0,84124</b>
RF	<b>0,877</b>	<b>0,9884</b>	0,717	0,7176	0,8578	<b>0,83156</b>
GLM	0,8444	0,9878	0,7178	0,7128	0,855	<b>0,82356</b>
MARS	0,8136	0,9828	0,7166	<b>0,752</b>	0,8504	<b>0,82308</b>
ANN	0,8568	0,981	0,7328	0,7132	0,8294	<b>0,82264</b>
FDA	0,8564	0,9828	0,6992	0,7206	0,8472	<b>0,82124</b>
GAM	0,6456	0,9802	0,724	0,7454	0,8452	<b>0,78808</b>
CTA	0,775	0,965	0,6724	0,6814	0,7842	<b>0,7756</b>
MAXENT	0,6644	0,8774	0,6714	0,6988	0,711	<b>0,7246</b>
SRE.	0,616	0,83	0,5874	0,476	0,7398	<b>0,64984</b>
<b>Promedio</b>	<b>0,782</b>	<b>0,956</b>	<b>0,698</b>	<b>0,696</b>	<b>0,818</b>	ROC

	PORIFERA Kappa	CNIDARIA Kappa	MOLLUSCA Kappa	ASTEROIDEA Kappa	ASCIDIAS Kappa	<i>Promedio_Kappa</i>
GBM	0,5348	0,9354	<b>0,4306</b>	<b>0,4334</b>	<b>0,5002</b>	<b>0,56688</b>
RF	<b>0,5518</b>	0,9378	0,387	0,3848	0,4912	<b>0,55052</b>
MARS	0,4826	0,9444	0,38	0,4098	0,493	<b>0,54196</b>
FDA	0,4864	0,9444	0,3534	0,3474	0,4976	<b>0,52584</b>
ANN	0,4624	0,922	0,4226	0,3528	0,4448	<b>0,52092</b>
GLM	0,4372	<b>0,9466</b>	0,385	0,3192	0,4824	<b>0,51408</b>
GAM	0,2704	0,94	0,4012	0,409	0,4822	<b>0,50056</b>
CTA	0,3564	0,9198	0,3322	0,3358	0,4498	<b>0,4788</b>
MAXENT	0,3058	0,738	0,2948	0,3394	0,3156	<b>0,39872</b>
SRE.	0,1604	0,6656	0,1678	0,0006	0,3484	<b>0,26856</b>
<b>Promedio</b>	<b>0,751</b>	<b>0,944</b>	<b>0,688</b>	<b>0,685</b>	<b>0,803</b>	Kappa

	<b>PORIFERA</b>	<b>CNIDARIA</b>	<b>MOLLUSCA</b>	<b>ASTEROIDEA</b>	<b>ASCIDIAS</b>	<i>Promedio_Accuracy</i>
	<b>Accuracy</b>	<b>Accuracy</b>	<b>Accuracy</b>	<b>Accuracy</b>	<b>Accuracy</b>	
GBM	0,9166	0,9678	<b>0,716</b>	<b>0,7462</b>	0,8244	<b>0,8342</b>
RF	<b>0,917</b>	0,9688	0,6948	0,7262	0,83	<b>0,82736</b>
MARS	0,9058	0,9722	0,6894	0,7372	0,829	<b>0,82672</b>
GAM	0,894	0,9698	0,697	0,7342	0,821	<b>0,8232</b>
FDA	0,908	0,972	0,6772	0,7206	<b>0,8366</b>	<b>0,82288</b>
ANN	0,901	0,961	0,7094	0,7162	0,819	<b>0,82132</b>
GLM	0,8986	<b>0,9732</b>	0,6884	0,716	0,8298	<b>0,8212</b>
CTA	0,894	0,9602	0,666	0,7048	0,8122	<b>0,80744</b>
MAXENT	0,9032	0,8712	0,6538	0,7206	0,8156	<b>0,79288</b>
SRE.	0,894	0,8344	0,5688	0,654	0,811	<b>0,75244</b>
<b>Promedio</b>	<b>0,612</b>	<b>0,924</b>	<b>0,523</b>	<b>0,516</b>	<b>0,629</b>	Accuracy

Porifera Score Evaluativo 15Variables

Modelo	KAPPA	TSS	ROC	ACCURACY
RF.RUN1.AllData	0,635	0,768	0,889	0,917
RF.RUN2.AllData	0,603	0,755	0,904	0,928
RF.RUN4.AllData	0,62	0,721	0,859	0,922
FDA.RUN4.AllData	0,57	0,703	0,797	0,906
GBM.RUN2.AllData	0,588	0,693	0,906	0,922
FDA.RUN1.AllData	0,511	0,69	0,88	0,906
RF.RUN3.AllData	0,569	0,687	0,88	0,911
RF.RUN5.AllData	0,515	0,677	0,87	0,911
MAXENT.RUN1.AllData	0,526	0,674	0,888	0,917
GBM.RUN3.AllData	0,587	0,671	0,889	0,917
MARS.RUN3.AllData	0,501	0,662	0,852	0,917
CTA.RUN2.AllData	0,403	0,656	0,806	0,894
GBM.RUN5.AllData	0,589	0,653	0,881	0,928
GLM.RUN5.AllData	0,435	0,65	0,849	0,9
FDA.RUN2.AllData	0,504	0,647	0,832	0,906
GBM.RUN4.AllData	0,589	0,644	0,884	0,928
ANN.RUN1.AllData	0,494	0,643	0,858	0,9
GBM.RUN1.AllData	0,494	0,64	0,869	0,906
MARS.RUN4.AllData	0,588	0,637	0,826	0,928
CTA.RUN1.AllData	0,329	0,634	0,819	0,894
FDA.RUN5.AllData	0,506	0,625	0,852	0,911
CTA.RUN3.AllData	0,28	0,618	0,791	0,894
ANN.RUN3.AllData	0,588	0,615	0,865	0,922
MARS.RUN2.AllData	0,55	0,603	0,856	0,922
FDA.RUN3.AllData	0,438	0,6	0,867	0,894
ANN.RUN5.AllData	0,504	0,597	0,853	0,906
ANN.RUN4.AllData	0,588	0,588	0,841	0,922
GLM.RUN3.AllData	0,367	0,578	0,818	0,894
CTA.RUN5.AllData	0,387	0,578	0,803	0,894
ANN.RUN2.AllData	0,434	0,575	0,835	0,906
CTA.RUN4.AllData	0,333	0,572	0,757	0,9
GAM.RUN3.AllData	0,378	0,569	0,788	0,894
GLM.RUN4.AllData	0,438	0,566	0,822	0,906
MARS.RUN1.AllData	0,469	0,545	0,736	0,894
GLM.RUN1.AllData	0,377	0,535	0,818	0,894
MARS.RUN5.AllData	0,428	0,523	0,774	0,894
MAXENT.RUN5.AllData	0,462	0,519	0,785	0,906
GLM.RUN2.AllData	0,446	0,507	0,807	0,894
MAXENT.RUN3.AllData	0,35	0,485	0,791	0,9
MAXENT.RUN2.AllData	0,336	0,47	0,785	0,906
GAM.RUN2.AllData	0,294	0,383	0,696	0,894
SRE.RUN4.AllData	0,289	0,383	0,692	0,894
GAM.RUN4.AllData	0,353	0,353	0,677	0,894
GAM.RUN1.AllData	0,325	0,34	0,665	0,894
GAM.RUN5.AllData	0,236	0,263	0,631	0,894
SRE.RUN5.AllData	0,17	0,241	0,62	0,894
MAXENT.RUN4.AllData	0,262	0,22	0,61	0,894
SRE.RUN2.AllData	0,192	0,21	0,605	0,894
SRE.RUN1.AllData	0,148	0,179	0,59	0,894
SRE.RUN3.AllData	0,087	0,123	0,562	0,894

Porifera Score EvaluativoVariables Reducidas

Modelo	KAPPA	TSS	ROC	ACCUR
RF.RUN4.AllData	0,602	0,792	0,929	0,917
MARS.RUN4.AllData	0,602	0,764	0,895	0,906
GBM.RUN4.AllData	0,663	0,758	0,933	0,933
GLM.RUN4.AllData	0,528	0,749	0,894	0,894
ANN.RUN4.AllData	0,529	0,745	0,901	0,911
GBM.RUN2.AllData	0,626	0,743	0,908	0,928
FDA.RUN4.AllData	0,522	0,733	0,89	0,911
RF.RUN1.AllData	0,515	0,718	0,889	0,917
RF.RUN2.AllData	0,605	0,715	0,879	0,917
GBM.RUN1.AllData	0,47	0,711	0,89	0,911
CTA.RUN4.AllData	0,375	0,705	0,822	0,894
GLM.RUN2.AllData	0,529	0,696	0,869	0,917
ANN.RUN5.AllData	0,352	0,686	0,851	0,894
FDA.RUN2.AllData	0,57	0,681	0,896	0,917
ANN.RUN2.AllData	0,508	0,674	0,844	0,894
MAXENT.RUN4.AllData	0,526	0,674	0,871	0,917
CTA.RUN2.AllData	0,351	0,653	0,794	0,894
ANN.RUN1.AllData	0,504	0,631	0,852	0,906
GLM.RUN5.AllData	0,404	0,631	0,837	0,894
MARS.RUN5.AllData	0,529	0,628	0,793	0,911
GLM.RUN3.AllData	0,358	0,625	0,826	0,894
GBM.RUN5.AllData	0,462	0,625	0,839	0,9
MARS.RUN1.AllData	0,367	0,6	0,801	0,906
ANN.RUN3.AllData	0,419	0,594	0,836	0,9
RF.RUN5.AllData	0,511	0,585	0,869	0,917
CTA.RUN1.AllData	0,357	0,569	0,81	0,894
MARS.RUN3.AllData	0,445	0,569	0,847	0,906
FDA.RUN1.AllData	0,416	0,563	0,836	0,9
RF.RUN3.AllData	0,526	0,56	0,819	0,917
GLM.RUN1.AllData	0,367	0,553	0,796	0,894
GBM.RUN3.AllData	0,453	0,532	0,777	0,911
FDA.RUN3.AllData	0,462	0,532	0,831	0,906
MAXENT.RUN1.AllData	0,432	0,529	0,754	0,894
FDA.RUN5.AllData	0,462	0,52	0,829	0,906
CTA.RUN3.AllData	0,345	0,498	0,758	0,894
MARS.RUN2.AllData	0,47	0,47	0,732	0,9
CTA.RUN5.AllData	0,354	0,47	0,691	0,894
GAM.RUN2.AllData	0,356	0,455	0,72	0,894
SRE.RUN4.AllData	0,184	0,324	0,662	0,894
GAM.RUN4.AllData	0,246	0,318	0,656	0,894
SRE.RUN1.AllData	0,204	0,294	0,647	0,894
GAM.RUN3.AllData	0,26	0,275	0,639	0,894
SRE.RUN2.AllData	0,177	0,247	0,624	0,894
GAM.RUN5.AllData	0,277	0,226	0,598	0,894
GAM.RUN1.AllData	0,213	0,223	0,615	0,894
MAXENT.RUN5.AllData	0,323	0,211	0,605	0,917
SRE.RUN5.AllData	0,128	0,182	0,591	0,894
MAXENT.RUN3.AllData	0,145	0,114	0,555	0,894
SRE.RUN3.AllData	0,109	0,111	0,556	0,894
MAXENT.RUN2.AllData	0,103	0,074	0,537	0,894

## Cnidaria Score Evaluativo 15

### Variables

Modelo	KAPPA	TSS	ROC	ACCURACY
GLM.RUN5.AllData	0,978	0,979	0,999	0,989
ANN.RUN5.AllData	0,978	0,979	0,998	0,989
FDA.RUN5.AllData	0,978	0,979	0,993	0,989
RF.RUN5.AllData	0,978	0,979	0,996	0,989
GLM.RUN2.AllData	0,967	0,968	0,982	0,983
ANN.RUN2.AllData	0,967	0,968	0,984	0,983
GBM.RUN5.AllData	0,956	0,957	0,995	0,978
CTA.RUN5.AllData	0,956	0,956	0,981	0,978
MARS.RUN5.AllData	0,956	0,956	0,997	0,978
GBM.RUN2.AllData	0,944	0,947	0,99	0,972
FDA.RUN2.AllData	0,944	0,947	0,977	0,972
MARS.RUN2.AllData	0,944	0,947	0,983	0,972
RF.RUN2.AllData	0,944	0,947	0,991	0,972
MAXENT.RUN5.AllData	0,944	0,947	0,989	0,972
GLM.RUN3.AllData	0,944	0,946	0,983	0,972
GLM.RUN4.AllData	0,944	0,946	0,983	0,972
ANN.RUN4.AllData	0,944	0,946	0,974	0,972
FDA.RUN4.AllData	0,944	0,946	0,972	0,972
MARS.RUN4.AllData	0,944	0,946	0,972	0,972
GBM.RUN3.AllData	0,933	0,935	0,987	0,967
ANN.RUN3.AllData	0,933	0,935	0,984	0,967
FDA.RUN3.AllData	0,933	0,935	0,972	0,967
MARS.RUN3.AllData	0,933	0,935	0,984	0,967
RF.RUN3.AllData	0,933	0,935	0,991	0,967
RF.RUN4.AllData	0,933	0,935	0,976	0,967
GBM.RUN4.AllData	0,933	0,934	0,976	0,967
GAM.RUN4.AllData	0,933	0,934	0,969	0,967
CTA.RUN3.AllData	0,922	0,925	0,968	0,961
MAXENT.RUN3.AllData	0,922	0,925	0,971	0,961
CTA.RUN4.AllData	0,922	0,924	0,959	0,961
MAXENT.RUN2.AllData	0,922	0,923	0,987	0,961
GBM.RUN1.AllData	0,911	0,913	0,98	0,956
RF.RUN1.AllData	0,911	0,913	0,982	0,956
GAM.RUN5.AllData	0,911	0,909	0,954	0,956
GLM.RUN1.AllData	0,9	0,903	0,974	0,95
CTA.RUN1.AllData	0,9	0,903	0,967	0,95
ANN.RUN1.AllData	0,9	0,903	0,974	0,95
FDA.RUN1.AllData	0,9	0,903	0,956	0,95
MARS.RUN1.AllData	0,9	0,903	0,983	0,95
MAXENT.RUN1.AllData	0,9	0,902	0,972	0,95
MAXENT.RUN4.AllData	0,866	0,864	0,927	0,933
CTA.RUN2.AllData	0,856	0,862	0,976	0,928
GAM.RUN1.AllData	0,855	0,857	0,927	0,928
GAM.RUN2.AllData	0,822	0,821	0,915	0,911
GAM.RUN3.AllData	0,8	0,8	0,903	0,9
SRE.RUN2.AllData	0,512	0,503	0,751	0,761
SRE.RUN4.AllData	0,502	0,493	0,747	0,756
SRE.RUN3.AllData	0,478	0,469	0,735	0,744
SRE.RUN5.AllData	0,453	0,443	0,721	0,733
SRE.RUN1.AllData	0,43	0,421	0,71	0,722

## Cnidaria Score Evaluativo

### Variables Reducidas

Modelo	KAPPA	TSS	ROC	ACCUR
GAM.RUN2.AllData	0.978	0.979	0.985	0.989
MARS.RUN2.AllData	0.978	0.979	0.994	0.989
GLM.RUN2.AllData	0.967	0.968	0.988	0.983
FDA.RUN2.AllData	0.967	0.968	0.987	0.983
GBM.RUN2.AllData	0.967	0.967	0.989	0.983
RF.RUN2.AllData	0.967	0.967	0.989	0.983
GLM.RUN5.AllData	0.967	0.967	0.992	0.983
GAM.RUN5.AllData	0.967	0.967	0.996	0.983
FDA.RUN5.AllData	0.967	0.967	0.990	0.983
MARS.RUN5.AllData	0.967	0.967	0.993	0.983
RF.RUN5.AllData	0.956	0.956	0.994	0.978
CTA.RUN2.AllData	0.955	0.955	0.973	0.978
GLM.RUN1.AllData	0.944	0.947	0.989	0.972
GBM.RUN1.AllData	0.944	0.947	0.992	0.972
GAM.RUN1.AllData	0.944	0.947	0.982	0.972
FDA.RUN1.AllData	0.944	0.947	0.989	0.972
MARS.RUN1.AllData	0.944	0.947	0.981	0.972
RF.RUN1.AllData	0.944	0.947	0.991	0.972
MAXENT.RUN2.AllData	0.944	0.946	0.983	0.972
GBM.RUN5.AllData	0.944	0.945	0.989	0.972
GLM.RUN3.AllData	0.933	0.934	0.985	0.967
MARS.RUN4.AllData	0.922	0.926	0.988	0.961
RF.RUN4.AllData	0.922	0.926	0.987	0.961
GAM.RUN3.AllData	0.922	0.925	0.980	0.961
FDA.RUN3.AllData	0.922	0.925	0.967	0.961
CTA.RUN1.AllData	0.922	0.924	0.965	0.961
ANN.RUN3.AllData	0.922	0.924	0.981	0.961
FDA.RUN4.AllData	0.922	0.924	0.981	0.961
GLM.RUN4.AllData	0.922	0.923	0.985	0.961
GBM.RUN3.AllData	0.911	0.914	0.986	0.956
CTA.RUN3.AllData	0.911	0.914	0.956	0.956
GBM.RUN4.AllData	0.911	0.914	0.982	0.956
CTA.RUN4.AllData	0.911	0.914	0.964	0.956
MAXENT.RUN5.AllData	0.911	0.914	0.980	0.956
MARS.RUN3.AllData	0.911	0.912	0.958	0.956
RF.RUN3.AllData	0.900	0.903	0.981	0.950
CTA.RUN5.AllData	0.900	0.902	0.967	0.950
GAM.RUN4.AllData	0.889	0.893	0.958	0.944
MAXENT.RUN4.AllData	0.845	0.847	0.936	0.922
SRE.RUN2.AllData	0.742	0.736	0.868	0.872
SRE.RUN3.AllData	0.675	0.672	0.836	0.839
SRE.RUN5.AllData	0.663	0.656	0.828	0.833
SRE.RUN1.AllData	0.652	0.646	0.823	0.828
SRE.RUN4.AllData	0.596	0.590	0.795	0.800
MAXENT.RUN1.AllData	0.525	0.517	0.760	0.767
MAXENT.RUN3.AllData	0.465	0.455	0.728	0.739
ANN.RUN1.AllData	NA	NA	NA	NA
ANN.RUN2.AllData	NA	NA	NA	NA
ANN.RUN4.AllData	NA	NA	NA	NA
ANN.RUN5.AllData	NA	NA	NA	NA

## Mollusca Score Evaluativo 15

### Variables

Modelo	KAPPA	TSS	ROC	ACCURA
ANN.RUN4.AllData	0,552	0,556	0,795	0,777
RF.RUN1.AllData	0,503	0,513	0,769	0,749
ANN.RUN2.AllData	0,476	0,48	0,753	0,737
GBM.RUN4.AllData	0,465	0,469	0,765	0,732
GBM.RUN1.AllData	0,46	0,46	0,739	0,732
RF.RUN4.AllData	0,454	0,449	0,769	0,732
GBM.RUN2.AllData	0,417	0,427	0,736	0,704
ANN.RUN1.AllData	0,421	0,418	0,743	0,715
MARS.RUN2.AllData	0,409	0,412	0,732	0,704
ANN.RUN5.AllData	0,401	0,407	0,742	0,698
GAM.RUN4.AllData	0,409	0,406	0,737	0,709
CTA.RUN4.AllData	0,394	0,394	0,723	0,698
FDA.RUN4.AllData	0,389	0,393	0,721	0,693
GLM.RUN4.AllData	0,386	0,39	0,715	0,693
MARS.RUN4.AllData	0,379	0,385	0,723	0,687
GAM.RUN2.AllData	0,378	0,383	0,721	0,687
RF.RUN5.AllData	0,373	0,376	0,731	0,687
RF.RUN2.AllData	0,37	0,37	0,716	0,687
FDA.RUN1.AllData	0,366	0,364	0,713	0,687
MARS.RUN1.AllData	0,366	0,364	0,733	0,687
GAM.RUN1.AllData	0,358	0,359	0,706	0,682
CTA.RUN2.AllData	0,35	0,358	0,703	0,67
FDA.RUN5.AllData	0,342	0,351	0,708	0,665
GLM.RUN1.AllData	0,343	0,346	0,682	0,67
CTA.RUN1.AllData	0,351	0,346	0,69	0,682
MAXENT.RUN4.AllData	0,354	0,339	0,724	0,693
RF.RUN3.AllData	0,319	0,332	0,692	0,648
GBM.RUN5.AllData	0,327	0,329	0,715	0,67
GLM.RUN2.AllData	0,318	0,325	0,655	0,654
MAXENT.RUN2.AllData	0,319	0,322	0,664	0,659
MARS.RUN5.AllData	0,322	0,321	0,649	0,665
GAM.RUN5.AllData	0,313	0,317	0,706	0,654
MAXENT.RUN1.AllData	0,316	0,316	0,626	0,659
ANN.RUN3.AllData	0,305	0,316	0,703	0,648
GBM.RUN3.AllData	0,302	0,312	0,679	0,642
GAM.RUN3.AllData	0,298	0,306	0,654	0,642
CTA.RUN5.AllData	0,305	0,306	0,672	0,654
MAXENT.RUN3.AllData	0,28	0,289	0,656	0,631
MAXENT.RUN5.AllData	0,298	0,287	0,68	0,665
GLM.RUN3.AllData	0,268	0,272	0,653	0,631
FDA.RUN2.AllData	0,273	0,27	0,667	0,642
GLM.RUN5.AllData	0,274	0,263	0,671	0,654
MARS.RUN3.AllData	0,244	0,243	0,609	0,626
FDA.RUN3.AllData	0,228	0,236	0,616	0,603
CTA.RUN3.AllData	0,186	0,187	0,568	0,592
SRE.RUN5.AllData	0,162	0,166	0,583	0,575
SRE.RUN2.AllData	0,15	0,15	0,575	0,575
SRE.RUN1.AllData	0,121	0,12	0,56	0,564
SRE.RUN4.AllData	0,076	0,076	0,538	0,542
SRE.RUN3.AllData	0	0	0,495	0,542

## Mollusca Score Evaluativo

### Variables Reducidas

Modelo	KAPPA	TSS	ROC	ACCURACY
ANN.RUN3.AllData	0,477	0,482	0,75	0,737
GBM.RUN4.AllData	0,475	0,481	0,768	0,737
RF.RUN4.AllData	0,46	0,47	0,737	0,726
ANN.RUN4.AllData	0,464	0,467	0,774	0,732
GBM.RUN1.AllData	0,468	0,465	0,751	0,737
GBM.RUN3.AllData	0,453	0,457	0,742	0,726
GAM.RUN1.AllData	0,439	0,45	0,728	0,715
CTA.RUN1.AllData	0,44	0,441	0,731	0,721
GAM.RUN2.AllData	0,429	0,439	0,725	0,709
MARS.RUN4.AllData	0,426	0,434	0,754	0,709
GAM.RUN4.AllData	0,42	0,431	0,743	0,704
MARS.RUN1.AllData	0,415	0,415	0,722	0,709
GLM.RUN1.AllData	0,41	0,414	0,719	0,704
CTA.RUN4.AllData	0,4	0,412	0,706	0,693
GLM.RUN2.AllData	0,398	0,408	0,723	0,693
RF.RUN2.AllData	0,396	0,407	0,71	0,693
GAM.RUN3.AllData	0,4	0,406	0,73	0,698
ANN.RUN2.AllData	0,389	0,402	0,701	0,687
ANN.RUN1.AllData	0,397	0,4	0,717	0,698
GBM.RUN2.AllData	0,387	0,398	0,738	0,687
GLM.RUN3.AllData	0,384	0,393	0,72	0,687
MARS.RUN3.AllData	0,387	0,392	0,703	0,693
ANN.RUN5.AllData	0,386	0,39	0,722	0,693
RF.RUN1.AllData	0,388	0,388	0,726	0,698
FDA.RUN4.AllData	0,385	0,388	0,723	0,693
FDA.RUN1.AllData	0,384	0,386	0,718	0,693
GLM.RUN4.AllData	0,384	0,386	0,716	0,693
MAXENT.RUN2.AllData	0,369	0,381	0,7	0,676
MAXENT.RUN3.AllData	0,371	0,378	0,731	0,682
RF.RUN3.AllData	0,37	0,377	0,713	0,687
MARS.RUN2.AllData	0,366	0,371	0,719	0,682
MAXENT.RUN4.AllData	0,369	0,368	0,741	0,687
GLM.RUN5.AllData	0,349	0,363	0,711	0,665
GBM.RUN5.AllData	0,37	0,363	0,718	0,693
FDA.RUN3.AllData	0,353	0,362	0,698	0,676
FDA.RUN2.AllData	0,358	0,359	0,709	0,682
GAM.RUN5.AllData	0,318	0,325	0,694	0,659
RF.RUN5.AllData	0,321	0,314	0,699	0,67
MARS.RUN5.AllData	0,306	0,308	0,685	0,654
CTA.RUN5.AllData	0,288	0,296	0,638	0,637
CTA.RUN3.AllData	0,287	0,294	0,658	0,637
FDA.RUN5.AllData	0,287	0,289	0,648	0,642
MAXENT.RUN5.AllData	0,29	0,285	0,654	0,654
SRE.RUN1.AllData	0,238	0,246	0,623	0,609
CTA.RUN2.AllData	0,246	0,237	0,629	0,642
SRE.RUN5.AllData	0,195	0,204	0,602	0,581
SRE.RUN3.AllData	0,167	0,174	0,587	0,57
SRE.RUN4.AllData	0,122	0,128	0,564	0,542
SRE.RUN2.AllData	0,117	0,123	0,561	0,542
MAXENT.RUN1.AllData	0,075	0,07	0,531	0,57

Laternula elliptica Score

Evaluativo

	KAPPA	TSS	ROC	ACCURACY
MARS.RUN3.AllData	0.598	0.677	0.874	0.838
CTA.RUN3.AllData	0.582	0.674	0.830	0.810
FDA.RUN3.AllData	0.567	0.657	0.879	0.827
GBM.RUN3.AllData	0.543	0.655	0.856	0.821
ANN.RUN3.AllData	0.503	0.619	0.840	0.816
GBM.RUN1.AllData	0.547	0.606	0.829	0.810
GBM.RUN2.AllData	0.579	0.605	0.819	0.832
GLM.RUN3.AllData	0.514	0.602	0.813	0.777
CTA.RUN2.AllData	0.591	0.586	0.800	0.844
MARS.RUN1.AllData	0.545	0.576	0.817	0.821
FDA.RUN2.AllData	0.551	0.576	0.790	0.816
RF.RUN1.AllData	0.533	0.574	0.840	0.821
GBM.RUN4.AllData	0.545	0.563	0.818	0.816
MAXENT.RUN1.AllData	0.487	0.561	0.805	0.788
RF.RUN3.AllData	0.471	0.559	0.815	0.788
MARS.RUN4.AllData	0.515	0.559	0.800	0.804
FDA.RUN1.AllData	0.505	0.552	0.814	0.799
RF.RUN4.AllData	0.549	0.552	0.808	0.832
GAM.RUN1.AllData	0.442	0.550	0.822	0.771
CTA.RUN1.AllData	0.447	0.536	0.777	0.754
ANN.RUN4.AllData	0.518	0.535	0.800	0.810
ANN.RUN1.AllData	0.452	0.534	0.805	0.799
FDA.RUN5.AllData	0.447	0.530	0.794	0.754
ANN.RUN2.AllData	0.493	0.525	0.798	0.788
RF.RUN2.AllData	0.549	0.520	0.799	0.832
MAXENT.RUN2.AllData	0.497	0.520	0.781	0.793
GAM.RUN3.AllData	0.459	0.520	0.798	0.777
MAXENT.RUN4.AllData	0.478	0.515	0.823	0.804
MARS.RUN2.AllData	0.537	0.513	0.757	0.827
RF.RUN5.AllData	0.456	0.513	0.772	0.782
MARS.RUN5.AllData	0.466	0.506	0.810	0.793
CTA.RUN4.AllData	0.466	0.500	0.762	0.804
FDA.RUN4.AllData	0.492	0.497	0.795	0.804
ANN.RUN5.AllData	0.417	0.488	0.738	0.765
GAM.RUN2.AllData	0.449	0.476	0.759	0.782
GLM.RUN4.AllData	0.412	0.475	0.749	0.765
GLM.RUN2.AllData	0.436	0.474	0.758	0.760
GBM.RUN5.AllData	0.445	0.463	0.770	0.777
MAXENT.RUN5.AllData	0.363	0.454	0.743	0.743
GLM.RUN1.AllData	0.379	0.439	0.758	0.760
GLM.RUN5.AllData	0.331	0.423	0.714	0.732
CTA.RUN5.AllData	0.343	0.409	0.709	0.732
GAM.RUN4.AllData	0.400	0.408	0.744	0.765
SRE.RUN3.AllData	0.302	0.382	0.691	0.732
GAM.RUN5.AllData	0.364	0.381	0.736	0.749
SRE.RUN5.AllData	0.279	0.331	0.665	0.732
SRE.RUN2.AllData	0.240	0.293	0.646	0.732
SRE.RUN4.AllData	0.211	0.236	0.618	0.732
SRE.RUN1.AllData	0.149	0.184	0.592	0.732
MAXENT.RUN3.AllData	0.026	0.019	0.509	0.732

Nacella concinna Score Evaluativo

	KAPPA	TSS	ROC	ACCURACY
GLM.RUN3.AllData	0.317	0.798	0.903	0.961
FDA.RUN3.AllData	0.386	0.676	0.866	0.967
GLM.RUN4.AllData	0.209	0.665	0.840	0.961
GBM.RUN4.AllData	0.238	0.665	0.870	0.961
GBM.RUN5.AllData	0.145	0.642	0.809	0.961
FDA.RUN1.AllData	0.181	0.636	0.784	0.961
MAXENT.RUN4.AllData	0.374	0.636	0.869	0.961
GBM.RUN3.AllData	0.206	0.618	0.813	0.961
MAXENT.RUN3.AllData	0.347	0.607	0.864	0.961
ANN.RUN1.AllData	0.173	0.603	0.762	0.961
RF.RUN4.AllData	0.209	0.597	0.821	0.961
CTA.RUN4.AllData	0.103	0.595	0.798	0.961
FDA.RUN4.AllData	0.235	0.591	0.859	0.961
GLM.RUN5.AllData	0.300	0.585	0.849	0.961
MAXENT.RUN5.AllData	0.193	0.572	0.785	0.961
ANN.RUN4.AllData	0.147	0.562	0.767	0.961
CTA.RUN3.AllData	0.090	0.561	0.780	0.961
RF.RUN3.AllData	0.201	0.552	0.782	0.961
GBM.RUN2.AllData	0.152	0.528	0.782	0.961
SRE.RUN5.AllData	0.162	0.518	0.759	0.961
GLM.RUN2.AllData	0.170	0.514	0.810	0.961
MAXENT.RUN2.AllData	0.257	0.512	0.795	0.961
ANN.RUN5.AllData	0.157	0.512	0.775	0.961
CTA.RUN2.AllData	0.075	0.509	0.754	0.961
CTA.RUN1.AllData	0.068	0.486	0.743	0.961
MAXENT.RUN1.AllData	0.216	0.480	0.715	0.961
ANN.RUN2.AllData	0.108	0.443	0.727	0.961
MARS.RUN5.AllData	0.235	0.415	0.708	0.961
CTA.RUN5.AllData	0.146	0.386	0.700	0.961
RF.RUN1.AllData	0.181	0.372	0.697	0.961
SRE.RUN3.AllData	0.111	0.363	0.682	0.961
MARS.RUN1.AllData	0.181	0.340	0.517	0.961
RF.RUN2.AllData	0.118	0.323	0.650	0.961
GBM.RUN1.AllData	0.181	0.317	0.551	0.961
GLM.RUN1.AllData	0.181	0.300	0.608	0.961
FDA.RUN5.AllData	0.096	0.271	0.642	0.961
SRE.RUN2.AllData	0.101	0.267	0.633	0.961
SRE.RUN4.AllData	0.072	0.226	0.613	0.961
RF.RUN5.AllData	0.069	0.221	0.598	0.961
GAM.RUN1.AllData	0.136	0.211	0.582	0.961
MARS.RUN3.AllData	0.024	0.210	0.654	0.961
FDA.RUN2.AllData	0.045	0.118	0.528	0.961
MARS.RUN4.AllData	0.075	0.091	0.597	0.961
GAM.RUN2.AllData	0.035	0.056	0.516	0.961
GAM.RUN5.AllData	0.011	0.021	0.503	0.961
SRE.RUN1.AllData	0.005	0.010	0.505	0.961
MARS.RUN2.AllData	0.000	0.006	0.587	0.961
GAM.RUN3.AllData	0.000	0.000	0.442	0.961
GAM.RUN4.AllData	0.000	0.000	0.454	0.961
ANN.RUN3.AllData	NA	NA	NA	NA

## Asteroidea Score Evaluativo 15

### Variables

Modelo	KAPPA	TSS	ROC	ACCURACY
GBM.RUN1.AllData	0,511	0,542	0,794	0,777
MARS.RUN1.AllData	0,52	0,533	0,795	0,788
CTA.RUN1.AllData	0,448	0,49	0,78	0,749
MAXENT.RUN1.AllData	0,459	0,471	0,78	0,754
GBM.RUN2.AllData	0,467	0,466	0,767	0,76
RF.RUN1.AllData	0,435	0,445	0,756	0,765
RF.RUN2.AllData	0,437	0,443	0,771	0,754
GBM.RUN5.AllData	0,431	0,439	0,749	0,737
GAM.RUN2.AllData	0,427	0,431	0,747	0,737
FDA.RUN2.AllData	0,44	0,427	0,75	0,754
MARS.RUN2.AllData	0,436	0,424	0,753	0,754
GBM.RUN3.AllData	0,407	0,414	0,717	0,726
FDA.RUN1.AllData	0,384	0,413	0,744	0,732
GLM.RUN1.AllData	0,387	0,403	0,754	0,737
MAXENT.RUN3.AllData	0,358	0,385	0,709	0,698
MARS.RUN3.AllData	0,383	0,383	0,724	0,726
GLM.RUN5.AllData	0,407	0,38	0,73	0,749
RF.RUN5.AllData	0,395	0,378	0,732	0,749
RF.RUN3.AllData	0,368	0,374	0,722	0,726
FDA.RUN3.AllData	0,363	0,373	0,74	0,715
CTA.RUN2.AllData	0,344	0,369	0,705	0,726
GBM.RUN4.AllData	0,379	0,369	0,72	0,726
MAXENT.RUN5.AllData	0,339	0,364	0,707	0,698
FDA.RUN5.AllData	0,364	0,356	0,705	0,721
FDA.RUN4.AllData	0,369	0,354	0,714	0,726
MARS.RUN5.AllData	0,37	0,348	0,72	0,732
RF.RUN4.AllData	0,365	0,343	0,71	0,743
GAM.RUN4.AllData	0,344	0,342	0,668	0,704
CTA.RUN3.AllData	0,338	0,34	0,686	0,721
MAXENT.RUN2.AllData	0,365	0,338	0,708	0,737
GAM.RUN1.AllData	0,329	0,336	0,682	0,698
ANN.RUN1.AllData	0,308	0,335	0,707	0,715
MARS.RUN4.AllData	0,322	0,328	0,694	0,726
GLM.RUN3.AllData	0,293	0,324	0,683	0,687
GLM.RUN2.AllData	0,343	0,323	0,696	0,737
CTA.RUN5.AllData	0,283	0,322	0,67	0,676
GAM.RUN5.AllData	0,304	0,32	0,674	0,698
ANN.RUN2.AllData	0,319	0,318	0,712	0,715
MAXENT.RUN4.AllData	0,314	0,317	0,658	0,693
ANN.RUN4.AllData	0,269	0,299	0,671	0,693
GLM.RUN4.AllData	0,261	0,28	0,67	0,693
ANN.RUN5.AllData	0,26	0,26	0,63	0,665
ANN.RUN3.AllData	0,248	0,251	0,686	0,698
CTA.RUN4.AllData	0,207	0,244	0,629	0,659
GAM.RUN3.AllData	0,206	0,215	0,608	0,654
SRE.RUN1.AllData	0,168	0,18	0,59	0,654
SRE.RUN5.AllData	0,086	0,091	0,545	0,654
SRE.RUN2.AllData	0,038	0,043	0,522	0,654
SRE.RUN4.AllData	0,014	0,015	0,507	0,654
SRE.RUN3.AllData	0	0	0,455	0,654

## Asteroidea Score Evaluativo

### Variables Reducidas

Modelo	KAPPA	TSS	ROC	ACCURACY
GBM.RUN3.AllData	0,517	0,542	0,795	0,777
MARS.RUN3.AllData	0,457	0,499	0,789	0,737
GAM.RUN3.AllData	0,446	0,496	0,784	0,76
GBM.RUN4.AllData	0,477	0,495	0,766	0,754
RF.RUN3.AllData	0,461	0,465	0,753	0,76
GAM.RUN4.AllData	0,455	0,464	0,765	0,749
RF.RUN4.AllData	0,413	0,443	0,733	0,715
MARS.RUN4.AllData	0,427	0,431	0,76	0,737
GBM.RUN1.AllData	0,422	0,424	0,723	0,737
CTA.RUN4.AllData	0,407	0,414	0,716	0,726
GAM.RUN5.AllData	0,401	0,413	0,755	0,721
ANN.RUN5.AllData	0,413	0,409	0,734	0,737
MARS.RUN1.AllData	0,402	0,407	0,732	0,726
MARS.RUN5.AllData	0,393	0,402	0,765	0,754
RF.RUN5.AllData	0,376	0,402	0,718	0,732
GBM.RUN5.AllData	0,417	0,4	0,75	0,754
MAXENT.RUN3.AllData	0,41	0,399	0,759	0,743
GLM.RUN3.AllData	0,358	0,398	0,736	0,715
ANN.RUN1.AllData	0,387	0,397	0,706	0,715
FDA.RUN1.AllData	0,382	0,396	0,708	0,715
GAM.RUN2.AllData	0,373	0,388	0,719	0,709
FDA.RUN5.AllData	0,387	0,374	0,751	0,749
RF.RUN1.AllData	0,358	0,372	0,702	0,715
GLM.RUN5.AllData	0,323	0,371	0,74	0,726
ANN.RUN3.AllData	0,335	0,367	0,706	0,726
ANN.RUN4.AllData	0,349	0,363	0,737	0,721
FDA.RUN2.AllData	0,33	0,359	0,703	0,704
GAM.RUN1.AllData	0,37	0,358	0,704	0,732
GLM.RUN4.AllData	0,344	0,356	0,723	0,721
MARS.RUN2.AllData	0,37	0,353	0,714	0,732
CTA.RUN1.AllData	0,344	0,35	0,7	0,709
CTA.RUN3.AllData	0,344	0,349	0,617	0,698
FDA.RUN3.AllData	0,315	0,348	0,724	0,726
GBM.RUN2.AllData	0,334	0,346	0,692	0,709
CTA.RUN5.AllData	0,354	0,344	0,707	0,715
MAXENT.RUN1.AllData	0,337	0,343	0,71	0,732
FDA.RUN4.AllData	0,323	0,339	0,717	0,709
MAXENT.RUN2.AllData	0,343	0,336	0,667	0,709
MAXENT.RUN4.AllData	0,307	0,335	0,683	0,704
RF.RUN2.AllData	0,316	0,33	0,682	0,709
GLM.RUN1.AllData	0,282	0,324	0,688	0,709
ANN.RUN2.AllData	0,28	0,321	0,683	0,682
MAXENT.RUN5.AllData	0,3	0,294	0,675	0,715
GLM.RUN2.AllData	0,289	0,285	0,677	0,709
CTA.RUN2.AllData	0,23	0,258	0,667	0,676
SRE.RUN1.AllData	0,003	0,004	0,502	0,654
SRE.RUN2.AllData	0	0	0,477	0,654
SRE.RUN3.AllData	0	0	0,436	0,654
SRE.RUN4.AllData	0	0	0,493	0,654
SRE.RUN5.AllData	0	0	0,472	0,654

Ascidiacea Score Evaluativo

Ascidiacea Score Evaluativo 15

Variables

Modelo	KAPPA	TSS	ROC	ACCURAC
MARS.RUN3.AllData	0,617	0,72	0,87	0,867
RF.RUN3.AllData	0,565	0,717	0,894	0,867
RF.RUN4.AllData	0,533	0,699	0,867	0,844
RF.RUN5.AllData	0,532	0,699	0,871	0,839
GBM.RUN1.AllData	0,634	0,691	0,841	0,878
GBM.RUN3.AllData	0,543	0,691	0,891	0,85
GBM.RUN4.AllData	0,556	0,682	0,866	0,856
CTA.RUN3.AllData	0,485	0,681	0,861	0,811
FDA.RUN1.AllData	0,614	0,678	0,865	0,878
GLM.RUN3.AllData	0,467	0,662	0,849	0,822
FDA.RUN3.AllData	0,565	0,661	0,848	0,85
MARS.RUN1.AllData	0,645	0,66	0,858	0,889
GLM.RUN1.AllData	0,597	0,657	0,869	0,878
RF.RUN1.AllData	0,573	0,657	0,873	0,872
ANN.RUN2.AllData	0,537	0,652	0,857	0,861
ANN.RUN5.AllData	0,537	0,652	0,845	0,828
MARS.RUN5.AllData	0,537	0,652	0,839	0,839
GLM.RUN4.AllData	0,467	0,651	0,842	0,828
FDA.RUN4.AllData	0,523	0,645	0,845	0,844
MARS.RUN4.AllData	0,556	0,645	0,806	0,85
FDA.RUN5.AllData	0,539	0,637	0,826	0,839
MARS.RUN2.AllData	0,553	0,632	0,829	0,856
CTA.RUN4.AllData	0,506	0,632	0,821	0,811
RF.RUN2.AllData	0,553	0,628	0,876	0,861
GBM.RUN2.AllData	0,502	0,622	0,879	0,85
GLM.RUN5.AllData	0,488	0,62	0,846	0,822
FDA.RUN2.AllData	0,53	0,618	0,84	0,833
GBM.RUN5.AllData	0,488	0,612	0,86	0,828
ANN.RUN3.AllData	0,449	0,606	0,783	0,811
ANN.RUN1.AllData	0,479	0,58	0,75	0,844
ANN.RUN4.AllData	0,431	0,579	0,822	0,811
GLM.RUN2.AllData	0,448	0,575	0,832	0,811
MAXENT.RUN5.AllData	0,511	0,571	0,809	0,844
CTA.RUN2.AllData	0,43	0,561	0,798	0,811
MAXENT.RUN3.AllData	0,418	0,531	0,81	0,833
CTA.RUN1.AllData	0,402	0,525	0,762	0,811
GAM.RUN3.AllData	0,447	0,512	0,747	0,811
GAM.RUN2.AllData	0,434	0,469	0,74	0,833
CTA.RUN5.AllData	0,364	0,466	0,733	0,811
GAM.RUN4.AllData	0,399	0,422	0,708	0,811
GAM.RUN1.AllData	0,373	0,386	0,691	0,811
GAM.RUN5.AllData	0,329	0,374	0,687	0,811
SRE.RUN4.AllData	0,358	0,354	0,677	0,811
SRE.RUN1.AllData	0,35	0,323	0,661	0,817
SRE.RUN2.AllData	0,275	0,275	0,637	0,811
MAXENT.RUN2.AllData	0,268	0,259	0,63	0,811
SRE.RUN3.AllData	0,235	0,256	0,628	0,811
SRE.RUN5.AllData	0,245	0,212	0,606	0,811
MAXENT.RUN4.AllData	0,226	0,18	0,59	0,811
MAXENT.RUN1.AllData	0,14	0,097	0,549	0,817

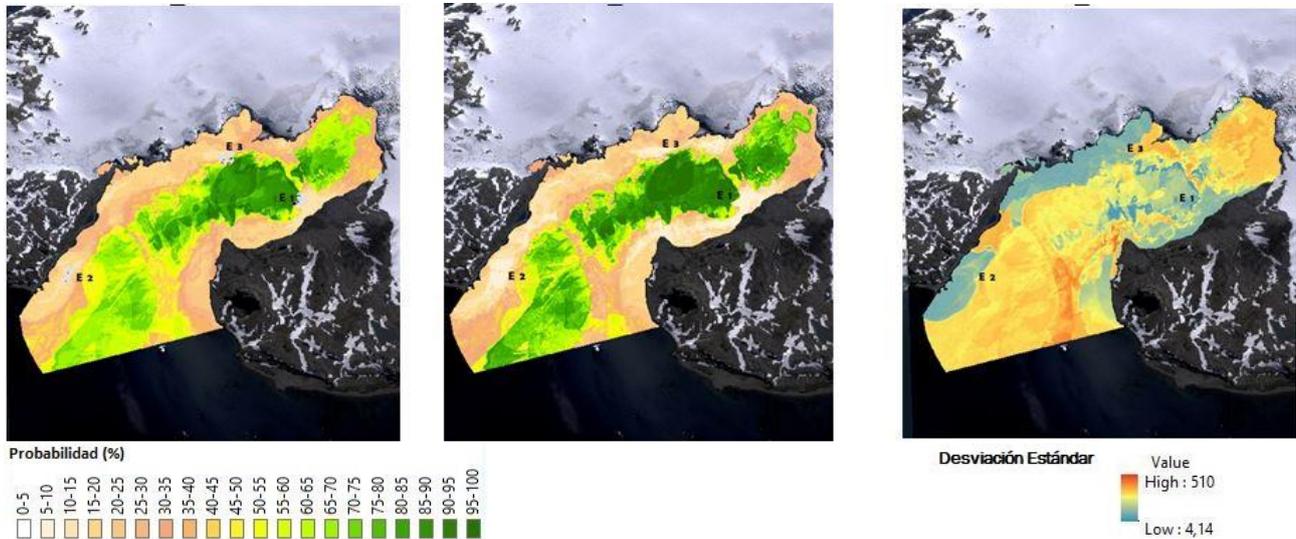
Variables reducidas

Modelo	KAPPA	TSS	ROC	ACCURAC
GBM.RUN4.AllData	0,505	0,726	0,862	0,817
GLM.RUN5.AllData	0,512	0,712	0,878	0,833
GAM.RUN2.AllData	0,554	0,697	0,86	0,839
GLM.RUN3.AllData	0,484	0,697	0,871	0,833
MARS.RUN3.AllData	0,522	0,693	0,875	0,839
GAM.RUN3.AllData	0,505	0,679	0,852	0,811
GBM.RUN2.AllData	0,523	0,677	0,853	0,822
RF.RUN4.AllData	0,498	0,676	0,854	0,822
FDA.RUN3.AllData	0,549	0,672	0,878	0,856
MAXENT.RUN5.AllData	0,528	0,67	0,844	0,828
RF.RUN1.AllData	0,476	0,667	0,854	0,828
ANN.RUN2.AllData	0,498	0,667	0,848	0,817
MARS.RUN2.AllData	0,488	0,662	0,857	0,817
GBM.RUN3.AllData	0,476	0,658	0,865	0,833
RF.RUN3.AllData	0,467	0,658	0,867	0,833
ANN.RUN4.AllData	0,476	0,658	0,849	0,811
GLM.RUN2.AllData	0,491	0,654	0,841	0,833
RF.RUN2.AllData	0,505	0,654	0,86	0,828
GBM.RUN5.AllData	0,518	0,654	0,872	0,828
RF.RUN5.AllData	0,51	0,651	0,854	0,839
MARS.RUN4.AllData	0,486	0,649	0,84	0,811
MARS.RUN1.AllData	0,467	0,642	0,851	0,839
CTA.RUN4.AllData	0,516	0,639	0,823	0,817
GBM.RUN1.AllData	0,479	0,638	0,851	0,822
GAM.RUN5.AllData	0,468	0,631	0,84	0,811
FDA.RUN2.AllData	0,511	0,627	0,845	0,833
ANN.RUN3.AllData	0,415	0,621	0,847	0,839
GAM.RUN1.AllData	0,417	0,619	0,835	0,833
GAM.RUN4.AllData	0,467	0,615	0,839	0,811
FDA.RUN5.AllData	0,497	0,609	0,85	0,839
ANN.RUN5.AllData	0,458	0,606	0,826	0,817
FDA.RUN4.AllData	0,44	0,604	0,833	0,811
GLM.RUN4.AllData	0,457	0,595	0,845	0,822
MAXENT.RUN1.AllData	0,436	0,594	0,828	0,817
MARS.RUN5.AllData	0,502	0,593	0,829	0,839
CTA.RUN2.AllData	0,467	0,589	0,799	0,811
CTA.RUN3.AllData	0,408	0,588	0,794	0,811
GLM.RUN1.AllData	0,468	0,578	0,84	0,828
SRE.RUN5.AllData	0,422	0,57	0,785	0,811
MAXENT.RUN3.AllData	0,414	0,563	0,796	0,811
ANN.RUN1.AllData	0,377	0,56	0,777	0,811
CTA.RUN1.AllData	0,411	0,532	0,767	0,811
FDA.RUN1.AllData	0,491	0,528	0,83	0,844
CTA.RUN5.AllData	0,447	0,512	0,738	0,811
SRE.RUN1.AllData	0,348	0,493	0,746	0,811
SRE.RUN4.AllData	0,345	0,477	0,739	0,811
SRE.RUN2.AllData	0,331	0,439	0,719	0,811
SRE.RUN3.AllData	0,296	0,42	0,71	0,811
MAXENT.RUN2.AllData	0,165	0,157	0,575	0,811
MAXENT.RUN4.AllData	0,035	0,025	0,512	0,811

## ANEXO II

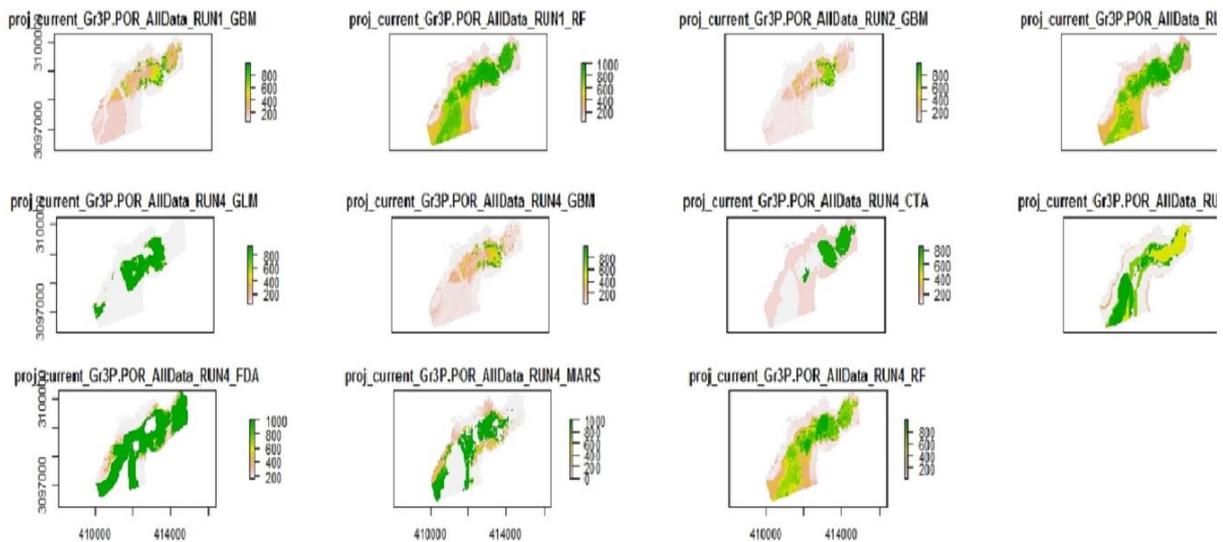
### Porifera

#### Modelo Ensamble Porifera (1ª modelización)

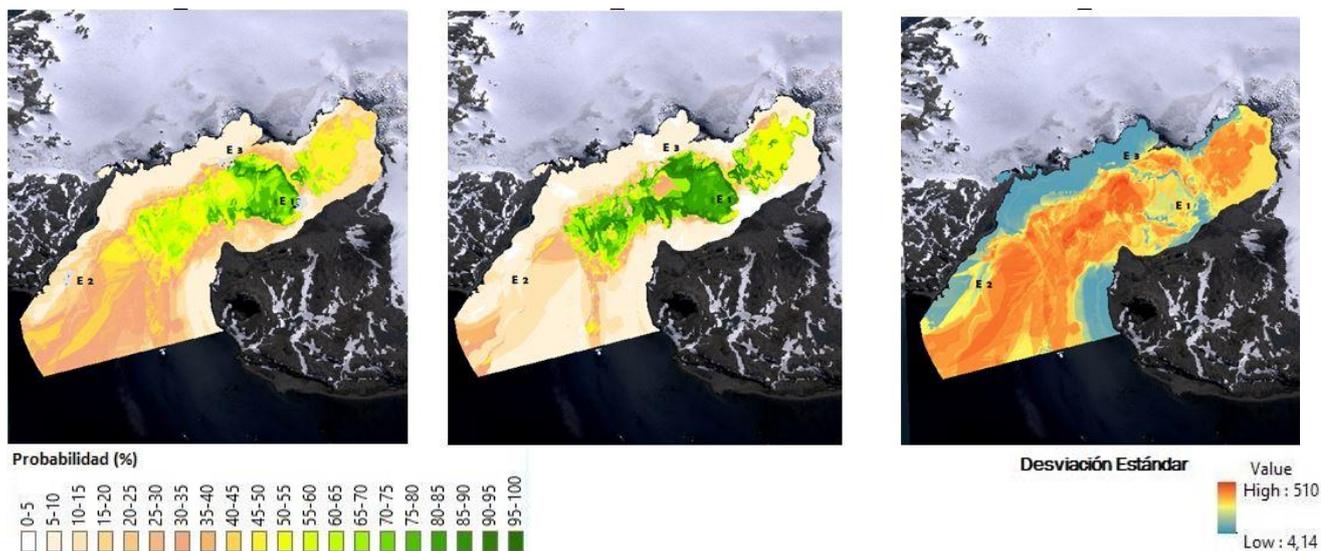


**Fig. A1. Modelo Ensamble para Porifera.** Izq.: Media de modelos usados en EM. Centro: Mediana de modelos usados en EM. Der: SD de modelos usados en EM.

#### Modelos para EM de Porifera (2ª modelización)



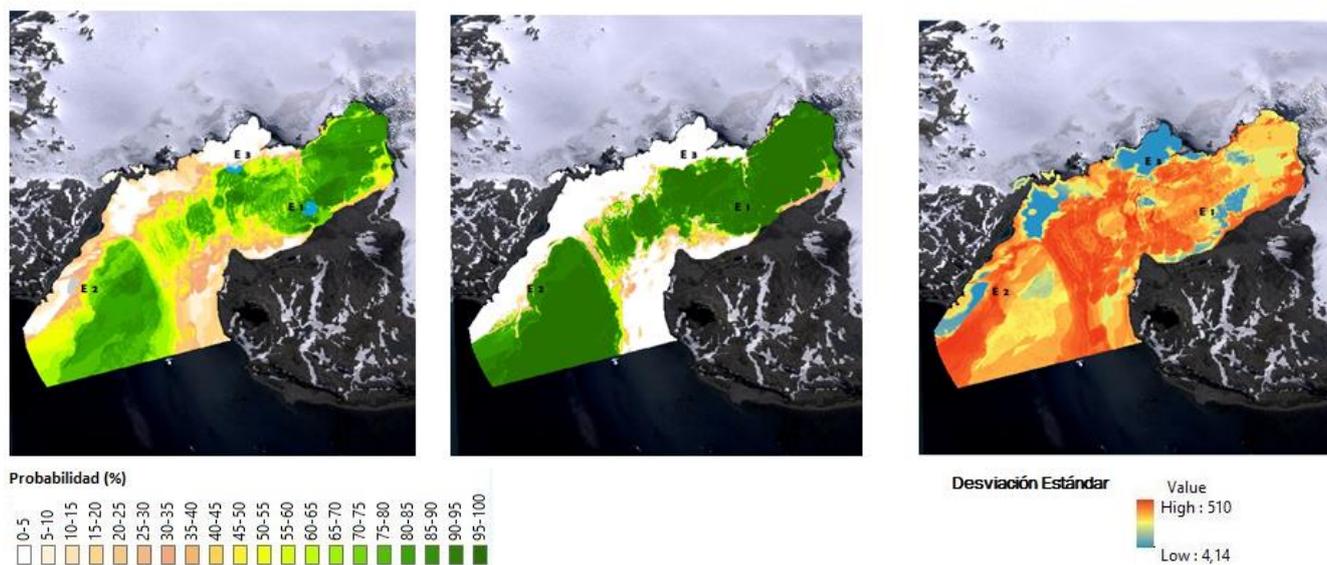
**Fig. B1. Modelos y corridas utilizadas para la construcción del Modelo Ensamble de Porifera con variables reducidas.**



**Fig. B2. Modelo Ensamble con Variables Reducidas para Porifera.** Izq.: Media de modelos usados en EM. Centro: Mediana de modelos usados en EM. Der: SD de modelos usados en EM.

## Cnidaria

### Modelo Ensamble de Cnidaria (1º modelización)



**Fig. A2. Modelo Ensamble con 15 Variables para Cnidaria.** Izq.: Media de modelos usados en EM. Centro: Mediana de modelos usados en EM. Der: SD de modelos usados en EM.

## Modelos para EM Final de Cnidaria (2º modelización)

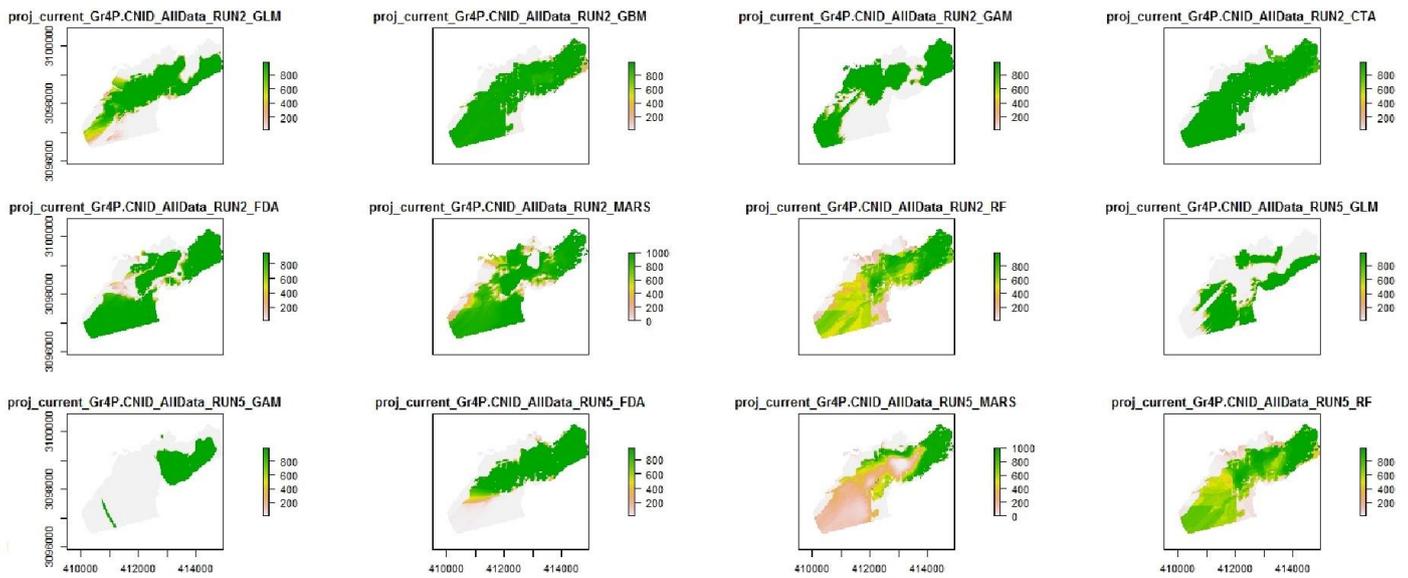


Fig. B3. Modelos y corridas utilizadas para la construcción del Modelo Ensamble de Cnidaria con variables reducidas.

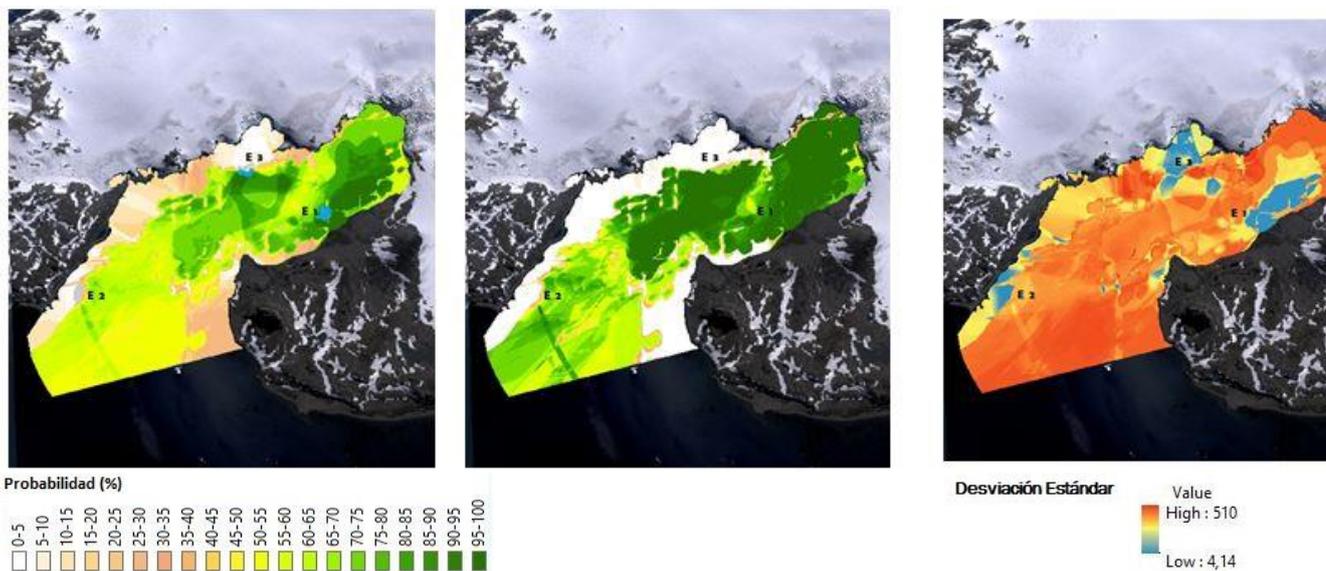
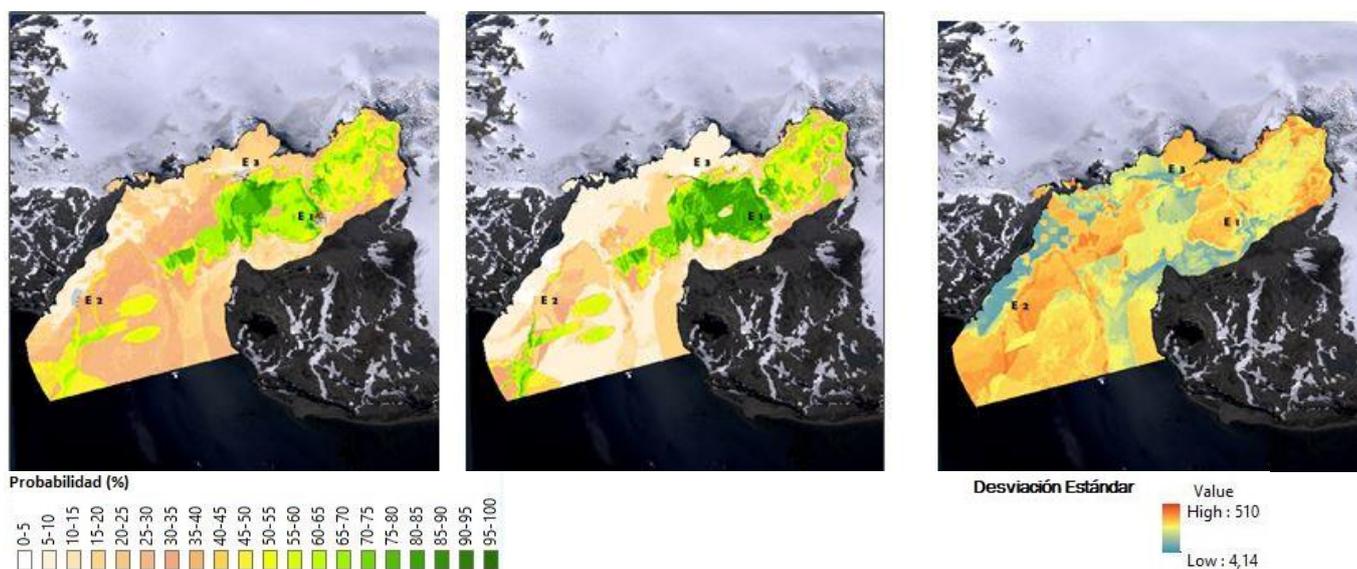


Fig. B4. Modelo Ensamble con Variables Reducidas para Cnidaria. Izq.: Media de modelos usados en EM. Centro: Mediana de modelos usados en EM. Der: SD de modelos usados en EM.

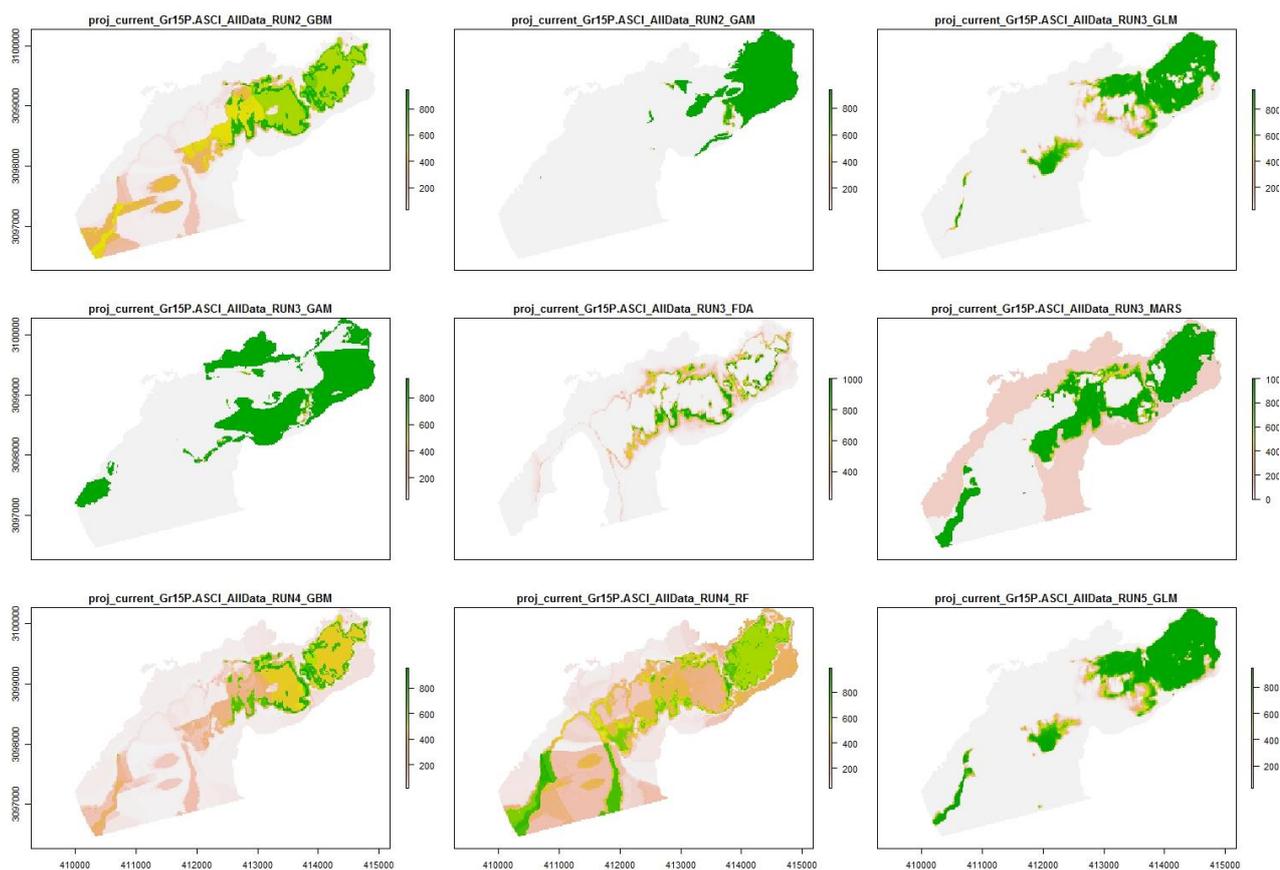
## Ascidiacea

### Modelo Ensemble (1ª modelización)

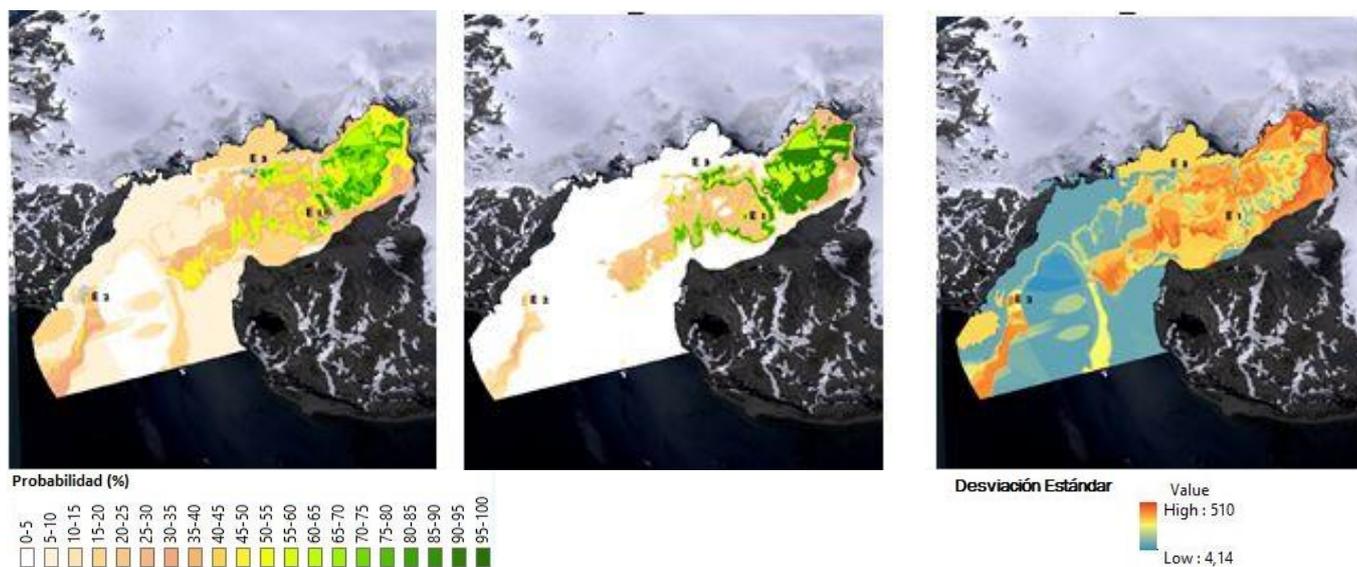


**Fig. A3. Modelo ensemble para Ascidiacea con 15 variables.** Izq.: Media de modelos usados en EM. Centro: Mediana de modelos usados en EM. Der: SD de modelos usados en EM.

## Modelos para EM de Ascidiacea



**Fig. B5.** Modelos y corridas implicados en el meta-modelo para la construcción del Modelo Ensamble de Ascidiacea en la segunda modelización.



**Fig. B6.** Modelo ensamble para Ascidiacea con variables reducidas. Izq.: Media de modelos usados en EM. Centro: Mediana de modelos usados en EM. Der: SD de modelos usados en EM.

## ANEXO III

### Presencia de Asteroidea

