

**UNIVERSIDADE DO EXTREMO SUL CATARINENSE - UNESC
UNIDADE ACADÊMICA DE HUMANIDADES, CIÊNCIAS E
EDUCAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS
AMBIENTAIS
MESTRADO EM CIÊNCIAS AMBIENTAIS**

KARINA DE OLIVEIRA TEIXEIRA

**DISTRIBUIÇÃO POTENCIAL DAS SUBESPÉCIES DE *Melipona
quadrifasciata* Lepeletier, 1836, NO BRASIL EM RELAÇÃO ÀS
MUDANÇAS CLIMÁTICAS**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Ambientais da Universidade do Extremo Sul Catarinense - UNESC, como requisito parcial para a obtenção do título de Mestre em Ciências Ambientais.

Orientadora: Prof^ª. Dra. Birgit Harter Marques

Coorientador: Prof. Dr. Thiago Cesar Lima Silveira

**CRICIÚMA, SC
2018**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação

T266d Teixeira, Karina de Oliveira.

Distribuição potencial das subespécies de *Melipona quadrifasciata* Lepeletier, 1836, no Brasil em relação às mudanças climáticas / Karina de Oliveira Teixeira. - 2018.

108 p. : il.; 21 cm.

Dissertação (Mestrado) - Universidade do Extremo Sul Catarinense, Programa de Pós-Graduação em Ciências Ambientais, Criciúma, 2018.

Orientação: Birgit Harter Marques.

Coorientação: Thiago Cesar Lima Silveira.

1. Mandaçaia. 2. Abelhas sem ferrão. 3. Melipona – Fatores climáticos. 4. Populações animais – Fatores climáticos. 5. Nicho climático. I. Título.

CDD 23. ed. 595.799

Bibliotecária Eliziane de Lucca Alosilla – CRB 14/1101

Biblioteca Central Prof. Eurico Back – UNESC

(FOLHA DE APROVAÇÃO)

À todas as plantas e animais extintos e ameaçados de extinção que sofrem com as mudanças causadas pela humanidade.

AGRADECIMENTOS

Inicialmente agradeço a Deus, que me guia e me fortalece a cada dia.

Aos meus pais **Luiz** e **Eliane** que me incentivaram, me apoiaram e me auxiliaram durante toda minha vida.

Ao meu marido **João Leonardo** que além de me incentivar e apoiar, esteve comigo durante todo o tempo, nas horas boas e ruins e não me deixou desistir.

Aos meus irmãos **Gabriela**, **Luca** e **Camilla** e meus sobrinhos **Gabriel**, **Ana Julia**, **Luiz Otávio** e **Maria Beatriz**, por existirem e por fazerem meus dias mais felizes.

A minha orientadora **Birgit** que me propôs esse desafio e me deu a oportunidade de trabalhar ao seu lado, que me ajudou e nunca me deixou na mão.

Ao meu coorientador **Thiago** que aceitou me auxiliar mesmo sabendo que o tempo era curto e o trabalho era grande e sempre que precisei esteve disponível.

Aos meus professores que me permitiram adquirir novos conhecimentos compartilhando o que sabem.

As minhas amigas de sempre que de um modo ou de outro se fazem presentes, em especial a **Daniela**, **Ana Paula**, **Gabriela**, **Lucilene** e **Maielen**.

Aos meus novos amigos e amigas que o mestrado me proporcionou, em especial a **Fabiane**, **Thaise**, **Marlon** e **Michele**.

Ao pessoal do LIAP que também se tornaram meus grandes amigos, em especial o **Julio** e a **Alexandra**.

E a todos que de alguma forma se fizeram presentes na minha jornada até aqui.

“As consequências de nossos atos são sempre tão complexas, tão diversas, que predizer o futuro é uma tarefa realmente difícil – Prof. Dumbledore”

ROWLING (2000).

RESUMO

A perda da biodiversidade é um dos maiores problemas globais. A polinização tem papel chave para a conservação da biodiversidade global, prestando um serviço vital para os ecossistemas. A polinização por abelhas é a mais relevante dentre todas, pois respondem pela polinização da maioria das angiospermas. As abelhas estão em processo acelerado de desaparecimento e, como consequência disso, está causando um grande desequilíbrio ecológico. As mudanças climáticas estão entre as principais pressões globais de declínio das abelhas visto que fornecem as condições gerais para a ocorrência e desempenho de espécies silvestres. As variáveis climáticas, como a temperatura e a precipitação, têm se mostrado como fatores relevantes na interação planta-polinizador. O conhecimento detalhado da ecologia de cada espécie é fundamental para determinar sua potencial distribuição geográfica futura ou até mesmo sua extinção frente às mudanças climáticas. Considerando o cenário de mudanças climáticas futuro, levantamos a hipótese que as duas subespécies de *Melipona quadrifasciata* Lepeletier, 1836 deslocarão seus nichos climáticos e haverá uma redução espacial na área de ocorrência, acoplada com uma maior sobreposição no futuro. Este trabalho teve por objetivo geral avaliar os efeitos das mudanças climáticas na distribuição das duas subespécies de *Melipona quadrifasciata* no Brasil nos cenários atual e futuro. Foram utilizadas as subespécies *M. quadrifasciata anthidioides* com 137 registros e *M. quadrifasciata quadrifasciata* com 68 registros. As variáveis climáticas atuais e futuras foram extraídas do WorldClim na resolução de 10 arc-min e as variáveis futuras do modelo de circulação acopladas a CCSM4 no cenário de gases de efeito estufa RCP85. Os dados foram modelados no software MaxEnt com inclusão de camada de polarização para redução dos vieses de amostragem, avaliados pela curva ROC e TSS e foi calculada a sobreposição de nicho. Segundo o modelo, no cenário futuro a área de ocorrência potencial da subespécie *M. quadrifasciata anthidioides* sofre uma redução na região do Cerrado e aumenta na região da Mata Atlântica, além de aumentar sua ocorrência para o sul em direção ao Pampa. A área de ocorrência da subespécie *M. quadrifasciata quadrifasciata* sofre uma redução em toda sua área de distribuição. Os valores de AUC obtidos excederam 0,7 e o valor de TSS foi igual a 0,85 para todos os modelos. As subespécies mostraram pouca sobreposição de nicho atual (39,9%) e um aumento no futuro (40,6%). Apesar que as duas subespécies terão modificações nas suas distribuições geográficas, para

M. quadrifasciata anthidioides o nicho climático poderá ser mais favorável caso esta tenha condições geográficas e ambiente biótico adequadas para migração. Enquanto isso, a subespécie *M. quadrifasciata quadrifasciata* terá condições climáticas futuras menos favoráveis para manter sua atual distribuição geográfica, sendo sugerido pelos modelos uma maior perda de habitat adequado.

Palavras-chave: Mandaçaia. Abelha sem ferrão. Modelagem. MaxEnt. Nicho climático. Sobreposição da distribuição.

ABSTRACT

The biodiversity loss is one of the biggest global problems. Pollination plays a key role in the conservation of global biodiversity, providing a vital service to ecosystems. Bee pollination is more relevant among all, they are responsible for pollination of most angiosperms. Bees are in the process of accelerating disappearance and, as a consequence, causing a great ecological imbalance. Climate change is among the main global declining pressures of bees as they provide the general conditions for occurrence and performance of wild species. The climatic variables, such as temperature and precipitation, have been shown to be as relevant factors in the plant-pollinators interaction. The detailed knowledge of the ecology of each specie is essential to determine its future geographic distribution or even its extinction in the face of climate change. Whereas the future climate changes scenario, hypothesized that the two subspecies of *Melipona quadrifasciata* Lepeletier, 1836, will displace their climate niches and there will be a spatial reduction in the occurrence area, coupled with greater future overlap. This study aimed to evaluate the climate changes effects in distribution of the two subspecies of *M. quadrifasciata* in Brazil in the current and future scenarios. We used the subspecies *M. quadrifasciata anthidioides* with 137 records and *M. quadrifasciata quadrifasciata* with 68 records. Current and future climatic variables were extracted of WorldClim in resolution of 10 arc-min.; and future variables of the coupled circulation model CCSM4 in the greenhouse gases scenario RCP85 were used. The data were modeled in MaxEnt software with inclusion of bias layer to reduce sampling bias, evaluated by ROC curve and TSS and the niche overlap was calculated. The potential occurrence area of subspecie *M. quadrifasciata anthidioides* undergoes a reduction in the place of Brazilian Cerrado and grow in the place of Atlantic Forest, besides grow your occurrence toward the Pampa. The occurrence area of subspecie *M. quadrifasciata quadrifasciata* undergoes a reduction throughout your distribution area. The obtained AUC values exceeded 0.7 and the TSS value was 0.85 for all models. The subspecies showed few niche overlap in current model (39,9%) and growing in future model (40,6%). The two studied subspecies will have modifications in your geographic distributions based on climate changes, and for the subspecie *M. quadrifasciata anthidioides* the climate niche may be more favorable if geographical conditions and biotic environment are suitable for migration. The *M. quadrifasciata quadrifasciata* subspecie will have less favorable future climate conditions to maintain its current geographical

distribution, being suggested by the models a greater loss of suitable habitats.

Keywords: Mandaçuaia. Stingless bees. Modeling. MaxEnt. Climate niche. Overlap distribution.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Esquema sobre os diferentes fatores que afetam a distribuição das espécies em diferentes escalas 27
- Figura 2 - Diagrama mostrando os componentes da modelagem de distribuição de espécies..... 31
- Figura 3 - Vista dorsal do abdome das duas subespécies de *M. quadrifasciata*. (1) *M. quadrifasciata anthidioides*; (2) *M. quadrifasciata quadrifasciata* 33
- Figura 4 - Análise dos componentes principais usando os valores dos preditores ambientais nos cenários atual e futuro em cada ponto de ocorrência das duas subespécies na resolução de 10 arc-min. A = *M. quadrifasciata anthidioides* atual; B = *M. quadrifasciata anthidioides* futuro; C = *M. quadrifasciata quadrifasciata* atual; D = *M. quadrifasciata quadrifasciata* futuro, onde o componente principal 1 explica, principalmente, a precipitação do mês mais seco e o componente 2, principalmente, a temperatura média anual. 41
- Figura 5 - Distribuição da subespécie *M. quadrifasciata anthidioides* no espaço geográfico utilizado (Mata Atlântica, Pampa e Cerrado). A = Distribuição potencial atual; B = Distribuição potencial futura 43
- Figura 6 - Distribuição da subespécie *M. quadrifasciata quadrifasciata* no espaço geográfico utilizado (Mata Atlântica, Pampa e Cerrado). A = Distribuição potencial atual; B = Distribuição potencial futura 44
- Figura 7 - Curvas ROC dos modelos para as duas subespécies nos cenários atual e futuro, mostrando a média da área sob a curva (AUC) (linha vermelha), a média \pm desvio padrão (área azul) e a previsão aleatória (linha preta). A = Modelo atual de *M. quadrifasciata anthidioides*; B = Modelo futuro de *M. quadrifasciata anthidioides*; C = Modelo atual de *M. quadrifasciata quadrifasciata*; D = Modelo futuro de *M. quadrifasciata quadrifasciata* 45
- Figura 8 - Mudanças previstas nas áreas adequadas totais de distribuição em porcentagem para as duas subespécies nos cenários atual e futuro. A

= *M. quadrifasciata anthidioides*; B = *M. quadrifasciata quadrifasciata*.
..... 46

Figura 9 - Nicho climático atual das subespécies de *M. quadrifasciata*. A = Nicho climático, definido pelos dois primeiros eixos da PCA, de *M. quadrifasciata anthidioides*; B = Nicho climático, definido pelos dois primeiros eixos da PCA, de *M. quadrifasciata quadrifasciata*; C = Contribuição das variáveis climáticas para os dois primeiros eixos da PCA e porcentagem de contribuição dos dois primeiros eixos para a variação de dados; D = Equivalência de nicho; E = Similaridade de nicho entre *M. quadrifasciata quadrifasciata* e *M. quadrifasciata anthidioides*; F = Similaridade de nicho entre *M. quadrifasciata anthidioides* e *M. quadrifasciata quadrifasciata*. A área sombreada representa a densidade de ocorrência de espécie por célula, as linhas de contorno sólidas e tracejadas delimitam 100% e 50%, respectivamente, da área de fundo no espaço ambiental. Sobreposição de nicho D observado (barra com um diamante vermelho) e sobreposição de nicho simulada (barras cinzas)..... 47

Figura 10 - Nicho climático futuro das subespécies de *M. quadrifasciata*. A = Nicho climático, definido pelos dois primeiros eixos da PCA, de *M. quadrifasciata anthidioides*; B = Nicho climático, definido pelos dois primeiros eixos da PCA, de *M. quadrifasciata quadrifasciata*; C = Contribuição das variáveis climáticas para os dois primeiros eixos da PCA e porcentagem de contribuição dos dois primeiros eixos para a variação de dados; D = Equivalência de nicho; E = Similaridade de nicho entre *M. quadrifasciata quadrifasciata* e *M. quadrifasciata anthidioides*; F = Similaridade de nicho entre *M. quadrifasciata anthidioides* e *M. quadrifasciata quadrifasciata*. A área sombreada representa a densidade de ocorrência de espécie por célula, as linhas de contorno sólidas e tracejadas delimitam 100% e 50%, respectivamente, da área de fundo no espaço ambiental. Sobreposição de nicho D observado (barra com um diamante vermelho) e sobreposição de nicho simulada (barras cinzas). 48

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1 – Escala espacial de recursos ambientais e os níveis de organização de acordo com as respostas de organismos biológicos..... 26
- Tabela 2 - Contribuição das variáveis para os modelos atual e futuro de distribuição da subespécie *M. quadrifasciata anthidioides*. 39
- Tabela 3 - Contribuição das variáveis para os modelos atual e futuro de distribuição da subespécie *M. quadrifasciata quadrifasciata*. 40

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ANN	Rede Neural Artificial
AUC	Cálculo da Área sob a Curva
BIO1	Temperatura média anual
BIO2	Variação média diurna
BIO3	Isotermalidade
BIO4	Sazonalidade da temperatura
BIO5	Temperatura máxima do mês mais quente
BIO6	Temperatura mínima do mês mais frio
BIO7	Taxa de temperatura anual
BIO12	Precipitação anual
BIO13	Precipitação do mês mais úmido
BIO14	Precipitação do mês mais seco
BIO15	Sazonalidade da precipitação
CCSM4	<i>Community Climate System Model</i>
ERIN	<i>Environmental Resources Information Network</i>
GAM	Modelo Aditivo Generalizado
GBIF	<i>Global Biodiversity Information Facility</i>
GLM	Modelo Linear Generalizado
IPCC5-AR5	Quinto Relatório do <i>Intergovernmental Panel on Climate Change</i>
MaxEnt	<i>Maximum Entropy Modeling</i>
OECD	Organização de Cooperação e Desenvolvimento Econômico
PCA	Análise dos Componentes Principais
RCP85	<i>Representative Concentration Pathways 8.5 scenario</i>
ROC	Curva Característica de Operação
TSS	<i>True Skill Statistic</i>
VIF	<i>Variance Inflation Factor</i>

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	23
1.1 OBJETIVO GERAL	29
1.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	29
2 METODOLOGIA	31
2.1 ETAPAS DO PROCESSO DE MODELAGEM.....	31
2.1.1 Descrição da espécie em estudo	32
2.1.2 Registros de ocorrência.....	33
2.1.3 Preditores bioclimáticos.....	33
2.2 MODELAGEM NO SOFTWARE MAXENT.....	34
2.3 INFLUÊNCIA DOS PREDITORES BIOCLIMÁTICOS	36
2.4 TAMANHO DOS NICHOS CLIMÁTICOS	37
2.5 NICHOS DAS SUBESPÉCIES	37
3 RESULTADOS.....	39
3.1 PREDITORES E INFLUÊNCIA	39
3.2 DISTRIBUIÇÃO POTENCIAL DAS SUBESPÉCIES	41
3.3 NICHOS CLIMÁTICOS.....	45
4 DISCUSSÃO	49
5 CONSIDERAÇÕES FINAIS	55
REFERÊNCIAS	57
APÊNDICES.....	71
ANEXOS	101

1 INTRODUÇÃO

A perda da biodiversidade é um grande problema global, sendo crescente a preocupação com a manutenção dos recursos biológicos (SCDB, 2010). As informações sobre a biodiversidade são críticas para uma ampla gama de estudos científicos, educacionais e governamentais, sendo necessárias para a tomada de decisões em diversos domínios (CANHOS et al., 2004). Estudos têm demonstrado que alterações ambientais causadas por fatores antropogênicos tem consequências diretas sobre a distribuição de algumas espécies (GIANNINI et al., 2012a).

A ocupação intensiva dos ambientes naturais de forma antrópica causa a diminuição de habitat e a consequente eliminação de fontes de alimentação, destruição de substratos para nidificação, o envenenamento com praguicidas, entre outros fatores (SILVEIRA; MELO; ALMEIDA, 2002). O primeiro passo para minimizar tais ameaças seria a mudança na forma da cobertura da terra, o que, de certa forma, seria economicamente e politicamente inviáveis (BROWN; PAXTON, 2009).

Historicamente, os seres humanos modificaram os ecossistemas naturais para favorecer aquelas espécies que produzem benefícios diretos, geralmente negligenciando os serviços ecossistêmicos que não produzem benefícios diretos, dentre os quais a polinização, a fertilidade do solo, o controle de insetos e o controle da erosão (RICKLEFS, 2003). A perda desses serviços, em muitos casos, apresenta alto custo de reposição ou até mesmo se mostram irreversíveis (DEWHA, 2009).

A polinização tem papel chave para a conservação da biodiversidade global, prestando um serviço vital para os ecossistemas e constituindo um serviço ecológico básico, já que é essencial no processo de reprodução das angiospermas (DAILY, 1997; TOREZAN-SILINGARDI, 2012). São muitas as espécies de polinizadores, em sua maioria abelhas, mas também incluem vespas, formigas, moscas, borboletas, mariposas e alguns besouros e, entre os vertebrados, alguns grupos de pássaros como os beija-flores e alguns mamíferos como os morcegos (KEVAN, 1999).

A polinização por abelhas é a mais relevante dentre todas, pois respondem pela polinização de muitas plantas de interesse econômico assim como da maioria das angiospermas (ANTONINI; COSTA; MARTINS, 2006; TOREZAN-SILINGARDI, 2012). Estima-se que até 90% das angiospermas no Brasil e 73% das espécies vegetais cultivadas no mundo sejam polinizadas por abelhas (FAO, 2004; KERR; CARVALHO; NASCIMENTO, 1996; WESTERKAMP;

GOTTSBERGER, 2006).

As abelhas da espécie *Apis mellifera* Linnaeus, 1758 estão em processo acelerado de desaparecimento e acredita-se que como consequência desse processo a produção de vários tipos de plantas selvagens está sendo afetada, o que está levando a extinção de populações de animais que dependem delas, ou seja, o desaparecimento dessas abelhas está levando a um grande desequilíbrio ecológico (MACHADO et al., 2006). As mudanças climáticas estão entre as principais pressões globais de declínio das abelhas (LOPES; FERREIRA; SANTOS, 2005), visto que fornecem as condições que vão estabelecer, de acordo com os seus limites fisiológicos, as condições gerais para a ocorrência e desempenho de espécies (SCHWEIGER, 2015).

As variáveis climáticas, como a temperatura e a precipitação, têm se mostrado como fatores relevantes na interação planta-polinizador e, auxiliam na compreensão e explicação dos efeitos potenciais das mudanças climáticas sobre essas interações (DEVOTO et al., 2009; GIANNINI et al., 2012b; TUELL; ISAACS, 2010). Desta forma, se faz necessário a geração de novos conhecimentos científicos que sirvam de embasamento para reduzir os impactos antrópicos negativos sobre a natureza (BARBOSA; SCHNECK, 2015; ELITH et al., 2006; GIANNINI et al., 2015). O conhecimento sobre o estado de conservação e a distribuição geográfica de espécies, por exemplo, podem fornecer os fundamentos necessários para a correta tomada de decisões relativas à sua conservação (MACHADO; DRUMMOND; PAGLIA, 2008).

Os principais efeitos das mudanças climáticas sobre a biodiversidade podem ser divididos em quatro categorias: (1) Efeitos sobre a fisiologia, mudanças na concentração de CO₂, temperatura e precipitação, que podem afetar diretamente as taxas metabólicas e de desenvolvimento de muitas espécies; (2) Efeitos na distribuição, espera-se que as espécies movam-se em direção aos polos ou para regiões com maior altitude; (3) Efeitos sobre a fenologia, alterações nos eventos de ciclo de vida, podendo levar a dissociação das relações fenológicas entre as espécies; (4) Efeitos de adaptação, espécies com tempo de geração curtos e taxa de crescimento da população rápida podem sofrer mudanças micro evolutivas *in situ* (HUGHES, 2000). Por parte das espécies são reconhecidas três respostas gerais frente as alterações climáticas: (1) movimentação (sem evolução); (2) extinção; (3) evolução (ou adaptação) (HOLT, 1990; PARMESAN, 1996).

O conhecimento detalhado da ecologia de cada espécie é fundamental para determinar sua potencial distribuição geográfica futura

ou até mesmo sua extinção frente às mudanças climáticas, visto que é improvável que esses efeitos sejam melhorados pelas atividades humanas de forma significativa no cenário futuro (LOEHLE; LEBLANC, 1996). Portanto, novas tecnologias e ferramentas de análises são necessárias para que se possa aprofundar o conhecimento existente sobre as espécies que auxiliarão na conservação da biodiversidade (GIANNINI et al., 2012a; LOEHLE; LEBLANC, 1996; PETERSON et al., 2001).

Nas últimas décadas tem sido cada vez maior o papel das previsões na ecologia aplicada, em sua maioria por conta das crescentes ameaças à biodiversidade a partir das mudanças ambientais globais e a necessidade resultante de previsão ecológica (CLARK et al., 2001). Entretanto, as complexidades dos ecossistemas, como os legados históricos, não-linearidade, atrasos de tempo, interações e controles de respostas que são variáveis tanto no tempo como no espaço, trazem muitas dificuldades (LEVIN, 1998), o que, como consequência, aumenta os desafios aos ecologistas pela necessidade de compreender e prever os processos e padrões ecológicos complexos (OLDEN; LAWLER; POFF, 2008).

Os métodos de modelagem de distribuição de espécies apresentam o propósito de identificar possíveis ambientes adequados para a ocorrência de uma espécie através da identificação de algumas das suas necessidades (FRANKLIN, 2009; SOBERÓN; NAKAMURA, 2009). Os modelos de nicho preveem áreas potenciais de distribuição de espécies em cenários de mudanças climáticas, assim são avaliadas as capacidades de populações permanecerem estáveis no futuro frente as possíveis alterações na distribuição (PETERSON et al., 2011). Estes modelos geram previsões detalhadas de distribuições relacionando a presença ou a abundância de espécies com os preditores ambientais, que fornece uma ferramenta inovadora aos pesquisadores para explorar diversas questões em ecologia, evolução e conservação (ELITH et al., 2006).

Os modelos bioclimáticos em sua forma mais pura consideram apenas as variáveis climáticas e não incluem em seu processamento outros fatores ambientais que podem influenciar na distribuição das espécies, enquanto que a abordagem de modelagem dos envelopes bioclimáticos tem a sua base na teoria do nicho ecológico fundamental que é definido como sendo a área que compreende as condições ambientais dentro da qual uma espécie pode sobreviver e crescer (FRANKLIN, 2009; HUTCHINSON, 1957). É essencialmente uma técnica utilizada para estimar áreas reais ou potenciais de distribuição

para uma determinada espécie, com base nas suas presenças observadas e algumas vezes ausências (SOBERÓN; NAKAMURA, 2009).

A abordagem dos envelopes bioclimáticos pode fornecer um valioso meio de explorar características-chave de relações complexas entre a espécie e o ambiente (PEARSON; DAWSON, 2003). A modelagem de distribuição de espécies compreende várias etapas, exigindo o conhecimento de diversos conceitos e técnicas ligadas não só a biologia, mas também a biodiversidade, a geografia, ao clima e ao processamento de dados que é requerido antes, durante e depois da obtenção do modelo (GIANNINI et al., 2012a). O que mais irá determinar a área de distribuição da espécie na modelagem serão os limites de tolerância e as necessidades da espécie frente às condições abióticas, a presença de interações com outras espécies e o seu potencial de dispersão e colonização em um certo período de tempo (SOBERÓN; PETERSON, 2005).

A forma como os organismos interagem com seu ambiente define nos processos de modelagem qual nível de escala espacial deverá ser usado, visto que a distribuição e a disponibilidade dos recursos ambientais são uma integração dos processos físicos e biológicos que ocorrem em diferentes níveis seguindo uma relação hierárquica (Tabela 1) (MACKEY; LINDENMAYER, 2001).

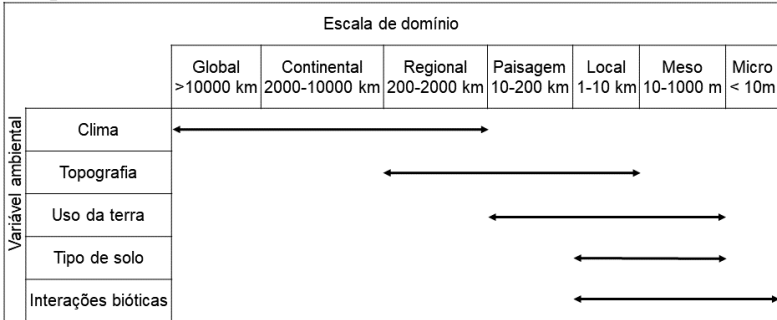
Tabela 1 – Escala espacial de recursos ambientais e os níveis de organização de acordo com as respostas de organismos biológicos.

Ambiente	Nível de organização
Global (temperatura)	Espécie
Meso (geologia)	Espécie
Topografia	População
Micro (área sob influência do dossel das plantas)	Grupo de indivíduos
Nano (manchas de solo)	Individual

Fonte: Adaptado de Franklin (2009) e Mackey e Lindenmayer (2001).

Conjuntamente com a definição da escala dos recursos em que será realizado o estudo deve se considerar qual o fator com maior dominância na escala espacial, sendo que em maiores escalas, como nas globais e continentais, os fatores dominantes serão as condições climáticas (Figura 1) (PEARSON; DAWSON, 2003).

Figura 1 - Esquema sobre os diferentes fatores que afetam a distribuição das espécies em diferentes escalas



Fonte: Adaptado de Pearson e Dawson (2003).

O modelo de distribuição de espécies será escolhido de acordo com os tipos de dados que se possui para a espécie que se quer trabalhar (GUISAN; ZIMMERMANN, 2000). Os tipos de modelos podem ser agrupados em modelos estatísticos (que focam a regressão) e aprendizado de máquina, ou “*machine learning*” (que divide hierarquicamente os dados) (FRANKLIN, 2009).

Como modelos estatísticos podem ser citados os Modelos Lineares Generalizados (GLM) que correlacionam a média da variável de resposta com a combinação linear das variáveis explicativas e os Modelos Aditivos Generalizados (GAM) que funcionam da mesma forma que os GLMs, mas tem capacidade de lidar com relações não-lineares (GUISAN; EDWARDS JR; HASTIE, 2002).

Exemplos de modelos de aprendizado de máquina são as Árvores de decisão que dividem o espaço preditor em retângulos, usando uma série de regras para identificar quais as regiões com as respostas mais homogêneas aos preditores (ELITH; LEATHWICK; HASTIE, 2008); as Redes Neurais Artificiais (ANN) que derivam as combinações lineares dos preditores e modelam, em seguida, a saída como uma função não linear desses recursos (FRANKLIN, 2009); e os métodos de entropia máxima que estimam a distribuição através de um espaço geográfico, comparando a densidade de probabilidade em um espaço covariado (PHILLIPS; ANDERSON; SCHAPIRE, 2006; PHILLIPS; DUDÍK; SCHAPIRE, 2004).

A informática da biodiversidade é um campo de pesquisas emergente que representa a conjugação do uso e gestão eficientes da informação sobre biodiversidade com novas ferramentas para sua análise e compreensão (CANHOS et al., 2004). Segundo o mesmo,

autor a criação do *Environmental Resources Information Network* (ERIN) em 1989, para fornecer informações ambientais geograficamente relacionadas para planejamentos e tomadas de decisões, tornou-se um exemplo de várias iniciativas para o intercâmbio de informações.

Em 1999, o Subgrupo sobre Informática da Biodiversidade do Fórum de Megaciência da Organização de Cooperação e Desenvolvimento Econômico (OECD) recomendou que os governos dos países participantes estabelecessem e apoiassem um sistema distribuído em módulos interligados e interoperáveis, para juntos formarem o *Global Biodiversity Information Facility* (GBIF), o que permite aos usuários navegar e utilizar vastas quantidades de informação sobre a biodiversidade (OECD, 1999). Atualmente, o GBIF é a maior base de dados sobre a biodiversidade na internet (GBIF, 2017).

Com o avanço da informática da biodiversidade, tem sido crescente a realização de estudos para prever o efeito das mudanças climáticas na distribuição geográfica de diferentes organismos (PENADO; REBELO; GOULSON, 2016; PETERSON et al., 2001; POTTS et al., 2010; SILVA et al., 2015; SIMON et al., 2013; THOMAS et al., 2004). Muitos pesquisadores têm realizado estudos de previsão de distribuição geográfica com abelhas, visto que estas são consideradas as mais importantes polinizadoras da maioria das angiospermas (ANTONINI; COSTA; MARTINS, 2006). Por exemplo, na América do Sul foi realizado um estudo com *Bombus bellicosus*, que mostrou que as condições climáticas adequadas para esta espécie retrocederam para o sul do continente (MARTINS et al., 2014).

No Brasil, em um estudo analisando a influência das mudanças climáticas na distribuição de 10 espécies de abelhas foi concluído que a área total de habitats diminuiu para todas elas (GIANNINI et al., 2012b). Com outro trabalho foram observadas mudanças na distribuição futura de quatro espécies de abelhas (GIANNINI et al., 2013). Em outro artigo as áreas climáticas favoráveis para a espécie de abelha estudada (*Euglossa marianae*) provavelmente deslocaram para o sul, mas com a extrema fragmentação da Floresta Atlântica, há grandes dúvidas se a espécie conseguirá dispersar para o sul (NEMÉSIO et al., 2016).

O aumento no número de estudos sobre a distribuição das abelhas é fundamental para que possa haver argumentação frente aos governos de que o declínio destas é evidente e que elas são essenciais para um planeta saudável (BROWN; PAXTON, 2009). Giannini et al. (2015) realizaram a modelagem de distribuição geográfica da espécie *Melipona quadrifasciata* Lepeletier, 1836 considerando as condições climáticas

futuras nos estados de São Paulo, Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul e relacionou com remanescentes da Mata Atlântica com objetivo de indicar possíveis áreas de conservação para a espécie. No trabalho supracitado os autores verificaram que a espécie sofreu alterações na sua distribuição com possível migração para o sul e sugeriram algumas áreas da Mata Atlântica que devem ser preservadas para garantir a distribuição da espécie.

Atualmente existe uma zona de hibridização entre as subespécies, onde é possível encontrar colônias com indivíduos das duas subespécies (BATALHA-FILHO et al., 2009). Considerando o cenário de mudanças climáticas futuro, levantamos a hipótese que as duas subespécies de *M. quadrifasciata* deslocarão seus nichos climáticos e haverá uma redução espacial na área de ocorrência, acoplada com uma maior sobreposição de nicho no futuro e aumento da zona de hibridização.

1.1 OBJETIVO GERAL

Avaliar os efeitos das mudanças climáticas na distribuição e sobreposição do nicho climático das duas subespécies de *Melipona quadrifasciata* no Brasil nos cenários atual e futuro.

1.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

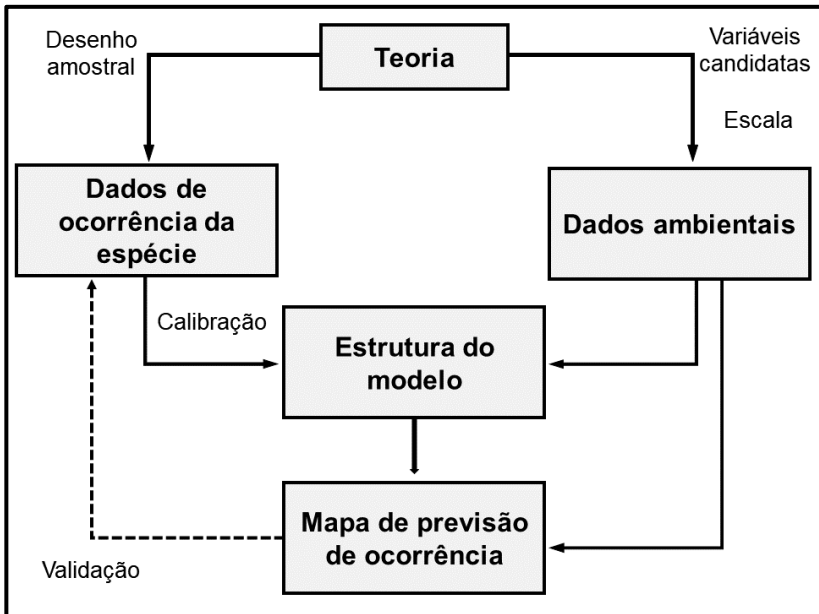
- Modelar o nicho climático para cada uma das duas subespécies de *M. quadrifasciata* no Brasil nos cenários atual e futuro;
- Calcular a sobreposição de nicho climático gerados pelos modelos no cenário atual e futuro das duas subespécies;
- Verificar se ocorrerá redução ou aumento do nicho climático de cada uma das duas subespécies de *M. quadrifasciata* frente a um cenário de mudanças climáticas em suas áreas de ocorrência.

2 METODOLOGIA

2.1 ETAPAS DO PROCESSO DE MODELAGEM

A quantificação das relações espécie-ambiente representa o núcleo da modelagem geográfica preditiva na ecologia, sendo geralmente baseados em várias hipóteses sobre como os fatores ambientais controlam a distribuição das espécies e das comunidades (GUISAN; ZIMMERMANN, 2000). O processo de modelagem é complexo e compreende várias etapas. Inicia com uma informação ecológica já existente e termina com a formulação de um modelo ecológico, sendo crucial basear o modelo ecológico em uma estrutura conceitual, conforme mostrado na figura 2 (FRANKLIN, 2009; GUISAN; ZIMMERMANN, 2000).

Figura 2 - Diagrama mostrando os componentes da modelagem de distribuição de espécies.



Fonte: Adaptado de Franklin (2009).

2.1.1 Descrição da espécie em estudo

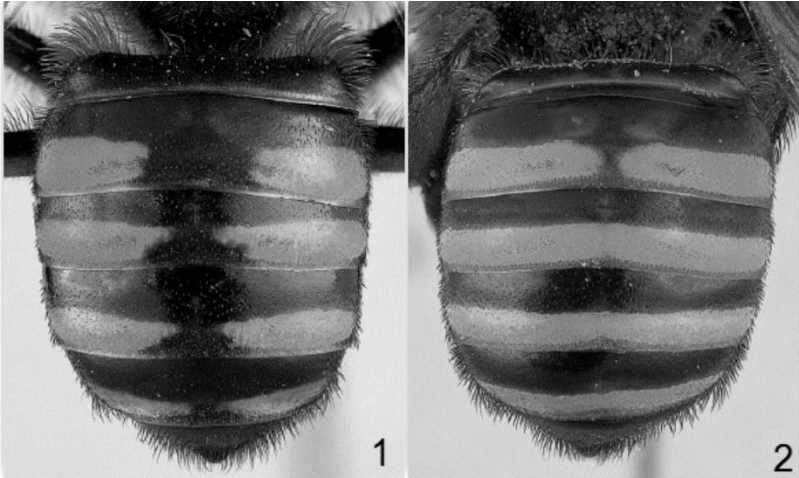
A tribo Meliponini apresenta mais de 50 gêneros e 400 espécies que são conhecidas popularmente como abelhas indígenas “sem ferrão” (MOURE; URBAN; MELO, 2007). Todas as espécies possuem comportamento social e generalista (MICHENER, 2007; OLIVEIRA et al., 2013).

O gênero *Melipona* Illiger, 1806 representa o maior número de espécies dentro da tribo com cerca de 40 espécies (MICHENER, 2007). É restrito às Américas, tendo a maior variedade de espécies na região amazônica (KERR, 1948). São abelhas com aspecto robusto, de tamanho variando entre 8 a 15 mm de comprimento (MICHENER, 2007; OLIVEIRA et al., 2013).

Melipona quadrifasciata Lepelletier, 1836, também conhecida popularmente como mandaçaia, é uma espécie de abelha sem ferrão de ocorrência ao longo da costa do Brasil, do estado da Paraíba até o estado do Rio Grande do Sul, e se expandindo até o Oeste de Misiones, na Argentina e sudeste do Paraguai (MOURE; URBAN; MELO, 2007). Ela está subdividida em duas subespécies: *M. quadrifasciata anthidioides* e *M. quadrifasciata quadrifasciata*. A maior diferença morfológica entre as duas subespécies é a presença de três a cinco faixas dorsais amarelas contínuas no terceiro e sexto segmento das operárias e machos de *M. quadrifasciata quadrifasciata*, e de duas a cinco faixas amarelas interrompidas em *M. quadrifasciata anthidioides* (Figura 3) (SCHWARZ, 1948).

A subespécie *M. quadrifasciata quadrifasciata* é encontrada em regiões frias, compreendendo a região Sul do estado de São Paulo, Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Já a subespécie *M. quadrifasciata anthidioides* é encontrada no norte e nordeste do estado de São Paulo para o leste até a Paraíba. No estado de São Paulo e do sul de Minas Gerais há uma zona de hibridização entre as duas subespécies, onde padrões intermediários de listras amarelas dorsais são detectadas (KERR, 1948).

Figura 3 - Vista dorsal do abdome das duas subespécies de *M. quadrifasciata*. (1) *M. quadrifasciata anthidioides*; (2) *M. quadrifasciata quadrifasciata*



Fonte: Adaptado de Batalha-Filho et al. (2009).

2.1.2 Registros de ocorrência

Foi montado um banco de dados com os registros de ocorrência das duas subespécies da abelha *M. quadrifasciata*, que foi compilado da literatura acadêmica especializada, de exemplares depositados em coleções científicas e de banco de dados de biodiversidade disponíveis em formato digital como o *Global Biodiversity Facility – GBIF* (www.gbif.org) e o *SpeciesLink* (www.splink.cria.org.br).

Os registros que não haviam sido previamente classificados em nível de subespécie foram classificados de acordo com imagens disponíveis nas coleções em que se encontravam. Quando isso não foi possível, estas foram extrapoladas, seguindo o mapa de distribuição para as duas subespécies de Batalha-Filho et al. (2009).

Desta forma, foi possível registrar um total de 137 ocorrências para *M. quadrifasciata anthidioides* e 68 ocorrências para *M. quadrifasciata quadrifasciata*.

2.1.3 Preditores bioclimáticos

As duas subespécies ocorrem em florestas quentes e úmidas da

Mata Atlântica, incluindo ambientes tropicais e subtropicais e respectivas zonas de transição, com temperatura sazonal e alta umidade (MICHENER, 2007; MOURE; URBAN; MELO, 2007; SILVEIRA; MELO; ALMEIDA, 2002). Seguindo estas características ambientais para as subespécies foram selecionadas as seguintes variáveis climáticas atuais e futuras extraídas da base de dados do WorldClim (www.worldclim.org/bioclim) (FICK; HIJMAN, 2017), todas na resolução de 10 arc-min.:

- BIO1 – Temperatura média anual;
- BIO2 – Variação média diurna (média mensal (temp. máx – temp. min.));
- BIO3 – Isotermalidade $(\text{BIO2}/\text{BIO7}) * 100$;
- BIO4 – Sazonalidade da temperatura (desvio padrão * 100);
- BIO5 – Temperatura máxima do mês mais quente;
- BIO6 – Temperatura mínima do mês mais frio;
- BIO7 – Taxa de temperatura anual $(\text{BIO5}-\text{BIO6})$;
- BIO12 – Precipitação anual;
- BIO13 – Precipitação do mês mais úmido;
- BIO14 – Precipitação do mês mais seco; e
- BIO15 – Sazonalidade da precipitação (coeficiente de variação).

A linha climática atual foi baseada na série temporal produzida entre os anos 1970 a 2000. Os modelos climáticos futuros foram desenvolvidos pelo Quinto Relatório de Avaliação do IPCC5-AR5 (IPCC, 2014), que utilizou as variáveis do Modelo de Circulação Global acoplado (CCSM4), realizado pela *National Science Foundation* e *U.S. Department of Energy* que é composto por quatro modelos distintos, simulando a atmosfera da Terra, o oceano, a superfície terrestre e o gelo marinho, para o cenário de gases de efeito estufa RCP85 para 2100 que é considerado o pior cenário.

Visto que é indicado que as camadas das variáveis não sejam altamente correlacionadas (GUISAN; THUILLER, 2005), os preditores foram testados, usando a técnica VIF (*Variance Inflation Factor*) que confronta cada um dos preditores com todos os outros preditores e estima quanto a variação de um coeficiente é inflado devido à multicolinearidade dos dados, permitindo uma medida do quanto uma variável está contribuindo para o erro padrão na regressão (DORMANN et al., 2013; NAIMI et al., 2014; STINE, 1995).

2.2 MODELAGEM NO SOFTWARE MAXENT

Para as mais variadas espécies existem vários registros de

presença, porém os dados de ausência raramente estão disponíveis, e quando estão disponíveis podem ser dados com veracidade questionáveis (ANDERSON; LEW; PETERSON, 2003; PHILLIPS; ANDERSON; SCHAPIRE, 2006; SOBERÓN, 1999). Para as duas subespécies de *M. quadrifasciata* existem apenas os registros de presença e não de ausência. Portanto, foi escolhido um método de aprendizado de máquina, que utiliza vários tipos de algoritmos para aprender a função de mapeamento ou as regras de classificação, baseado diretamente nos dados de treino (FRANKLIN, 2009).

O MaxEnt é um programa de entropia máxima e foi desenvolvido especificadamente para desenvolver modelos de distribuição geográfica apenas com dados de ocorrência das espécies (DUDÍK; PHILLIPS; SCHAPIRE, 2007). O programa faz uma estimativa de acordo com o princípio da entropia máxima que afirma que a melhor aproximação de uma distribuição desconhecida será aquela em que a entropia é máxima, ou seja, a mais distribuída sujeita a restrições previamente conhecidas que são definidas pelo valor esperado da distribuição, que por sua vez é estimado a partir de um conjunto de observações de presença da espécie em questão (FRANKLIN, 2009).

Os modelos foram calibrados usando uma amostra aleatória de pontos para teste e o restante para avaliação, utilizando a técnica de *Bootstrap* (EFRON, 1979), que consiste na partição aleatória dos dados, com reposição, em vários conjuntos de treino e teste. Foi obtida a Curva de Característica de Operação do receptor (curva ROC) (FAWCETT, 2003), onde o cálculo da área sob a curva (AUC) fornece uma medida do desempenho do modelo gerado. Como uma medida de ajuste do modelo, o mesmo foi avaliado com base em TSS (*True Skill Statistic* – estatística de habilidades verdadeiras) (LIU; WHITE; NEWELL, 2011), onde a sensibilidade e a especificidade são calculadas com base no limite de probabilidade para o qual a soma é maximizada não sendo afetada pela prevalência. A sensibilidade é definida pela proporção de presenças verdadeiras do total de presenças previstas e a especificidade pela proporção de ausências verdadeiras pelo total de ausências previstas (LOBO; JIMÉNEZ-VALVERDE; REAL, 2008). Os valores variam de -1,0 a 1,0, onde valores negativos e próximos a zero representam distribuições não melhores do que aleatórias e valores próximos a 1,0 representam o melhor ajuste entre a distribuição observada e da espécie modelada em cenários climáticos atuais (ALLOUCHE; TSOAR; KADMON, 2006; LOBO, 2016). As análises foram realizadas usando o pacote PresenceAbsence (FREEMAN; MOISEN, 2008) no programa R (R CORE TEAM, 2017).

As projeções foram repetidas 10 vezes, cada uma selecionando uma amostra aleatória diferente de 80% ao verificar a precisão do modelo em relação aos 20% restantes (PHILLIPS; ANDERSON; SCHAPIRE, 2006). O algoritmo MaxEnt tem melhor desempenho quando a área de estudo para o modelo de calibração não inclui áreas fora da ocorrência dos registros das espécies (ANDERSON; RAZA, 2010; ELITH et al., 2011). Portanto, considerando a distribuição atual das duas subespécies, os modelos obtidos foram recortados para os biomas Mata Atlântica, Pampa e Cerrado.

Os modelos preditivos são construídos com registros de ocorrências que foram amostrados tendenciosamente em áreas mais acessíveis (PHILLIPS et al., 2009). Este fato leva a um aumento na sobre-representação de algumas regiões, resultando em um viés espacial severo nos dados de ocorrência coletados. Esse viés espacial, por sua vez, leva a um viés ambiental devido ao fato de haver sobre-representação de algumas características ambientais dessas áreas mais acessíveis e mais pesquisadas (KRAMER-SCHADT et al., 2013).

Para reduzir esses vieses de amostragem, as novas versões do MaxEnt permitem a inclusão de arquivos de camadas de polarização, que escolhem dados de segundo plano, *backgrounds*, com a mesma polarização que a ocorrência dos dados (KRAMER-SCHADT et al., 2013; PHILLIPS et al., 2009). Para corrigir este viés de amostragem, foi construída uma camada, que consiste em um mapa, que incorpora o esforço de amostragem, ou seja, faz com que o modelo dê uma importância menor para áreas com alta densidade de pontos de ocorrência e aumenta a importância de regiões com características ambientais semelhantes, mas que não estão amostradas. Esta camada foi criada com uma rotina no ambiente R, usando os pacotes *dismo* (HIJMANS et al., 2017), *raster* (HIJMANS, 2016), *MASS* (VENABLES; RIPLEY, 2003), *magrittr* (BACHE; WICKHAM, 2014) e *maptools* (BIVAND; LEWIN-KOH, 2017) no programa R (R CORE TEAM, 2017).

2.3 INFLUÊNCIA DOS PREDITORES BIOCLIMÁTICOS

Para determinar a importância das variáveis o MaxEnt utiliza duas métricas, a contribuição percentual de cada uma e a importância da permutação. A porcentagem da contribuição é calculada enquanto o modelo está sendo treinado, acompanhando quais variáveis estão contribuindo para ajustar o modelo. Enquanto que a importância da permutação é calculada, removendo os valores de cada variável

aleatoriamente entre os pontos de presença e *background* e comparando o resultado do modelo com as variáveis aleatorizadas com o modelo original, se há uma diminuição na performance indica que o modelo depende muito dessa variável (PHILLIPS, 2006).

Também foi realizado uma análise dos componentes principais (PCA) dos preditores em cada ponto de ocorrência das duas subespécies de *M. quadrifasciata* atual e futuro. Essa análise teve como objetivo fazer uma caracterização da influência dos preditores para cada ponto de ocorrência em cada um dos modelos nos dois cenários climáticos.

2.4 TAMANHO DOS NICHOS CLIMÁTICOS

Para caracterizar as mudanças potenciais nas distribuições das duas subespécies foi aplicada uma métrica baseada em valores das células de grade total, ou seja, cada pixel adequado do espaço geográfico utilizado (Mata Atlântica, Pampa e Cerrado). Para cada uma das projeções os valores das células da grade foram extraídos e calculados o valor da distribuição de frequências e a diferença relativa nas frequências totais das células de grade entre as projeções atuais e futuras (FARONI-PEREZ, 2017).

2.5 NICHOS DAS SUBESPÉCIES

A sobreposição de nichos entre as duas subespécies foi verificada, utilizando o método proposto por Broennimann et al. (2012) em um espaço ambiental de grade. Neste método, o espaço ambiental do total das áreas geográficas de ocorrência das duas subespécies, obtidas a partir de uma PCA, é dividido em células, cada uma representando um vetor único de condições ambientais que ocorre em uma ou mais localidades do espaço geográfico. O método utiliza funções de densidade de núcleo para calcular a densidade suavizada do número de ocorrências e dos ambientes disponíveis ao longo dos eixos ambientais da PCA e, com base nesses valores, é estimado um índice de ocupação.

Posteriormente, foi calculado o índice D de Schoener, quantificando a sobreposição de nicho entre as duas subespécies. Este índice é calculado com base na ocupação do espaço ambiental representado pelos dois primeiros eixos da PCA (BROENNIMANN et al., 2012; WARREN; GLOR; TURELLI, 2008). Finalmente, foram realizados dois testes de randomização para avaliar a equivalência e a similaridade de nicho entre as duas subespécies. O teste de equivalência avalia se os nichos são indistinguíveis (WARREN; GLOR; TURELLI,

2008). Para este teste foram criadas pseudo-replicações, agrupando as áreas geográficas de ocorrências das duas subespécies e dividindo aleatoriamente em dois grupos, mas mantendo os tamanhos das amostras originais. Para cada uma das pseudo-replicações foi calculado o índice D e, em seguida, contrastado o valor D observado original com uma distribuição nula de 100 valor D pseudo-replicados. A hipótese de equivalência de nicho foi rejeitada se a probabilidade de o D observado cair na distribuição nula fosse inferior a 0,05 ($p < 0,05$).

Com o teste de similaridade de nicho questionou-se se o espaço ambiental ocupado em uma faixa é mais semelhante ou mais diferente do que o espaço ambiental ocupado na outra faixa do que seria esperado ao acaso. Para este teste a distribuição das duas subespécies em um intervalo foi sobreposta com a distribuição no outro intervalo, atribuindo aleatoriamente a cada ocorrência uma nova localização na outra faixa e, para cada pseudo-repetição, foi calculado o índice D. Esse procedimento foi realizado 100 vezes em cada direção (da *M. quadrifasciata anthidioides* à *M. quadrifasciata quadrifasciata* e da *M. quadrifasciata quadrifasciata* à *M. quadrifasciata anthidioides*) para gerar duas novas distribuições nulas de valores D. A hipótese de similaridade de nicho foi rejeitada se a probabilidade de o D observado cair na distribuição nula fosse inferior a 0,05 em um teste de duas colunas ($p < 0,05$) (BROENNIMANN et al., 2012).

3 RESULTADOS

3.1 PREDITORES E INFLUÊNCIA

Após aplicar o teste de multicolinearidade, permaneceram para a modelagem de distribuição geográfica das duas subespécies de *M. quadrifasciata* as variáveis BIO1, BIO3, BIO7, BIO13, BIO14 e BIO15.

Para o modelo atual da subespécie *M. quadrifasciata anthidioides*, os testes da influência dos preditores apontaram a variável BIO7 com o maior percentual de contribuição (33%) e a variável BIO1 com a maior importância da variável (31,6%) (Tabela 2). A variável BIO13 foi a que obteve o menor percentual de contribuição e a menor importância da variável, com 7,4% e 4,7% respectivamente.

Para o modelo futuro desta subespécie, a variável BIO7 também se apresentou com o maior percentual de contribuição (31,1%) e a variável BIO14 foi a que mostrou a maior importância (24,4%) (Tabela 2). A variável BIO13 apresentou o menor percentual de contribuição e a menor importância da variável, com 6,1% e 6,9%, respectivamente.

Tabela 2 - Contribuição das variáveis para os modelos atual e futuro de distribuição da subespécie *M. quadrifasciata anthidioides*.

Variável	Percentual de contribuição		Importância da variável (%)	
	Atual	Futuro	Atual	Futuro
BIO1 (Temperatura média anual)	14,5	18,7	31,6	21,6
BIO3 (Isotermalidade)	13,7	11,8	13,7	16,5
BIO7 (Taxa de temperatura anual)	33	31,1	14,9	20,9
BIO13 (Precipitação do mês mais úmidos)	7,4	6,1	4,7	6,9
BIO14 (Precipitação do mês mais seco)	20,7	25,2	21,6	24,4
BIO15 (Sazonalidade da precipitação)	10,6	7,1	13,5	9,7

Fonte: Do autor.

Para o modelo atual da subespécie *M. quadrifasciata quadrifasciata* a variável BIO14 foi a que obteve o maior percentual de contribuição (31,6%) e a variável BIO3 a maior importância da variável

(48,9%) (Tabela 3). A variável BIO15 apresentou o menor percentual de contribuição (2,8%) e a variável BIO1 a menor importância da variável (3,2%).

Para o modelo futuro desta subespécie a variável BIO7 obteve o maior percentual de contribuição (32,6%), assim como teve a maior importância da variável, com 29,3% (Tabela 3). A variável BIO1 obteve o menor percentual de contribuição e a menor importância da variável com 5,5% e 1,4%, respectivamente.

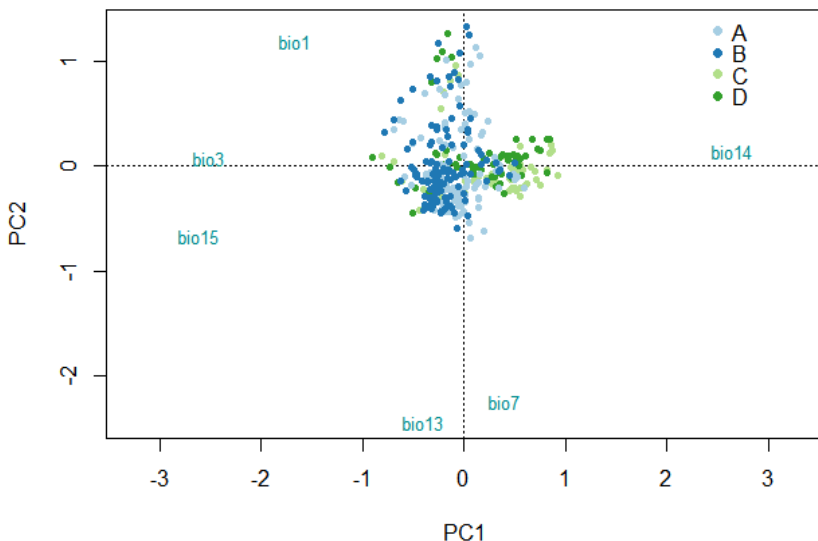
Na análise dos componentes principais (PCA) dos preditores (figura 4), os eixos 1 e 2 explicaram 73% da variação dos dados. O componente principal 1 mostrou forte associação positiva com a variável BIO14, ou seja, mede principalmente, a precipitação do mês mais seco. O componente 2 foi influenciado positivamente principalmente pela variável BIO1, portanto, mede, principalmente a temperatura média anual.

Tabela 3 - Contribuição das variáveis para os modelos atual e futuro de distribuição da subespécie *M. quadrifasciata quadrifasciata*.

Variável	Percentual de contribuição		Importância da variável (%)	
	Atual	Futuro	Atual	Futuro
BIO1 (Temperatura média anual)	11,3	5,5	3,2	1,4
BIO3 (Isotermalidade)	12,3	19,2	48,9	23,9
BIO7 (Taxa de temperatura anual)	25,1	32,6	9,6	29,3
BIO13 (Precipitação do mês mais úmidos)	16,8	8,6	4,2	12,5
BIO14 (Precipitação do mês mais seco)	31,6	21,6	30	28
BIO15 (Sazonalidade da precipitação)	2,8	12,5	4,1	4,9

Fonte: Do autor.

Figura 4 - Análise dos componentes principais usando os valores dos preditores ambientais nos cenários atual e futuro em cada ponto de ocorrência das duas subespécies na resolução de 10 arc-min. A = *M. quadrifasciata anthidioides* atual; B = *M. quadrifasciata anthidioides* futuro; C = *M. quadrifasciata quadrifasciata* atual; D = *M. quadrifasciata quadrifasciata* futuro, onde o componente principal 1 explica, principalmente, a precipitação do mês mais seco e o componente 2, principalmente, a temperatura média anual.



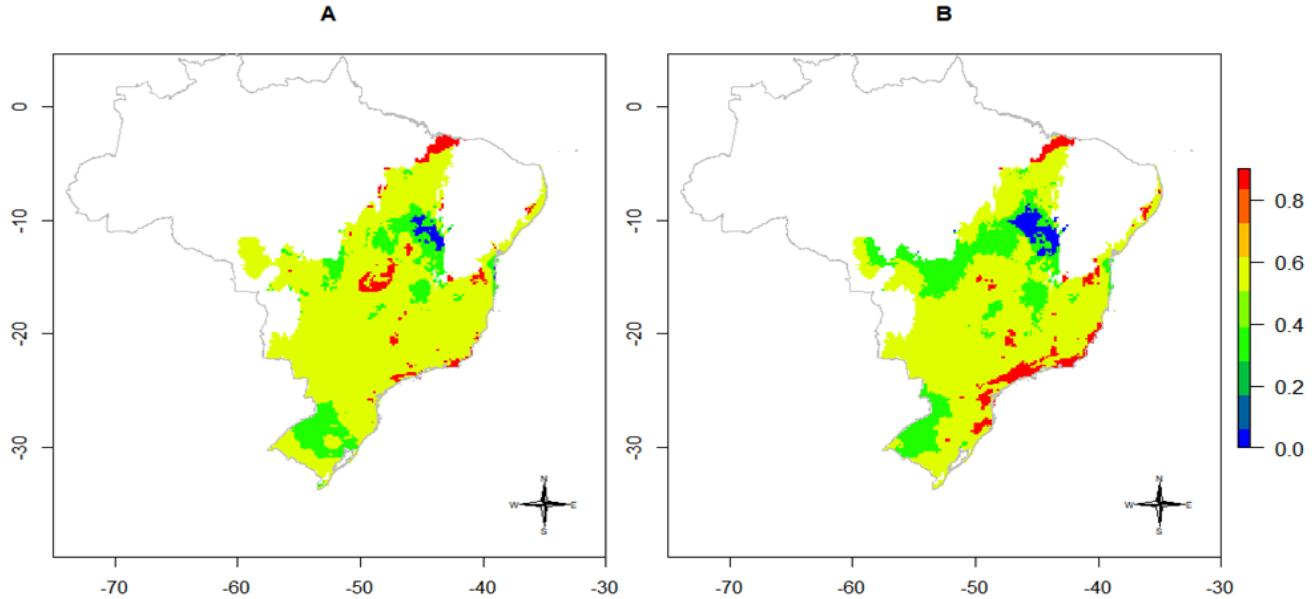
Fonte: Do autor.

3.2 DISTRIBUIÇÃO POTENCIAL DAS SUBESPÉCIES

Os mapas preditivos obtidos na modelagem mostram que a área de ocorrência potencial da subespécie *M. quadrifasciata anthidioides* sofre uma redução na região do Cerrado, e aumenta na região da Mata Atlântica, além de aumentar sua ocorrência para o sul em direção ao Pampa (Figura 5 A e B). Enquanto que a área de ocorrência da subespécie *M. quadrifasciata quadrifasciata* sofre uma redução em toda sua área de distribuição (Figura 6 A e B). Pode ser observado, ainda, que a subespécie *M. quadrifasciata anthidioides* aumenta sua área de ocorrência em sentido à área de ocorrência da subespécie *M. quadrifasciata quadrifasciata* (Figuras 5 B e 6 B).

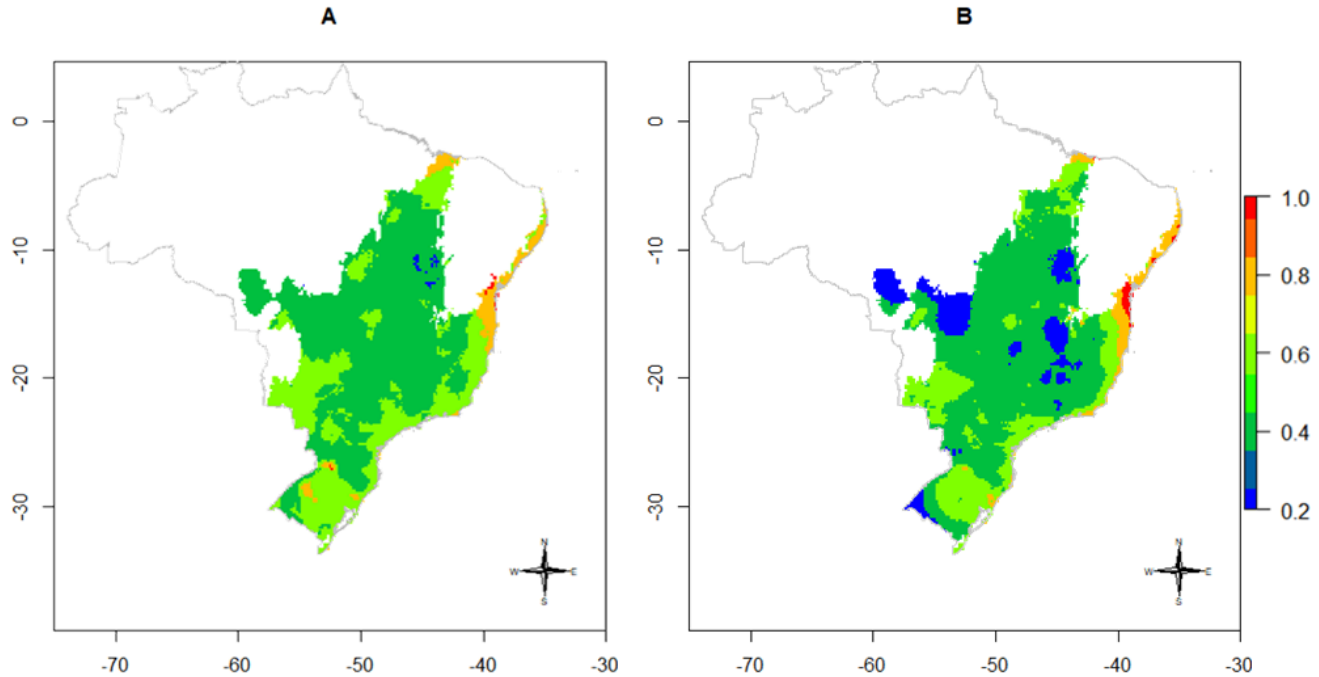
Em relação às estatísticas de cada modelo, considerando todos os pontos de ocorrência, os valores de AUC obtidos excederam 0,7 (Figura 7), sendo que o maior valor foi de 0,785 para o modelo futuro de *M. quadrifasciata anthidioides*. Para todos os modelos, o valor de TSS foi igual a 0,85 o que indica que o modelo está baseado em informação, se comparado a um modelo aleatório, comprovando um bom ajuste dos modelos e um bom desempenho preditivo.

Figura 5 - Distribuição da subespécie *M. quadrifasciata anthidioides* no espaço geográfico utilizado (Mata Atlântica, Pampa e Cerrado). A = Distribuição potencial atual; B = Distribuição potencial futura



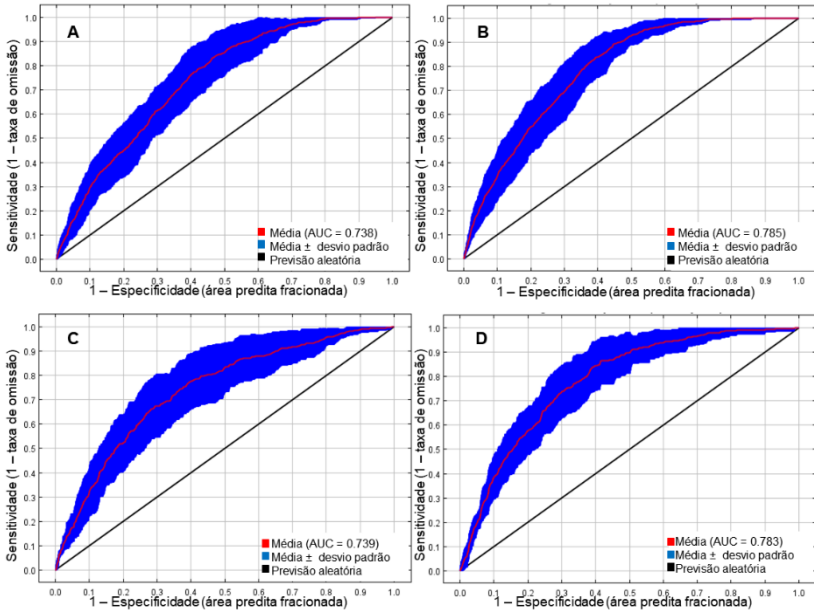
Fonte: Do autor.

Figura 6 - Distribuição da subespécie *M. quadrifasciata quadrifasciata* no espaço geográfico utilizado (Mata Atlântica, Pampa e Cerrado). A = Distribuição potencial atual; B = Distribuição potencial futura



Fonte: Do autor.

Figura 7 - Curvas ROC dos modelos para as duas subespécies nos cenários atual e futuro, mostrando a média da área sob a curva (AUC) (linha vermelha), a média \pm desvio padrão (área azul) e a previsão aleatória (linha preta). A = Modelo atual de *M. quadrifasciata anthidioides*; B = Modelo futuro de *M. quadrifasciata anthidioides*; C = Modelo atual de *M. quadrifasciata quadrifasciata*; D = Modelo futuro de *M. quadrifasciata quadrifasciata*

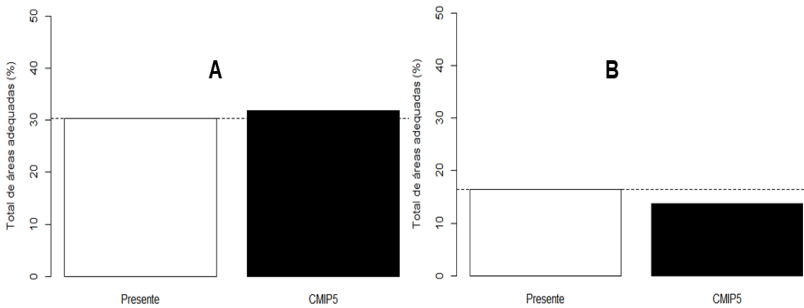


Fonte: Do autor.

3.3 NICHOS CLIMÁTICOS

A porcentagem de pixels de área adequada para *M. quadrifasciata anthidioides* foi 30,35% no modelo atual e aumentou para 31,75% no modelo futuro (Figura 8 A). Para *M. quadrifasciata quadrifasciata* a porcentagem de pixels de área adequada foi 16,36% no modelo atual e diminuiu para 13,74% no modelo futuro (Figura 8 B).

Figura 8 - Mudanças previstas nas áreas adequadas totais de distribuição em porcentagem para as duas subespécies nos cenários atual e futuro. A = *M. quadrifasciata anthidioides*; B = *M. quadrifasciata quadrifasciata*.

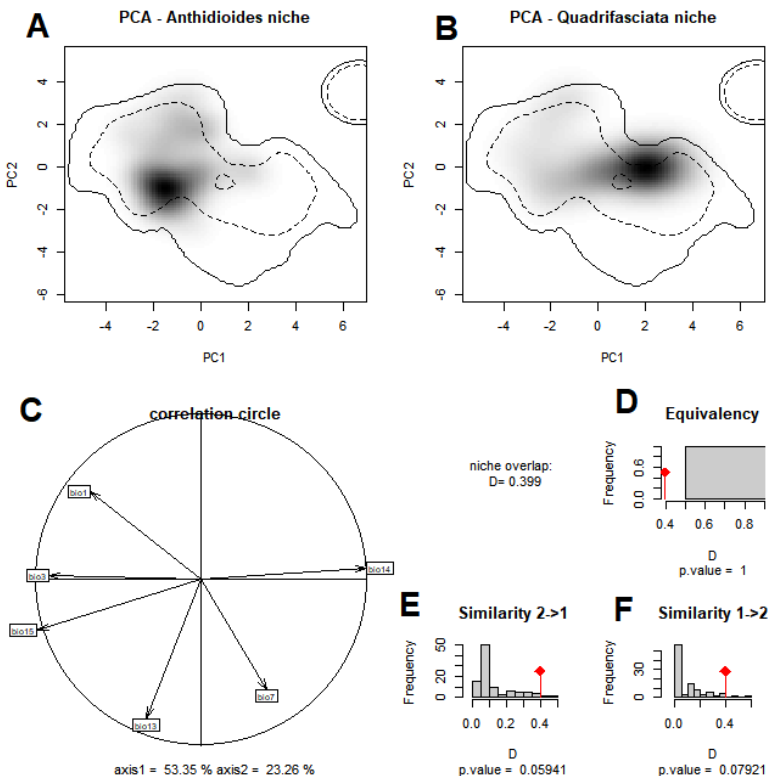


Fonte: Do autor.

Os nichos das subespécies no espaço ambiental são definidos pelos dois primeiros eixos da PCA, onde o eixo X representa os 100 valores pseudo-replicados do índice D. As subespécies mostraram pouca sobreposição de nicho atual (D de Schoener = 0,399, Figura 9), e um aumento na sobreposição de nicho futuro (D de Schoener = 0,406, Figura 10).

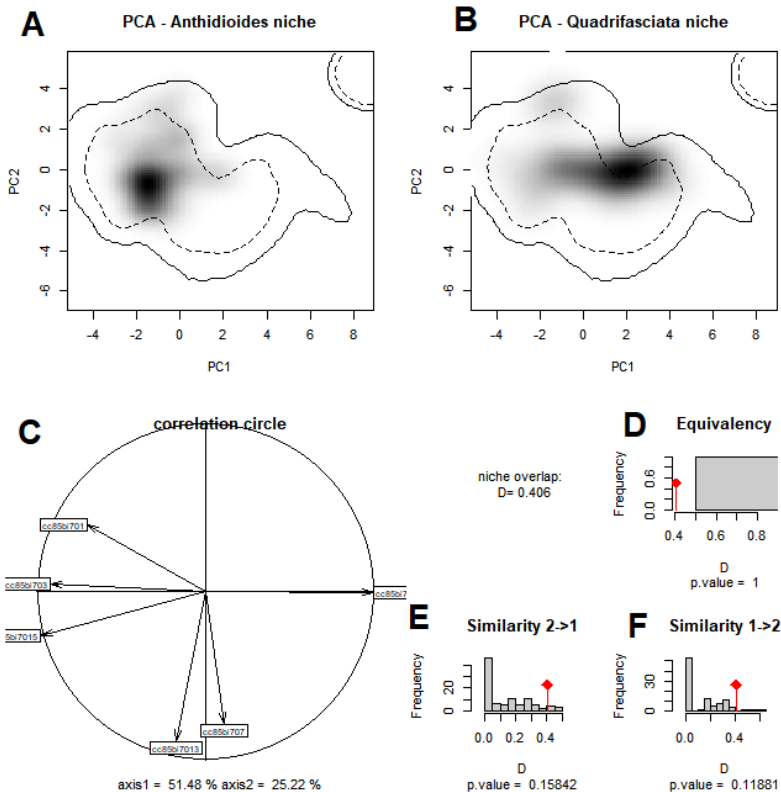
As PCAs atual e futuro mostraram um deslocamento do centroide do nicho de *M. quadrifasciata anthidioides* (área com maior densidade de probabilidade de ocorrência no espaço ambiental) em direção a BIO3, BIO14 e BIO 15 em comparação com o centroide do nicho de *M. quadrifasciata quadrifasciata* (Figura 9 e 10 A, B e C). A hipótese dos testes de equivalência e de similaridade de nicho atual não foram rejeitadas ($p = 1$; $p = 0,05941$; $p = 0,07921$, respectivamente; figura 9 D, E e F). Assim como a hipótese dos testes de equivalência e de similaridade de nicho futuro não foram rejeitadas ($p = 1$; $p = 0,15842$; $p = 0,11881$, respectivamente, Figura 10 D, E e F).

Figura 9 - Nicho climático atual das subespécies de *M. quadrifasciata*. A = Nicho climático, definido pelos dois primeiros eixos da PCA, de *M. quadrifasciata anthidioides*; B = Nicho climático, definido pelos dois primeiros eixos da PCA, de *M. quadrifasciata quadrifasciata*; C = Contribuição das variáveis climáticas para os dois primeiros eixos da PCA e porcentagem de contribuição dos dois primeiros eixos para a variação de dados; D = Equivalência de nicho; E = Similaridade de nicho entre *M. quadrifasciata quadrifasciata* e *M. quadrifasciata anthidioides*; F = Similaridade de nicho entre *M. quadrifasciata anthidioides* e *M. quadrifasciata quadrifasciata*. A área sombreada representa a densidade de ocorrência de espécie por célula, as linhas de contorno sólidas e tracejadas delimitam 100% e 50%, respectivamente, da área de fundo no espaço ambiental. Sobreposição de nicho D observado (barra com um diamante vermelho) e sobreposição de nicho simulada (barras cinzas).



Fonte: Do autor.

Figura 10 - Nicho climático futuro das subespécies de *M. quadrifasciata*. A = Nicho climático, definido pelos dois primeiros eixos da PCA, de *M. quadrifasciata anthidioides*; B = Nicho climático, definido pelos dois primeiros eixos da PCA, de *M. quadrifasciata quadrifasciata*; C = Contribuição das variáveis climáticas para os dois primeiros eixos da PCA e porcentagem de contribuição dos dois primeiros eixos para a variação de dados; D = Equivalência de nicho; E = Similaridade de nicho entre *M. quadrifasciata quadrifasciata* e *M. quadrifasciata anthidioides*; F = Similaridade de nicho entre *M. quadrifasciata anthidioides* e *M. quadrifasciata quadrifasciata*. A área sombreada representa a densidade de ocorrência de espécie por célula, as linhas de contorno sólidas e tracejadas delimitam 100% e 50%, respectivamente, da área de fundo no espaço ambiental. Sobreposição de nicho D observado (barra com um diamante vermelho) e sobreposição de nicho simulada (barras cinzas).



Fonte: Do autor.

4 DISCUSSÃO

Os modelos de escala global assumem que as condições ambientais nas localidades onde a espécie está presente fornecem uma descrição confiável de todos os seus requisitos, implicando no fato de que a distribuição será uma representação geográfica precisa do nicho e os dados distributivos não serão tendenciosos e recuperarão todo o gradiente de condições ambientais que a espécie possa habitar (LOBO; JIMÉNEZ-VALVERDE; HORTAL, 2010). Como isso nem sempre acontece, para garantir essa representatividade, os dados utilizados devem representar adequadamente os gradientes ambientais da região de estudo (HORTAL et al., 2008; KADMON; FARBER; DANIN, 2004). Esses modelos não descrevem as barreiras geográficas ou biológicas que possam vir a existir (FRANKLIN, 2009). Portanto, considerando os modelos gerados e o conhecimento sobre a distribuição atual da espécie estudada, os modelos foram apresentados apenas para os biomas brasileiros Pampa, Mata Atlântica e Cerrado. Fatores meteorológicos, como temperatura e precipitação tem influência direta nas atividades de voo e nos custos energéticos para regulação da temperatura corporal das abelhas (ROUBIK, 1989). Sabendo que as abelhas têm preferência por áreas com menor intensidade de precipitação (MICHENER, 1979), estes dados corroboram nossos resultados de que as variáveis de precipitação, principalmente a precipitação do mês mais seco (BIO14), obtiveram maior contribuição para as duas subespécies. As variáveis de temperatura média anual (BIO1) e a taxa de temperatura anual (BIO7) foram as que tiveram maior importância e contribuição respectivamente para a subespécie *M. quadrifasciata anthidioides* no modelo atual. No modelo futuro da mesma subespécie a variável de taxa de temperatura anual se manteve com o maior percentual de contribuição enquanto que a variável de precipitação no mês mais seco passou a ter maior importância para o modelo.

Para a subespécie *M. quadrifasciata quadrifasciata* a variável de isothermalidade (BIO3) teve maior importância, mas a variável relacionada a precipitação do mês mais seco teve maior contribuição para a geração do modelo atual. No modelo futuro da mesma, a variável de taxa de temperatura anual passou a ter maior contribuição e importância. Essa mudança nos valores de importância e contribuição das variáveis para os modelos indicam que as subespécies precisarão se adaptar às novas condições ambientais provocadas pelas mudanças climáticas, principalmente *M. quadrifasciata quadrifasciata* que teve uma mudança maior do seu nicho climático, quando comparado à *M.*

quadrifasciata anthidioides. A PCA das variáveis climáticas mostra poucas alterações quando comparados aos valores dos preditores com os pontos de ocorrência das duas subespécies, porém são visíveis as tendências das subespécies direcionadas para os preditores com maior importância e contribuição para cada um dos respectivos modelos.

Para a subespécie *M. quadrifasciata quadrifasciata* a variável de isotermalidade (BIO3) teve maior importância, mas a variável relacionada a precipitação do mês mais seco teve maior contribuição para a geração do modelo atual. No modelo futuro da mesma, a variável de taxa de temperatura anual passou a ter maior contribuição e importância. Essa mudança nos valores de importância e contribuição das variáveis para os modelos indicam que as subespécies precisarão se adaptar às novas condições ambientais provocadas pelas mudanças climáticas, principalmente *M. quadrifasciata quadrifasciata* que teve uma mudança maior do seu nicho climático, quando comparado à *M. quadrifasciata anthidioides*. A PCA das variáveis climáticas mostra poucas alterações quando comparados aos valores dos preditores com os pontos de ocorrência das duas subespécies, porém são visíveis as tendências das subespécies direcionadas para os preditores com maior importância e contribuição para cada um dos respectivos modelos.

O cálculo de área ocupada por cada uma das duas subespécies mostra que o nicho climático adequado da subespécie *M. quadrifasciata anthidioides* terá um pequeno aumento de 1,4 %, mas pode-se observar nos mapas da distribuição atual e futuro da subespécie que há uma migração das áreas adequadas em sentido ao litoral e ao sul do Brasil, tendo uma grande redução de áreas ambientalmente adequadas na região do cerrado. Nessa região, apesar de estar previsto maiores períodos de estiagem, também é previsto que se tenha durante a estação chuvosa um aumento de até 3 mm/dia de chuvas (MARENGO, 2006, 2012), podendo ser esta a razão para a migração da espécie e para a variável da precipitação no mês mais seco ter aumentado a influência no modelo gerado. A subespécie *M. quadrifasciata quadrifasciata* sofre uma redução do seu nicho climático de 2,62%. A subespécie sofre uma pequena migração em sentido ao litoral, mas não consegue manter as áreas que anteriormente foram adequadas, possivelmente pelas mesmas razões climáticas que a subespécie *M. quadrifasciata anthidioides* anteriormente citadas.

Pode-se inferir nesse contexto que as condições climáticas futuras serão mais favoráveis para a subespécie *M. quadrifasciata anthidioides*, pois esta apresentou maior potencial de migração de nicho climático quando comparado com a subespécie *M. quadrifasciata quadrifasciata*.

Essa migração levou a um aumento na sobreposição de nicho climático entre as duas subespécies. Enquanto a subespécie *M. quadrifasciata anthidioides* consegue manter o seu nicho climático e, ainda, ampliando sua área de distribuição potencial, a subespécie *M. quadrifasciata quadrifasciata*, que apresentou um menor potencial de migração, muda seu nicho climático frente às mudanças climáticas. Fato esse pode ser observado na PCA dos nichos das subespécies no espaço ambiental, que mostram um deslocamento das áreas com maior densidade de probabilidade de ocorrência no espaço ambiental para as subespécies na direção de duas das variáveis (BIO3 e BIO14) que apareceram como tendo importância e contribuição para os modelos.

O aumento da sobreposição pode levar a um aumento no tamanho da área de hibridização das duas subespécies (BATALHA-FILHO et al., 2009). Isto pode levar a extinção da subespécie *M. quadrifasciata quadrifasciata* que teve um potencial menor de migração da sua área de distribuição geográfica e, atualmente, se encontra na lista vermelha da fauna ameaçada de extinção do estado do Rio Grande do Sul (FONTANA; BENCKE; REIS, 2003).

A diferenciação entre as subespécies é feita morfologicamente através da diferenciação das faixas dorsais, mas sabe-se que existem diferenças genéticas entre as duas subespécies que servem também como marcadores de diferenciação (NASCIMENTO et al., 2010). Nas zonas de hibridização são encontrados indivíduos com faixas dorsais semelhantes a uma subespécie, mas com marcadores genéticos da outra subespécie, o que indica que podem existir colônias com indivíduos das duas subespécies (BATALHA-FILHO et al., 2009; WALDSCHMIDT et al., 2000).

A redução da área de distribuição de uma das duas subespécies ou a sua extinção pode levar ao problema de redução da variabilidade genética para a espécie *M. quadrifasciata*. Algumas espécies de abelhas possuem colônias com comportamentos diferenciados dependendo da variação de alguns marcadores genéticos (OLDROYD et al., 1994). A perda de uma subespécie pode então levar a perda desse comportamento específico e, isto por si só, pode levar a um desequilíbrio ecossistêmico, já que muitas plantas que são polinizadas por abelhas dependem de alguns desses comportamentos para sua fecundação (MEMMOTT et al., 2010).

As mudanças nas distribuições geográficas das espécies causadas por mudanças climáticas, além de afetar a fisiologia destas, com a redução ou aumento da abundância local da espécie pode ocasionar a dessincronia entre o florescimento das plantas e a atividade dos

polinizadores, levando a perda dessa interação (HEGLAND et al., 2009). Interação essa, que é de suma importância, trazendo benefícios diretos a biodiversidade e para os seres humanos (HEGLAND et al., 2009), havendo uma crescente preocupação da manutenção dos serviços ecossistêmicos que são providos pelas interações de polinização (KLEIN et al., 2007; RICKLEFS, 2003).

Os modelos aplicados neste estudo são baseados apenas nas interações climáticas, não considerando as possíveis barreiras geográficas e nem as exigências específicas frente ao microclima e as interações bióticas existentes. Baseados nesses modelos, foi observada uma migração das subespécies, mas é reconhecido que a biota vem sofrendo constantes perdas pelo desmatamento (KLINK; MACHADO, 2005; PEREIRA, 2014; TABARELLI et al., 2005). A Mata Atlântica, o Cerrado e o Pampa possuem, respectivamente, apenas 27,44%, 61,1% e 41,3% de cobertura vegetal nativa intacta, sendo o bioma Mata Atlântica o mais afetado (MMA, 2017a) e, também, o bioma com maior área climática adequada para as subespécies nos modelos atual e futuro. A destruição de habitats naturais por desmatamento pode afetar diretamente a biodiversidade e o potencial de migração das espécies frente as mudanças climáticas (PEARSON et al., 2007).

As abelhas do gênero *Melipona* constroem seus ninhos em ocos de árvores (ROUBIK, 1989). Cortopassi-Laurino; Alves e Imperatriz-Fonseca (2009) identificaram os gêneros botânicos *Tabebuia*, *Caesalpinia*, *Salvertia*, *Commiphora* e *Ficus* como sendo preferenciais para a construção de ninhos das abelhas do gênero *Melipona*. Antonini e Martins (2003) estudaram a preferência da espécie *M. quadrifasciata* para construção de seus ninhos na região do cerrado e constataram que a árvore *Caryocar brasiliense* Cambess, conhecida popularmente como Pequi, foi a que possuía maior número de ninhos apesar da existência de outras árvores, mostrando que elas têm preferência por esta espécie de árvore. A maioria dos gêneros citados são árvores lenhosas e com troncos robustos, o que levou a um aumento na procura destas para a exploração madeireira principalmente no bioma Mata Atlântica (CABRAL; CESCO, 2008). A redução das populações destas espécies, por sua vez, resulta na diminuição de locais adequados para a nidificação das abelhas deste gênero, comprometendo a manutenção delas nestas regiões e a sua capacidade de migração para estas regiões.

Iniciativas de preservação e recuperação destas áreas são de fundamental importância para a manutenção da biodiversidade, como o projeto Biodiversidade e Mudanças Climáticas na Mata Atlântica

(MMA, 2017b), que visa promover a conservação da biodiversidade e a restauração florestal da Mata Atlântica. Áreas com maior conectividade e maior adequabilidade para as subespécies devem receber atenção especial em relação à conservação e à restauração para manter as condições mínimas necessárias para assegurar a distribuição da espécie, bem como preservar a biodiversidade dessas áreas.

Giannini et al. (2015) utilizaram *M. quadrifasciata*, sem distinção entre as duas subespécies, para projetar a distribuição conjunta das abelhas e das espécies de plantas utilizadas por elas para alimentação e nidificação no futuro e para deduzir habitats adequados no âmbito da Mata Atlântica. Nesta projeção conjunta, os autores supracitados também observaram uma migração do norte para o sul e litoral brasileiro, corroborando os resultados obtidos no presente estudo que levou em consideração apenas as variáveis climáticas, onde *M. quadrifasciata anthidioides* mostrou migração para o sul e litoral e *M. quadrifasciata quadrifasciata* para o litoral. Tal resultado mostra que, para a espécie estudada, aparentemente as variáveis climáticas tem maiores influências na distribuição potencial do que a interação da espécie de abelha com as plantas das quais dependem.

Trabalhos de modelagem de distribuição das espécies baseados nas mudanças climáticas são fundamentais para poder indicar quais as áreas prioritárias na conservação e distribuição das espécies (FARONIPEREZ, 2017; FRANKLIN, 2009; GIANNINI et al., 2013). Assim sendo, tais estudos então fundamentais para poder reduzir os danos já causados pelas ações antrópicas e reduzir ações possivelmente causadora de danos ambientais.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

De acordo com os modelos de nicho climático gerados neste estudo, as duas subespécies terão modificações nas suas distribuições geográficas baseadas nas mudanças climáticas. Para a subespécie *M. quadrifasciata anthidioides* o nicho climático poderá ser mais favorável caso a subespécie tenha condições geográficas e ambientes bióticos adequados para a migração, acompanhando então as mudanças climáticas. Já a subespécie *M. quadrifasciata quadrifasciata* terá condições climáticas futuras menos favoráveis para manter sua atual distribuição geográfica, sofrendo a maior perda de habitat adequado.

As mudanças nas distribuições geográficas das subespécies levarão a um aumento na sobreposição de nicho entre elas, podendo levar a um aumento na hibridização da espécie e, até mesmo, a extinção de uma das duas subespécies. Portanto, ações para a preservação de áreas remanescentes e restauração da cobertura vegetal são de suma importância para a manutenção das duas subespécies de *M. quadrifasciata*, visto que, áreas de preservação com conectividade podem reduzir esses impactos e auxiliar no processo de migração que certamente ocorrerá para ambas as subespécies.

O fato que a projeção da distribuição conjunta de *M. quadrifasciata* e das espécies de plantas utilizadas por elas para alimentação e nidificação no futuro apresentou as mesmas tendências de migração como as encontradas no presente estudo mostra que, para a espécie estudada, aparentemente as variáveis climáticas tem maiores influências na distribuição potencial do que a interação da espécie de abelha com as plantas das quais dependem.

A espécie *M. quadrifasciata* já perdeu locais de nidificação devido ao desmatamento nos biomas brasileiros. Sabe-se que elas são totalmente dependentes da existência de formações florestais para encontrar locais adequados para construção dos seus ninhos e que o desmatamento dos biomas continua acelerado. Frente às mudanças climáticas, os nossos resultados mostraram que as mesmas tornam ainda maior o risco de extinção da espécie que é de grande importância ecológica.

REFERÊNCIAS

ALLOUCHE, O.; TSOAR, A.; KADMON, R. Assessing the accuracy of species distribution models: Prevalence, kappa and the true skill statistic (TSS). **Journal of Applied Ecology**, v. 43, n. 6, p. 1223–1232, 2006.

ANDERSON, R. P.; LEW, D.; PETERSON, A. T. Evaluating predictive models of species' distributions: criteria for selecting optimal models. **Ecological Modelling**, v. 162, p. 211-232, 2003.

ANDERSON, R. P.; RAZA, A. The effect of the extent of the study region on GIS models of species geographic distributions and estimates of niche evolution: Preliminary tests with montane rodents (genus *Nephelomys*) in Venezuela. **Journal of Biogeography**, v. 37, n. 7, p. 1378–1393, 27 abr. 2010.

ANTONINI, Y.; COSTA, R. G.; MARTINS, R. P. Floral preferences of a neotropical stingless bee, *Melipona quadrifasciata* Lepeletier (Apidae: Meliponina) in an urban forest fragment. **Brazilian Journal of Biology**, v. 66, n. 2a, p. 463–471, 2006.

ANTONINI, Y.; MARTINS, R. P. The value of a tree species (*Caryocar brasiliense*) for a stingless bee *Melipona quadrifasciata quadrifasciata*. **Journal of Insect Conservation**, v. 7, p. 167-174, 2003.

BACHE, S. M.; WICKHAM, H. **magrittr: A forward-pipe operator for R**, 2014.

BARBOSA, F. G.; SCHNECK, F. Characteristics of the top-cited papers in species distribution predictive models. **Ecological Modelling**, v. 313, p. 77–83, 2015.

BATALHA-FILHO, H.; MELO, G. A. R.; WALDSCHMIDT, A. M.; CAMPOS, L. A. O.; FERNANDES-SALOMÃO, T. M. Geographic distribution and spatial differentiation in the color pattern of abdominal stripes of the Neotropical stingless bee *Melipona quadrifasciata*

(Hymenoptera: Apidae). **Zoologia (Curitiba)**, v. 26, n. 2, p. 213–219, 2009.

BIVAND, R.; LEWIN-KOH, N. **maptools: Tools for reading and handling spatial objects**, 2017.

BROENNIMANN, O.; FITZPATRICK, M. C.; PEARMAN, P. B.; PETITPIERRE, B.; PELLISSIER, L.; YOCCOZ, N. G.; THUILLER, W.; FORTIN, M. J.; RANDIN, C.; ZIMMERMANN, N. E.; GRAHAM, C. H.; GUIGAN, A. Measuring ecological niche overlap from occurrence and spatial environmental data. **Global Ecology and Biogeography**, v. 21, n. 4, p. 481–497, 2012.

BROWN, M. J. F. F.; PAXTON, R. J. The conservation of bees: a global perspective. **Apidologie**, v. 40, n. 3, p. 410–416, 2009.

CABRAL, D. C.; CESCO, S. Notas para uma história da exploração madeireira na Mata Atlântica do Sul-Sudeste. **Ambiente e Sociedade**, v. 11, n. 1, p. 33-48, 2008.

CANHOS, V. P.; SOUZA, S.; GIOVANNI, R.; CANHOS, D. A. L. Global biodiversity informatics: setting the scene for a “new world” of ecological modeling. **Biodiversity Informatics**, v. 1, p. 1–13, 2004.

CLARK, J. S.; CARPENTER, S. R.; BARBER, M.; COLLINS, S.; DOBSON, A.; FOLEY, J. A.; LODGE, D. M.; PASCUAL, M.; PIELKE, R. J.; PIZER, W.; PRINGLE, C.; REID, W. V.; ROSE, K. A.; SALA, O.; SCHLESINGER, W. H.; WAKK, D. H.; WEAR, D. Ecological Forecasts: An Emerging Imperative. **Science**, v. 293, p. 657–660, 2001.

CORTOPASSI-LAURINO, M.; ALVES, D. A.; IMPERATRIZ-FONSECA, V. L. Árvores neotropicais, recursos importantes para a nidificação de abelhas sem ferrão (Apidae, Meliponini). **Apacame**, v. 100, p. 21-28, 2009.

DAILY, G. C. **Nature's Services: societal dependence on natural ecosystems**. Washington, DC: Island Press, 1997.

DEVOTO, M.; MEDAN, D.; ROIG-ALSINA, A.; MONTALDO, N. H. Patterns of species turnover in plant-pollinator communities along a precipitation gradient in Patagonia (Argentina). **Austral Ecology**, v. 34, n. 8, p. 848–857, 2009.

DEWHA. **Ecosystem services: key concepts and applications**. 1. ed. Canberra: DEWHA, 2009.

DORMANN, C. F.; ELITH, J.; BACHER, S.; BUCHMANN, C.; CARL, G.; CARRÉ, G.; MARQUÉZ, J. R. G.; GRUBER, B.; LAFOURCADE, B.; LEITÃO, P. J.; MÜNKEMÜLLER, T.; MCCLEAN, C.; OSBORNE, P. E.; REINEKING, B.; SCHRÖDER, B.; SKIDMORE, A. K.; ZURELL, D.; LAUTENBACH, S. Collinearity: A review of methods to deal with it and a simulation study evaluating their performance. **Ecography**, v. 36, n. 1, p. 27–46, 2013.

DUDÍK, M.; PHILLIPS, S. J.; SCHAPIRE, R. E. Maximum entropy density estimation with generalized regularization and an application to species distribution modeling. **Journal of Machine Learning Research**, v. 8, p. 1217–1260, 2007.

EFRON, B. Bootstrap methods: another look at the jackknife. **The Annals of Statistics**, v. 7, n. 1, p. 1–26, 1979.

ELITH, J.; GRAHAM, C. H.; ANDERSON, R. P.; DUDIK, M.; FERRIER, S.; GUISAN, A.; HIJMANS, R. J.; HUETTMANN, F.; LEATHWICK, J. R.; LEHMANN, A.; LI, J.; LOHMANN, L. G.; LOISELLE, B. A.; MANION, G.; MORITZ, C.; NAKAMURA, M.; NAKAZAWA, Y.; OVERTON, J. M.; PETERSON, A. T.; PHILLIPS, S. J.; RICHARDSON, K.; SCACHETTI-PEREIRA, R.; SCHAPIRE, R. E.; SOBERON, J.; WILLIAMS, S.; WISZ, M. S.; ZIMMERMANN, N. E. Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. **Ecography**, v. 29, n. 2, p. 129–151, 2006.

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

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

FAO. **The state of food insecurity in the world**. Roma, IT: FAO, 2004.

FARONI-PEREZ, L. Climate and environmental changes driving idiosyncratic shifts in the distribution of tropical and temperate worm reefs. **Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom**, v. 97, n. 5, p. 1023–1035, 2017.

FAWCETT, T. **ROC Graphs: Notes and Practical Considerations for Data Mining Researchers**. HP Invent, p. 27, 2003.

FICK, S. E.; HIJMANS, R. J. WorldClim 2: New 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas. **International Journal of Climatology**, v. 37, p. 4302–4315, 2017.

FONTANA, C. S.; BENCKE, G. A.; REIS, R. E. **Livro vermelho da fauna ameaçada de extinção no Rio Grande do Sul**. Porto Alegre: EDIPUCRS, 2003.

FRANKLIN, J. **Mapping species distributions: spatial inference and prediction**. 1. ed. New York: Cambridge University Press, 2009.

FREEMAN, E. A; MOISEN, G. PresenceAbsence: An R Package for Presence Absence Analysis. **Journal of Statistical Software**, v. 23, n. 11, p. 1–31, 2008.

GBIF. Global Biodiversity Information Facility. Disponível em: <<http://www.gbif.org/what-is-gbif>>. Acesso em: 26 jan. 2017.

GIANNINI, T. C.; SIQUEIRA, M. F.; ACOSTA, A. L.; BARRETO, F. C. C.; SARAIVA, A. M.; ALVES-DOS-SANTOS, I. Desafios atuais da modelagem preditiva de distribuição de espécies. **Rodriguésia**, v. 63, n. 3, p. 733–749, 2012a.

GIANNINI, T. C.; ACOSTA, A. L.; GARÓFALO, C. A.; SARAIVA, A. M.; ALVES-DOS-SANTOS, I.; IMPERATRIZ-FONSECA, V. L. Pollination services at risk: Bee habitats will decrease owing to climate change in Brazil. **Ecological Modelling**, v. 244, p. 127–131, 2012b.

GIANNINI, T. C.; ACOSTA, A. L.; SILVA, C. I. DA; DE OLIVEIRA, P. E. A. M.; IMPERATRIZ-FONSECA, V. L.; SARAIVA, A. M. Identifying the areas to preserve passion fruit pollination service in Brazilian Tropical Savannas under climate change. **Agriculture, Ecosystems and Environment**, v. 171, p. 39–46, 2013.

GIANNINI, T. C.; TAMBOSI, L. R.; ACOSTA, A. L.; JAFFE, R.; SARAIVA, A. M.; IMPERATRIZ-FONSECA, V. L.; METZGER, J. P. Safeguarding Ecosystem Services: A Methodological Framework to Buffer the Joint Effect of Habitat Configuration and Climate Change. **Plos One**, v. 10, n. 6, jun. 2015.

GUISAN, A.; EDWARDS JR, T. C.; HASTIE, T. Generalized linear and generalized additive models in studies of species distributions: setting the scene. **Ecological Modelling**, v. 157, n. 2–3, p. 89–100, 2002.

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

GUISAN, A.; ZIMMERMANN, N. E. Predictive habitat distribution models in ecology. **Ecological Modelling**, v. 135, p. 147–186, 2000.

HEGLAND, S. J.; NIELSEN, A.; LÁZARO, A.; BJERKNES, A. L.; TOTLAND, Ø. How does climate warming affect plant-pollinator interactions? **Ecology Letters**, v. 12, n. 2, p. 184–195, 2009.

HIJMANS, R. J. **raster: Geographic data analysis and modeling**, 2016.

HIJMANS, R. J.; PHILLIPS, S.; LEATHWICK, J.; ELITH, J. **dismo: Species distribution modelling**, 2017.

HOLT, R. D. The microevolutionary consequences of climate change. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 5, n. 9, p. 311–5, 1990.

HORTAL, J.; JIMÉNEZ-VALVERDE, A.; GÓMEZ, J. F.; LOBO, J. M.; BASELGA, A. Historical bias in biodiversity inventories affects the observed environmental niche of the species. **Oikos**, v. 117, n. 6, p. 847–858, 2008.

HUGHES, L. Biological consequences of global. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 15, n. 2, p. 56–61, 2000.

HUTCHINSON, G. E. Concluding Remarks. **Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology**, v. 22, p. 415–427, 1957.

IPCC. **Climate change 2014: Impacts, Adaptation, and Vulnerability. Part A: Global and Sectoral Aspects. Contribution of Working Group II to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change.** Reino Unido e Nova York: Cambridge University Press, 2014.

JURAS, I. DA A. G. M. Aquecimento global e mudanças climáticas: uma introdução. **Plenarium**, v. 5, n. 5, p. 34–46, 2008.

KADMON, R.; FARBER, O.; DANIN, A. Effect of roadside bias on the accuracy of predictive maps produced by bioclimatic models. **Ecological Applications**, v. 14, n. 2, p. 401–413, 2004.

KERR, W. E. Estudos sobre o gênero *Melipona*. **Anais da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz**, v. 5, p. 181–276, 1948.

KERR, W. E.; CARVALHO, G. A.; NASCIMENTO, V. A. **Abelha Uruçu: Biologia, Manejo e Conservação.** Belo Horizonte, MG: Acangaú, 1996.

KEVAN, P. G. Pollinators as bioindicators of the state of the environment: Species, activity and diversity. **Agriculture, Ecosystems and Environment**, v. 74, n. 1–3, p. 373–393, 1999.

KLEIN, A.M.; VAISSIERE, B. E.; CANE, J. H.; STEFFAN-DEWENTER, I.; CUNNINGHAM, S. A.; KREMEN, C.; TSCHARNTKE, T. Importance of pollinators in changing landscapes for world crops. **Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 274, n. 1608, p. 303–313, 2007.

KLINK, C. A.; MACHADO, R. B. A conservação do Cerrado brasileiro. **Megadiversidade**, v. 1, n. 1, p. 147–155, 2005.

KRAMER-SCHADT, S.; NIEBALLA, J.; PILGRIM, J. D.; SCHRODER, B.; LINDENBORN, J.; REINFELDER, V.; STILLFRIED, M.; HECKMANN, I.; SCHARF, A. K.; AUGERI, D. M.; CHEYNE, S. M.; HEARN, A. J.; ROSS, J.; MACDONALD, D. W.; MATHAI, J.; EATON, J.; MARSHALL, A. J.; SEMIADI, G.; RUSTAM, R.; BERNARD, H.; ALFRED, R.; SAMEJIMA, H.; DUCKWORTH, J. W.; BREITENMOSER-WUERSTEN, C.; BELANT, J. L.; HOFER, H.; WILTING, A. The importance of correcting for sampling bias in MaxEnt species distribution models. **Diversity and Distributions**, v. 19, n. 11, p. 1366–1379, 2013.

LEVIN, S. A. Ecosystems and the Biosphere as Complex Adaptive Systems. **Ecosystems**, v. 1, n. 5, p. 431–436, 1998.

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

LOBO, J. M. **¿Debemos fiarnos de los modelos de distribución de especies?** In: HERRERO, A.; ZAVALA, M. A. (Eds). **Los bosques y la biodiversidad frente al Cambio Climático: Impactos, vulnerabilidad y adaptación en España**. Madrid, ES: Ministerio de Agricultura, Alimentación y Medio Ambiente, 2016. p. 407–417.

LOBO, J. M.; JIMÉNEZ-VALVERDE, A.; HORTAL, J. The uncertain nature of absences and their importance in species distribution modelling. **Ecography**, v. 33, n. 1, p. 103–114, 2010.

LOBO, J. M.; JIMÉNEZ-VALVERDE, A.; REAL, R. AUC: A misleading measure of the performance of predictive distribution

- models. **Global Ecology and Biogeography**, v. 17, n. 2, p. 145–151, 2008.
- LOEHLE, C.; LEBLANC, D. Model-based assessments of climate change effects on forests: A critical review. **Ecological Modelling**, v. 90, n. 1, p. 1–31, 1996.
- LOPES, M.; FERREIRA, J. B.; SANTOS, G. DOS. Abelhas sem-ferrão: a biodiversidade invisível. **Agriculturas**, v. 2, n. 4, p. 7–9, 2005.
- MACHADO, A. B. M.; DRUMMOND, G. M.; PAGLIA, A. P. (EDS.). **Livro vermelho da fauna brasileira ameaçada de extinção**. Brasília, DF: Fundação Biodiversitas, 2008.
- MACHADO, C. P.; SILVEIRA, F. A.; ALBUQUERQUE, P.; BIESMEIJER, J. C.; CAMPOS, M. J. DE O.; EARDLEY, C.; GEMMILL, B.; GRISWOLD, T.; KWAPONG, P.; MARCO, P. DE; OLIVEIRA, F. F. DE; PAIVA, J. R.; PIRES, C.; POTTS, S.; RAMALHO, F.; RAMALHO, M.; RAW, A.; REGO, M.; RUGGIERO, M.; ZANELLA, F. **Surveying and monitoring of pollinators in natura landscapes and in cultivated fields**. In: IMPERATRIZ-FONSECA, V.-L.; SARAIVA, A. M.; JONG, D. DE (Eds). **Bees as pollinators in Brazil: assessing the status and suggesting best practices**. Ribeirão Preto: Holos Editora, 2006. p. 112.
- MACKEY, B. G.; LINDENMAYER, D. B. Towards a hierarchical framework for modelling the spatial distribution of animals. **Journal of Biogeography**, p. 1147–1166, 2001.
- MARENCO, J. A. **Mudanças climáticas globais e seus efeitos sobre a biodiversidade**: Caracterização do clima atual e definição das alterações climáticas para o território Brasileiro ao longo do século XXI. Brasília: MMA, 2006.
- MARENCO, J. A. **Mudanças climáticas, condições meteorológicas extremas e eventos climáticos no Brasil**. In: **Mudanças climáticas e eventos extremos no Brasil**. Brasília: Fundação Brasileira para o Desenvolvimento Sustentável - FBDS, 2012. p. 4–19.

MARTINS, A. C.; SILVA, D. P.; DE MARCO, P.; MELO, G. A. R. Species conservation under future climate change: the case of *Bombus bellicosus*, a potentially threatened South American bumblebee species. **Journal of Insect Conservation**, v. 19, n. 1, p. 33–43, 2014.

MEMMOTT, J.; CARVELL, C.; PYWELL, R. F.; CRAZE, P. G. The potential impact of global warming on the efficacy of field margins sown for the conservation of bumble-bees. **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 365, n. 1549, p. 2071–2079, 2010.

MICHENER, C. D. **The bees of the world**. 2. ed. Maryland, USA: The Johns Hopkins University Press, 2007.

MMA. MMA lança Mapas de Cobertura Vegetal Nativa dos Biomas Brasileiros. Disponível em: <<http://www.mma.gov.br/informma/item/3769-mma-lanca-mapas-de-cobertura-vegetal-nativa-dos-biomas-brasileiros>>. Acesso em: 6 dez. 2017a.

MMA. Projeto Biodiversidade e Mudanças Climáticas na Mata Atlântica. Disponível em: <<http://www.mma.gov.br/biomas/mata-atlantica/projeto-biodiversidade-e-mudancas-climaticas-na-mata-atlantica>>. Acesso em: 6 dez. 2017b.

MOURE, J. S.; URBAN, D.; MELO, G. A. R. **Catalogue of bees (Hymenoptera, Apoidea) in the Neotropical Region**. 14. ed. Curitiba: Sociedade Brasileira de Entomologia, 2007.

NAIMI, B.; HAMM, N. A. S.; GROEN, T. A.; SKIDMORE, A. K.; TOXOPEUS, A. G. Where is positional uncertainty a problem for species distribution modelling? **Ecography**, v. 37, n. 2, p. 191–203, 2014.

NASCIMENTO, M. A.; BATALHA-FILHO, H.; WALDSCHMIDT, A. M.; TAVARES, M. G.; CAMPOS, L. A. O.; SALOMÃO, T. M. F. Variation and genetic structure of *Melipona quadrifasciata* Lepelletier (Hymenoptera, Apidae) populations based on ISSR pattern. **Genetics and Molecular Biology**, v. 33, n. 2, p. 394–397, 2010.

NEMÉSIO, A.; SILVA, D. P.; NABOUT, J. C.; VARELA, S. Effects of climate change and habitat loss on a forest-dependent bee species in a tropical fragmented landscape. **Insect Conservation and Diversity**, v. 9, n. 2, p. 149–160, 2016.

OECD. **Final report of the OECD Megascience Forum: Working group on biological informatics**. Paris, FR: OECD, 1999.

OLDEN, J. D.; LAWLER, J. J.; POFF, N. L. Machine Learning Methods Without Tears: A Primer for Ecologists. **The Quarterly Review of Biology**, v. 83, n. 2, p. 171–193, 2008.

OLDROYD, B. P.; RINDERER, T. E.; SCHWENKE, J. R.; BUCO, S. M. Subfamily recognition and task specialisation in honey bees (*Apis mellifera* L.) (Hymenoptera : Apidae). **Behavioral Ecology and Sociobiology**, v. 34, n. 3, p. 169–173, 1994.

OLIVEIRA, F. F. DE; RICHERS, B. T. T.; SILVA, J. R.; FARIAS, R. C.; MATOS, T. A. DE L. **Guia Ilustrado das Abelhas “Sem-Ferrão” das Reservas Amanã e Mamirauá, Amazonas, Brasil (Hymenoptera, Apidae, Meliponini)**. Tefé, AM: IDSM, 2013.

PARMESAN, C. Climate and species' range. **Nature**, v. 382, p. 765–766, 1996.

PEARSON, R. G.; DAWSON, T. P. Predicting the impacts of climate change on the distribution of species: are bioclimate envelope models useful? **Global Ecology and Biogeography**, v. 12, p. 361–371, 2003.

PEARSON, R. G.; RAXWORTHY, C. J.; NAKAMURA, M.; TOWNSEND PETERSON, A. Predicting species distributions from small numbers of occurrence records: A test case using cryptic geckos in Madagascar. **Journal of Biogeography**, v. 34, n. 1, p. 102–117, 2007.

PENADO, A.; REBELO, H.; GOULSON, D. Spatial distribution modelling reveals climatically suitable areas for bumblebees in undersampled parts of the Iberian Peninsula. **Insect Conservation and Diversity**, v. 9, n. 5, p. 391–401, 2016.

PEREIRA, V. C. Elementos para pensar a contribuição do Desenvolvimento Rural para conservação do bioma Pampa. **Mundo Agrário**, v. 15, n. 28, p. 1-26, 2014.

PETERSON, A. T.; SÁNCHEZ-CORDERO, V.; SOBERÓN, J.; BARTLEY, J.; BUDDEMEIER, R. W.; NAVARRO-SIGÜENZA, A. G. Effects of global climate change on geographic distributions of Mexican Cracidae. **Ecological Modelling**, v. 144, n. 1, p. 21–30, 2001.

PETERSON, A. T.; SOBERÓN, J.; PEARSON, R. G.; ANDERSON, R. P.; MARTÍNEZ-MEYER, E.; NAKAMURA, M.; ARAÚJO, M. B. **Ecological Niches and Geographic Distributions**. New Jersey: Princeton University Press, 2011.

PHILLIPS, S. A Brief Tutorial on Maxent. **AT&T Research**, p. 1–38, 2006.

PHILLIPS, S. J.; ANDERSON, R. P.; SCHAPIRE, R. E. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. **Ecological Modelling**, v. 190, p. 231–259, 2006.

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

PHILLIPS, S. J.; DUDÍK, M.; SCHAPIRE, R. E. **A maximum entropy approach to species distribution modeling**. Twenty-first international conference on Machine learning - ICML '04, p. 83, 2004.

POTTS, S. G.; BIESMEIJER, J. C.; KREMEN, C.; NEUMANN, P.; SCHWEIGER, O.; KUNIN, W. E. Global pollinator declines: Trends, impacts and drivers. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 25, n. 6, p. 345–353, 2010.

R CORE TEAM. **A language and environment for statistical computing**. Viena, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2017.

RICKLEFS, R. E. **A economia da natureza**. 5. ed. Rio de Janeiro: Editora Guanabara Koogan S. A., 2003.

ROUBIK, D. W. **Ecology and natural history of tropical bees**. New York: Press Syndicate of the University of Cambridge, 1989.

ROWLING, J. K. **Harry Potter e o Prisioneiro de Azkaban**. Rio de Janeiro: Editora Rocco, 2000.

SCDB. **Panorama da Biodiversidade Global**. Brasília, DF: MMA, 2010.

SCHWARZ, H. F. Stingless bees of the western hemisphere. **Bulletin of the American Museum of Natural History**, v. 90, p. 1–546, 1948.

SCHWEIGER, O. **Chapter 2: Drivers and Pressures on Pollinators**. In: POTTS, S.; BIESMEIJER, K.; BOMMARCO, R.; BREEZE, T.; CARVALHEIRO, L.; FRANZÉN, M.; GONZÁLEZ-VARO, J. P.; HOLZSCHUH, A.; KLEIJN, D.; KLEIN, A. M.; KUNIN, B.; LECOCQ, T.; LUNDIN, O.; MICHEZ, D.; NEUMANN, P.; NIETO, A.; PENEV, L.; RASMONT, P.; RATAMÄKI, O.; RIEDINGER, V.; ROBERTS, S. P. M.; RUNDLÖF, M.; SCHEPER, J.; STOEV, P.; SØRENSEN, P.; STEFFAN-DEWENTER, I.; VILÀ, M.; SCHWEIGER, O. (Eds.). **Status and trends of european pollinators**. Sofia: Key findings of the STEP project. Pensoft Publishers, 2015. p. 72.

SILVA, D. P.; MACÊDO, A. C. B. A.; ASCHER, J. S.; DE MARCO, P. Range increase of a Neotropical orchid bee under future scenarios of climate change. **Journal of Insect Conservation**, v. 19, n. 5, p. 901–910, 2015.

SILVEIRA, F. A.; MELO, G. A. R.; ALMEIDA, E. A. B. **Abelhas Brasileiras Sistemática e Identificação**. Belo Horizonte, MG: Fernando A. Silveira, 2002.

SIMON, L. M.; DE OLIVEIRA, G.; BARRETO, B. DE S.; NABOUT, J. C.; VALLE BRITTO RANGEL, T. F. L.; FELIZOLA DINIZ-FILHO, J. A. Effects of Global Climate Changes on Geographical Distribution

Patterns of Economically Important Plant Species in Cerrado. **Revista Árvore**, v. 37, n. 2, p. 267–274, 2013.

SOBERÓN, J. Linking biodiversity information sources. **Trends in Ecology e Evolution**, v. 14, n. 7, p. 291, 1999.

SOBERÓN, J.; NAKAMURA, M. Niches and distributional areas : Concepts, methods, and assumptions. **PNAS**, v. 106, n. 2, p. 19644–19650, 2009.

SOBERÓN, J.; PETERSON, A. T. Interpretation of models of fundamental ecological niches and species' distributional areas. **Biodiversity Informatics**, v. 2, p. 1–10, 2005.

STINE, R. A. Graphical interpretation of variance inflation factors. **American Statistical Association**, v. 49, n. 1, p. 53–56, 1995.

TABARELLI, M.; PINTO, L. P.; SILVA, J. M. C.; HIROTA, M. M.; BEDÊ, L. C. Desafios e oportunidades para a conservação da biodiversidade na Mata Atlântica brasileira. **Megadiversidade**, v. 1, n. 1, p. 132–138, 2005.

THOMAS, C. D.; THOMAS, C. D.; CAMERON, A.; CAMERON, A.; GREEN, R. E.; GREEN, R. E.; BAKKENES, M.; BAKKENES, M.; BEAUMONT, L. J.; BEAUMONT, L. J.; COLLINGHAM, Y. C.; COLLINGHAM, Y. C.; ERASMUS, B. F. N.; ERASMUS, B. F. N.; DE SIQUEIRA, M. F.; DE SIQUEIRA, M. F.; GRAINGER, A.; GRAINGER, A.; HANNAH, L.; HANNAH, L.; HUGHES, L.; HUGHES, L.; HUNTLEY, B.; HUNTLEY, B.; VAN JAARSVELD, A. S.; VAN JAARSVELD, A. S.; MIDGLEY, G. F.; MIDGLEY, G. F.; MILES, L.; MILES, L.; ORTEGA-HUERTA, M. A.; ORTEGA-HUERTA, M. A.; PETERSON, A T.; PETERSON, A T.; PHILLIPS, O. L.; PHILLIPS, O. L.; WILLIAMS, S. E.; WILLIAMS, S. E. Extinction risk from climate change. **Nature**, v. 427, n. 6970, p. 145–8, 2004.

TOREZAN-SILINGARDI, H. M. Flores e animais: uma introdução a história natural da polinização. In: DEL-CLARO, K.; TOREZAN-SILINGARDI, H. M. (Eds). **Ecologia das interações plantas-animais:**

uma abordagem ecológico-evolutiva. 1. ed. Rio de Janeiro: Technical Books, 2012. p. 336.

TUELL, J. K.; ISAACS, R. Weather during bloom affects pollination and yield of highbush blueberry. **Journal of economic entomology**, v. 103, p. 557–562, 2010.

VENABLES, W. N.; RIPLEY, B. D. Modern Applied Statistics With S. **Technometrics**, v. 45, n. 1, p. 111–111, 2003.

WALDSCHMIDT, A. M.; DE BARROS, E. G.; CAMPOS, L. A. O.; BARROS, E. G. DE; CAMPOS, L. A. O. A molecular marker distinguishes the subspecies *Melipona quadrifasciata quadrifasciata* and *Melipona quadrifasciata anthidioides* (Hymenoptera: Apidae, Meliponinae). **Genetics and Molecular Biology**, v. 23, n. 3, p. 609–611, 2000.

WARREN, D. L.; GLOR, R. E.; TURELLI, M. Environmental niche equivalency versus conservatism: Quantitative approaches to niche evolution. **Evolution**, v. 62, n. 11, p. 2868–2883, 2008.

WESTERKAMP, C.; GOTTSBERGER, G. **The costly crop pollination crisis**. In: KEVAN, P. G.; IMPERATRIZ-FONSECA, V.-L. (Eds). **Pollinating bees: The conservation link between agriculture and nature**. 2. ed. Brasília: MMA, 2006. p. 313.

APÊNDICES

APÊNDICE A – Script R

```
#####
####Script modelagem MaxEnt#####
#####Melipona quadrifasciata quadrifasciata e anthidioides#####
#####14/11/2017#####
#####Karina de Oliveira Teixeira#####
#####
```

```
#####pacotes#####
```

```
library(PresenceAbsence)
library(raster)
library(rgdal)
library(maptools)
library(usdm)
library(dismo)
library(MASS)
library(magrittr)
library(rgeos)
library(sp)
library(vegan)
library(BIOMOD)
library(ade4)
library(adehabitat)
library(sp)
library(gam)
library(mvtnorm)
library(gbm)
```

```
#####ler planilhas base#####
```

```
df_quadri<-read.table("df_quadri.csv", header =T, sep=",")
names(df_quadri)<-c("x","y")
df_anthi<-read.table("df_anthi.csv", header = T,sep = ",")
names(df_anthi)<-c("x","y")
```

```
#####Dados climáticos atuais#####
```

```
worldclim<-getData("worldclim",var="bio",res=10)
wp<-extent(c(-80, -20, -60, 0))
```

```

worldclim <- stack(worldclim)
worldclim
worldclim <- crop(worldclim, wp)
plot(worldclim[[1]])
points(df_quadri$x, df_quadri$y)
points(df_anthi$x,df_anthi$y)

###Variance inflation factor###
predictors<-worldclim[[c(1:7, 12:15)]]
predictors

vifstep(predictors, th=10)

####preditores selecionados####

predictors<-worldclim[[c(1,3,7,13,14,15)]]
projection(predictors)<-"+proj=longlat +datum=WGS84 +ellps=WGS84
+towgs84=0,0,0"
predictors

writeRaster(predictors[[1]],"C:\\Users\\N1na3\\Desktop\\melipona
certo\\pred1.asc", format = "asc", overwrite=T)
writeRaster(predictors[[2]],"C:\\Users\\N1na3\\Desktop\\melipona
certo\\pred3.asc", format = "asc", overwrite=T)
writeRaster(predictors[[3]],"C:\\Users\\N1na3\\Desktop\\melipona
certo\\pred7.asc", format = "asc", overwrite=T)
writeRaster(predictors[[4]],"C:\\Users\\N1na3\\Desktop\\melipona
certo\\pred13.asc", format = "asc", overwrite=T)
writeRaster(predictors[[5]],"C:\\Users\\N1na3\\Desktop\\melipona
certo\\pred14.asc", format = "asc", overwrite=T)
writeRaster(predictors[[6]],"C:\\Users\\N1na3\\Desktop\\melipona
certo\\pred15.asc", format = "asc", overwrite=T)

####Dados climaticos futuros#####
###salvar em pasta separada com o mesmo nome dos atuais#####

worldclim_futuro <- getData('CMIP5', var='bio', res=10,
rcp=85,model="CC",year=70)
wp_futuro <- extent(c(-80, -20, -60, 0))
worldclim_futuro <- stack(worldclim_futuro)
worldclim_futuro

```

```

worldclim_futuro <- crop(worldclim_futuro, wp_futuro)
plot(worldclim_futuro[[1]])
points(df_quadri$x, df_quadri$y)
points(df_anthi$x,df_anthi$y)

predictors_futuro<-worldclim_futuro[[c(1,3,7,13,14,15)]]
projection(predictors_futuro)<-"+proj=longlat          +datum=WGS84
+ellps=WGS84 +towgs84=0,0,0"
predictors_futuro

writeRaster(predictors_futuro[[1]], "C:\\Users\\N1na3\\Desktop\\melipon
a certo\\Preds futuro\\pred1.asc" , format = "asc", overwrite=T)
writeRaster(predictors_futuro[[2]], "C:\\Users\\N1na3\\Desktop\\melipon
a certo\\Preds futuro\\pred3.asc" , format = "asc", overwrite=T)
writeRaster(predictors_futuro[[3]], "C:\\Users\\N1na3\\Desktop\\melipon
a certo\\Preds futuro\\pred7.asc" , format = "asc", overwrite=T)
writeRaster(predictors_futuro[[4]], "C:\\Users\\N1na3\\Desktop\\melipon
a certo\\Preds futuro\\pred13.asc" , format = "asc", overwrite=T)
writeRaster(predictors_futuro[[5]], "C:\\Users\\N1na3\\Desktop\\melipon
a certo\\Preds futuro\\pred14.asc" , format = "asc", overwrite=T)
writeRaster(predictors_futuro[[6]], "C:\\Users\\N1na3\\Desktop\\melipon
a certo\\Preds futuro\\pred15.asc" , format = "asc", overwrite=T)

#####Gerar backgrounds#####

#####quadrifasciata#####

names(df_quadri)<-c("x", "y")

df_coord_quadri<-df_quadri  ###transformando os pontos em
coordenadas###
df_coord_quadri<-as.data.frame(df_coord_quadri)
coordinates(df_coord_quadri) <- ~x+y
proj4string(df_coord_quadri) <- CRS( "+init=epsg:3857" )

buffer_quadri<-gBuffer(df_coord_quadri, width = 0.045)
plot(buffer_quadri)
str(buffer_quadri)
buffer_quadri

buffer_quadri<- spTransform(buffer_quadri, CRS("+init=epsg:3857"))

```

```

proj4string(buffer_quadri) <- CRS(proj4string(df_coord_quadri))

points_buffer_quadri <- spsample(buffer_quadri, 121, type='random',
iter=25)
str(points_buffer_quadri)
plot(points_buffer_quadri)
points_buffer_quadri<-as.data.frame(coordinates(points_buffer_quadri))
points_buffer_quadri$occurrence<-rep(0,nrow(points_buffer_quadri))
newdata_quadri<-as.data.frame((df_coord_quadri))
newdata_quadri$occurrence<-rep(1,nrow(newdata_quadri))

str(newdata_quadri)
newdata_quadri<-as.data.frame(newdata_quadri)
newdata_quadri$occurrence<-rep(1,nrow(newdata_quadri))
plot(worldclim[[1]])
points(points_buffer_quadri$x,points_buffer_quadri$y)
str(points_buffer_quadri)
data_quadri<-rbind(points_buffer_quadri, newdata_quadri )
data_quadri #ok!!!!!!!!!!!!
plot(worldclim[[1]])
points(data_quadri$x, data_quadri$y)
names(data_quadri)
write.csv(data_quadri, "df_back_quadri.csv")

#####Anthidioides#####

names(df_anthi)<-c("x","y")

df_coord_anthi<-df_anthi   ###transformando os pontos em
coordenadas###
df_coord_anthi<-as.data.frame(df_coord_anthi)
coordinates(df_coord_anthi) <- ~x+y
proj4string(df_coord_anthi) <- CRS( "+init=epsg:3857" )

buffer_anthi<-gBuffer(df_coord_anthi, width = 0.045)
plot(buffer_anthi)
str(buffer_anthi)
buffer_anthi

buffer_anthi<- spTransform(buffer_anthi, CRS("+init=epsg:3857"))
proj4string(buffer_anthi) <- CRS(proj4string(df_coord_anthi))

```

```

points_buffer_anthi <- spsample(buffer_anthi, 121, type='random',
iter=25)
str(points_buffer_anthi)
plot(points_buffer_anthi)
points_buffer_anthi<-as.data.frame(coordinates(points_buffer_anthi))
points_buffer_anthi$occurrence<-rep(0,nrow(points_buffer_anthi))
newdata_anthi<-as.data.frame((df_coord_anthi))
newdata_anthi$occurrence<-rep(1,nrow(newdata_anthi))

str(newdata_anthi)
newdata_anthi<-as.data.frame(newdata_anthi)
newdata_anthi$occurrence<-rep(1,nrow(newdata_anthi))
plot(worldclim[[1]])
points(points_buffer_anthi$x,points_buffer_anthi$y)
str(points_buffer_anthi)
data_anthi<-rbind(points_buffer_anthi, newdata_anthi )
data_anthi #ok!!!!!!!!!!!!
plot(worldclim[[1]])
points(data_anthi$x, data_anthi$y)
names(data_anthi)
write.csv(data_anthi, "df_back_anthi.csv")

#####Bias layer#####

#####Quadrifasciata#####

df_quadri<-read.table("df_back_quadri.csv",header = T,sep = ",")
names(df_quadri)
names(df_quadri)<-c("species","x","y")

occ_quadri<-df_quadri[,2:3]
df_quadri
occ_quadri<-as.data.frame(occ_quadri)

quadri_occ<-rasterize(occ_quadri, predictors, 1 )
quadri_occ
plot(quadri_occ)

presences_quadri <- which(values(quadri_occ) == 1)

```

```

pres.locs.quadri <- coordinates(quadri_occ)[presences_quadri, ]

dens.quadri <- kde2d(pres.locs.quadri[,1], pres.locs.quadri[,2], n =
c(nrow(quadri_occ), ncol(quadri_occ)))
dens.ras.quadri <- raster(dens.quadri)
dens.ras.quadri
plot(dens.ras.quadri)

dens.ras.res.quadri<-
resample(dens.ras.quadri,predictors[[1]], method="bilinear")
dens.ras.res.quadri

writeRaster(dens.ras.res.quadri, "bias_quadri.asc", overwrite=T)
predictors

plot(predictors[[1]])
mask.quadri<-reclassify(predictors[[1]], c(0,0,0, 1,1000,1 ))
par(mfrow=c(1,3))
plot(dens.ras.res.quadri)
plot(mask.quadri)
dens.ras.res.quadri.crop<-mask.quadri*dens.ras.res.quadri
dens.ras.res.quadri.crop
plot(dens.ras.res.quadri.crop)
writeRaster(dens.ras.res.quadri.crop, "bias_quadri_crop.asc",
overwrite=T)

####Anthidioides####

df_anthi<-read.table("df_back_anthi.csv",header = T,sep = ",")
names(df_anthi)
names(df_anthi)<-c("species","x","y")

occ_anthi<-df_anthi[,2:3]
df_anthi
occ_anthi<-as.data.frame(occ_anthi)

anthi_occ<-rasterize(occ_anthi, predictors, 1 )
anthi_occ
plot(anthi_occ)

presences_anthi <- which(values(anthi_occ) == 1)

```

```

pres.locs_anthi <- coordinates(anthi_occ)[presences_anthi, ]

dens.anthi <- kde2d(pres.locs_anthi[,1], pres.locs_anthi[,2], n =
c(nrow(anthi_occ), ncol(anthi_occ)))
dens.ras.anthi <- raster(dens.anthi)
dens.ras.anthi
plot(dens.ras.anthi)

dens.ras.res.anthi<-
resample(dens.ras.anthi,predictors[[1]], method="bilinear")
dens.ras.res.anthi

writeRaster(dens.ras.res.anthi, "bias_anthi.asc", overwrite=T)
predictors

plot(predictors[[1]])
mask.anthi<-reclassify(predictors[[1]], c(0,0,0, 1,1000,1 ))
par(mfrow=c(1,3))
plot(dens.ras.res.anthi)
plot(mask.anthi)
dens.ras.res.anthi.crop<-mask.anthi*dens.ras.res.anthi
dens.ras.res.anthi.crop
plot(dens.ras.res.anthi.crop)
writeRaster(dens.ras.res.anthi.crop, "bias_anthi_crop.asc", overwrite=T)

###PCA preditores###

coordinates(df_coord_quadri)<- ~ x+y
coordinates(df_coord_anthi)<- ~ x+y

predictors
predictors_futuro

env_atual_quadri<-extract(predictors,df_coord_quadri)
env_futuro_quadri<-extract(predictors_futuro,df_coord_quadri)

env_atual_anthi<-extract(predictors,df_coord_anthi)
env_futuro_anthi<-extract(predictors_futuro,df_coord_anthi)

env_atual_quadri<-as.data.frame(env_atual_quadri)
env_futuro_quadri<-as.data.frame(env_futuro_quadri)

```

```

env_atual_anthi<-as.data.frame(env_atual_anthi)
env_futuro_anthi<-as.data.frame(env_futuro_anthi)

env_atual_quadri$sp_scenario<-rep("C", nrow(env_atual_quadri))
env_futuro_quadri$sp_scenario<-rep("D", nrow(env_futuro_quadri))
env_atual_anthi$sp_scenario<-rep("A", nrow(env_atual_anthi))
env_futuro_anthi$sp_scenario<-rep("B", nrow(env_futuro_anthi))

names(env_atual_quadri)<-c("bio1", "bio3", "bio7", "bio13", "bio14",
"bio15", "sp_scenario")
names(env_futuro_quadri)<-c("bio1", "bio3", "bio7", "bio13", "bio14",
"bio15", "sp_scenario")
names(env_atual_anthi)<-c("bio1", "bio3", "bio7", "bio13", "bio14",
"bio15", "sp_scenario")
names(env_futuro_anthi)<-c("bio1", "bio3", "bio7", "bio13", "bio14",
"bio15", "sp_scenario")

####Data PCA####

data_pca<-rbind(env_atual_quadri, env_futuro_quadri, env_atual_anthi,
env_futuro_anthi )
str(data_pca)
data_pca$sp_scenario<-as.factor(data_pca$sp_scenario)

data_pca_log<-decostand(data_pca[,1:6], "log")
pca_all<-rda(data_pca_log, scale = T)
summary(pca_all)
plot(pca_all, main = "PCA 2 sp + 2 scenarios", scaling=2)

with(data_pca, levels(sp_scenario))
scl<- 2
colvec<- c('#a6cee3','#1f78b4','#b2df8a','#33a02c')

plot(pca_all, type="n", scaling = scl)
with(data_pca, points(pca_all, display = "sites", col =
colvec[sp_scenario],
scaling = scl, pch = 20, bg = colvec[sp_scenario]))

text(pca_all, display = "species", scaling = scl, cex = 0.8, col =
"darkcyan")

```



```

with(data_pca, legend("topright", legend = levels(sp_scenario), bty =
"n",
                col = colvec, pch = 21, pt.bg = colvec))
###Convex polygon##

x11()
plot(pca_all, type="n", scaling = scl)
ordihull(pca_all,
        data_pca$sp_scenario, draw = "polygon",
        col = c('#a6cee3','#1f78b4','#b2df8a','#33a02c'))
with(data_pca, legend("topright", legend = levels(sp_scenario), bty =
"n",
                col = colvec, pch = 21, pt.bg = colvec))

#####Sobreposição de nicho entre subespécies#####

source("niche.overlap.functions.R")
source("occ.prep.functions.R")

###Atual###

# Data preparation
#all data from predictor (x,y,Bio1....)

df_preds_present<-as.data.frame(predictors)
xy<-coordinates(predictors)
head(xy)
df_preds_present<-cbind(xy, df_preds_present)
str(df_preds_present)
head(df_preds_present)#OK, all cells
clim1<-df_preds_present
clim2<-df_preds_present
clim12<-rbind(df_preds_present)
head(clim12)

#occurrences
#Present
df_coord_quadri<-as.data.frame(df_coord_quadri)
data_quadri_present<-cbind(df_coord_quadri, env_atual_quadri) #ok
df_coord_anthi<-as.data.frame(df_coord_anthi)

```

```

data_anthi_present<-cbind(df_coord_anthi, env_atual_anthi) #ok

occ_anthi<-data_anthi_present[,1:2]
occ_quadri<-data_quadri_present[,1:2]

# create sp occurrence dataset by adding climate variables from the
global climate datasets
# resolution should be the resolution of the climate data grid

occ.anthi<-
na.exclude(sample.sp.globvar(dfsp=occ_anthi,colspxy=1:2,colspkept=N
ULL,dfvar=clim1,colvarxy=1:2,colvar="all",resolution=0.1666667))
occ.quadri<-
na.exclude(sample.sp.globvar(dfsp=occ_quadri,colspxy=1:2,colspkept=
NULL,dfvar=clim2,colvarxy=1:2,colvar="all",resolution=0.1666667))

# create presence/absence datasets (used in ENFA and SDMs)
row.pa1<-
sample.sp.globvar(dfsp=clim1,colspxy=1:2,colspkept=NULL,dfvar=occ
.anthi,colvarxy=1:2,colvar=3,resolution=0)
#find rows of clim1 where the species is present
pa<-data.frame(!is.na(row.pa1))*1;names(pa)<-"pa"      #create    01
column
pa1<-cbind(clim1,pa)

row.pa2<-
sample.sp.globvar(dfsp=clim2,colspxy=1:2,colspkept=NULL,dfvar=occ
.quadri,colvarxy=1:2,colvar=3,resolution=0)
#find rows of clim1 where the species is present
pa<-data.frame(!is.na(row.pa2))*1;names(pa)<-"pa"      #create    01
column
pa2<-cbind(clim2,pa)

#####
#####
##### ANALYSIS - selection of
parameters #####
#####
#####

# selection of the type of analysis.

```

```

# If PROJ =F, the models are calibrated on both ranges.
# If PROJ =T, the models are calibrated on species 1 range only and
projected to range 2.
# Analyses where both ranges are needed (ex: LDA) are not done
PROJ = F

# selection of variables to include in the analyses
names(clim12)
Xvar<-c(3:8)
nvar<-length(Xvar)

#number of iteration for the tests of equivalency and similarity
iterations<-100

#resolution of the gridding of the climate space
R=100

#####
#####
##### row weigthing and grouping factors for ade4
functions #####
#####
#####

# if PROJ = F
row.w.1.occ<-1-(nrow(occ.anthi)/nrow(rbind(occ.anthi,occ.quadri))) #
prevalence of occ1
row.w.2.occ<-1-(nrow(occ.quadri)/nrow(rbind(occ.anthi,occ.quadri))) #
prevalence of occ2
row.w.occ<-c(rep(0, nrow(clim1)),rep(0, nrow(clim2)),rep(row.w.1.occ,
nrow(occ.anthi)),rep(row.w.2.occ, nrow(occ.quadri)))

row.w.1.env<-1-(nrow(clim1)/nrow(clim12)) # prevalence of clim1
row.w.2.env<-1-(nrow(clim2)/nrow(clim12)) # prevalence of clim2
row.w.env<-c(rep(row.w.1.env, nrow(clim1)),rep(row.w.2.env,
nrow(clim2)),rep(0, nrow(occ.anthi)),rep(0, nrow(occ.quadri)))

fac<-as.factor(c(rep(1, nrow(clim1)),rep(2, nrow(clim2)),rep(1,
nrow(occ.anthi)),rep(2, nrow(occ.quadri))))

# global dataset for the analysis and rows for each sub dataset

```

```

data.env.occ<-rbind(clim1,clim2,occ.anthi,occ.quadri)[Xvar]
data.env.occ[is.na(data.env.occ)] <- 0

row.clim1<-1:nrow(clim1)
row.clim2<-(nrow(clim1)+1):(nrow(clim1)+nrow(clim2))
row.clim12<-1:(nrow(clim1)+nrow(clim2))
row.sp1<-
(nrow(clim1)+nrow(clim2)+1):(nrow(clim1)+nrow(clim2)+nrow(occ.anthi))
row.sp2<-
(nrow(clim1)+nrow(clim2)+nrow(occ.anthi)+1):(nrow(clim1)+nrow(clim2)+nrow(occ.anthi)+nrow(occ.quadri))

#####
#####
##### PCA-occ
#####
#####
#####

# measures niche overlap along the two first axes of a PCA calibrated on
occurrence data

if(PROJ == F){ ... #fit of the analyse using occurrences from both ranges
  pca.cal <-dudi.pca(data.env.occ,row.w = row.w.occ, center = T, scale =
T, scannf = F, nf = 2)
}
if(PROJ == T) { #fit of the analyse using occurrences from range 1
  pca.cal <-dudi.pca(data.env.occ,row.w = row.w.occ.PROJT, center =
T, scale = T, scannf = F, nf = 2)
}
# predict the scores on the axes
scores.clim12<- pca.cal$li[row.clim12,]
scores.clim1<- pca.cal$li[row.clim1,]
scores.clim2<- pca.cal$li[row.clim2,]
scores.sp1<- pca.cal$li[row.sp1,]
scores.sp2<- pca.cal$li[row.sp2,]

# calculation of occurrence density and test of niche equivalency and
similarity

```

```

z1<- grid.clim(scores.clim12,scores.clim1,scores.sp1,R)
z2<- grid.clim(scores.clim12,scores.clim2,scores.sp2,R)
a<-niche.equivalency.test(z1,z2,rep=1)# test of niche equivalency and
similarity according to Warren et al. 2008
b<-niche.similarity.test(z1,z2,rep=100)
b2<-niche.similarity.test(z2,z1,rep=100)

#plot .....
.....
.....
x11()); layout(matrix(c(1,1,2,2,1,1,2,2,3,3,4,5,3,3,6,7), 4, 4, byrow =
TRUE))
plot.niche(z1,title="PCA - Anthidioides
niche",name.axis1="PC1",name.axis2="PC2")
plot.niche(z2,title="PCA - Quadrifasciata
niche",name.axis1="PC1",name.axis2="PC2")
plot.contrib(pca.cal$co,pca.cal$eig)
plot.new(); text(0.5,0.5,paste("niche
overlap:", "\n", "D=", round(as.numeric(niche.overlap(z1,z2,cor=T)[1]),3)
))
plot.overlap.test(a,"D", "Equivalency")
plot.overlap.test(b,"D", "Similarity 2->1")
plot.overlap.test(b2,"D", "Similarity 1->2")

#####End niche overlap

###Futuro

# Data preparation
#all data from predictor (x,y,Bio1....)

df_preds_future<-as.data.frame(predictors_futuro)
xy<-coordinates(predictors_futuro)
head(xy)
df_preds_future<-cbind(xy, df_preds_future)
str(df_preds_future)
head(df_preds_future)#OK, all cells
clim1.fut<-df_preds_future
clim2.fut<-df_preds_future
clim12.fut<-rbind(df_preds_future)
head(clim12.fut)

```

```

#occurrences
#Future
df_coord_quadri<-as.data.frame(df_coord_quadri)
data_quadri_future<-cbind(df_coord_quadri, env_futuro_quadri) #ok
df_coord_anthi<-as.data.frame(df_coord_anthi)
data_anthi_future<-cbind(df_coord_anthi, env_futuro_anthi) #ok

occ_anthi_fut<-data_anthi_future[,1:2]
occ_quadri_fut<-data_quadri_future[,1:2]

# create sp occurrence dataset by adding climate variables from the
global climate datasets
# resolution should be the resolution of the climate data grid

occ.anthi.fut<-
na.exclude(sample.sp.globvar(dfsp=occ_anthi_fut,colspxy=1:2,colspke
t=NULL,dfvar=clim1.fut,colvarxy=1:2,colvar="all",resolution=0.16666
67))
occ.quadri.fut<-
na.exclude(sample.sp.globvar(dfsp=occ_quadri_fut,colspxy=1:2,colspke
pt=NULL,dfvar=clim2.fut,colvarxy=1:2,colvar="all",resolution=0.1666
667))

# create presence/absence datasets (used in ENFA and SDMs)
row.pa1.fut<-
sample.sp.globvar(dfsp=clim1.fut,colspxy=1:2,colspkept=NULL,dfvar=
occ.anthi.fut,colvarxy=1:2,colvar=3,resolution=0)
#find rows of clim1 where the species is present
pa.fut<-data.frame(!is.na(row.pa1.fut))*1);names(pa.fut)<-"pa" #create
01 column
pa1.fut<-cbind(clim1.fut,pa.fut)

row.pa2.fut<-
sample.sp.globvar(dfsp=clim2.fut,colspxy=1:2,colspkept=NULL,dfvar=
occ.quadri.fut,colvarxy=1:2,colvar=3,resolution=0)
#find rows of clim1 where the species is present
pa.fut<-data.frame(!is.na(row.pa2.fut))*1);names(pa.fut)<-"pa" #create
01 column
pa2.fut<-cbind(clim2.fut,pa.fut)

```

```
#####
#####
##### ANALYSIS - selection of
parameters #####
#####
#####
```

```
# selection of the type of analysis.
# If PROJ =F, the models are calibrated on both ranges.
# If PROJ =T, the models are calibrated on species 1 range only and
projected to range 2.
# Analyses where both ranges are needed (ex: LDA) are not done
PROJ = F
```

```
# selection of variables to include in the analyses
names(clim12.fut)
Xvar.fut<-c(3:8)
nvar.fut<-length(Xvar.fut)
```

```
#number of iteration for the tests of equivalency and similarity
iterations<-100
```

```
#resolution of the gridding of the climate space
R=100
```

```
#####
#####
##### row weigthing and grouping factors for ade4
functions #####
#####
#####
```

```
# if PROJ = F
row.w.1.occ.fut<-1-
(nrow(occ.anthi.fut)/nrow(rbind(occ.anthi.fut,occ.quadri.fut))) #
prevalence of occ1
row.w.2.occ.fut<-1-
(nrow(occ.quadri.fut)/nrow(rbind(occ.anthi.fut,occ.quadri.fut))) #
prevalence of occ2
```

```
row.w.occ.fut<-c(rep(0, nrow(clim1.fut)),rep(0,
nrow(clim2.fut)),rep(row.w.1.occ.fut,
nrow(occ.anthi.fut)),rep(row.w.2.occ.fut, nrow(occ.quadri.fut)))
```

```
row.w.1.env.fut<-1-(nrow(clim1.fut)/nrow(clim12.fut)) # prevalence of
clim1
```

```
row.w.2.env.fut<-1-(nrow(clim2.fut)/nrow(clim12.fut)) # prevalence of
clim2
```

```
row.w.env.fut<-c(rep(row.w.1.env.fut,
nrow(clim1.fut)),rep(row.w.2.env.fut, nrow(clim2.fut)),rep(0,
nrow(occ.anthi.fut)),rep(0, nrow(occ.quadri.fut)))
```

```
fac.fut<-as.factor(c(rep(1, nrow(clim1.fut)),rep(2,
nrow(clim2.fut)),rep(1, nrow(occ.anthi.fut)),rep(2,
nrow(occ.quadri.fut))))
```

```
# global dataset for the analysis and rows for each sub dataset
```

```
data.env.occ.fut<-
```

```
rbind(clim1.fut,clim2.fut,occ.anthi.fut,occ.quadri.fut)[Xvar.fut]
```

```
data.env.occ.fut[is.na(data.env.occ.fut)] <- 0
```

```
row.clim1.fut<-1:nrow(clim1.fut)
```

```
row.clim2.fut<-(nrow(clim1.fut)+1):(nrow(clim1.fut)+nrow(clim2.fut))
```

```
row.clim12.fut<-1:(nrow(clim1.fut)+nrow(clim2.fut))
```

```
row.sp1.fut<-
```

```
(nrow(clim1.fut)+nrow(clim2.fut)+1):(nrow(clim1.fut)+nrow(clim2.fut)
+nrow(occ.anthi.fut))
```

```
row.sp2.fut<-
```

```
(nrow(clim1.fut)+nrow(clim2.fut)+nrow(occ.anthi.fut)+1):(nrow(clim1.f
ut)+nrow(clim2.fut)+nrow(occ.anthi.fut)+nrow(occ.quadri.fut))
```

```
#####
```

```
#####
```

```
#####
```

```
PCA-occ
```

```
#####
```

```
#####
```

```
#####
```

```
# measures niche overlap along the two first axes of a PCA calibrated on
occurrence data
```



```

if(PROJ == F){ ..... #fit of the analyse using occurences from both ranges
  pca.cal.fut <-dudi.pca(data.env.occ.fut,row.w = row.w.occ.fut, center =
T, scale = T, scannf = F, nf = 2)
}
if(PROJ == T) { #fit of the analyse using occurences from range 1
  pca.cal.fut <-dudi.pca(data.env.occ.fut,row.w = row.w.occ.fut.PROJT,
center = T, scale = T, scannf = F, nf = 2)
}

# predict the scores on the axes
scores.clim2.fut<- pca.cal.fut$li[row.clim2.fut,]
scores.clim1.fut<- pca.cal.fut$li[row.clim1.fut,]
scores.clim2.fut<- pca.cal.fut$li[row.clim2.fut,]
scores.sp1.fut<- pca.cal.fut$li[row.sp1.fut,]
scores.sp2.fut<- pca.cal.fut$li[row.sp2.fut,]

# calculation of occurrence density and test of niche equivalency and
similarity
z1.fut<- grid.clim(scores.clim2.fut,scores.clim1.fut,scores.sp1.fut,R)
z2.fut<- grid.clim(scores.clim2.fut,scores.clim2.fut,scores.sp2.fut,R)
a.fut<-niche.equivalency.test(z1.fut,z2.fut,rep=1)# test of niche
equivalency and similarity according to Warren et al. 2008
b.fut<-niche.similarity.test(z1.fut,z2.fut,rep=100)
b2.fut<-niche.similarity.test(z2.fut,z1.fut,rep=100)

#plot .....
.....
.....
x11(); layout(matrix(c(1,1,2,2,1,1,2,2,3,3,4,5,3,3,6,7), 4, 4, byrow =
TRUE))
plot.niche(z1.fut,title="PCA - Anthidioides
niche",name.axis1="PC1",name.axis2="PC2")
plot.niche(z2.fut,title="PCA - Quadrifasciata
niche",name.axis1="PC1",name.axis2="PC2")
plot.contrib(pca.cal.fut$co,pca.cal.fut$eig)
plot.new(); text(0.5,0.5,paste("niche
overlap:", "\n", "D=",round(as.numeric(niche.overlap(z1.fut,z2.fut,cor=T)
[1]),3)))
plot.overlap.test(a.fut,"D","Equivalency")
plot.overlap.test(b.fut,"D","Similarity 2->1")
plot.overlap.test(b2.fut,"D","Similarity 1->2")

```

```
#####End niche overlap
```

```
#####threshold#####
```

```
###anthidioides atual###
```

```
anthi_consensus<-raster("anthi_atual.asc") # Imagem consenso
plot(anthi_consensus)
str(anthi_consensus)
```

```
df_anthi<-read.table("df_back_anthi.csv", header =T, sep=",") #para
funcionar tem que ser uma planilha com background
head(df_anthi)
str(df_anthi)
class(df_anthi)
points(df_anthi[,2:3])
```

```
df_anthi_extract<-SpatialPoints(df_anthi[,2:3])##### convertendo
aqui para spatialpoints#####
str(df_anthi_extract)
predicted_anthi<- extract(anthi_consensus,df_anthi_extract)
str(predicted_anthi)
```

```
df_eval<-data.frame(plotID=1:nrow(df_anthi),
                    observed=df_anthi$occurrence,
                    predicted=predicted_anthi)
head(df_eval)
```

```
cmx(df_eval,0.5) #matriz de confusão com o threshold de 0.5
auc(df_eval, st.dev=F)
```

```
se <- sensitivity(cmx(df_eval,0.5),st.dev = F)
spe <- specificity(cmx(df_eval,0.5),st.dev = F)
se+spe-1 # TSS - True Skill Sensivity
```

```
##O objetivo é achar o threshold que maximise o TSS (i.e.
Max(sensitivity+specificity))##
```

```
tss <- c()
```

```

for (i in seq(0,1,0.01)) {
  se <- sensitivity(cmx(df_eval,i),st.dev = F)
  spe <- specificity(cmx(df_eval,i),st.dev = F)
  tss <- c(tss,se+spe-1)

}

tss # tss values at all thresholds

w <- which.max(tss)

seq(0,1,0.01)[w] # the optimum threshold - exemplo somente vou usar
0.5

# take the optimal threshold in PresenceAbsence package:
optimal.thresholds(df_eval)
#0.85
x11()
auc.roc.plot(df_eval)
presence.absence.accuracy(df_eval)
presence.absence.summary(df_eval)

#Agora classifica a imagem

anthi_consensus_thresholded<-reclassify(anthi_consensus, c(0.5,1,1, -
Inf, 0.5, 0 ))
plot(anthi_consensus_thresholded,main="Anthi atual")
writeRaster(anthi_consensus_thresholded,
"anthi_atual_thresholded.asc", overwrite=T)

###quadrifasciata atual###

quadri_consensus<-raster("quadri_atual.asc") # Imagem consenso
plot(quadri_consensus)
str(quadri_consensus)

df_quadri<-read.table("df_back_quadri.csv", header =T, sep=",") #para
funcionar tem que ser uma planilha com background
head(df_quadri)
str(df_quadri)
class(df_quadri)

```

```

points(df_quadri[,2:3])

df_quadri_extract<-SpatialPoints(df_quadri[,2:3])#####
convertendo aqui para spatialpoints#####
str(df_quadri_extract)
predicted_quadri<- extract(quadri_consensus,df_quadri_extract)
str(predicted_quadri)

df_eval2<-data.frame(plotID=1:nrow(df_quadri),
                     observed=df_quadri$occurrence,
                     predicted=predicted_quadri)
head(df_eval2)

cmx(df_eval2,0.5) #matriz de confusão com o threshold de 0.5
auc(df_eval2, st.dev=F)

se2 <- sensitivity(cmx(df_eval2,0.5),st.dev = F)
spe2 <- specificity(cmx(df_eval2,0.5),st.dev = F)
se2+spe2-1 # TSS - True Skill Sensivity

##O objetivo é achar o threshold que maximise o TSS (i.e.
Max(sensitivity+specificity))##

tss2 <- c()

for (i in seq(0,1,0.01)) {
  se2 <- sensitivity(cmx(df_eval2,i),st.dev = F)
  spe2 <- specificity(cmx(df_eval2,i),st.dev = F)
  tss2 <- c(tss2,se2+spe2-1)
}

tss2 # tss values at all thresholds

w2 <- which.max(tss2)

seq(0,1,0.01)[w2] # the optimum threshold - exemplo somente vou usar
0.5

# take the optimal threshold in PresenceAbsence package:
optimal.thresholds(df_eval2)

```

```
#0.85
```

```
auc.roc.plot(df_eval2)
presence.absence.accuracy(df_eval2)
presence.absence.summary(df_eval2)
```

```
quadri_consensus_thresholded<-reclassify(quadri_consensus, c(0.5,1,1,
-Inf, 0.5, 0 ))
plot(quadri_consensus_thresholded,main="Quadri atual")
writeRaster(quadri_consensus_thresholded,
"quadri_atual_thresholded.asc", overwrite=T)
```

```
##Anthidioides futuro#####
```

```
anthi_consensus_futuro<-raster("anthi_futuro.asc") # Imagem consenso
plot(anthi_consensus_futuro)
str(anthi_consensus_futuro)
```

```
df_anthi_futuro<-read.table("df_back_anthi.csv", header =T, sep=",")
#para funcionar tem que ser uma planilha com background
head(df_anthi_futuro)
str(df_anthi_futuro)
class(df_anthi_futuro)
points(df_anthi_futuro[,2:3])
```

```
df_anthifut_extract<-SpatialPoints(df_anthi_futuro[,2:3])#####
convertendo aqui para spatialpoints#####
str(df_anthifut_extract)
predicted_anthi_futuro<-
extract(anthi_consensus_futuro,df_anthifut_extract)
str(predicted_anthi_futuro)
```

```
df_eval3<-data.frame(plotID=1:nrow(df_anthi_futuro),
observed=df_anthi_futuro$occurrence,
predicted=predicted_anthi_futuro)
head(df_eval3)
```

```
cmx(df_eval3,0.5) #matriz de confusão com o threshold de 0.5
auc(df_eval3, st.dev=F)
```

```
se3 <- sensitivity(cmx(df_eval3,0.5),st.dev = F)
```

```

spe3 <- specificity(cmx(df_eval3,0.5),st.dev = F)
se3+spe3-1 # TSS - True Skill Sensivity

##O objetivo é achar o threashould que maximise o TSS (i.e.
Max(sensitivity+specificity))##

tss3 <- c()

for (i in seq(0,1,0.01)) {
  se3 <- sensitivity(cmx(df_eval3,i),st.dev = F)
  spe3 <- specificity(cmx(df_eval3,i),st.dev = F)
  tss3 <- c(tss3,se3+spe3-1)

}

tss3 # tss values at all thresholds

w3 <- which.max(tss3)

seq(0,1,0.01)[w3] # the optimum threshold - exemplo somente vou usar
0.5

# take the optimal threshold in PresenceAbsence package:
optimal.thresholds(df_eval3)
#0.85

auc.roc.plot(df_eval3)
presence.absence.accuracy(df_eval3)
presence.absence.summary(df_eval3)

#Agora classifica a imagem

anthi_consensus_futuro_thresholded<-
reclassify(anthi_consensus_futuro, c(0.5,1,1, -Inf, 0.5, 0 ))
plot(anthi_consensus_futuro_thresholded,main="Anthi futuro")
writeRaster(anthi_consensus_futuro_thresholded,
"anthi_futuro_thresholded.asc", overwrite=T)

##quadrifasciata futuro##

```

```

quadri_consensus_futuro<-raster("quadri_futuro.asc") # Imagem
consenso
plot(quadri_consensus_futuro)
str(quadri_consensus_futuro)

df_quadri_futuro<-read.table("df_back_quadri.csv", header =T, sep=",")
#para funcionar tem que ser uma planilha com background
head(df_quadri_futuro)
str(df_quadri_futuro)
class(df_quadri_futuro)
points(df_quadri_futuro[,2:3])

df_quadrifut_extract<-SpatialPoints(df_quadri_futuro[,2:3])#####
convertendo aqui para spatialpoints#####
str(df_quadrifut_extract)
predicted_quadri_futuro<-
extract(quadri_consensus_futuro,df_quadrifut_extract)
str(predicted_quadri_futuro)

df_eval4<-data.frame(plotID=1:nrow(df_quadri_futuro),
                     observed=df_quadri_futuro$occurrence,
                     predicted=predicted_quadri_futuro)
head(df_eval4)

cmx(df_eval4,0.5) #matriz de confusão com o threshold de 0.5
auc(df_eval4, st.dev=F)

se4 <- sensitivity(cmx(df_eval4,0.5),st.dev = F)
spe4 <- specificity(cmx(df_eval4,0.5),st.dev = F)
se4+spe4-1 # TSS - True Skill Sensivity

##O objetivo é achar o threshold que maximise o TSS (i.e.
Max(sensitivity+specificity))##

tss4 <- c()

for (i in seq(0,1,0.01)) {
  se4 <- sensitivity(cmx(df_eval4,i),st.dev = F)
  spe4 <- specificity(cmx(df_eval4,i),st.dev = F)
  tss4 <- c(tss4,se4+spe4-1)
}

```

```
}
```

```
tss3 # tss values at all thresholds
```

```
w4 <- which.max(tss4)
```

```
seq(0,1,0.01)[w4] # the optimum threshold - exemplo somente vou usar 0.5
```

```
# take the optimal threshold in PresenceAbsence package:
optimal.thresholds(df_eval4)
#0.85
```

```
auc.roc.plot(df_eval4)
presence.absence.accuracy(df_eval4)
presence.absence.summary(df_eval4)
```

```
#Agora classifica a imagem
```

```
quadri_consensus_futuro_thresholded<-
reclassify(quadri_consensus_futuro, c(0.5,1,1, -Inf, 0.5, 0 ))
plot(quadri_consensus_futuro_thresholded,main="Quadri futuro")
writeRaster(quadri_consensus_futuro_thresholded,
"quadri_futuro_thresholded.asc", overwrite=T)
```

```
####Tamanho dos nichos atual e futuro####
```

```
####Fazer o recorte de 100 km para a imagem
```

```
####Recorte das imagens com Buffer de circular de 100 km
# a partir dos pontos de ocorrência
```

```
par(mfrow=c(1,2))
plot(anthi_consensus)
points(df_anthi$x,df_anthi$y)
plot(quadri_consensus)
points(df_quadri$x, df_quadri$y)
```

```
area_preds<-readOGR("pampa_cerra_ma.shp")
bra<-readOGR("BRA_adm0.shp") #contorno brasil
area_extent<-area_preds[2] #cortador do mapa baseado na Area
```



```

quadri_consensus_thresholded_mask<-
mask(quadri_consensus_thresholded, area_extent)
plot(quadri_consensus_thresholded_mask, ext= c( -75, -30, -35,
10),main="A")
plot(bra,border = "grey", lwd= 1, add=T)
quadri_consensus_futuro_thresholded_mask<-
mask(quadri_consensus_futuro_thresholded, area_extent)
plot(quadri_consensus_futuro_thresholded_mask,ext= c( -75, -30, -35,
10))
plot(bra,border = "grey", lwd= 1, add=T)

#Quadri
points_quadri <- subset(df_quadri, occurrence == 1, select= c(x,y))
sp_quadri <- SpatialPoints(points_quadri)
buf_quadri <- gBuffer(sp_quadri,width=3,quadsegs=50) # 4 decimal
degrees de diametro
quadri_consensus_thresholded_r2 <-
crop(quadri_consensus_thresholded_mask, buf_quadri, snap="out")
quadri_consensus_thresholded_crop<-
setValues(quadri_consensus_thresholded_r2 , NA)
quadri_consensus_thresholded_bufr <- rasterize(buf_quadri,
quadri_consensus_thresholded_crop)
out_quadri <- mask(x=quadri_consensus_thresholded_r2,
mask=quadri_consensus_thresholded_bufr)
plot(out_quadri)

quadri_consensus_futuro_thresholded_r2 <-
crop(quadri_consensus_futuro_thresholded_mask, buf_quadri,
snap="out")
quadri_consensus_futuro_thresholded_crop<-
setValues(quadri_consensus_futuro_thresholded_r2 , NA)
quadri_consensus_futuro_thresholded_bufr<- rasterize(buf_quadri,
quadri_consensus_futuro_thresholded_crop)
out_quadri_fut <- mask(x=quadri_consensus_futuro_thresholded_r2,
mask=quadri_consensus_futuro_thresholded_bufr)
plot(out_quadri_fut)

#Difereça de nicho presente e futuro
cellStats(out_quadri == 1, sum)
cellStats(out_quadri == 0, sum)
#1480 presente

```

```

#7568 ausente
1480 + 7568
9048 #total
(1480*100)/9048 # % de area adequada
16.36 #ocupadas##

cellStats(out_quadri_fut == 1, sum)
cellStats(out_quadri_fut == 0, sum)
#1244 presente
#7804 ausente

1244+7804
(1244*100)/9048
13.74 #ocupadas

perc<-c(16.36, 13.74)

names(perc)<-c("Presente", "CMIP5")

barplot(perc, ylim= c(0, 50), ylab="Total de áreas adequadas (%)",
        col= c('white', 'black'))

abline(h=16.36, lty=2 )

#anthi
anthi_consensus_thresholded_mask<-
mask(anthi_consensus_thresholded, area_extent)
plot(anthi_consensus_thresholded_mask, ext= c( -75, -30, -35,
10),main="A")
plot(bra,border = "grey",lwd= 1, add=T)
anthi_consensus_futuro_thresholded_mask<-
mask(anthi_consensus_futuro_thresholded, area_extent)
plot(anthi_consensus_futuro_thresholded_mask,ext= c( -75, -30, -35,
10))
plot(bra,border = "grey", lwd= 1, add=T)

points_anthi <- subset(df_anthi, occurrence == 1, select= c(x,y))
sp_anthi <- SpatialPoints(points_anthi)
buf_anthi <- gBuffer(sp_anthi,width=3,quadsegs=50) # 4 decimal
degrees de diametro

```

```

anthi_consensus_thresholded_r2 <-
crop(anthi_consensus_thresholded_mask, buf_anthi, snap="out")
anthi_consensus_thresholded_crop<-
setValues(anthi_consensus_thresholded_r2 , NA)
anthi_consensus_thresholded_bufr <- rasterize(buf_anthi,
anthi_consensus_thresholded_crop)
out_anthi <- mask(x=anthi_consensus_thresholded_r2,
mask=anthi_consensus_thresholded_bufr)
plot(out_anthi)

```

```

anthi_consensus_futuro_thresholded_r2 <-
crop(anthi_consensus_futuro_thresholded_mask, buf_anthi, snap="out")
anthi_consensus_futuro_thresholded_crop<-
setValues(anthi_consensus_futuro_thresholded_r2 , NA)
anthi_consensus_futuro_thresholded_bufr <- rasterize(buf_anthi,
anthi_consensus_futuro_thresholded_crop)
out_anthi_fut <- mask(x=anthi_consensus_futuro_thresholded_r2,
mask=anthi_consensus_futuro_thresholded_bufr)
plot(out_anthi_fut)

```

#Difereça de nicho presente e futuro

```
cellStats(out_anthi == 1, sum)
```

```
cellStats(out_anthi == 0, sum)
```

```
#2469 presente
```

```
#5665 ausente
```

```
2469 + 5665
```

```
8134 #Total OK
```

```
(2469*100)/8134 # % de area adequada
```

```
30.35 #% ocupadas
```

```
cellStats(out_anthi_fut == 1, sum)
```

```
cellStats(out_anthi_fut == 0, sum)
```

```
#2583 presente
```

```
#5551 ausente
```

```
2583+5551
```

```
8134
```

```
(2583*100)/8134
```

```
31.75 #% ocupadas
```

```
perc<-c(30.35, 31.75)
```

```
names(perc)<-c("Presente", "CMIP5")
```

```
barplot(perc, ylim= c(0, 50), ylab="Total de áreas adequadas (%)",
        col= c('white', 'black'))
```

```
abline(h=31.75, lty=2 )
```

APÊNDICE B – Importância dos componentes principais (PCA)

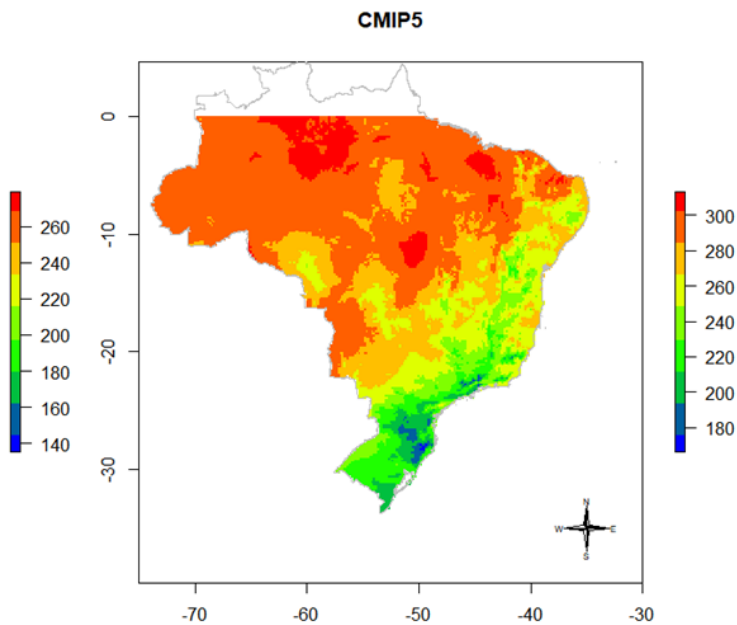
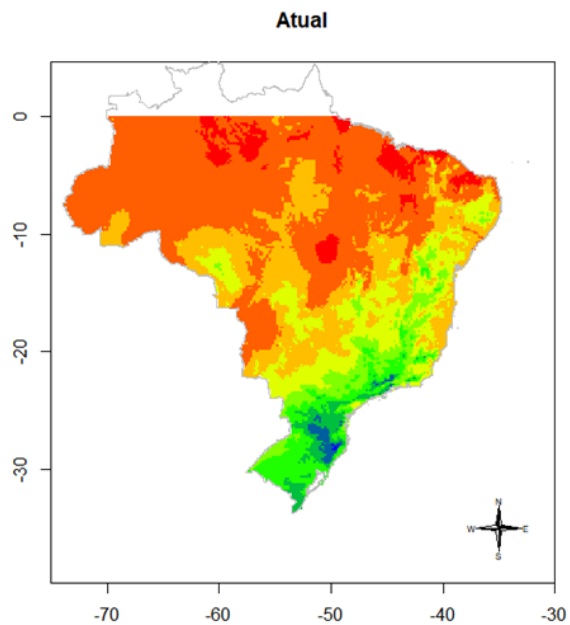
	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6
Autovalor	2,8402	1,5645	0,6551	0,6269	0,2050	0,10752
Proporção de explicação	0,4734	0,2607	0,1092	0,1045	0,1045	0,1045
Proporção cumulativa	0,4734	0,7341	0,8433	0,9478	0,9821	1,00000

APÊNDICE C – Pontuação das espécies

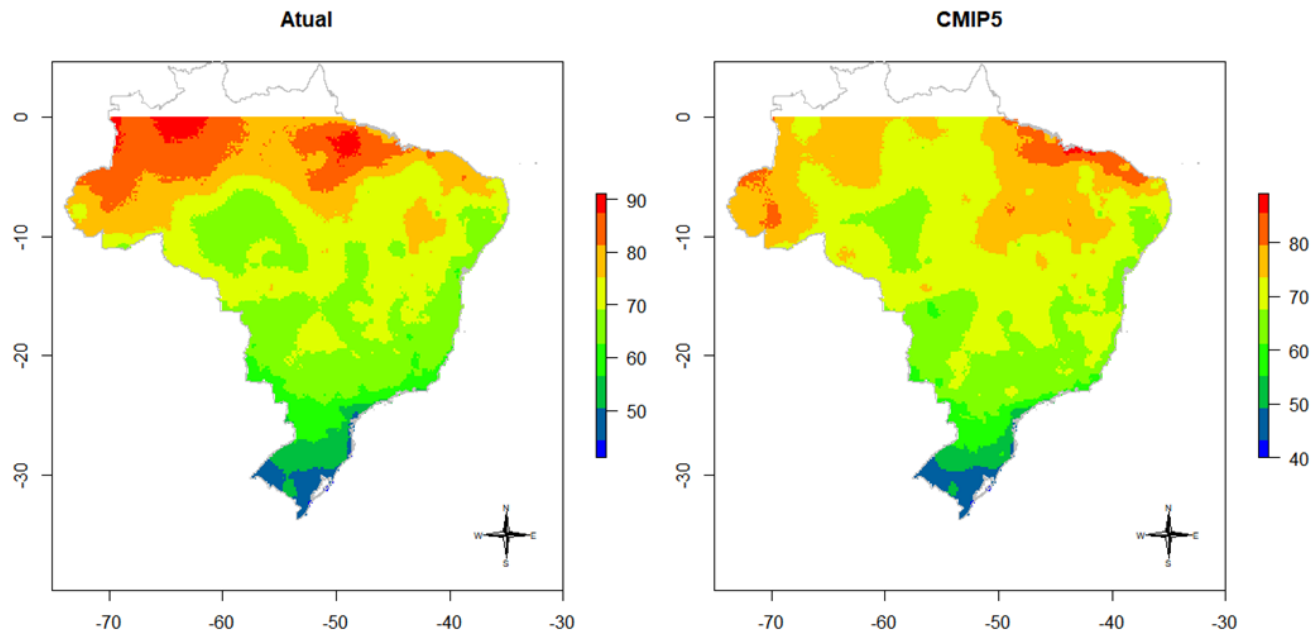
	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6
BIO1	-1,6769	1,1801	1,857305	-0,7137	-0,22708	-0,0264
BIO3	-2,5233	0,0776	-0,623967	0,7459	-0,93168	-0,1704
BIO7	0,3955	-2,2480	1,173002	1,2636	-0,07501	0,1659
BIO13	-0,3986	-2,4382	-0,094485	-1,3988	-0,17733	-0,3396
BIO14	2,6410	0,1351	-0,001415	-0,5796	-0,82659	0,4510
BIO15	-2,6202	-0,6622	-0,397727	-0,4422	0,22506	0,7123

ANEXOS

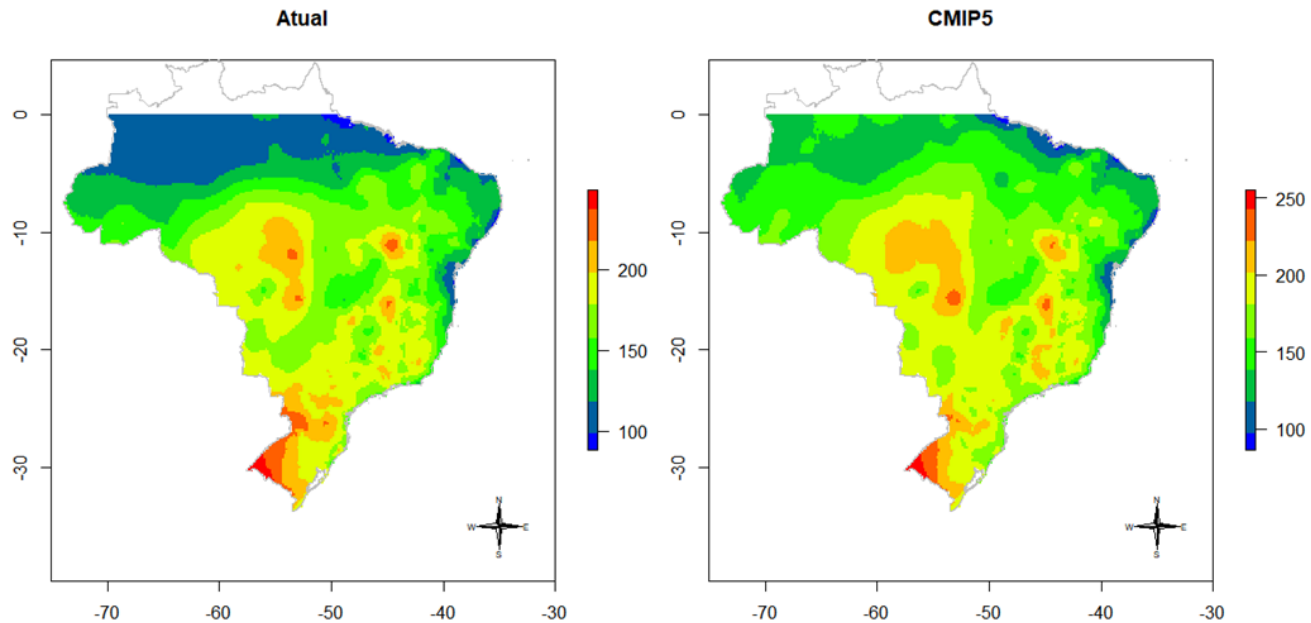
ANEXO A – Variável climática Bio1 (Temperatura média anual)



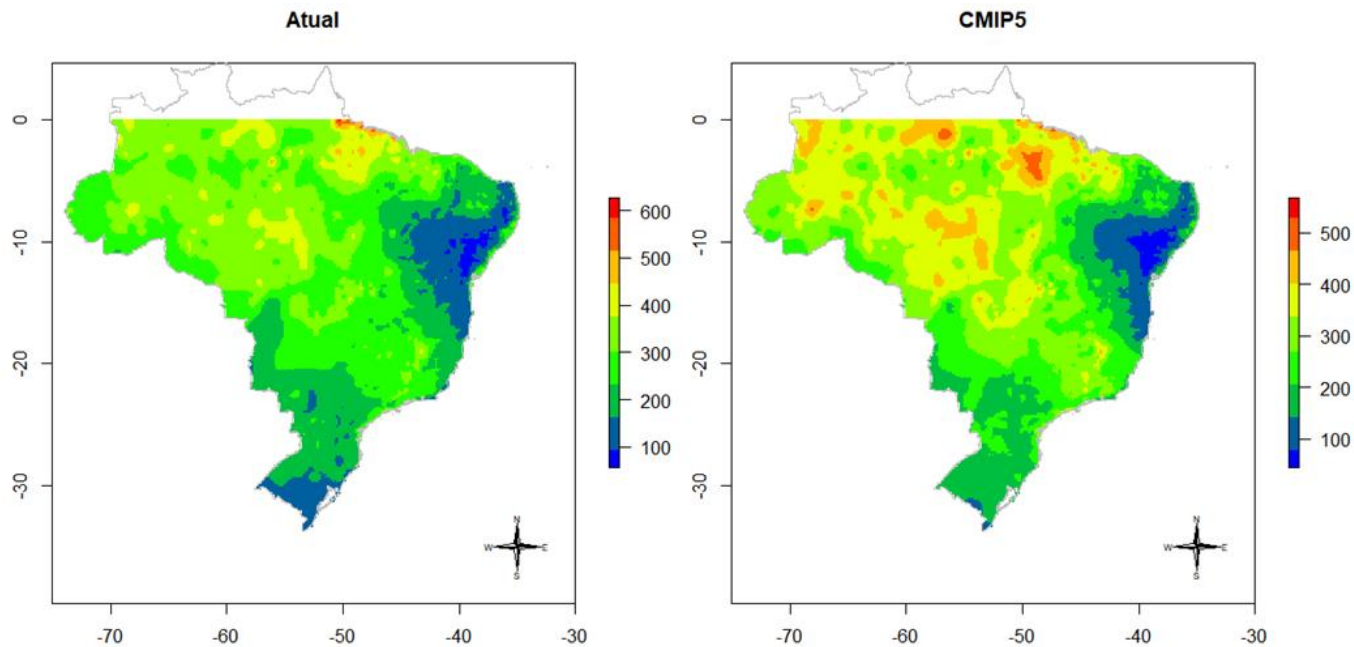
ANEXO B - Variável climática Bio3 (Isotermalidade)



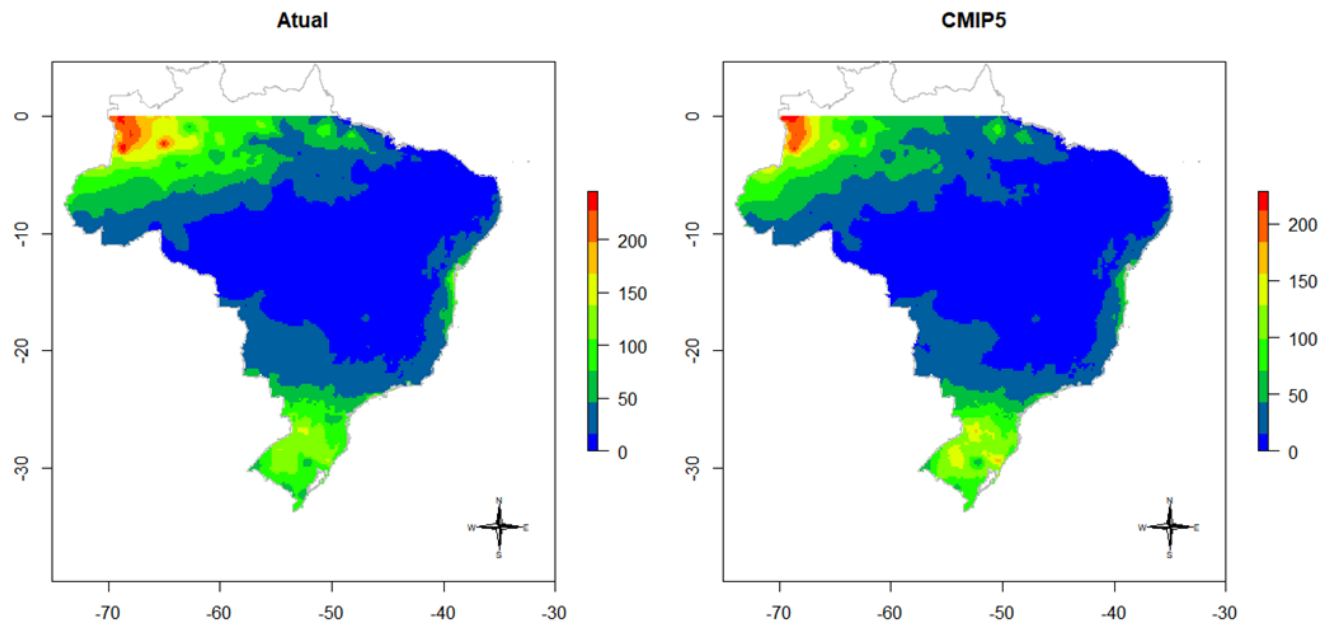
ANEXO C - Variável climática Bio7 (Taxa de temperatura anual)



ANEXO D - Variável climática Bio13 (Precipitação do mês mais úmido)



ANEXO E - Variável climática Bio14 (Precipitação do mês mais seco)



ANEXO F - Variável climática Bio15 (Sazonalidade da precipitação)

