Lucas da Mata Guimarães

Comparação e avaliação das implementação em R dos algoritmos GAM, GLM e MARS

São Paulo - Brasil

2025

Lucas da Mata Guimarães

Comparação e avaliação das implementação em R dos algoritmos GAM, GLM e MARS

Monografia apresentada na disciplina Trabalho de Conclusão de Curso, como parte dos requisitos para obtenção do título de Bacharel em Ciência da Computação.

Centro Universitário Senac - Santo Amaro
Bacharelado em Ciência da Computação

Orientador: Mario Leandro Pires Toledo

São Paulo - Brasil
2025

Texto da dedicatória.

Agradecimentos

Texto de agradecimento.

Resumo

Texto do resumo

Palavras-chaves: palavra-chave 1, palavra-chave 2, palavra-chave 3.

Abstract

Abstract text in english

Key-words: keyword 1, keyword 2, keyword 3

Lista de ilustrações

Lista de tabelas

Lista de abreviaturas e siglas

GAM	Generalized Additive Models
GLM	Generalized Linear Model
MARS	Multivariate Adaptive Regression Spline
ML	Maximum likelihood
SDM	Modelo de Distribuição de espécie

Sumário

1 Introdução

1.1 Contexto

O uso de modelos computacionais, na Biologia, possibilita o avanço de diferentes estudos (COSME, 2025a). Uma destas aplicações são os modelos de distribuição de espécies, que são capazes de fornecer uma visualização da situação da fauna e flora de determinada região, podendo mostrar como estas estão se comportando no decorrer do tempo (ELITH; LEATHWICK, 2009).

Entre esses modelos, os mais utilizados são o Generalized Additive Models (GAM) (HASTIE; TIBSHIRANI, 1986) e o Generalized Linear Model (GLM) (PAUL; SAHA, 2007). Esses dois modelos usam uma função para estabelecer uma relação entre a média da variável de resposta e uma função 'suavizada' das variáveis explanatórias, sendo o GLM uma extenção de modelos lineares que não forçam o dado a escalas não naturais, e o GAM uma extenção semi-parametrizada do GLM, tendo a capacidade de atuar com relações não lineares e não monótonas (GUISAN; EDWARDS; HASTIE, 2002).

Já o Multivariate Adaptive Regression Spline (MARS) combina partição recursiva e ajustes por splines, de modo a manter seus aspectos positivos, enquanto sendo menos vulneravel a suas propriedades não favoraveis. Gerando um conjunto de regras para prever valores futuros apartir de uma análise regressiva. (FRIEDMAN, 1991)

Sendo as aplicações destes modelos encontradas códificadas na linguagem de programação R, que por sua vez é a linguagem de programação mais utilizada quando tratamos de ciência de dados, sendo conhecida como a lingaugem mais robusta para a área de dados, tendo sido pensada para o uso em cálculos e análises estatísticas (AWARI, 2022).

Porém, estes modelos podem requisitar uma alta demanda de processamento e memória do computador hospedeiro, como citado por (COSME, 2025a), ponto este, que não é repassado nos trabalhos referentes a análise ou uso dos modelos citados. Logo, mesmo com a facilidade de se adquirir um computador, tais modelos requerem computadores de alto desempenho para serem treinados, tornando esse processo lento ou criando a necessidade de se alugar maquinas virtuais para esta finalidade (RICHTER, 2025).

E quando se coloca a necessidade de se manter um controle das populações de espécies, dentro ou próximo a centros urbanos, a velocidade de preparo destes modelos se torna mais critica, já que é necessário ir desde a coleta dos dados, ao treino e validação do modelo, e análise dos resultados obtidos.

1.2 Justificativa

Identificar a distribuição de espécies em um dado ambiente, em um determinado intervalo de tempo, é importante para termos noção de como as espécies estão respondendo a mudanças no ambiente, no aumento ou diminuição de outra espécie.

Uma vez que essas mudanças podem ser geradas pela ação humana, na construção civil e de infraestrutura (AMETEPEY; ANSAH, 2014), conseguir estimar o impacto dessas

ações é vantajoso para a preservação de espécies.

Além disso, estas abordagens aumentam as possibilidades para integrar a infra-estrutura necessária, contribuindo para a sobrevivência de espécies que estão em níveis populacionais baixos.

Modelos estatísticos, que tem a capacidade de demonstrar estes eventos, aplicam de maneiras diferentes algumas linhas de abordagem. O Generalized Additive Models (GAM), Generalized Linear Model (GLM), e o Multivariate Adaptive Regression Spline (MARS), ambos com uma abordagem de Maximum likelihood (ML), variando em sua capacidade de atuar com um determinado tipo de dado e o custo levado para seu treinamento e utilização (NORBERG et al., 2019).

Modelos que são utilizados na modelagem de distribuição de espécies necessitam de uma quantidade elevada de dados (WISZ et al., 2008), de ocorrência e ausência, sendo os dados de ausência não necessários em todos os tipos de modelos.

Nem todas as espécies são facilmente modeláveis devido à dificuldade de coleta de dados, seja pela sua raridade ou habitat (STOCKMAN; BEAMER; BOND, 2006). A colaboração de cidadãos na coleta de dados pode auxiliar na identificação de áreas prioritárias para pesquisa. Portanto, a identificação de bons modelos que trabalham com esses dados é vantajosa.

Dentro destes modelos, além da quantidade e tipo de dados necessários, precisamos levar em consideração, o custo necessário de processamento e o espaço de memória utilizado pelo mesmo, para este fim utilizamos a análise de complexidade e espaço (CORMEN et al., 2009), já que um modelo mais barato nesse quesito pode ser criado em computadores mais acessíveis (SEDGEWICK; FLAJOLET, 2013), e ser possível a construção de mais de um modelo de modo simultâneo.

Os pontos levantados anteriormente podem afetar a acurácia de um modelo, mesmo atendendo os requisitos, de pouco adianta se o mesmo nos entrega respostas que induzem ao erro. Identificar um modelo que tenham uma boa acurácia, quando trabalham somente com dados de ocorrência, assim como uma melhor avaliação computacional, se vê vantajoso para situações em que queremos criar uma análise inicial de um determinado senário.

1.3 Objetivo

Este trabalho tem como objetivo avaliar e comparar a implementação encontrada nas bibliotecas mda e mgcv da linguagem R, dos modelos de distribuição de espécies, GAM, GML e MARS, levantando o custo computacional de cada um destes apartir de uma análise de complexidade e espaço. Encontrando um modelo que melhor aprensente um equilibrio entre a acurácia e o custo computacional.

1.3.1 Objetivos Específicos

1. Análise de complexidade e espaço dos modelos.
    - Generalized Additive Model;
    - Generalized Linear Model;
    - Multivariate Adaptive Regression Spline;

2. Avaliação da acurácia dos modelos com dados de ocorrência.
3. Comparação dos modelos.
4. Avaliação dos modelos com base na relação custo x acurácia.

2 Revisão Bibliográfica

2.1 Modelos Computacionais

Modelos computacionais são modelos que representam fenômenos de modo simplificado, gerando uma aproximação do evento real, tendo em vista a visualização ou o entendimento de determinado fenômeno, codificados em alguma linguagem computacional para ser executado em um computador. Estes modelos podem ser criados por especialistas utilizando equações matemáticas ou, automaticamente utilizando de técnicas de inteligência artificial. (AUGUSTO, 2025)

Ao processo de criação destes modelos, damos o nome de modelagem computacional, podendo ser aplicada em qualquer situação onde uma análise de um sistema complexo se vê necessária, sendo suas principais aplicações encontradas nas seguintes áreas, como apresentado por (COSME, 2025b):

1. **Ciência e Pesquisa**: Permite o teste de hipóteses de maneira mais rápida e eficiente.
2. **Engenharia**: Essencial para projetos de larga escala, utilizada para testar estruturas antes de começar sua construção.
3. **Medicina**: Permite a modelagem de epidemias, assim prevendo como doenças podem se espalhar em dada população, ajudando a planejar métodos de controle.

O tipo da modelagem depende do tipo de fenômeno ou problema que queremos tratar, onde os tipos principais, segundo (COSME, 2025b) são:

1. **Modelagem determinística**: O comportamento do sistema é previsível, onde os mesmos parâmetros de entrada sempre produzem os mesmos resultados. Mais visto no campo da Física e Engenharia, onde os fenômenos naturais seguem um conjunto de regras bem definido.
2. **Modelagem estocástica**: Inclui elementos de incerteza e aleatoriedade, o sistema pode apresentar resultados diferentes para o mesmo conjunto de parâmetros de entrada. Comumente usada onde o acaso desempenha um papel importante, como na Biologia e Economia.
3. **Modelagem dinâmica**: Focada em sistemas que mudam ao longo do tempo, essencial em áreas como a Ecologia e Epidemiologia, onde é preciso prever a evolução de sistemas biológicos ou a propagação de doenças.

2.1.1 Modelos Lineares

Modelos lineares são modelos que preveem uma respota linear utilizando como base a relação entre o resultado e as propriedades dadas como parâmetros. Sendo uma opção mais simples, possuem propriedades mais fáceis de serem entendidas e um tempo de

desenvolvimento mais curto quando comparados a outros tipos de modelos, como redes neurais, ou árvores de decisão, empregadas no mesmo problema. (IBM, 2025)

A linearidade destes modelos, implica que matematicamente a variação dos parâmetros independentes não possui relações entre si, e podem ser separados em dois grupos clássicos (ADALARDO, 2020).

- **Modelos de Regressão**: Este grupo é utilizado para modelar relações entre variáveis quantitativas, que são um conjunto de valores de possível representação numérica, indicando quantidade ou magnitude. Com o intuito de estimar parâmetros, explicando relações ou para fazer predições.
- **Modelos de Análise de Variância**: Estes modelos têm como questão principal comparar a importância de fatores sobre o comportamento da variável de resposta. Para encontrar a relação entre grupos de análise, de modo a indentificar o que gera a diferença entre os grupos estudados.

Ambas as abordagens ao modelo linear gerarão uma regressão linear, que é um modelo matemático que descreve a relação entre as variáveis dependentes e independentes usadas, tendo a possibilidade de ser representado graficamente. Podendo ser de dois tipos: simples ou múltipla.

Na regressõa linear simples, queremos estimar os valor de a e b da equação da reta, $y = a + bx$, apartir de um conjunto de dados x e y, onde y representa a variável dependete e x á variável independente, que melhor represente a relação entre x e y. Em outras palavras, queremos estimar a inclinação da reta, esta que nos indica o efeito em y das mudanças ocorridas em x (CHEIN, 2019).

A essa reta, é dado o nome de reta de regressão linear, esta que depende de cinco estatisticas básicas (CHEIN, 2019):

1. Média de X: $\overline{X} = \frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N} X_i$;
2. Desvio padrão de X: $S_x = \sqrt{\frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N}(X_i - \overline{X})^2}$;
3. Média de Y: $\overline{Y} = \frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N} Y_i$;
4. Desvio padrão de Y: $S_y = \sqrt{\frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N}(Y_i - \overline{Y})^2}$;
5. Correlação de X e Y: $r = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{N} \frac{X_i - \overline{X}}{S_X} . \frac{Y_i - \overline{Y}}{S_Y}$

Com estas estatisticas podemos traçar a reta de regressão, sabendo que esta passa pelo ponto médio $(\overline{X}, \overline{Y})$. A inclinação da reta será dada por:

$$\beta_1 = \frac{r.S_y}{S_x} \tag{2.1}$$

E o intercepto da reta de regressão, onde a reta corta um dos eixos do plano cartesiano, será dado por:

$$\beta_0 = \overline{Y} - \beta_1 \overline{X} \tag{2.2}$$

Assim resultamos na seguinte equação:

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X \tag{2.3}$$

Onde:

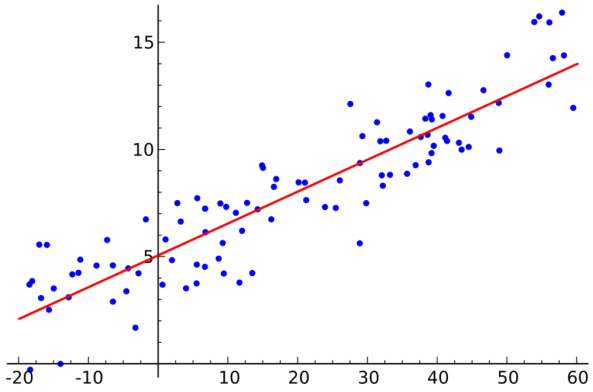
- (X) é a variável independente;
- (Y) é a variável dependente;
- (β_0) é o intercepto da reta;
- (β_1) é a inclinação da reta.

Porém, a equação 2.3 ainda não proporciona os valores de Y, mesmo possuindo os valores para β_0 e β_1, visto que não é apenas a variável X que afeta os valores de Y quando tratamos de ocorrência no mundo real, assim incluimos um termo de erro ϵ, que é o erro que se comete ao estimar os valores de Y por meio da variável X (CHEIN, 2019).

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X + \epsilon \tag{2.4}$$

Agora com a equação 2.4, podemos criar a reta de regressão, que pode ser representada graficamente, possuindo uma estrutura semelhante ao gráfico a seguir:

Figura 1 – Regressão Linear Simples



Fonte: EBAC (2023)

A equação 2.4, pode ser escrita de forma mais geral. Visto que em nosso dados podemos trabalhar com conjuntos de valores, agrupando valores de Y distintos, para cada valor de X. Por exemplo, dados que representam a qualidade de vida nos estados brasileiro com o número de postos de saúde. Assim a equação 2.4 ficaria (CHEIN, 2019):

$$Y_i = \beta_0 +_b eta_i X_i + \epsilon_i \tag{2.5}$$

Onde:

- (i) representa um agrupamento de dados, um estado brasileiro seguindo o exemplo dado acima;
- (Y_i) é a variável dependente;
- (X_i) é a variável independente, representaria o número de postos de saúde em dado estado.
- (β_0) é o intercepto;
- (β_1) é a inclinação, e o efeito médio de X_i sobre Y_i;
- (ϵ) é o erro médio ao se estimar Y_i por meio de X_i;

Já quando tratamos da regressão linear múltipla, é levado em conta que outros fatores podem afetar a variável de resposta, estes que também podem ser correlacionados com a variável independente. A fórmula para este modelo de regressão pode ser representada da seguinte forma, onde temos k variáveis explicativas (CHEIN, 2019):

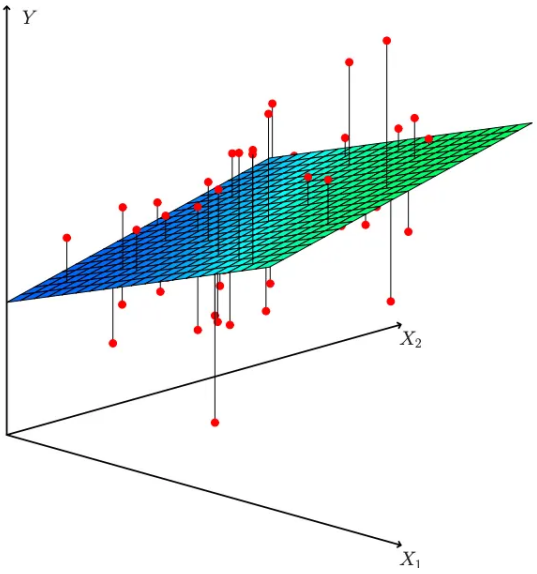
$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + ... + \beta_k X_k + \epsilon \tag{2.6}$$

Onde:

- (β_0) é o intercepto;
- $(\beta_1, ..., \beta_k)$ são "inclinações", mesmo que na prática não sejam inclinações da função
- (ϵ) é o termo de erro.

Aqui temos β_1 até β_k como coeficientes parcias da regressão (CHEIN, 2019). Neste caso, a visualização por meio de um gráfico, fica comprometida, visto que temos um número k de X, para ilustrar, usemos uma situação onde temos dois X, aqui podemos representar os valores por um gráfico de três dimensões.

Figura 2 – Regressão Linear Multipla



Fonte: Novak (2022)

Quando temos mais de dois valores de X a representação gráfica fica confusa para o entendimento humano, mas ainda podemos tratar o problema como uma reta.

2.1.2 Metodos de avaliação de Modelos Computacionais

Antes de apontarmos as metricas, precisamos explicar os tipos de classificação que um modelo pode chegar, categorizando a sua previsão como correta ou não, estes tipos são representados pela matriz de confusão (DEVELOPERS, 2024):

Tabela 1 – Matriz de Confusão

	Verdadeiro Positivo	Verdadeiro Negativo
Positivo Previsto	Positivo Verdadeiro	Falsos Positivos
Negativo Previsto	Falsos Negativos	Negativos Verdadeiros

Fonte: (FILHO, 2023)

Onde:

- **Positivos Verdadeiros**: São as classificações positivas corretas;
- **Falsos Positivos**: São positivos que foram erroneamente classificados como negativos;
- **Falsos Negativos**: São negativos que foram erroneamente classificados como positivos;
- **Negativos Verdadeiros**: São as classificações negativas corretas;

Existem várias metricas para se avaliar a qualidade de um modelo computacional, sendo os metodos mais comuns a acurácia, precisão, recall, F1-Score e área da curva ROC (AUC-ROC) (DUARTE, 2024) onde:

- Acurácia: Uma métrica simples e amplamente utilizada que mede a proporção de precisões corretas feitas pelo modelo;
- Precisão: Uma métrica que mede a proporção de previsões positivas corretas feitas pelo modelos, muito utilizada quando um falso positivo agrega um custo muito alto;
- Recall: Uma métrica que mede a proporção de exemplos positivos que foram corretamente identificados pelo modelo;
- F1-Score: É uma média harmônica entre a Precisão e Recall, fornece um equilibrio entre essas duas métricas, utilizado quando se quer levar em consideração tanto os falsos positivos quantos os falsos negativos;
- AUC-ROC: Avalia o desempenho de modelos de classificação binária em diferentes limities de decisão, onde quanto maior o valor melhor o modelo separa essas classes.

Como cada métrica possue um campo de atuação, para o problema abordado neste trabalho, as relevantes são a acurácia e precisão, onde a precisão apresenta uma métrica de avaliação onde se aceita o erro de um falso negativo, pos o erro de um falso positivo é algo prejudicial a previsão, isso fazendo um local sem ocorrencia da éspecia analisada pelo modelo poderia ser indicado como um lugar de ocorrencia, torna assim a métrica por acurácia mais confiavel neste caso.

2.1.3 Acurácia

A acurácia é um modo de avaliar a performance de um modelo, assim identificando se seus resultados podem ser considerados válidos ou não. Para chegarmos na acurácia utilizamos a seguinte fórmula:

$$A = \frac{PC}{TP} \tag{2.7}$$

Onde:

- (A) é a Acurácia
- (PC) é o total de Previsões Corretas, encontrada pela soma de $PositivosVerdadeiros + NegativosVerdadeiros$;
- (TP) é o Total de Previsões, encontrada pela soma de $PC + FalsosVerdadeiros + FalsosNegativos$.

Como a acurácia incorpora por completo a matriz de confusão 1, em um conjunto de dados equilibrado, com uma quantidade de exempols semelhante para as duas classes, ela pode ser usada como uma medida grosseira da qualidade de um modelo (DEVELOPERS, 2024).

Onde temos mais exemplos de uma classe do que de outras, é importante considerar outras métricas de avaliação, já que esses modelos são considerados desbalanceados (FILHO, 2023).

2.1.4 Modelos de Distribuição de espécies

Definimos um Modelo de Distribuição de Espécies, SDM (Species Distribution Model), como um modelo que relaciona dados de distribuição de espécies, com informações sobre as características ambientais e/ou espaciais de certas localidades, podendo ser usados para entender e/ou prever a distribuição de uma espécie em uma dada localidade (ELITH; LEATHWICK, 2009).

SDMs contemporâneos combinam conceitos de ecologia e história natural com os avanços mais recentes em estatísticas e tecnologia da informação, as raízes destes modelos são encontradas nos estudos mais antigos que descrevem padrões biológicos em termos de relações com geografia e/ou gradientes ambientais, e estudos que indicam a resposta individual de espécies para seus ambientes, provêndo um forte argumento conceitual para se modelar espécies de modo individual (ELITH; LEATHWICK, 2009).

Segundo (OLIVER, 2024) as principais fontes de informações para a criação destes modelos são:

- Dado de ocorrência: Geralmente coordenadas de latitude e longitude onde a espéciefoi observada, conhecida como dado de ocorrência, alguns modelos fazem uso de dados de ausência, que são coordenadas geograficas onde se sabe que a espécie não ocorre;
- Dado ambiental: São a descrição do ambiente, podendo conter medições de temperatura e precipitação, como também, a ocorrência e ausência de outras espécies, como predadores, competidores ou fontes de alimento.

Dentro dos SDMs, temos vários frameworks de modelagem, sendo os mais utilizados o Generalized Linear Model (GLM), Generalized Additive Model (GAM) e Multivariate Adaptive Regression Spline (MARS), que são encontradas nos softwares mais amigáveis ao usuário e bem documentados (NORBERG et al., 2019), assim como podem ser encontrados em bibliotecas de linguagens de programação, como R nas bibliotecas mda, onde encontramos o GLM e GAM (HASTIE et al., 2024), e mgcv onde encontramos o MARS(WOOD, 2025).

2.1.4.1 GLM - Generalized Linear Model

Generalized Linear Models (GLMs) agrupam uma grande quantidade de modelos discretos e contínuos, sendo particularmente úteis para se trabalhar com dados discretos, sendo uma extensão de General Linear Models, apresentada por Nelder e Wedderburn (1972), que consiste na inserção da família exponencial de distribuições de erro junto com a distribuição normal (PAUL; SAHA, 2007).

Ao contrário dos modelos lineares clássicos, assim como o General Linear Model, que propõem uma distribuição Gaussiana (normal) e uma função de ligação dos valores de X e Y, os GLMs permitem que a função de distribuição seja alguma da família de distribuições exponenciais (Gaussiana, Poisson ou Binomial), e a função de ligação pode

ser qualquer função monotônica diferenciável, como a logarítmica (GUISAN; EDWARDS; HASTIE, 2002).

No GLM as variáveis de predição X_j, onde $j = 1, ..., p$ com p sendo a quantidade de Xs, são combinadas para se formar um preditor linear (LP), que é relacionado ao valor esperado $\mu = E(Y)$ da variável de reposta Y atráves de uma função de ligação $g()$ (GUISAN; EDWARDS; HASTIE, 2002), assim podemos chegar a seguinte fórmula:

$$g(E(Y)) = LP = \alpha + X^T\beta \tag{2.8}$$

Onde:

- α: é uma constante, chamada de intercepto;
- X: é um vetor de p preditores, $(X_1, ..., X_p)$;
- β: é um vetor de p coeficientes de regressão, uma para cada preditor, $(\beta_1, ..., \beta_p)$.

Assim escrevemos o modelo para variáveis X e Y genéricas. Os termos correspondes para uma dada observação i da amostra são (GUISAN; EDWARDS; HASTIE, 2002):

$$g(\mu_i) = \alpha + \beta_1 X_{i1} + \beta_2 X_{i2} + ... + \beta_p X_{ip} \tag{2.9}$$

Aqui a variânciade Y depende de $\mu = E(Y)$ atravez da função de variância $V(\mu)$, dado $Var(Y) = \phi V(\mu)$, onde ϕ (phi) é o parâmetro de dispersão. Quando se espera um ϕ maior que que o valor antecipado dado a distribuição escolhida, o parâmetro de escala pode ser estimado utilizando-se de quasi-likelihood (GUISAN; EDWARDS; HASTIE, 2002).

Por sua vez, quasi-likelihood é um metodo de se generalizar a abordagem pr likelihood-based para GLMs, permitendo se estimar so valores de β de tal forma que não é necessário se especificar uma distribuição para a saída. Normalmente utilizado como um mecanismo para lidar com dados muitos dispersos, ou quando não se deseja fazer afirmações solidas de distribuição sobre as variáveis de saída (SPICKER, 2025).

2.1.4.2 GAM - Generalized Additive Model

Gerados a partir do GLM, este modelo possue uma automatização para se identificar os termos de polinômio apropriado e as transformações dos preditores que melhoram a qualidade do modelo linear. Logo podemos dizer que os GAMs estão aninhados dentro do GLMs que por sua vez estão aninhados em modelos lineares, LM (GUISAN; EDWARDS; HASTIE, 2002):

$$LM \subset GLM \subset GAM \tag{2.10}$$

GAMs são parametrizados como os GLMs, porém alguns preditores podem ser modelados de modo não parametrizado em adção a termos lineares e polinomiais para outros preditores. Um passo crucial para aplicar GAMs é selecionar o nível apropriado de "suavização"para os preditores.

Nestes se substitui-se a função de predição linear $\eta = \sum_1^p \beta_j X_j$ pela função de predição aditiva $\eta = \sum_1^p s_j(X_j)$, onde $s_j(X_j)$ é uma função de suavização do valor X_j.

A forma assumida para a estimativa pelo modelo de regressão linear, possui a seguinte característica (HASTIE; TIBSHIRANI, 1986):

$$E(Y|X_1, X_2, ..., X_p) = \beta_0 + \beta_1 X_1 + ... + \beta_p X_p. \tag{2.11}$$

Enquanto no GAM, se generaliza-se o modelo de regressão linear, tornando a equação 2.11:

$$E(Y|X_1, X_2, ..., X_p) = s_0 + \sum_{j=1}^{p} s_j(X_j) \tag{2.12}$$

Como exemplo, tomemos o caso de um preditor simples, neste, nosso modelo seria:

$$E(Y|X) = s(X) \tag{2.13}$$

Para estimarmos $s(x)$ apartir de nossos dados, podemos usar um estimativa razoável de $E(Y|X = x)$, sendo uma dessas classes de estimativas as estimativas médias locais, $\hat{s}(x_i) = Ave_{j \in N_i}(Yj)$, onde Ave representa uma operação de média como a média e N_i é a vizinhança de x_i, os valores x que estão proximos a x_i, em associação com a vizinhança, temos o tamanho w da janela, isto é a proporção de pontos contidos em cada janela (HASTIE; TIBSHIRANI, 1986).

Se assumirmos x sendo um valor inteiro, que wn é ímpar, então a abrangência da vizinhança w mais próxima simétrica conterá wn pontos, o i-ézimo ponto mais $\frac{(wn-1)}{2}$ pontos em cada lado do i-ézimo ponto. Assumindo que os dodos estão ordenados de forma crescente em x, uma definição formal seria (HASTIE; TIBSHIRANI, 1986):

$$N_i = max(i - \frac{wn-1}{2}, 1), ..., i-1, i, i+1, ..., min(i - \frac{wn-1}{2}, n) \tag{2.14}$$

A vizinhança fica truncada proxima aos pontos finais se os pontos $\frac{wn-1}{2}$ não estão disponíveis. A abrangência de w controla a suavidade dos resultados estimados, e geralmente é escolhido com base nos dados a serem usados (HASTIE; TIBSHIRANI, 1986). Se Ave representar a média aritmetica, então $\hat{s}(.)$ é a running lines smoother, e sua definição para estimar valores de x é:

$$\hat{s}(x_i) = \hat{\beta}_{0i} + \hat{\beta}_{1i} x_i \tag{2.15}$$

Onde $\hat{\beta}_{0i}$ e $\hat{\beta}_{1i}$ são as estimativas por least square para os ponts de dados de N_i:

$$\begin{aligned}
\hat{\beta}_{1i} &= \frac{\sum_{j \in N_i}(x_j - \overline{x}_i)y_j}{\sum_{j \in N_i}(x_j - \overline{x}_i)^2}, \\
\hat{\beta}_{0i} &= \overline{y}_i - \hat{\beta}_{1i}\overline{x}_i, \\
\overline{x}_i &= \frac{1}{n}\sum_{j \in N_i} x_j, \\
\overline{y}_i &= \frac{1}{n}\sum_{j \in N_i} y_j
\end{aligned} \tag{2.16}$$

Outros métodos de estimar $E(Y|X)$ poderiam ser usados, acarretando na mudança do custo computacional do modelo, podendo trabalhar tão bem quanto ou melhor do que o running lines smoother (HASTIE; TIBSHIRANI, 1986).

2.1.4.3 MARS - Multivariate Adaptive Regression Spline

O foco na modelagem por regressão, é estimar uma função $\hat{f}(x_1, ...x_n)$, que melhor se assemelhe à função $f(x_1, ..., x_n)$, que descreve a relação entre as propriedades de um dado fenômeno, e o seu resultado real. (FRIEDMAN, 1991).

$$y = f(x_1, ..., x_n) + \epsilon \tag{2.17}$$

A função de n-dimensões f captura a relação de predição de y em $x_1, ..., x_n$, onde o alvo da análise regressiva é usar os dados para construir a função $\hat{f}(x_1, ..., x_n)$ que serve como uma aproximação razoavel para $f(x_1, ..., x_n)$ sobre um dominio D de interesse. Onde MARS provê uma abordagem natural para a modelagem de vairaveis categóricas, variáveis aninhadas (variável que contem outra variável) e valores faltantes (FRIEDMAN; ROOSEN, 1995).

O procedimento MARS, é baseado em uma generalização de métodos de spline para ajuste de funções. Consideramos o caso de apenas um preditor, $x(n = 1)$, para se estimar a função $f(x)$, uma função splien de aproximação $\hat{f}_q(x)$ é obtida por dividir a abrangência de x valore em $k + 1$ regiões separadas por k pontos (FRIEDMAN; ROOSEN, 1995).

$$\hat{f}_q(x) = \sum_{k=0}^{k+q} a_k B_k^{(q)}(x) \tag{2.18}$$

Onde $\left\{B_k^{(q)(x)}\right\}_0^{k+q}$ é um conjunto de funções base que englobam todo o espaço das função spline de ordem q e a_k é o valor do coeficiente de expansão, sendo sem limitadores (FRIEDMAN; ROOSEN, 1995).

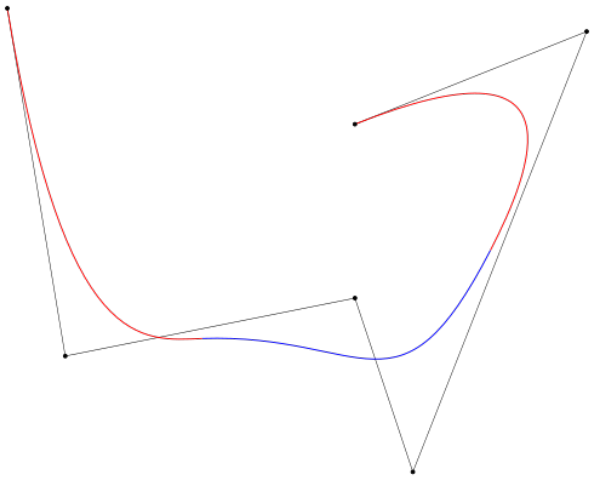
A base mais popular é a 'B-spline', possuindo superioridade em número de propriedades usadas em conjunto com o least-squares fitting. Sendo a 'B-spline' definida por, $K + 2$ locais de pontos adjacentes, onde a função limitadora tem o maior suporte mas é definida cada uma por um único local. Para a seleção destas funções base, que gera um grupo de resultados não válidos sera removida, se tivermos um modelo aditivo, onde

$$\hat{f}(x) = \sum_{j=1}^{n} f_j(x_j) \tag{2.19}$$

fosse considerado adequado, qualquer função que envolvesse mais de uma variável se tornaria ilegítima para inclusão no modelo (FRIEDMAN; ROOSEN, 1995).

Em outras palavras, podemos definir um spline, como a aproximação de uma curva de formato complexo utilizando do menor número possível de retas, sendo essa quantidade de retas o prametro q, como pode ser visto na figura a seguir:

Figura 3 – Curva Spline



Fonte: Wikipedia (2025)

O algoritmo MARS usa de uma estrategia de passos forward/backward para produzir o seu conjunto de funções base. A parte de forward é um processo recursivo, a cada iteração, simultaneamente constrói uma lista expansiva de funções base a serem consideradas e então decide quais considerar naquele passo, se repetindo até uma quantidade relativamente grande de funções bases forem selecionada.

Um conjunto final de funções base de tamanho apropriado é então selecionado por meio de um procedimento de seleção de subconjunto de variáveis passo a passo regressivo, usando as funções base produzidas pelo algoritmo progressivo como 'variáveis' candidatas (FRIEDMAN; ROOSEN, 1995).

O passo de forward começa com uma unica função base no modelo:

$$B_0(x) = 1 \tag{2.20}$$

Após a M-ézimo iteração teremos $2M + 1$ funções:

$$\{B_m(\mathbf{x})\}_0^{2M} \tag{2.21}$$

No modelo, cada iteração $(M + 1)$ adiciona duas novas funções base:

$$\begin{aligned} B_{2M+1}(x) &= B_{l(M+1)}(x) \left\{+(x_{v(M+1)} - t_{M+1})\right\}_+^q \\ B_{2M+2}(x) &= B_{l(M+1)}(x) \left\{-(x_{v(M+1)} - t_{M+1})\right\}_+^q \end{aligned} \tag{2.22}$$

Aqui $B_{l(M+1)}(x)$ é uma das funções base $2M + 1$ já selecionada, $0 \leq l(M + 1) \leq 2M, v(M + 1)$ é uma variável preditora, não representada em $B_{l(M_1)}(x)$, e t_{M+1} é um ponto nesta variável . Os três parâmetros $l(M + 1), v(M + 1) et_{M+1}$ que definem as duas novas funções base, são escolhidos para sereme os que melhor melhoram o fitting do "novo"modelo com os dados.

Para pequenas amostras o algoritmo MARS tentará produzir modelos que envolvem interações de baixa ordem, e com grandes amostras, ele favorecerá interações de alta ordem para os pociveis candidatos.

2.2 Análise de Algoritmos

A análise de algoritmos é o processo de identificar uma fórmula matemática que melhor represente o custo de utilização de uma dado algoritmo, podendo ser o tempo que o algoritmo leva para terminar com uma quantidade n de dados, ou de espaço, quanto da memoria do computador o algoritmo ira usar durante seu processo.

Neste processo identificamos a qual familia de problemas esse algoritmo pertence, que corresponde ao seu custo de computação (CORMEN et al., 2009) e assim podemos categorizá-lo com báse na notação assintótica.

Tabela 2 – Notação Assintótica

Complexidade	Nome	Eficiente
$O(1)$	Constante	Sim
$O(logn)$	Logarítmica	Sim
$O(n)$	Linear	Sim
$O(nlogn)$	"Linearítimica"	Sim
$O(n^2)$	Quadrática	Sim
$O(n^3)$	Cúbica	Sim
$O(2^n)$	Exponencial	Não
$O(n!)$	Fatorial	Não

Fonte: (BIG. . . , 2025)

A fórmula matemática identificada como a representação do custo computacional é "arredondada"para uma das familias apresentadas acima, reduzindo a fórmula a sua caractereistica mais presente, visto que aqui assumimos que n seja um valor muito grande.

Por exemplo uma função que tenha a forma de $n^2 + n + c$, onde c é uma constante, pode ser reduzida a n^2, já que esta parte terá maior peso durante a computação, a caracterizando-a como $O(n^2)$, onde O é a notação "O grande", que representa a complexidade do algoritmo (CORMEN et al., 2009).

Com esta análise, encontramos um algoritmo que melhor se encaixe em determinado problema, antes de se desenvolver o mesmo em uma linguagem de programação específica, ou de utilizar algoritmos já implementados de forma cega, podendo perder em tempo e em consumo desnecessário de memoria.

2.2.1 Análise de Complexidade

Na análise de complexidade, estimamos o tempo de execução de um algoritmo dado uma entrada de tamanho n, analisando seus comandos, como exemplo podemos utilizar o algoritmo de ordenação insertion sort.

O insertion sort é um algoritmo eficiente para ordena uma sequência pequena de números, funciona de modo semelhante a como muitas pessoas organizam cartas de um baralho na mão. Começamos com uma mão vazia, e a cada momento, pegamos uma carta da mesa e a inserimos na mão em sua posição correta, verificando da direita para a esquerda (CORMEN et al., 2009).

Recebendo um vetor $A[1..n]$ contendo a sequência de tamanho n que será ordenada, o algoritmo representado pelo pseudo código 2.1 ordena a sequência encontrada no vetor A, tendo no máximo um valor da sequência armazenado fora do vetor a cada dado momento, ao final, o vetor A conterá a sequência ordenada (CORMEN et al., 2009).

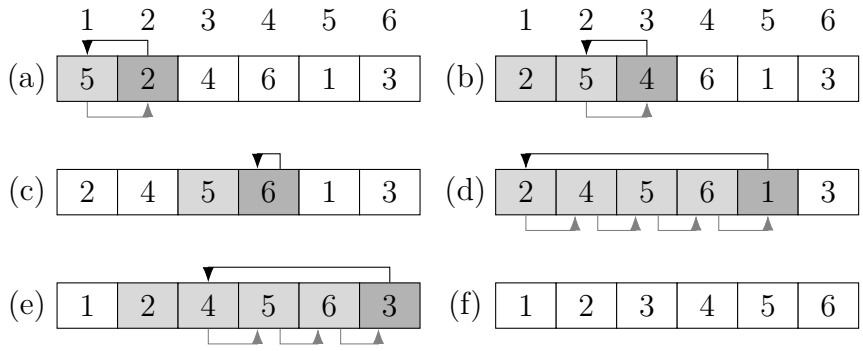
Listing 2.1 – Insertion-Sort

```
1  Insertion-Sort(A)
2  for j = 2 to n
3    key = A[j]
4    i = j - 1
5    while i > 0 and A[i] > key
6      A[i + 1] = A[i]
7      i = i - 1
8    A[i + 1] = key
```

Fonte: Cormen et al. (2009)

Para visualizar a sequência de passos que o insertion sort executa para a ordenação de dado vetor, tomemos o vetor $A = [5, 2, 4, 6, 1, 3]$, a sequência pode ser vista na imagem 4.

Figura 4 – Operação do Insertion Sort



Fonte: Cormen et al. (2009)

A figura 4, mostra que o algoritmo 2.1 funciona para se ordenar um vetor, onde, no inicio de cada interação do loop for, controlado pelo valor de j, o subvetor de elementos $A[1..j-1]$ consiste de uma sequência ordenada, e os valores restantes $A[j+1..n]$ são os elementos ainda não verificados e j é o elemento que esta sendo verificado (CORMEN et al., 2009).

Agora com o algoritmo 2.1, conseguimos analisar o custo computacional do insertion sort, mas primeiro precisamos definir, dois conceitos, "tempo de execução"e "tamanho da entrada", que segundo (CORMEN et al., 2009) é:

- Tamanho da entrada: Varia dependendo do problema a ser abordado, porém é comumente o numero de items na entrada, por exemplo, o tamanho do vetor A.
- Tempo de execução: É o número de operações ou 'passos' executados, aqui desconsideramos o hardware, e assumimos que mesmo cada passo levando um tempo diferente doso utros, o tempo do i passo é sempre uma constante, c_i.

Em nosso algoritmo 2.1, para cada $j = 2, 3, ..., n$, dizemos que t_j representa o número de vezes que o loop while da linha 5 foi executado, para cada valor de j. Sempre que temos um loop for ou while o teste é executado uma vez a mais doque o corpo do loop.

Assim conseguimos chegar aa seguinte análise do algoritmo 2.1:

Tabela 3 – Análise Insertion Sort

Linha	**Custo**	**Vezes**
2	c_2	n
3	c_3	$n-1$
4	c_4	$n-1$
5	c_5	$\sum_{j=2}^{n} t_j$
6	c_6	$\sum_{j=2}^{n}(t_j-1)$
7	c_7	$\sum_{j=2}^{n}(t_j-1)$
8	c_8	$n-1$

Fonte: Cormen et al. (2009)

O tempo de execução total do algoritmo será a soma dos tempos de cada linha, onde uma linha que leve c_i passos para executar e execute n vezes ira contribuir com $c_i n$ para o tempo total de execução. Para encontrar o tempo de execução do insertion- sort 2.1, em uma entrada de tamanho n, somamos o produto do Custo e Vezes da tabela 3:

$$T(n) = c_2 n + c_3(n-1) + c_4(n-1) + c_5 \sum_{j=2}^{n} t_j + c_6 \sum_{j=2}^{n}(t_j - 1) + c_7 \sum_{j=2}^{n}(t_j - 1) + c_8(n-1) \quad (2.23)$$

O tempo de execução de um algoritmo varia dependendo do dado de entrada, onde podemos cair no melhor ou pior caso. Durante a análise de complexidade, leva-se em consideração apenas o pior caso (CORMEN et al., 2009), onde, no nosso caso de exemplo, o algoritmo será executado por completo percorrendo cada elemento do vetor, que ocorre quando o vetor se encontra em ordem decrescente.

O pior caso no algoritmo 2.1, pode ser representado pela seguinte equação:

$$\begin{aligned} T(n) &= c_2 n + c_3(n-1) + c_4(n-1) + c_5(\frac{n(n+1)}{2} - 1) + \\ &\quad c_6(\frac{n(n-1)}{2}) + c_7(\frac{n(n+1)}{2}) + c_8(n-1) \\ &= (\frac{c_5}{2} + \frac{c_6}{2} + \frac{c_7}{2})n^2 + (c_2 + c_3 + c_4 + \frac{c_5}{2} - \\ &\quad \frac{c_6}{2} - \frac{c_7}{2} + c_8)n - (c_3 + c_4 + c_5 + c_8) \end{aligned} \quad (2.24)$$

Podemos expressar a equação 2.24, como $an^2 + bn - c$, para constantes a, b e c, que dependem do custo de c_i. Mas é a taxa de crescimento que realmente nos interessa, logo consideramos apenas o maior termo da equação, isto é an^2, já que os outros termos são insignificantes para valores muitos grandes de n. Com isto, ficamos com o fator de n^2 para o crescimento, portanto o pior caso de tempo de execução como $\theta(n^2)$.

Agora para encontramors a qual classe apresentada na tabela 2 o algoritmo 2.1 pertence, convertemos da notação θ (theta) para a O (O-grande), esta conversão é simples já que o grupo de problemas abordados pela notação θ engloba a notação O, isto é $\theta(g(n)) \subseteq O(g(n))$ onde $g(n)$ é a função de crescimento (n^2), portanto, o algoritmo 2.1 é $O(n^2)$ logo pertence ao grupo de probelmas Quadráticos (CORMEN et al., 2009).

2.2.2 Análise de espaço

Na análise de espaço, levamos em conta as variáveis que o algoritmo utiliza e/ou cria, como por exemplo, estruturas auxiliares como vetores ou matrizes. Conseguimos representar o consumo esperado de memória através de uma fórmula matemática (SEDGEWICK; FLAJOLET, 2013), assim como na análise anterior. Como exemplo, tomemos o algoritmo insertion sort.

No algoritmo de insertion sort, temos as seguintes váriaveis:

- $VetorA$ a sequência de n inteiros;
- key uma variável que armazena um valor presente no vetor A;
- i um valor inteiro que representa uma posição na sequência;
- j um valor inteiro que representa uma posição na sequência;

Assim, o algoritmo não cria nenhuma variável a mais durante sua execução, acarretando em um custo de memória constante durante a sua execução. Sendo o tamanho de 3 inteiros mais o tamanho de um inteiro multiplicado pelo tamanho n da sequência de inteiros.

Logo, o consumo de memória pode ser descrito por uma função linear, $f(n) = n + 3$, onde n é o tamanho da sequência de entrada, portanto o crescimento do algoritmo 2.1 é do tipo linear.

2.3 Linguagem R

R foi desenvolvido e pensado como uma linguagem e ambiente para computação estatística e gráficos. Possui a capacidade de trabalhar com vários processos estatísticos, como modelagem linear e não-linear, testes clássicos de estatística, séries temporais, entre outros, e ser altamente extensível (THE. . . , 2025).

Devido ao seu desenvolvimento focado em aplicações de computação estatística, ser semelhante e compatível com a linguagem S já existente, e capaz de atuar com códigos feitos nas linguagens C, C++ e Fortran (THE. . . , 2025), tornou o R uma linguagem popular dentro da área de computação estatística. (AWARI, 2022).

O ambiente do R pode ser facilmente incrementado, utilizando-se de bibliotecas, nomeadas como packages. Por padrão, temos oito packages que são encontrados junto da distribuição comum do R. Outros packages podem ser encontrados em sites especializados na distribuição dos mesmos (THE..., 2025).

Além de ser de fácil incrementação, o ambiente R possui uma interface de desenvolvimento gratuita, o R Studio, onde a utilização da linguagem fica concentrada em uma única aplicação, facilitando a visualização dos dados, gráficos, alteração e manutenção do código e packages (RSTUDIO..., 2025).

2.3.1 Packages

Packages, também conhecidos como bibliotecas ou pacotes, dentro do cenário de computação, referem-se a agrupamentos de códigos desenvolvidos por terceiros ou por si mesmo, para encapsular alguma atividade ou processo que pode ser utilizado em mais de um projeto.

Como exemplo, podemos utilizar os packages, mda e mgcv, presentes neste trabalho, o package mda engloba funções para se aplicar um grupo de modelagem de dados, sendo estes o Mixture and Flexible Discriminant Analysis, Multivariate Adaptive Regression Splines (MARS) e Vector-response Smoothing Splines (HASTIE et al., 2024), o mgcv, engloba Generalized Additive Model e algumas de suas variações , Generalized Cross Validation e similares (WOOD, 2025) os Generalized Linear Models podem ser encontrados na biblioteca stats que vem por padrão na linguagem R.

Para demonstrar a uso de um package, tomemos a utilização da funcão referente ao GAM encontrada no package mgcv, um conjunto de dados criado contendo pontuações médias em ciências por país, segundo o Programa Internacional de Avaliação de Estudantes (PISA) de 2006, juntamente com o RNB per capita (Paridade do Poder de Compra, valores de 2005), Índice de Educação, Índice de Saúde e Índice de Desenvolvimento Humano, segundo dados da ONU (CLARK, 2025).

Listing 2.2 – Exemplo uso de package

```
1  library(mgcv)
2  pisa = read_csv('data/pisasci2006.csv')
3  mod_gam = gam(Overall ~ s(Income, bs = "cr"), data = pisa)
```

Fonte: Clark (2025)

O código 2.2 gera um Generalized Additive Model, determinando os termos de suavização pela função $s()$ com o tipo de suavização sendo a splines de regressão cúbicas (CLARK, 2025).

A linha $library(mgcv)$ é a responsável por indicar qual package estamos usando, neste caso o mgcv, mas poderia ser outro ou mais de um package, assim quando chamamos a função $gam()$ a mesma é buscada dentro do package. E seu funcionamente interno é mascarado para o usuário, precisamos apenas "configurar"alguns parâmetros como a *data*, os dados que o modelo ira utilizar, e quais campos do dados iramos usar $Overall\ s(Income, bs = "cr")$.

Estes packages permitem ao usuário, apenas chamar a função que representa o processo a ser executado, não precisando se preocupar com os pormenores da execução em

si, apenas passar os parâmetros necessários de modo correto.

2.4 Trabalhos relacionados

O estudo "A comprehensive evaluation of predictive performance of 33 species distribution models at species and community levels"(NORBERG et al., 2019) teve como foco a avaliação de 33 modelos distintos de distribuição de espécies, questionando a performance de cada um trabalhando com comunidades e com espécies especificas.

Neste trabalho, os autores, identificam os parâmetros de cada modelo, e seus tipos, mostrando quais são esperados que trabalhem melhor com comunidades ou com espécies únicas, indeificando dentro dos modelos selecionados que os cinco melhores são os HMSC.3, GLM.5, MISTN.1, MARS.1 e GNN.1.

Onde performance final é influenciada por três fatores, o modelo escolhido, o foco de predição e a qualidade dos dados. O modelo que obteve a melhor performance quando considerado todas as espéceis (comunidade) foi o HMSC.1 e quando apenas uma espécies foi levada em consideração o modelo GLM.4 teve uma performance melhor.

Podemos ver neste trabalho dois dos três tipos de modelos de SDM mais comuns: GLM (GLM.4 e GLM.5) e MARS (MARS.1), mostrando que além do acesso relativamente fácil a estes e de possuírem um software bem documenta e amigavel (NORBERG et al., 2019), sua qualidade de performance ajuda a torna-los modelos relevantes.

No estudo "Generalized linear and generalized additive models in studies of species distributions: setting the scene"(GUISAN; EDWARDS; HASTIE, 2002), os autores fazem uma breve revisão sobre modelos lineares, GLMs e GAMs. Apresentando algumas de suas características e as relações entre os mesmos.

Uma descrição mais teórica dos modelos GLM, GAM e MARS são encontradas nos seguintes trabalhos, respectivamente: "The generalized linear model and extensions: a review and some biological and environmental applications"(PAUL; SAHA, 2007), "Generalized Additive Models"(HASTIE; TIBSHIRANI, 1986) e "An introduction to multivariate adaptive regression splines"(FRIEDMAN, 1991).

Nestes, temos uma dissertação sobre a parte matemática dos modelos, como é feita a inferência de cada um de seus parâmetros e como o mesmo atua sobre os dados de entrada. Em alguns, temos exemplos de uso de cada modelo, e suas variações mostrando onde estas são diferentes do modelo que é tratado no estudo.

3 Desenvolvimento

O desenvolvimento deste trabalho é separado em três etapas, análise de complexidade e espaço, utilizando da notação O grande, das implementações dos algoritmos referentes ao GLM, GAM e MARS encontrados nas bibliotecas `mda` e `mgcv` da linguagem de programação R.

Teste do uso das implementações para verificar a acurácia e tempo decorrido, utilizando do ambiente de desenvolvimento R Studio e de dados populacionais de avês, e a comparação e avaliação dos algoritmos levando em consideração um melhor equilibrio entre o custo e a acurácia deste.

O gronograma prposto para o desenvolvimento deste trabalho pode ser visto a seguir, também presente no apêndice A:

Figura 5 – Cronograma

		AGOSTO				SETEMBRO				OUTUBRO			
		1º SEM	2º SEM	3º SEM	4º SEM	1º SEM	2º SEM	3º SEM	4º SEM	1º SEM	2º SEM	3º SEM	4º SEM
Análise de Complexidade	GLM												
	GAM												
	MARS												
Análise de Espaço	GLM												
	GAM												
	MARS												
Tratamendo dos Dados													
Simulação e Cronometragem	GLM												
	GAM												
	MARS												
Avaliação de Acurácia	GLM												
	GAM												
	MARS												
Comparação e Avaliação													

Fonte: Elaboração do autor

4 Resultados

5 Conclusão

5.1 Trabalhos Futuros

Referências

ADALARDO. *7. Modelos Lineares*. 2020. Acesso em: 26 de Abril de 2025. Disponível em: <http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=03_apostila:06-modelos#:~:text=SÃčo%20chamados%20modelos%20lineares%20aqueles,dos%20demais%20parÃćmetros%20do%20modelo.> Citado na página 15.

AMETEPEY, S. O.; ANSAH, S. K. Impacts of construction activities on the environment : the case of ghana. *Journal of Construction Project Management and Innovation*, v. 4, n. sup-1, p. 934–948, 2014. Disponível em: <https://journals.co.za/doi/abs/10.10520/EJC162729>. Citado na página 11.

AUGUSTO, D. A. *Entenda o que são modelos computacionais e como o SISS-Geo os utiliza*. 2025. Acesso em: 25 de Abril de 2025. Disponível em: <https://www.biodiversidade.ciss.fiocruz.br/entenda-o-que-sao-modelos-computacionais-e-como-o-siss-geo-os-utiliza>. Citado na página 14.

AWARI. *Conheça as principais linguagens de programação para Ciência de Dados*. 2022. Acesso em: 25 de Abril de 2025. Disponível em: <https://awari.com.br/linguagens-de-programacao-para-ciencia-de-dados/>. Citado 2 vezes nas páginas 11 e 28.

BIG O Notation. 2025. Acesso em: 13 de Maio de 2025. Disponível em: <https://www.google.com/url?sa=i&url=https%3A%2F%2Fwww.ml-science.com%2Fbig-o-notation&psig=AOvVaw0et-yABelIQN9psuih6aZk&ust=1747766347288000&source=images&cd=vfe&opi=89978449&ved=0CAMQjB1qFwoTCLDkmJeXsI0DFQAAAAAdAAAAABAE>. Citado na página 25.

CHEIN, F. *Introdução aos Modelos de Regressão Linear*. Enap, 2019. ISBN 9788525601155. Disponível em: <https://repositorio.enap.gov.br/bitstream/1/4788/1/Livro_RegressÃčo%20Linear.pdf>. Citado 3 vezes nas páginas 15, 16 e 17.

CLARK, M. *Generalized Additive Models*. [S.l.], 2025. Acesso em: 25 de Maio de 2025. Disponível em: <https://m-clark.github.io/generalized-additive-models/application.html#single-feature>. Citado na página 29.

CORMEN, T. et al. *Introduction to Algorithms, third edition*. MIT Press, 2009. (Computer science). ISBN 9780262033848. Disponível em: <https://books.google.com.br/books?id=i-bUBQAAQBAJ>. Citado 5 vezes nas páginas 12, 25, 26, 27 e 28.

COSME, A. L. *Modelagem computacional: o que é, qual sua aplicação*. 2025. Acesso em: 17 de Abril de 2025. Disponível em: <https://123ecos.com.br/docs/modelagem-computacional/>. Citado na página 11.

COSME, A. L. *Modelagem computacional: o que é, qual sua aplicação*. 2025. Acesso em: 25 de Abril de 2025. Disponível em: <https://123ecos.com.br/docs/modelagem-computacional/#:~:text=Os%20principais%20tipos%20sÃčo%20a,em%20diferentes%20Ãąreas%20do%20conhecimento.> Citado na página 14.

DEVELOPERS, G. for. *Classificação: precisão, recall, precisão e métricas relacionadas*. 2024. Acesso em: 3 de Maio de 2025. Disponível em: <https://developers.google.com/machine-learning/crash-course/classification/accuracy-precision-recall?hl=pt-br>. Citado 2 vezes nas páginas 18 e 19.

DUARTE, R. *Métricas de Avaliação em Modelos de Classificação em Machine Learning*. 2024. Acesso em: 17 de Maio de 2025. Disponível em: <https://sigmoidal.ai/metricas-de-avaliacao-em-modelos-de-classificacao-em-machine-learning/>. Citado na página 19.

EBAC. *Regressão Linear: teoria e exemplos*. 2023. Acesso em: 27/04/2025. Disponível em: <https://ebaconline.com.br/blog/regressao-linear-seo>. Citado na página 16.

ELITH, J.; LEATHWICK, J. R. Species distribution models: Ecological explanation and prediction across space and time. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, Annual Reviews, v. 40, n. Volume 40, 2009, p. 677–697, 2009. ISSN 1545-2069. Disponível em: <https://www.annualreviews.org/content/journals/10.1146/annurev.ecolsys.110308.120159>. Citado 2 vezes nas páginas 11 e 20.

FILHO, M. *O Que É Acurácia Em Machine Learning?* 2023. Acesso em: 3 de Maio de 2025. Disponível em: <https://mariofilho.com/o-que-e-acuracia-em-machine-learning/>. Citado 2 vezes nas páginas 18 e 20.

FRIEDMAN, J. H. Multivariate Adaptive Regression Splines. *The Annals of Statistics*, Institute of Mathematical Statistics, v. 19, n. 1, p. 1 – 67, 1991. Disponível em: <https://doi.org/10.1214/aos/1176347963>. Citado 3 vezes nas páginas 11, 23 e 30.

FRIEDMAN, J. H.; ROOSEN, C. B. An introduction to multivariate adaptive regression splines. *Statistical Methods in Medical Research*, v. 4, n. 3, p. 197–217, 1995. PMID: 8548103. Disponível em: <https://doi.org/10.1177/096228029500400303>. Citado 2 vezes nas páginas 23 e 24.

GUISAN, A.; EDWARDS, T. C.; HASTIE, T. Generalized linear and generalized additive models in studies of species distributions: setting the scene. *Ecological Modelling*, v. 157, n. 2, p. 89–100, 2002. ISSN 0304-3800. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0304380002002041>. Citado 3 vezes nas páginas 11, 21 e 30.

HASTIE, T.; TIBSHIRANI, R. Generalized Additive Models. *Statistical Science*, Institute of Mathematical Statistics, v. 1, n. 3, p. 297 – 310, 1986. Disponível em: <https://doi.org/10.1214/ss/1177013604>. Citado 4 vezes nas páginas 11, 22, 23 e 30.

HASTIE, T. et al. *Package 'mda'*. 0.5-5. ed. [S.l.], 2024. Https://CRAN.R-project.org/package=mda. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/mda/mda.pdf>. Citado 2 vezes nas páginas 20 e 29.

IBM. *Modelos lineares*. 2025. Acesso em: 26 de Abril de 2025. Disponível em: <https://www.ibm.com/docs/pt-br/spss-modeler/18.5.0?topic=node-linear-models>. Citado na página 15.

NORBERG, A. et al. A comprehensive evaluation of predictive performance of 33 species distribution models at species and community levels. *Ecological Monographs*, v. 89, n. 3, p.

e01370, 2019. Disponível em: <https://esajournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/ecm.1370>. Citado 3 vezes nas páginas 12, 20 e 30.

NOVAK, H. *Modelos de Regressão Linear e como aplicamos a técnica na Loft*. 2022. Acesso em: 27/04/2025. Disponível em: <https://medium.com/loftbr/regressÃčo-linear-65fc8caeb729>. Citado na página 18.

OLIVER, J. 2024. Acesso em: 4 de Maio de 2025. Disponível em: <https://jcoliver.github.io/learn-r/011-species-distribution-models.html#:~:text=("predicts")-,Components%20of%20the%20model,these%20data%20(see%20below).> Citado na página 20.

PAUL, S.; SAHA, K. K. The generalized linear model and extensions: a review and some biological and environmental applications. *Environmetrics*, v. 18, n. 4, p. 421–443, 2007. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/env.849>. Citado 3 vezes nas páginas 11, 20 e 30.

RICHTER, F. *Amazon and Microsoft Stay Ahead in Global Cloud Market*. 2025. Acesso em: 19 de Abril de 2025. Disponível em: <https://www.statista.com/chart/18819/worldwide-market-share-of-leading-cloud-infrastructure-service-providers/>. Citado na página 11.

RSTUDIO Desktop. 2025. Acesso em: 10 de Maio de 2025. Disponível em: <https://posit.co/download/rstudio-desktop/>. Citado na página 29.

SEDGEWICK, R.; FLAJOLET, P. *An Introduction to the Analysis of Algorithms*. Pearson Education, 2013. ISBN 9780133373486. Disponível em: <https://books.google.com.br/books?id=P3tCB8Q7mA8C>. Citado 2 vezes nas páginas 12 e 28.

SPICKER, D. *Quasi-Likelihood Theory in Full*. 2025. Acesso em: 23 de Maio de 2025. Disponível em: <https://dylanspicker.com/courses/STAT437/course_index.html>. Citado na página 21.

STOCKMAN, A. K.; BEAMER, D. A.; BOND, J. E. An evaluation of a garp model as an approach to predicting the spatial distribution of non-vagile invertebrate species. *Diversity and Distributions*, v. 12, n. 1, p. 81–89, 2006. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/j.1366-9516.2006.00225.x>. Citado na página 12.

THE R Project for Statistical Computing. 2025. Acesso em: 10 de Maio de 2025. Disponível em: <https://www.r-project.org>. Citado 2 vezes nas páginas 28 e 29.

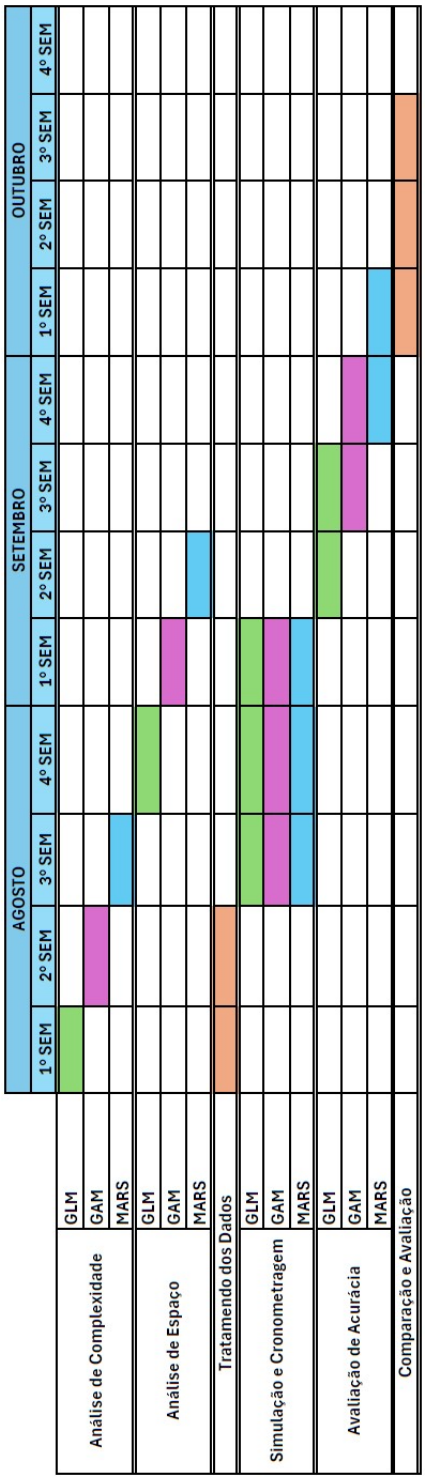
WIKIPEDIA. *B-Spline*. 2025. Acesso em: 13 de Maio de 2025. Disponível em: <https://en.wikipedia.org/wiki/B-spline>. Citado na página 24.

WISZ, M. S. et al. Effects of sample size on the performance of species distribution models. *Diversity and Distributions*, v. 14, n. 5, p. 763–773, 2008. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/j.1472-4642.2008.00482.x>. Citado na página 12.

WOOD, S. *Package 'mgcv'*. 1.9-3. ed. [S.l.], 2025. Https://CRAN.R-project.org/package=mgcv. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/mgcv/mgcv.pdf>. Citado 2 vezes nas páginas 20 e 29.

Apêndices

APÊNDICE A – Cronograma



Fonte: Elaboração do autor