Journal of Aquatic Ecology
ISSN Print: 2322-2751 ISSN Online: 2980-9355
Homepage: https://jae.hormozgan.ac.ir

Performance Evaluation of Joint Species Distribution Models for Freshwater Fishes in the Persis and Hormuz Basins Using Thresholding and Bootstrapping

Ehsan Shatoei Gharenjeh[1], Soheil Eagderi [1]✉, and Hadi Poorbagher[1]

1. Department of Fisheries, Faculty of Natural Resources, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran.

Article Info

Article type:
Research Article

Article history:
Received: 28 May 2026
Accepted: 24 September 2026
Published: 11 November 2026

✉**Corresponding Author:**
soheil.eagderi@ut.ac.ir

Keywords:
Thresholding,
Bootstrapping,
Joint Species,
Distribution Models,
Persian Gulf Basin.

ABSTRACT

Joint species distribution models (JSDMs) provide a comprehensive framework for understanding species distribution patterns by simultaneously modelling multiple species and accounting for interspecific correlations. This study evaluated the performance of JSDMs combined with species-specific thresholding and bootstrapping for 48 freshwater fish species across the Persis and Hormuz basins in southern Iran. Species occurrence data were collected using electrofishing at sampling sites in both basins in 2025 and integrated with 19 bioclimatic variables covering 2000–2024. Model fitting was conducted using a hierarchical multivariate probit regression model incorporating latent variables. To convert continuous model outputs into binary presence–absence predictions, species-specific occurrence thresholds were estimated through bootstrapping (99 iterations) each using 90% of the training data. Model performance was evaluated using partial eta squared and classification accuracy on both the training dataset and an independent test dataset. Mean partial eta squared decreased from 0.5908 in the training data to 0.1056 in the test data, suggesting reduced explanatory performance on independent observations and potential overfitting associated with complex multispecies modelling. In contrast, mean classification accuracy declined only slightly, from 0.9822 to 0.9440, indicating strong predictive performance following threshold optimization. Species with sufficient occurrence records, including *Esmaeilius darabensis*, *Iranocichla hormuzensis*, and *Chanos chanos*, demonstrated the highest generalization performance. Estimated thresholds varied substantially among species (0.0178–0.4567), highlighting differences in occurrence frequencies and species-specific distribution patterns. Overall, these findings show that bootstrap-based, species-specific thresholding can improve the interpretation and validation of JSDM predictions by providing a practical way to convert continuous outputs into binary occurrence estimates. This framework may support more reliable multispecies distribution assessments and their application in freshwater biodiversity management and climate change impact predictions.

CC BY NC

Publisher: University of Hormozgan

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-24]

EXTENDED ABSTRACT

Introduction

Freshwater ecosystems are among the most vulnerable ecosystems to climate change. Although they cover less than 1% of the Earth's surface, they support a disproportionately large share of global animal biodiversity. The southern river basins of Iran, particularly the Persis and Hormuz basins, are important for biodiversity conservation because of their arid and semi-arid climates, geographic isolation, and diverse endemic fish fauna. Joint species distribution models (JSDMs) provide a comprehensive framework for understanding species distribution patterns by simultaneously modelling multiple species and accounting for interspecific correlations, offering advantages over traditional single-species approaches (e.g., Maxent). An important step in JSDM applications is converting continuous species occurrence probabilities into binary presence–absence predictions through thresholding. Selecting an appropriate threshold is critical because it directly influences model classification performance and subsequent ecological interpretations. To our knowledge, no previous study has applied JSDMs to evaluate freshwater fish communities in the Persis and Hormuz basins. Therefore, this study aimed to evaluate JSDM performance using a bootstrap-based, species-specific thresholding approach to improve the reliability of model evaluation and reduce potential overfitting.

Materials and Methods

Fish sampling was conducted using an electrofishing unit (SAMUS 750) at 589 stations across the Persis and Hormuz basins in 2025. After removing duplicate records, a site × species matrix was constructed using binary presence–absence data. Nineteen bioclimatic variables covering the period 2000–2024 were derived and screened for multicollinearity using Pearson correlation analysis. Models were fitted using a hierarchical multivariate probit regression approach incorporating latent variables. To convert continuous model outputs into binary predictions, species-specific occurrence thresholds were estimated by bootstrapping (99 iterations), each using 90% of the training data. The independent test dataset was excluded from all threshold estimation procedures. Model performance was evaluated using two complementary metrics: partial eta squared, assessing model performance based on continuous outputs before thresholding, and classification accuracy, which evaluates binary predictions after thresholding. Both metrics were calculated for the training and independent test datasets.

Results

A total of 733 valid records were obtained, belonging to 16 families, 34 genera, and 48 species. The Persis basin contained 31 species (14 endemic) and the Hormuz basin contained 34 species (17 endemic), with 17 species shared between the two basins. Cyprinidae was the richest family, and *Capoeta saadii*, recorded at 73 stations, was the most frequent species. The mean partial eta squared decreased from 0.5908 in the training data to 0.1056 in the test data, indicating a degree of overfitting commonly associated with complex multispecies modelling. However, after thresholding, mean accuracy decreased only slightly, from 0.9822 (training) to 0.9440 (test). Species with sufficient occurrence records, including *Esmaeilius darabensis, Iranocichla hormuzensis,* and *Chanos chanos*, exhibited the highest generalization performance. Threshold values varied widely, ranging from 0.0178 to 0.4567, reflecting differences in species' ecological characteristics and occurrence frequencies.

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-24]

Conclusion

The findings highlight the importance of bootstrap-based, species-specific threshold estimation when evaluating JSDMs with continuous outputs. Assessing model performance solely through the relationship between observed presence–absence data and continuous model predictions may not adequately reflect binary classification performance. Although the substantial reduction in partial eta squared suggested potential overfitting, the relatively high test-set accuracy following thresholding demonstrated strong classification performance on independent observations. Furthermore, variation in species-specific thresholds and predictive performance highlighted the importance of species occurrence frequencies and ecological characteristics in determining model performance. Overall, this approach provides a practical framework for evaluating multispecies distribution models and can support freshwater biodiversity management, conservation planning, and assessments of potential climate change impacts.

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-24]

بوم‌شناسی آبزیان
شاپا چاپی: ۲۷۵۱-۲۳۲۲ شاپا الکترونیکی: ۹۳۵۵-۲۹۸۰
https://jae.hormozgan.ac.ir

ارزیابی عملکرد مدل‌های توزیع مشترک گونه‌ای برای ماهیان آب شیرین حوضه‌های آبریز پرسیس و هرمز با استفاده از آستانه‌سازی و بوت استرپینگ

احسان شاطویی قارنجه[۱]، سهیل ایگدری[۱]✉، هادی پورباقر[۱]

۱. گروه شیلات، دانشکده منابع طبیعی، دانشکدگان کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، ایران.

اطلاعات مقاله

نوع مقاله:
مقاله پژوهشی

تاریخ دریافت: ۱۴۰۵/۰۳/۰۷
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۵/۰۷/۰۲
تاریخ انتشار: ۱۴۰۵/۰۸/۲۰

نویسنده مسئول:
soheil.eagderi@ut.ac.ir

کلیدواژه‌ها:
آستانه‌سازی،
بوت‌استرپینگ،
حوضه خلیج فارس،
مدل‌های توزیع مشترک گونه‌ای.

چکیده

مدل‌های توزیع مشترک گونه‌ای (JSDM) با در نظر گرفتن همزمان چندین گونه و مدل‌سازی همبستگی‌های بین‌گونه‌ای، درکی جامع‌تر از الگوی پراکنش اجتماعات زیستی ارائه می‌دهند. مطالعه حاضر با هدف ارزیابی عملکرد مدل‌های توزیع مشترک گونه‌ای، با استفاده از آستانه‌سازی و بوت‌استرپینگ برای ۴۸ گونه ماهی آب شیرین در حوضه‌های آبریز پرسیس و هرمز در جنوب ایران انجام شد. داده‌های حضور گونه‌ها با دستگاه الکتروشوکر از نقاط نمونه‌برداری در این دو حوضه آبریز در سال ۱۴۰۴ جمع‌آوری و با ۱۹ متغیر زیست‌اقلیمی سال‌های ۲۰۰۰ تا ۲۰۲۴ ترکیب شدند. برای مدل‌سازی از رگرسیون پروبیت چندمتغیره سلسله‌مراتبی با متغیرهای پنهان استفاده شد. برای تبدیل خروجی‌های پیوسته مدل به نتایج دوتایی حضور/عدم حضور، آستانه حضور هر گونه با بوت‌استرپینگ و با ۹۹ بار نمونه‌برداری از ۹۰ درصد داده‌های آموزش محاسبه شد. اعتبارسنجی مدل با دو معیار مربع اتای جزئی و صحت، هم روی داده‌های آموزش و هم داده‌های تست مستقل انجام گرفت. نتایج نشان داد که مقدار متوسط مربع اتای جزئی با داده‌های آموزش (۰/۵۹۰۸) در مقایسه با داده‌های تست (۰/۱۰۵۶) به‌طور قابل‌توجهی کاهش یافت، که نشان‌دهنده میزانی از بیش‌برازش رایج در مدل‌سازی پیچیده چندگونه‌ای است. با این حال، بعد از آستانه‌سازی، مقدار متوسط صحت در داده‌های تست (۰/۹۴۴۰) در مقایسه با داده‌های آموزش (۰/۹۸۲۲) کاهش اندکی داشت. گونه‌هایی با رکوردهای حضور کافی از جمله *Esmaeilius darabensis*، *Iranocichla hormuzensis* و *Chanos chanos* بالاترین توانایی تعمیم را نشان دادند. مقادیر آستانه در طیف گسترده‌ای از ۰/۰۱۷۸ تا ۰/۴۵۶۷ متغیر بود که بیانگر تنوع اکولوژیک و فراوانی متفاوت گونه‌ها می‌باشد. یافته‌های این مطالعه نشان می‌دهد که رویکرد آستانه‌سازی مبتنی بر بوت‌استرپینگ در مدل‌های توزیع مشترک گونه‌ای، چارچوبی قابل‌اعتماد برای ارزیابی و اعتبارسنجی مدل‌های چندگونه‌ای پیش از استفاده از آن‌ها در کاربردهای مدیریتی و پیش‌بینی، از جمله ارزیابی اثرات تغییر اقلیم، ارائه می‌دهد.

ناشر: دانشگاه هرمزگان.

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-24]

مقدمه

اکوسیستم‌های آب شیرین از جمله آسیب‌پذیرترین اکوسیستم‌های زمین در برابر تغییرات اقلیمی محسوب می‌شوند. با وجود آنکه این اکوسیستم‌ها تنها حدود یک درصد از سطح کره‌زمین را پوشش می‌دهند، میزبان بیش از ده درصد از کل گونه‌های شناخته‌شده جانوری و نزدیک به یک‌سوم مهره‌داران جهان هستند (Markovic *et al.,* 2017). در این میان، ماهیان آب شیرین یکی از متنوع‌ترین و در عین حال تهدیدشده‌ترین گروه‌های جانوری به‌شمار می‌روند؛ به‌طوری که جمعیت مهره‌داران آب شیرین طی بازه زمانی سال‌های ۱۹۷۰ تا ۲۰۱۸ حدود ۸۳ درصد کاهش یافته است (Kiesel *et al.,* 2020). تغییر اقلیم، به‌عنوان یکی از محرک‌های اصلی این بحران، از طریق تغییر رژیم‌های دمایی و بارشی، دمای آب، الگوهای هیدرولوژیکی و ساختار زیستگاه، توزیع مکانی و فراوانی گونه‌های آبزی را به‌شدت تحت تأثیر قرار می‌دهد(Scherer *et al.,* 2023; Tsavdaridou *et al.,* 2022).

ایران به‌دلیل موقعیت جغرافیایی منحصربه‌فرد و تنوع آب‌وهوایی و توپوگرافیک، یکی از کانون‌های مهم تنوع زیستی ماهیان آب شیرین در خاورمیانه محسوب می‌شود (Coad, 1995). بر اساس جدیدترین فهرست ماهیان آب شیرین ایران، ۳۰۰ گونه در حوضه‌های آبریز مختلف شناسایی شده‌اند (Sayyadzadeh and Esmaeili, 2024). حوضه‌های آبریز جنوبی ایران، از جمله حوضه‌های پرسیس و هرمز، به‌واسطه شرایط اقلیمی خشک و نیمه‌خشک، انزوای جغرافیایی و وجود گونه‌های بومزاد ارزشمند، از اهمیت ویژه‌ای در مطالعات حفاظت‌زیستی برخوردارند (Esmaeili *et al.,* 2016; Yousefi *et al.,* 2024). با این حال، این حوضه‌ها در معرض تهدیدات جدی ناشی از تغییر اقلیم قرار دارند و پیش‌بینی می‌شود که افزایش دما و کاهش بارندگی، زیستگاه‌های مناسب بسیاری از گونه‌ها را به‌شدت محدود کند (Makki *et al.,* 2023a; Niaki *et al.,* 2025).

مدل‌سازی توزیع گونه‌ای ((Species Distribution Modelling (SDM) یکی از پرکاربردترین ابزارهای اکولوژیکی برای درک رابطه بین گونه‌ها و محیط‌زیست و پیش‌بینی تأثیرات تغییرات محیطی بر پراکنش گونه‌هاست (Leroy, 2022). مدل‌های سنتی توزیع گونه‌ای، نظیر حداکثر آنتروپی ((Maximum entropy (Maxent)، هر گونه را به‌صورت مستقل مدل‌سازی می‌کنند و از تعاملات بین‌گونه‌ای و ساختار اجتماع زیستی صرف‌نظر می‌نمایند. این رویکرد تک‌گونه‌ای، اگرچه بینش‌های ارزشمندی فراهم می‌آورد، ممکن است به نتیجه‌گیری‌های نادرست درباره ارتباطات زیستگاهی و پیش‌بینی‌های غیرواقعی از توزیع گونه‌ها در جامعه بینجامد (Roberts *et al.,* 2022; Wagner *et al.,* 2020). در پاسخ به این محدودیت‌ها، مدل‌های توزیع مشترک گونه‌ای ((Joint Species Distribution Models (JSDM توسعه یافته‌اند که با در نظر گرفتن همزمان چندین گونه و مدل‌سازی همبستگی‌های بین‌گونه‌ای، درکی جامع‌تر از فرآیندهای تشکیل‌دهنده اجتماعات زیستی ارائه می‌دهند (Poggiato *et al.,* 2021; Pollock *et al.,* 2014). مطالعات متعددی نشان داده‌اند که مدل‌های توزیع مشترک گونه‌ای، به‌ویژه پیش‌بینی‌های شرطی آنها، می‌توانند دقت پیش‌بینی را برای بسیاری از گونه‌ها، به‌ویژه گونه‌های عام‌گرا و کمیاب، بهبود بخشند (McLaughlin *et al.,* 2024; Rodríguez *et al.,* 2021). همچنین، Inoue و همکاران (۲۰۱۷) نشان دادند که مدل‌های توزیع مشترک گونه‌ای در اکوسیستم‌های رودخانه‌ای اروپایی قادرند اهمیت نسبی عوامل زنده و غیرزنده را در تعیین توزیع و هم‌رخدادی گونه‌ها مشخص کنند.

مدل‌هایی که داده های دوتایی (Binary) مثلا حضور و عدم حضور گونه‌ها را به‌عنوان داده دریافت می‌کنند، خروجی ۰ تا ۱ دارند که این بستگی به نوع تابع ربط (Link function) آنها دارد. از این‌رو مشخص نمی‌شود که هر یک از گونه‌ها با توجه به پیش‌بینی مدل در آینده وجود خواهند داشت یا خیر. بنابراین لازم است تا این خروجی مدل به اطلاعاتی دوتایی نظیر بودن و نبودن تبدیل شود تا مشخص گردد که کدام گونه‌ها طبق پیش‌بینی مدل، باقی‌مانده یا حذف خواهند شد. یکی از مراحل کلیدی در فرآیند مدل‌سازی، تبدیل پیش‌بینی‌های پیوسته مناسبت زیستگاهی به خروجی‌های دوتایی حضور/عدم حضور از طریق تعیین آستانه (Thresholding) است. انتخاب آستانه نقشی تعیین‌کننده در نتایج نهایی مدل دارد و روش‌های مختلف آستانه‌گذاری می‌توانند نقشه‌های زیستگاهی متفاوت و حتی متناقضی تولید کنند (Hellegers *et al.,* 2025; Liu *et al.,* 2013). همچنین، حجم و تورش نمونه می‌تواند فرآیندهای ارزیابی دقت و انتخاب آستانه را به‌شدت تحت تأثیر قرار دهد(Bean *et al.,* 2012). آستانه سازی

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-24]

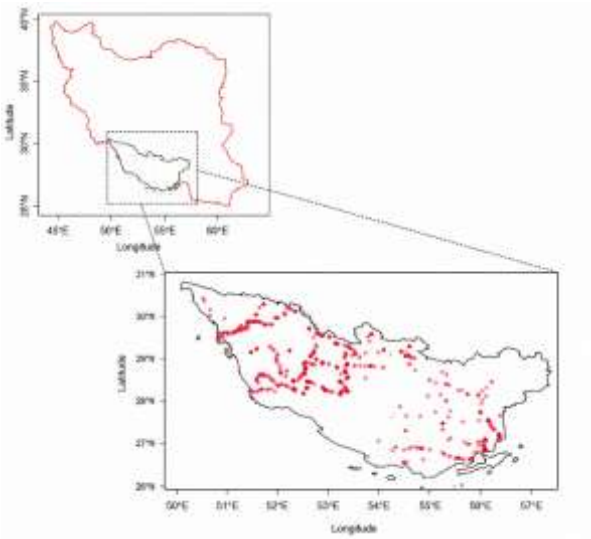
دیدگاه واضح‌تری از وضعیت یک گونه ارائه می‌دهد و بودن یا نبودن آن را در آینده نشان خواهد داد. به این ترتیب اولویت دهی به گونه‌ها توسط مدیران بخش‌های حفاظتی ساده خواهد شد.

در حوزه ماهیان آب شیرین ایران، مطالعات متعددی از مدل‌های توزیع گونه‌ای تک‌گونه‌ای، برای ارزیابی تأثیرات تغییر اقلیم بهره برده‌اند (Makki *et al.*, 2023b; Mostafavi and Kambouzia, 2019; Yousefi *et al.*, 2020). با این حال هیچ مطالعه‌ای تاکنون از رویکرد مدل‌های توزیع مشترک گونه‌ای (JSDM) برای بررسی اثرات تغییر اقلیم بر اجتماعات ماهیان حوضه‌های پرسیس و هرمز استفاده نکرده است. بنابراین، در مطالعه حاضر به ارزیابی عملکرد مدل‌های توزیع مشترک گونه‌ای، از طریق رویکرد آستانه‌سازی مبتنی بر بوت‌استرپینگ، برای گونه‌های ماهی آب شیرین حوضه‌های آبریز پرسیس و هرمز پرداخته شد. استفاده از بوت استرپینگ به منظور احتراز از بیش برازش صورت گرفت. به عبارتی دیگر در این مطالعه (۱) همبستگی بین داده‌های حضور و عدم حضور و خروجی مدل که پیوسته است مورد بررسی قرار گرفت، (۲) کیفیت مدل بعد از آستانه سازی نیز مورد بررسی قرار گرفت تا اثر آستانه سازی بر خروجی مدل و تعیین کیفیت مدل مجددا بررسی شود.

مواد و روش‌ها

ناحیه مورد مطالعه

حوضه‌های آبریز پرسیس و هرمز بخشی از سامانه آبریز خلیج فارس هستند که رودخانه‌های دامنه جنوبی زاگرس را زهکشی می‌کنند و در گذشته، طی آخرین دوره یخبندان، به شبکه‌ای واحد متصل بوده‌اند. حوضه پرسیس با رودخانه‌هایی مانند حله و مند و زیستگاه‌هایی همچون دریاچه پریشان، دارای ۴۴ گونه ماهی آب‌شیرین است که بخشی از آن‌ها بومزاد و بخشی غیربومی‌اند؛ این حوضه سومین رتبه تنوع زیستی ماهیان آب‌شیرین ایران را دارد. وجود گونه‌های بومزاد و ترکیب عناصر زیست‌جغرافیایی اتیوپیایی، پالئارکتیک و اورینتالی، اهمیت تکاملی این منطقه را نشان می‌دهد (Esmaeili *et al.*, 2015) در مقابل، حوضه هرمز با شرایط زمین‌ساختی پیچیده، زیستگاه‌های متنوعی مانند چشمه‌های گوگردی، رودخانه‌های فصلی و زیستگاه‌های شور را دربرگرفته و بالاترین تنوع زیستی ماهی‌های آب‌شیرین ایران را داراست. همچنین بیشترین میزان بومی‌گرایی کشور در این حوضه دیده می‌شود و گونه‌های متعددی از کپورماهیان دندان‌دار (Aphaniidae) تنها در این منطقه یافت می‌شوند (Teimori and Esmaeili, 2020) (شکل ۱).



شکل ۱. منطقه مورد مطالعه در جنوب ایران: نقاط نمونه برداری در حوضه‌های آبریز پرسیس و هرمز.

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-24]

نمونه‌برداری

صید ماهی‌ها در رودخانه‌های حوضه‌های پرسیس و هرمز در ۵۸۹ ایستگاه (نقطه نمونه‌برداری) در سال ۱۴۰۴ با استفاده از دستگاه صید الکتریکی (SAMUS 750) انجام شد. برای جلوگیری از جابجا شدن ماهیان، نمونه‌گیری از پایین‌دست رودخانه‌ها صورت گرفت. در همان محل صید، نمونه‌ها بر اساس مطالعه Eagderi و همکاران (۲۰۲۲) شناسایی گردیده، سپس در تشتی در کنار محل صید قرار داده شدند و پس از اینکه بهوش آمدند و شنای طبیعی نشان دادند رها شدند. داده‌های حضور ماهی که شامل جنس و گونه، طول و عرض جغرافیایی بود، وارد نرم‌افزار MySQL (نسخه 8.0.45) گردیده و رکوردهای تکراری برای ترکیبی از جنس، گونه، طول و عرض جغرافیایی حذف گردیدند. طول و عرض جغرافیایی نقاط نمونه‌برداری با استفاده از دستگاه GPS (Garmin eTrex 30X, Taiwan) ثبت شد.

ساخت ماتریس حضور–عدم حضور گونه‌ها

برای آماده‌سازی داده‌ها برای مدل‌سازی، پس از حذف رکوردهای تکراری، مختصات جغرافیایی یکسان به‌عنوان یک واحد نمونه‌برداری در نظر گرفته شد و ماتریس سایت × گونه ایجاد گردید. در این ماتریس، برای هر گونه در هر مختصات، در صورت ثبت گونه، مقدار یک و در صورت عدم ثبت آن گونه، مقدار صفر اختصاص داده شد. بنابراین، عدم حضورهای مورد استفاده در مدل به‌صورت عدم حضور واقعی بودند.

داده‌های زیست‌اقلیمی

متغیرهای اقلیمی که شامل حداقل و حداکثر دما و بارش بودند از سایت bioclim تأمین گردید. این داده‌ها از سال‌های ۲۰۰۰ تا ۲۰۲۴ را پوشش می‌دادند. داده‌ها دارای فرمت tif بودند و ماهیانه اندازه‌گیری شده بودند. داده‌های هرماه برای ۲۵ سال میانگین‌گیری شدند تا برای هر ماه فقط یک لایه tif وجود داشته باشد. سپس ۱۲ لایه tif بوجود آمده به‌صورت پُشته (Stack) در آمد. به این ترتیب برای هر یک از سه متغیر اقلیمی ۱۲ لایه tif ایجاد شد. برای تبدیل این متغیرها به متغیرهای زیست‌اقلیمی از تابع biovars از پکیج dismo استفاده گردید (Hijmans *et al.*, 2020). بدین‌ترتیب ۱۹ متغیر زیست‌اقلیمی ایجاد گردید (جدول ۱). متغیرهای ایجاد شده از نظر وجود همخطی (Collinearity) با همبستگی پیرسون مورد بررسی قرار گرفتند و متغیرهای دارای همبستگی بالا حذف شدند. روش این حذف بر اساس Zuur و همکاران (۲۰۰۷) بود یعنی از بین دو متغیری که دارای همبستگی ۰/۹ یا بالاتر بودند، متغیری که مجموع همبستگی‌هایش با سایر متغیرها بیشتر بود حذف شد. برای بررسی همخطی از تابع findCorrelation در بسته caret (Kuhn, 2019) در برنامه R استفاده شد.

جدول ۱. متغیرهای زیست اقلیمی مورد استفاده در مطالعه پیش از بررسی همخطی.

نام مختصر متغیر	نام کامل متغیر	نام فارسی متغیر
AMT	BIO1 = Annual Mean Temperature	میانگین دمای سالانه
MDR	BIO2 = Mean Diurnal Range (Mean of monthly (max temp - min temp))	میانگین دمایی روز (میانگین ماهیانه (بیشترین دما –کمترین دما)
Iso	BIO3 = Isothermality (BIO2/BIO7) (×100)	هم‌دمایی
TS	BIO4 = Temperature Seasonality (standard deviation ×100)	دمای فصلی
MTWM	BIO5 = Max Temperature of Warmest Month	بیشترین دمای گرمترین ماه
MTCM	BIO6 = Min Temperature of Coldest Month	کمترین دمای سردترین ماه
TAR	BIO7 = Temperature Annual Range (BIO5-BIO6)	دامنه دمای سالانه
MTWeQ	BIO8 = Mean Temperature of Wettest Quarter	میانگین دمای مرطوبترین فصل سال
MTDQ	BIO9 = Mean Temperature of Driest Quarter	میانگین دمای خشکترین فصل سال
MTWaQ	BIO10 = Mean Temperature of Warmest Quarter	میانگین دمای گرمترین فصل سال
MTCQ	BIO11 = Mean Temperature of Coldest Quarter	میانگین دمای سردترین فصل سال

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-24]

بارش سالانه	BIO12 = Annual Precipitation	AP
بارش در مرطوب‌ترین ماه	BIO13 = Precipitation of Wettest Month	PWM
بارش خشکترین ماه	BIO14 = Precipitation of Driest Month	PDM
بارش فصلی	BIO15 = Precipitation Seasonality (Coefficient of Variation)	PS
بارش مرطوبترین فصل سال	BIO16 = Precipitation of Wettest Quarter	PWeQ
بارش خشکترین فصل سال	BIO17 = Precipitation of Driest Quarter	PDQ
بارش گرمترین فصل سال	BIO18 = Precipitation of Warmest Quarter	PWaQ
بارش سردترین فصل سال	BIO19 = Precipitation of Coldest Quarter	PCQ

مدل‌سازی

پیش‌بینی‌های اقلیمی آینده بر اساس مدل HadGEM3-GC31-LL از مجموعه CMIP6 بود که با استفاده از بستر برخط GCMeval، ابزاری تحت وب برای ارزیابی و مقایسه عملکرد منطقه‌ای مدل‌های اقلیمی جهانی CMIP6، برای منطقه ایران انتخاب شد (Parding et al., 2020). متغیرهای زیست‌اقلیمی آینده از پایگاه WorldClim برای سه سناریوی انتشار SSP126 (انتشار پایین)، SSP245 (انتشار متوسط) و SSP585 (انتشار بالا)، و برای سه بازه زمانی ۲۰۲۰–۲۰۴۰، ۲۰۴۱–۲۰۶۰ و ۲۰۶۱–۲۰۸۰ استخراج شدند. ابتدا از بین ۱۹ متغیر زیست اقلیمی که میانگین سال‌های اخیر بودند، تعدادی که همبستگی بالایی با سایر متغیرها داشتند حذف گردیدند. برای هر گونه با داده‌های زیست‌اقلیمی زمان حال (داده‌های میانگین‌گیری شده ۳۰ سال اخیر) از مدل با متغیر پنهان (Latent variable model (LVM)) برای پیش‌بینی حضور ماهی در نقاط نمونه‌برداری شده در حوضه‌های پرسیس و هرمزاستفاده شد. زیرا این مدل امکان مدل‌سازی همزمان برای چندین گونه را می‌دهد (Warton *et al.*, 2015). برای پیش‌بینی حضور گونه‌های ماهی در دهه‌های آتی از داده‌های GCM انتخاب شده برای ایران استفاده شد (Phillips and Dudík, 2008). برای مدل‌سازی حضور گونه‌ها، ۷۰ درصد داده‌های حضور برای آموزش مدل و ۳۰ درصد باقی‌مانده به‌عنوان داده تست برای ارزیابی مدل استفاده گردید. تقسیم داده‌ها به‌صورت تصادفی انجام شد؛ رویکردهای مبتنی بر بلوک‌بندی مکانی به‌دلیل تعداد محدود رکوردهای حضور برای بسیاری از گونه‌ها می‌توانستند تعداد داده‌های قابل استفاده در هر یک از مجموعه‌های آموزش و تست را برای این گونه‌ها بیش‌ازپیش کاهش دهند. برای مدل‌سازی از مدل‌های توزیع مشترک گونه‌ای (JSDM) استفاده شد (Wilkinson *et al.*, 2019). به‌طور ویژه، از رگرسیون پروبیت چند متغیره سلسله مراتبی با متغیرهای پنهان (Hierarchical multivariate probit regression with latent factors) استفاده شد.

آستانه‌سازیِ احتمالات حضور پیش‌بینی شده برای گونه‌ها

بعد از تولید مدل با استفاده از داده‌های آموزش، آستانه حضور برای هرگونه محاسبه شد. اصول کار براساس Poorbagher و Eagderi (۲۰۲۴) بود. به‌طور خلاصه، داده‌های احتمال پیش‌بینی شده برای مدل تولید شده از داده‌های آموزش به صفر یا یک تبدیل شدند. اینکار برای ۱۰۰ بار برای هرگونه انجام شد. مقادیر مختلف آستانه از ۰/۰۱ تا ۱ به تعداد ۱۰۰ عدد با تابع seq ایجاد شد (۰/۰۱، ۰/۰۲، ...، ۱). برای هر مقدار آستانه اگر احتمال پیش‌بینی شده برای هرگونه در یک نقطه حضور، بزرگتر یا مساوی مقدار آستانه بود، احتمال آن به یک و گرنه صفر تبدیل شد. پس برای هرگونه ۱۰۰ مقدار آستانه مورد آزمایش قرار گرفت و آستانه ای که بیشترین صحت (Accuracy) محاسبه شده بین داده‌های حضور و عدم حضور واقعی و داده‌های احتمال که تبدیل به صفر یا یک شده بودند را داشت، به عنوان بهترین آستانه انتخاب شد. برای جلوگیری از بیش برازش (Overfitting)، از روش بوت‌استرپینگ (Bootstrapping) استفاده شد یعنی هربار ۹۰٪ از احتمالات پیش‌بینی‌شده برای این کار استفاده شد. این انتخابِ ۹۰٪ نیز به تعداد ۹۹ بار تکرار شد و میانگین بهترین آستانه‌های این ۹۹ بار به عنوان آستانه برای هر گونه محاسبه شد. کل فرآیند تعیین آستانه، از تولید مدل تا بوت‌استرپینگ و انتخاب بهترین آستانه، صرفاً بر مبنای داده‌های آموزش انجام شد و داده‌های تست در هیچ مرحله‌ای در این فرآیند مورد استفاده قرار نگرفتند. از داده‌های تست برای ارزیابی مدل و آستانه‌های بدست آمده استفاده شد.

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-24]

اعتبار سنجی مدل با داده‌های آموزش و تست

برای این کار از دو روش استفاده شد. اول، بعد از تولید مدل با استفاده از داده‌های آموزش و تست به اعتبار سنجی آنها اقدام شد. چون داده‌های آموزش و تست از نوع حضور و عدم حضور بود (صفر، یک) اما احتمال حضور پیش‌بینی شده توسط مدل پیوسته (Continuous) بود (از صفر تا یک)، از مربع اِتای (η^2)جزئی (Partial eta squared (η^2)) استفاده گردید (Poorbagher, 2018). یعنی ابتدا آنالیز واریانس انجام شد و حضور و عدم حضور به‌عنوان متغیر مستقل (Independent variable)، احتمال حضور هر گونه به‌عنوان متغیر وابسته (Dependent variable) در آنالیز واریانس قرار گرفت و سپس η^2 محاسبه شد. در مورد برخی از گونه‌ها تعداد نقاط حضور بسیار کوچک بود و بعضاً به یک می‌رسید. در مورد این گونه‌ها اعداد موجود در داده آموزش یا تست گاهی تماماً صفر بود و امکان اعتبار سنجی مدل برای آن گونه‌ها وجود نداشت زیرا برای آنالیز واریانس و محاسبه مربع اتای جزئی حداقل دو سطح از متغیر مستقل نیاز است. انتخاب مربع اتای جزئی و صحت به‌عنوان معیارهای اصلی ارزیابی، به‌ترتیب برای سنجش کارایی مدل در مرحله پیش از آستانه‌سازی (خروجی پیوسته) و پس از آن (خروجی دوتایی) صورت گرفت.

دوم، با استفاده از صحت به این صورت که احتمالات پیش‌بینی شده‌ی حضور گونه‌ها با مدل در نقاط نمونه‌برداری شده با استفاده از آستانه به‌دست آمده، به صفر و یک تبدیل شدند. یعنی اگر احتمال حضور پیش‌بینی شده در یک گونه برابر یا بزرگتر از مقدار آستانه حضور برای آن گونه بود مقدار ۱ وگرنه صفر می‌گرفت. با داده‌های صفر و یک مربوط به حضور و عدم حضور گونه‌ها و داده‌های صفر و یک که از احتمالات حضور پیش‌بینی شده توسط مدل به‌دست آمده بود، مقدار صحت محاسبه شد. برای محاسبه صحت داده‌های احتمال حضور پیش‌بینی شده توسط مدل بعد از تبدیل به صفر و یک شدن باید دو سطح صفر و یک را می‌داشتند تا بتوان صحت را محاسبه کرد که در برخی گونه‌ها تمامی داده‌های احتمال حضور پیش‌بینی شده به صفر یا یک تبدیل می‌شدند و برای آن گونه‌ها مقدار صحت قابل محاسبه نبود.

نتایج

در مجموع ۸۳۳ نمونه ماهی به دست آمد که پس از حذف رکوردهای تکراری، ۷۳۳ نمونه باقی ماند. نمونه‌های شناسایی شده متعلق به ۱۶ خانواده، ۳۴ جنس و ۴۸ گونه بود. سهم حوضه پرسیس در این مطالعه ۳۱ گونه با ۱۴ گونه انحصاری و حوضه هرمز ۳۴ گونه با ۱۷ گونه انحصاری بود. تعداد گونه‌های مشترک دو حوضه نیز ۱۷ گونه بود. در میان خانواده‌های شناسایی‌شده، Cyprinidae غنی‌ترین خانواده و جنس‌های *Garra* و *Paraschistura* غنی‌ترین جنس‌های این مطالعه بودند. بیشترین تراکم نقاط نمونه‌برداری در حوضه پرسیس بود. *Capoeta saadii* با حضور در ۷۳ نقطه، فراوان‌ترین گونه بود؛ در مقابل، ۱۰ گونه تنها در یک نقطه ثبت شدند. از ۴۸ گونه شناسایی‌شده، ۸ گونه مهاجر آب‌شور یا لب‌شور بودند. همچنین چند گونه معرفی‌شده/مهاجم از جمله *Carassius auratus*، *Cyprinus carpio* و *Gambusia holbrooki* در کنار فون بومی ثبت شدند.

آستانه‌سازی

مقادیر آستانه که با داده‌های آموزش مدل محاسبه شدند در جدول نشان داده شده‌اند. از این مقادیر آستانه برای تبدیل احتمالات پیش‌بینی شده در محاسبه صحت با داده‌های زمان حال و همچنین داده‌های دهه‌های آتی به صفر یا یک که نشان دهنده عدم حضور و حضور هستند مورد استفاده قرار گرفت.

اعتبار سنجی با داده‌های آموزش مدل

مربع اتای (η^2) جزئی و صحت محاسبه شده با داده‌های پیش‌بینی شده برای مدلی که با داده‌های حضور (بخش آموزش) بوجود آمده بود در جدول نشان داده شده است. مقادیر صفر و *NA* برای برخی از گونه‌ها به‌ترتیب نشان‌دهنده عدم امکان محاسبه η^2 بود. مقدار متوسط η^2 جزئی (۰/۵۹۰۸) بود. حداقل مقدار آن (۰) و حداکثر آن (۰/۹۸۶۹) بود. مقدار متوسط صحت (۰/۹۸۲۲)، حداقل مقدار آن (۰/۸۸۰۸) و حداکثر آن (۱) بود.

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-24]

اعتبار سنجی با داده‌های تست مدل

مربع اِتای (η^2) جزئی صحت محاسبه شده با داده‌های پیش‌بینی شده برای مدلی که با داده‌های حضور (بخش تست) به‌وجود آمده بود در جدول نشان داده شده است. مقادیر صفر و *NA* برای برخی از گونه‌ها به‌ترتیب نشان‌دهنده عدم امکان محاسبه η^2 جزئی و صحت بود. مقدار متوسط η^2 جزئی (۰/۱۰۵۶) بود. حداقل مقدار آن (۰) و حداکثر آن (۰/۶۳۷۸) بود. مقدار متوسط صحت (۰/۹۴۴۰)، حداقل مقدار آن (۰/۸۳۷۱) و حداکثر آن (۰/۹۸۸۸) بود.

جدول ۲. مقادیر آستانه برای هرگونه که با داده‌های آموزش مدل محاسبه شدند، η^2 جزئی و صحت مدل که با داده‌های آموزش و تست محاسبه شدند. برای محاسبه مقدار صحت داده‌ها باید حداقل دو سطح می‌داشتند که در برخی از گونه‌ها بعد از پیش‌بینی تنها یک سطح داشتند و محاسبه صحت امکان نداشت و با *NA* نشان داده شده اند.

گونه	آستانه محاسبه شده با داده‌های آموزش	با داده‌های آموزش		با داده‌های تست	
		η^2 جزئی	صحت	η^2 جزئی	صحت
Acanthobrama persidis	۰/۲۸۶۷	۰/۱۸۳۶	۰/۹۵۸۶	۰/۰۲۴۵	۰/۹۲۷۰
Acanthopagrus arabicus	۰/۰۸۲۲	۰/۲۵۴۷	۰/۹۹۲۷	۰	NA
Alburnus sellal	۰/۳۲۰۰	۰/۸۸۶۵	۰/۹۹۰۳	۰/۳۹۲۹	۰/۸۸۲۰
Amatitlania nigrofasciata	۰/۰۷۰۰	۰/۶۲۲۶	۱	۰	NA
Aphaniops hormuzensis	۰/۴۲۰۰	۰/۶۶۷۷	۰/۹۸۵۴	۰/۰۶۴۱	۰/۹۷۱۹
Aphaniops stoliczkanus	۰/۲۴۶۷	۰/۸۱۱۸	۰/۹۸۷۸	۰/۰۹۵۲	۰/۹۱۰۱
Arabibarbus grypus	۰/۳۲۸۹	۰/۳۴۰۵	۰/۹۲۷۰	۰/۰۱۹۱	NA
Barilius mesopotamicus	۰/۴۵۶۷	۰/۵۹۳۳	۰/۹۵۸۶	۰/۰۸۸۱	۰/۹۳۸۲
Boleophthalmus dussumieri	۰/۲۰۰۰	۰/۳۳۴۴	۰/۹۷۰۸	۰/۱۸۹۰	۰/۹۶۶۳
Capoeta aculeata	۰/۰۱۷۸	۰	NA	۰/۰۱۰۱	۰/۹۸۳۱
Capoeta raghazensis	۰/۰۳۷۸	۰	NA	۰/۱۷۸۸	۰/۹۸۳۱
Capoeta saadii	۰/۴۰۴۴	۰/۴۱۹۴	۰/۸۸۰۸	۰/۰۸۶۶	۰/۸۳۷۱
Carasobarbus luteus	۰/۲۵۶۷	۰/۳۳۵۷	۰/۹۲۲۱	۰/۲۵۳۴	۰/۹۴۹۴
Carassius auratus	۰/۲۳۶۷	۰/۶۸۳۴	۰/۹۸۵۴	۰/۰۵۹۵	۰/۹۶۰۷
Chanos chanos	۰/۱۷۷۸	۰/۷۷۴۳	۰/۹۹۷۶	۰/۴۷۰۷	NA
Coptodon zillii	۰/۲۵۶۷	۰/۶۵۵۳	۰/۹۹۷۶	۰	NA
Cyprinion macrostomum	۰/۱۹۴۴	۰/۷۹۲۱	۱	۰	NA
Cyprinion tenuiradius	۰/۲۷۲۲	۰/۵۸۵۷	۰/۹۳۹۲	۰/۰۷۲۰	۰/۸۶۵۲
Cyprinion watsoni	۰/۲۹۰۰	۰/۸۱۲۵	۰/۹۹۷۶	۰/۲۸۷۷	۰/۹۸۳۱
Cyprinus carpio	۰/۲۸۸۹	۰/۸۸۹۰	۱	۰/۳۱۶۶	۰/۹۷۱۹
Esmaeilius darabensis	۰/۲۱۴۴	۰/۸۸۸۲	۱	۰/۶۳۷۸	۰/۹۸۳۱
Esmaeilius sophiae	۰/۲۸۰۰	۰/۹۲۱۰	۱	۰/۱۳۷۳	NA
Gambusia holbrooki	۰/۳۳۰۰	۰/۸۵۸۳	۰/۹۹۷۶	۰/۰۶۵۸	۰/۹۷۱۹
Garra hormuzensis	۰/۱۹۰۰	۰/۷۹۳۳	۰/۹۹۷۶	۰	NA
Garra mondica	۰/۳۰۰۰	۰/۵۶۶۱	۰/۹۵۶۲	۰/۰۴۰۳	۰/۹۱۵۷
Garra persica	۰/۱۰۰۰	۰/۸۷۷۹	۱	۰	NA
Garra rufa	۰/۲۸۸۹	۰/۶۸۳۸	۰/۹۷۳۲	۰/۰۶۵۶	۰/۹۲۱۳
Glyptothorax shapuri	۰/۲۰۰۰	۰/۸۶۹۰	۰/۹۹۷۶	۰/۱۹۷۴	۰/۹۶۰۷
Iranocichla hormuzensis	۰/۳۷۰۰	۰/۶۵۹۴	۰/۹۴۴۰	۰/۵۳۵۶	۰/۹۴۹۴
Luciobarbus barbulus	۰/۲۹۰۰	۰/۹۴۴۵	۱	۰/۰۳۸۸	۰/۸۳۷۱
Mastacembelus mastacembelus	۰/۲۵۶۷	۰/۳۰۵۹	۰/۹۶۵۹	۰/۱۳۷۷	۰/۹۶۶۳
Mesopotamichthys sharpeyi	۰/۰۲۶۷	۰	NA	۰/۰۲۵۸	NA
Mystus cyrusi	۰/۲۳۰۰	۰/۷۱۶۱	۰/۹۹۵۱	۰	NA

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-24]

Oreochromis niloticus	۰/۰۷۳۳	۰/۳۶۴۵	۰/۹۹۵۱	۰	NA
Oxynoemacheilus persa	۰/۲۳۸۹	۰/۸۷۳۸	۰/۹۹۷۶	۰/۰۲۶۶	۰/۹۸۳۱
Oxynoemacheilus tongiorgii	۰/۰۲۰۰	۰	NA	۰/۰۲۲۲	۰/۹۷۷۵
Paracapoeta mandica	۰/۲۱۵۶	۰/۷۰۲۱	۰/۹۶۳۵	۰/۰۱۳۵	۰/۸۹۳۳
Paraschistura delvarii	۰/۱۳۸۹	۰/۶۶۵۶	۰/۹۹۵۱	۰	NA
Paraschistura hormuzensis	۰/۰۹۱۱	۰/۷۷۶۱	۰/۹۹۷۶	۰	NA
Paraschistura naumanni	۰/۰۴۷۸	۰/۹۸۶۹	۱	۰/۰۲۴۱	NA
Paraschistura nielseni	۰/۲۳۰۰	۰/۹۱۲۹	۱	۰	NA
Periophthalmus waltoni	۰/۱۲۰۰	۰/۲۹۴۵	۰/۹۸۵۴	۰/۰۲۹۵	۰/۹۷۱۹
Planiliza abu	۰/۲۰۷۸	۰/۷۹۰۸	۰/۹۸۳۰	۰/۰۲۲۴	۰/۹۳۲۶
Planiliza subviridis	۰/۰۹۰۰	۰/۶۷۴۳	۱	۰	NA
Pseudorasbora parva	۰/۱۷۵۶	۰/۶۴۷۹	۰/۹۹۷۶	۰/۰۶۱۵	۰/۹۶۶۳
Scartelaos tenuis	۰/۱۳۰۰	۰/۵۲۴۰	۱	۰/۳۱۰۵	NA
Tenualosa ilisha	۰/۰۷۷۸	۰/۴۱۸۶	۱	۰/۰۵۲۵	۰/۹۸۸۸
Xiphophorus hellerii	۰/۰۵۰۰	۰	NA	۰/۰۱۷۷	۰/۹۷۱۹

عملکرد مدل به تفکیک خانواده

در سطح خانواده، Cyprinidae (۱۷ گونه) میانگین صحت آموزش (۰/۹۶۷) و صحت تست (۰/۹۲۵) داشت. Nemacheilidae (۶ گونه) بالاترین میانگین صحت آموزش (۰/۹۹۸) و صحت تست (۰/۹۸۰) را نشان داد، در حالی‌که Aphaniidae (۴ گونه) بالاترین میانگین اتای جزئی تست (۰/۲۳۴) را داشت.

عملکرد مدل به تفکیک جنس

در سطح جنس، *Garra* عملکرد نسبتاً متعادلی نشان داد (صحت آموزش ۰/۹۸۲، صحت تست ۰/۹۱۸)، در حالی‌که برای تمام گونه‌های *Paraschistura* صحت تست به‌دلیل تک‌سطحی‌شدن داده‌های پیش‌بینی‌شده قابل‌محاسبه نبود *(NA)* ، هرچند صحت آموزش آن‌ها بسیار بالا بود (۰/۹۹۸). جنس *Esmaeilius* (۲ گونه)، با وجود تعداد کم گونه، بهترین عملکرد کلی را در میان جنس‌های چندگونه‌ای داشت؛ صحت آموزش کامل (۱)، بالاترین میانگین اتای جزئی تست (۰/۳۸۸) و بالاترین صحت تست (۰/۹۸۳) در این گروه را به خود اختصاص داد. در مقابل، جنس *Capoeta* (۳ گونه) ضعیف‌ترین عملکرد را نشان داد؛ کمترین میانگین اتای جزئی آموزش (۰/۱۴۰) و کمترین صحت آموزش (۰/۸۸۱) در میان جنس‌های چندگونه‌ای مربوط به این جنس بود.

عملکرد مدل به تفکیک گونه

در سطح گونه، مقادیر آستانه از (۰/۰۱۷۸) برای *Capoeta aculeata* تا (۰/۴۵۶۷) برای *Barilius mesopotamicus* متغیر بود که بازتاب‌دهنده تفاوت گسترده در فراوانی و ویژگی‌های اکولوژیک گونه‌هاست. دوازده گونه، از جمله *Amatitlania nigrofasciata*، *Cyprinion macrostomum*، *Cyprinus carpio*، *Esmaeilius darabensis*، *Esmaeilius sophiae*، *Garra persica*، *Luciobarbus barbulus*، *Paraschistura naumanni*، *Paraschistura nielseni*، *Planiliza subviridis*، *Scartelaos tenuis* و *Tenualosa ilisha*، صحت آموزش کامل (۱) را نشان دادند. در مقابل، *Capoeta saadii* با وجود بالاترین فراوانی حضور در میان تمامی گونه‌ها (۷۳ نقطه)، کمترین صحت آموزش (۰/۸۸۰۸) و هم‌سطح با *Luciobarbus barbulus*، کمترین صحت تست (۰/۸۳۷۱) را در میان گونه‌های دارای مقدار قابل‌محاسبه به خود اختصاص داد؛ این الگو نشان می‌دهد که فراوانی بالای رکوردهای حضور به‌تنهایی تضمین‌کننده عملکرد برتر مدل نیست. بالاترین صحت تست متعلق به *Tenualosa ilisha* (۰/۹۸۸۸) بود. از نظر توان تفکیک مدل در داده‌های تست، *Esmaeilius darabensis* با بالاترین مقدار اتای جزئی تست (۰/۶۳۷۸) در میان تمامی ۴۸ گونه برجسته بود و پس از آن *Iranocichla hormuzensis* (۰/۵۳۵۶) و *Chanos chanos* (۰/۴۷۰۷) قرار داشتند.

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-24]

عملکرد مدل به تفکیک حوضه آبریز

گونه‌های منحصر به حوضه هرمز بالاترین میانگین صحت تست (۰/۹۷۴) را نشان دادند. گونه‌های منحصر به حوضه پرسیس میانگین صحت تست (۰/۹۵۷) و گونه‌های مشترک بین دو حوضه پایین‌ترین میانگین صحت تست (۰/۹۲۳) را داشتند.

الگوی *NA*

برای ۱۸ گونه، صحت آزمون به‌صورت *NA* گزارش شد. این وضعیت زمانی رخ داد که پس از پیش‌بینی و تبدیل احتمالات به طبقات حضور و عدم حضور، هر دو سطح مورد نیاز برای محاسبه صحت به‌طور همزمان وجود نداشتند. بنابراین، *NA* به‌معنای عملکرد ضعیف مدل نیست، بلکه نشان‌دهنده آن است که شاخص صحت برای آن گونه و مجموعه داده از نظر محاسباتی قابل تعیین نبوده است. این وضعیت در گونه‌هایی با تعداد رکوردهای محدود نیز مشاهده شد و اهمیت تعداد و نحوه توزیع رکوردهای حضور میان مجموعه‌های آموزش و آزمون را در تفسیر شاخص‌های عملکرد نشان می‌دهد.

بحث

مقدار متوسط مربع اتای جزئی محاسبه‌شده با داده‌های آموزش در نگاه اول نشان‌دهنده توانایی متوسط مدل در تبیین واریانس پیش‌بینی حضور گونه‌هاست. مقدار مربع اتای جزئی، بازه وسیعی را در برگرفت که تنوع گسترده‌ای از عملکرد مدل را برای گونه‌های مختلف منعکس می‌کند. چنین ناهمسانی‌ای در پیش‌بینی گونه‌های مختلف قبلا نیز گزارش شده است. بعنوان مثال McLaughlin و همکاران (۲۰۲۴) در مطالعه‌ای جامع روی اجتماعات ماهیان رودخانه‌ای با بیش از ۵۰ گونه نشان دادند که پیش‌بینی‌ها برای گونه‌هایی که فراوانی رکورد حضور بیشتری داشتند، مقادیر بالاتری از مربع اتای جزئی به خود اختصاص دادند. البته مطالعاتی هم وجود داشتند که کلا عملکرد خوبی از JSDM را گزارش دادند یا آن را نسبت به مدل‌های تک‌گونه‌ای برتر دانستند. مثلا Wagner و همکاران (۲۰۲۰) با ارزیابی JSDMها در دو مطالعه موردی متفاوت نشان دادند که پیش‌بینی‌های حضور یا عدم حضور گونه‌ها از این مدل‌ها در مقایسه با رویکردهایی که وابستگی‌های بین‌گونه‌ای را نادیده می‌گیرند، دقت بیشتری دارند. این تفاوت گزارش شده در عملکرد چنین مدل‌هایی ممکن است اهمیت ساختار داده‌ها را خاطرنشان سازد.

در مطالعه حاضر گونه‌ها تعداد نقاط حضور بسیار متفاوتی را نشان دادند که تا حد زیادی اجتناب ناپذیر بود و متأثر از تغییرات محیطی سراسر حوضه می‌توانست باشد. در این رابطه، Inoue و همکاران (۲۰۱۷) در مطالعه JSDMها بر اجتماعات صدف‌های آب شیرین و ماهیان رودخانه‌های اروپایی نشان دادند که ناهمگونی زیستگاه در امتداد شیب طولی رودخانه‌ها، محرک اصلی تنوع مکانی در ترکیب اجتماعات است. این اصل احتمالاً در حوضه هرمز با تنوع زیستگاهی بالا از جمله چشمه‌های گوگردی و رودخانه‌های فصلی نیز تطابق دارد و منجر گردیده به اینکه برخی گونه‌ها محدود به رودخانه‌های خاص بوده و برخی در تمام حوضه پراکنده باشند. در مدل‌هایی‌که بر اساس حضور و عدم حضور می‌باشند قدرت پیش‌بینی مدل با برابری تعداد داده‌های حضور و عدم حضور افزایش می‌یابد (Kuhn and Johnson, 2013). بنابراین، اندک بودن مربع اتای جزئی برای برخی از گونه‌ها در مطالعه حاضر، به‌احتمال بالا ناشی از تعداد بسیار محدود رکوردهای حضور آن‌هاست، نه ضعف ذاتی مدل. علاوه بر ساختار داده، تورش در نمونه‌برداری و حجم نمونه کوچک نیز می‌توانند فرآیندهای انتخاب آستانه و ارزیابی دقت مدل‌های توزیع گونه‌ای را تحت تأثیر قرار دهند (Bean *et al.*, 2012)، که می‌توان تأثیر این مساله آخر را در مطالعه حاضر اندک دانست زیرا سعی شده بود بسیاری از نواحی حوضه‌های مورد مطالعه نمونه‌برداری شوند. در مطالعه حاضر، تبدیل داده‌های پیش‌بینی احتمال حضور مدل، به حضور و عدم حضور، نگرش در مورد توانایی مدل را در این مطالعه تغییر داد و از این‌رو برای مطالعاتی این چنینی پیشنهاد می‌شود، زیرا اکثر روش‌های مدل‌سازی توزیع گونه‌ای، خروجی‌های پیوسته‌ای تولید می‌کنند (Liu *et al.*, 2013)، اما بسیاری از کاربردهای واقعی از جمله ارزیابی اثرات تغییر اقلیم نیازمند خروجی‌های دوتایی هستند و انتخاب آستانه برای این تبدیل نقشی تعیین‌کننده در نتایج نهایی دارد. نتیجه اینکه رویکرد تعیین آستانه برای مدل‌های چندگونه‌ای می‌تواند به درک بهتر میزان کارایی مدل منجر گردد.

کاهش محسوس مربع اتای جزئی در داده‌های تست نشان‌دهنده میزانی از بیش‌برازش است که در مدل‌سازی پیچیده چندگونه‌ای

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-24]

امری طبیعی محسوب می‌شود. در این‌مورد هم برای گونه‌های مختلف نتایج متفاوتی بدست آمد مثلا مقادیر قابل توجهی از مربع اتای جزئی برای برخی گونه‌ها در داده‌های تست مشاهده شد. در مورد داده‌های تست هم عملکرد مدل برای گونه‌ها تا حدی زیادی می‌توانست ضعیف برآورد شود اما با تبدیل خروجی مدل به داده دوتایی این برداشت تغییر کرد. یعنی مقدار متوسط صحت با داده‌های تست در مقایسه با داده‌های آموزش کاهش اندکی نشان داد. این کاهش کنترل‌شده نشانه‌ای مثبت از رویکرد آستانه‌سازی و تا حدی ضرورت انجام آن است. زیرا تکیه بر خروجی‌های پیوسته مدل نه تنها قضاوت درباره کیفیت مدل را مخدوش می‌ساخت، بلکه اخذ تصمیمات مدیریتی در مورد اینکه کدام گونه‌ها در آینده بیشتر از سایرین در معرض کاهش زیستگاه مناسب پیش‌بینی‌شده قرار داشته و نیازمند حمایت بیشترند را نیز سخت‌تر می‌نمود.

تنوع در مقادیر آستانه نشان می‌دهد که تا چه حد می‌تواند بکار گیری احتمال حاصل از خروجی مدل، تصمیم گیرندگان بر اساس مطالعاتی نظیر این پژوهش را به اشتباه بیندازد. چون مفهوم احتمال حضوری که از مدل به‌دست می آید برای تمامی گونه‌ها یکسان است مثلا احتمال پیش‌بینی شده ۰/۵ از یک گونه تا گونه دیگر یک معنی را دارد و نشان دهنده این می‌تواند باشد که گونه در آینده حد متوسطی از احتمال حضور را خواهد داشت. اما این آستانه است که تعیین خواهد کرد یک گونه وجود خواهد داشت یا نه. هر چند آستانه‌سازی و تبدیل داده احتمال حاصل از خروجی مدل به داده حضور و عدم حضور تصویر روشن‌تری را درباره گونه‌ها به ما ارائه می‌دهند اما خود آستانه‌سازی هم مبرا از نقص نیست. در این رابطه Hellegers و همکاران (۲۰۲۵) در مطالعه‌ای نشان دادند که روش‌های مختلف آستانه‌گذاری تفاوت‌های قابل‌توجهی در اندازه محدوده پیش‌بینی‌شده ایجاد می‌کنند، به‌طوری‌که کاهش محدوده پیش‌بینی‌شده در سناریوهای تغییر اقلیم شدید بدون فرض پراکندگی، برای روش‌های مختلف به‌ترتیب ۵۶، ۶۱، ۷۹ و ۸۸ درصد متفاوت بود. این نکته اهمیت انتخاب روش مناسب آستانه‌گذاری را در برآورد اثرات تغییر اقلیم بر پراکنش گونه‌ها برجسته می‌سازد. همچنین در تعیین آستانه باید مراقب بیش برازش نیز بود. رویکرد بوت‌استرپینگ به‌کاررفته در مطالعه حاضر در واقع پاسخی به همین نیاز است، چرا که با میانگین‌گیری از آستانه‌های حاصل از تکرارهای متعدد، برآوردی پایدار و مقاوم در برابر تأثیر ترکیب تصادفی داده فراهم می‌شود.

برای تعداد قابل توجهی از گونه‌ها در داده‌های تست، محاسبه مربع اتای جزئی یا صحت امکان‌پذیر نبود. علت اصلی، تک‌سطحی شدن داده‌های پیش‌بینی‌شده پس از آستانه‌گذاری بود که ریشه در حجم نمونه بسیار کوچک برای این گونه‌ها داشت. حجم کم نمونه برای گونه‌های کمیاب است که معمولا به تغییرات اقلیمی حساس‌ترند و به علت محدویت پراکنش احتمال بیشتری از کاهش گستره پراکنش پیش‌بینی‌شده دارند (Makki *et al.*, 2023a). بنابراین هر چند چارچوب JSDM را ابزاری انعطاف‌پذیر برای پاسخ به طیف گسترده‌ای از سؤالات در علم و مدیریت شیلات دانسته اند (Wagner *et al.*, 2020) و قدرت آن در برآورد اهمیت نسبی عوامل زیستی و غیرزیستی را در تعیین توزیع و هم‌رخدادی گونه‌ها در اکوسیستم‌های رودخانه‌ای مورد تایید قرار گرفته است (Inoue *et al.*, 2017) نمیتوان اثر ساختار داده‌ها در اثر بخشی این روش مدل‌سازی را نادیده گرفت. زیرا کیفیت مدل به‌شدت تابع حجم و کیفیت داده‌های حضور برای هر گونه است. نتیجه اینکه، وجود گونه‌های بومزاد(Endemic) محدود به محدوه جغرافیایی خاص می‌تواند فرآیند مدل‌سازی را به چالش بکشاند. بهبود پوشش نمونه‌برداری، به‌ویژه برای گونه‌های بومزاد کمیاب، پیش‌نیاز اساسی برای افزایش قابلیت اطمینان پیش‌بینی‌های تغییر اقلیمی این اکوسیستم‌های آسیب‌پذیر است.

نتیجه‌گیری

در مجموع، نتایج این مطالعه نشان داد که رویکرد آستانه‌سازی مبتنی بر بوت‌استرپینگ برای ارزیابی مدل با خروجی پیوسته لازم است و بررسی همبستگی بین داده‌های حضور و عدم حضور و خروجی پیوسته مدل ممکن است به ارزیابی نادرستی از عملکرد مدل منجر شود. همچنین تا حدی وجود بیش‌برازش در داده‌های آموزش محسوس بود که باید در تفسیر نتایج احتیاط کرد، اما مقدار بالای شاخص صحت در داده‌های تست بیانگر توان مناسب مدل در تفکیک حضور و عدم حضور گونه‌ها پس از آستانه‌سازی است. همچنین، تفاوت در مقادیر آستانه و عملکرد مدل میان گونه‌ها نشان داد که ویژگی‌های اکولوژیک و میزان داده‌های حضور، تأثیر مهمی بر کیفیت مدل‌سازی دارند.

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-24]

References

Bean, W.T., Stafford, R. and Brashares, J.S., 2012. The effects of small sample size and sample bias on threshold selection and accuracy assessment of species distribution models. *Ecography*, 35(3), pp.250-258. https://doi.org/10.1111/j.1600-0587.2011.06545.x

Coad, B.W., 1995. Freshwater fishes of Iran. *Acta Scientiarum Naturalium Brno*, 29(1), pp.1-64.

Eagderi, S., Mouludi-Saleh, A., Esmaeili, H.R., Sayyadzadeh, G. and Nasri, M., 2022. Freshwater lamprey and fishes of Iran; a revised and updated annotated checklist-2022. *Turkish Journal of Zoology*, 46(4), pp.500-522. https://doi.org/10.55730/1300-0179.3104

Esmaeili, H.R., Babai, S., Gholamifard, A., Pazira, A., Gholamhosseini, A. and Coad, B.W., 2015. Fishes of the Persis region of Iran: an updated checklist and ichthyogeography. *Iranian Journal of Ichthyology*, 2(3), pp.201-223. https://doi.org/10.22034/iji.v2i3.84

Esmaeili, H.R., Sayyadzadeh, G. and Seehausen, O., 2016. Iranocichla persa, a new cichlid species from southern Iran (Teleostei, Cichlidae). *ZooKeys*, 569, pp.141-163. https://doi.org/10.3897/zookeys.569.7458

Hellegers, M., Van Hinsberg, A., Lenoir, J., Dengler, J., Huijbregts, M.A.J. and Schipper, A.M., 2025. Multiple threshold-selection methods are needed to binarise species distribution model predictions. *Diversity and Distributions*, 31(4), e70019. https://doi.org/10.1111/ddi.70019

Hijmans, R.J., Phillips, S., Leathwick, J. and Elith, J., 2020. dismo: Species distribution modeling. R package. Available at: https://CRAN.R-project.org/package=dismo

Inoue, K., Stoeckl, K. and Geist, J., 2017. Joint species models reveal the effects of environment on community assemblage of freshwater mussels and fishes in European rivers. *Diversity and Distributions*, 23(3), pp.284-296. https://doi.org/10.1111/ddi.12520

Kiesel, J., Vu, T., Kakouei, K., Sami, D., He, F., Guse, B., Fohrer, N. and Jähnig, S., 2020. Disentangling the impact of global change on freshwater biodiversity decline. In: *EGU General Assembly Conference Abstracts*, 18962. https://doi.org/10.5194/egusphere-egu2020-18962

Kuhn, M., 2019. The caret package. Available at: http://topepo.github.io/caret/index.html (Accessed: 6 March 2019).

Kuhn, M. and Johnson, K., 2013. Applied Predictive Modeling. New York: Springer. https://doi.org/10.1007/978-1-4614-6849-3

Leroy, B., 2022. Choosing presence-only species distribution models. *Journal of Biogeography*, 50(1), pp.247-250. https://doi.org/10.1111/jbi.14505

Liu, C., White, M. and Newell, G., 2013. Selecting thresholds for the prediction of species occurrence with presence-only data. *Journal of Biogeography*, 40(4), pp.778-789. https://doi.org/10.1111/jbi.12058

Makki, T., Mostafavi, H., Matkan, A.A., Aghighi, H., Valavi, R., Chee, Y.E. and Teimori, A., 2023a. Impacts of climate change on the distribution of riverine endemic fish species in Iran, a biodiversity hotspot region. *Freshwater Biology*, 68(6), pp.1007-1019. https://doi.org/10.1111/fwb.14081

Makki, T., Mostafavi, H., Matkan, A.A., Valavi, R., Hughes, R.M., Shadloo, S., Aghighi, H., Abdoli, A., Teimori, A. and Eagderi, S., 2023b. Predicting climate heating impacts on riverine fish species diversity in a biodiversity hotspot region. *Scientific Reports*, 13, 14347. https://doi.org/10.1038/s41598-023-41223-z

Markovic, D., Carrizo, S.F., Kärcher, O., Walz, A. and David, J.N.W., 2017. Vulnerability of European freshwater catchments to climate change. *Global Change Biology*, 23(9), pp.3567-3580. https://doi.org/10.1111/gcb.13657

McLaughlin, P., Krause, K., Maloney, K.O., Woods, T. and Wagner, T., 2024. Evaluating the effectiveness of joint species distribution modeling for freshwater fish communities within large watersheds. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 81(9), pp.1248-1263. https://doi.org/10.1139/cjfas-2023-0385

Mostafavi, H. and Kambouzia, J., 2019. Impact of climate change on the distribution of brown trout, Salmo trutta Linnaeus, 1758 (Teleostei: Salmonidae) using ensemble modelling approach in Iran. *Iranian Journal of Ichthyology*, 6(1), pp.73-81. https://doi.org/10.22034/iji.v6i1.388

Niaki, M.H., Rahimi, R., Vatandoust, S., Mostafavi, H. and Kafaky, S.B., 2025. Divergent fates of freshwater fishes under climate change: endemic vulnerability and habitat shifts in Iran's central

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-24]

Zagros. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 35, e70237. https://doi.org/10.1002/aqc.70237

Parding, K.M., Dobler, A., McSweeney, C.F., Landgren, O.A., Benestad, R., Erlandsen, H.B., Mezghani, A., Gregow, H., Räty, O., Viktor, E., El Zohbi, J., Christensen, O.B. and Loukos, H., 2020. GCMeval – an interactive tool for evaluation and selection of climate model ensembles. *Climate Services*, 18, 100167. https://doi.org/10.1016/j.cliser.2020.100167

Phillips, S.J. and Dudík, M., 2008. Modeling of species distributions with Maxent: new extensions and a comprehensive evaluation. *Ecography*, 31(2), pp.161-175. https://doi.org/10.1111/j.0906-7590.2008.5203.x

Poggiato, G., Münkemüller, T., Bystrova, D., Arbel, J., Clark, J.S. and Thuiller, W., 2021. On the interpretations of joint modeling in community ecology. *Trends in Ecology & Evolution*, 36(5), pp.391-401. https://doi.org/10.1016/j.tree.2020.11.002

Pollock, L.J., Tingley, R., Morris, W.K., Golding, N., O'Hara, R.B., Parris, K.M., Vesk, P.A. and McCarthy, M.A., 2014. Understanding co-occurrence by modelling species simultaneously with a Joint Species Distribution Model (JSDM). *Methods in Ecology and Evolution*, 5(5), pp.397-406. https://doi.org/10.1111/2041-210X.12180

Poorbagher, H., 2018. *Analyzing data in aquatic ecology with R*. Tehran: University of Tehran Press.

Poorbagher, H. and Eagderi, S., 2024. Predicting the distribution of fish community in the Persian Gulf using joint species distribution modelling with a latent variable model. *Iranian Journal of Ichthyology*, 11(1), pp.69-78. https://doi.org/10.22034/iji.v11i1.1029

Roberts, S.M., Halpin, P.N. and Clark, J.S., 2022. Jointly modeling marine species to inform the effects of environmental change on an ecological community in the Northwest Atlantic. *Scientific Reports*, 12, 132. https://doi.org/10.1038/s41598-021-04286-6

Rodríguez, M.A., Marselli, G. and Mandrak, N.E., 2021. Responses of vulnerable fishes to environmental stressors in the Canadian Great Lakes basin. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 78(9), pp.1278-1292. https://doi.org/10.1139/cjfas-2020-0314

Sayyadzadeh, G. and Esmaeili, H.R., 2024. Freshwater lamprey and fishes of Iran: reappraisal and updated checklist with a note on Eagderi et al. (2022). *Zootaxa*, 5402(1), pp.1-99. https://doi.org/10.11646/zootaxa.5402.1.1

Scherer, L., Boom, H.A., Barbarossa, V. and Van Bodegom, P.M., 2023. Climate change threats to the global functional diversity of freshwater fish. *Global Change Biology*, 29(14), pp.3781-3793. https://doi.org/10.1111/gcb.16723

Teimori, A. and Esmaeili, H.R., 2020. Hormuz River System as a micro hotspot of diversification for the aphaniid fishes in Iran. *Iranian Journal of Ichthyology*, 7(2), pp.181-196. https://doi.org/10.22034/iji.v7i2.505

Tsavdaridou, A.I., Almpanidou, V. and Mazaris, A.D., 2022. Novel climates in European river sub-basins pose a challenge for the persistence of freshwater fish. *Science of the Total Environment*, 830, 154696. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.154696

Wagner, T., Hansen, G.J.A., Schliep, E.M., Bethke, B.J., Honsey, A.E., Jacobson, P.C., Kline, B.C. and White, S.L., 2020. Improved understanding and prediction of freshwater fish communities through the use of joint species distribution models. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 77(9), pp.1540-1551. https://doi.org/10.1139/cjfas-2019-0348

Warton, D.I., Blanchet, F.G., O'Hara, R.B., Ovaskainen, O., Taskinen, S., Walker, S.C. and Hui, F.K.C., 2015. So many variables: joint modeling in community ecology. *Trends in Ecology & Evolution*, 30(12), pp.766-779. https://doi.org/10.1016/j.tree.2015.09.007

Wilkinson, D.P., Golding, N., Guillera-Arroita, G., Tingley, R. and McCarthy, M.A., 2019. A comparison of joint species distribution models for presence-absence data. *Methods in Ecology and Evolution*, 10(2), pp.198-211. https://doi.org/10.1111/2041-210X.13110

Yousefi, M., Jouladeh-Roudbar, A. and Kafash, A., 2020. Using endemic freshwater fishes as proxies of their ecosystems to identify high priority rivers for conservation under climate change. *Ecological Indicators*, 112, 106137. https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2020.106137

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-24]

Yousefi, M., Jouladeh-Roudbar, A. and Kafash, A., 2024. Mapping endemic freshwater fish richness to identify high-priority areas for conservation: an ecoregion approach. *Ecology and Evolution*, 14(3), e10970. https://doi.org/10.1002/ece3.10970

Zuur, A.F., Ieno, E.N. and Smith, G.M., 2007. *Analysing ecological data*. New York: Springer.

[Downloaded from jae.hormozgan.ac.ir on 2026-11-24]