

Primeiramente, os autores agradecem a todas sugestões, críticas e avaliações propostas. Viemos por meio desta esclarecer as modificações inseridas no texto. Basicamente o manuscrito revisado está com comentários para cada alteração indicando qual termo/parte foi incluída ou removida com as respectivas referências às sugestões. Mesmo assim, aqui estão as nossas considerações:

- (i) Foi realizada a padronização entre o objetivo especificado na conclusão com o Resumo;
- (ii) A escolha do ano 2019 se deu basicamente pelo interesse de se observar o comportamento das previsões das RNA em dois cenários distintos, quais sejam: em Bellingshausen/Amundsen em vez de retração, como em quase todo o continente a partir de 2014, houve aumento de gelo marinho; enquanto que em Weddell o contexto foi retrativo por 4 anos seguidos (2019 inclusive), cenário este inédito para a série histórica de 1979-2019.
- (iii) Os modelos implementados nessa pesquisa são unidimensionais, para cada ponto de grade foram realizados o Tuning dos Hyperparâmetros tanto das RNAs quanto das Florestas Aleatórias, além dos treinamentos e validações, ou seja, cada ponto do domínio com resolução  $0.5^{\circ}(lat) \times 0.5^{\circ}(lon)$  tem uma série temporal multivariada aplicada a um modelo específico. Para se automatizar o processo de ajuste dos parâmetros foram utilizadas ferramentas de monitoramento de funções de custo como as classes *CheckPoint* que armazena os pesos dos modelos com melhores previsões e a *EarlyStopping*, que avalia quando uma métrica, no caso o *MSE*. Nesse processo, a classe é instanciada com as épocas de tolerância para a estagnação da métrica e o quanto a taxa de aprendizado deve ser atualizada. Atingindo os limites previstos o treinamento é interrompido (independentemente do número de épocas que tenha sido escolhido na elaboração do modelo), buscando minimizar os danos de adaptação excessiva (*overfitting*). Dessa forma ficaria inviável exibir todas os hiperparâmetros e gráficos de funções de custo pelo número de épocas de todos os modelos.
- (iv) Todas as minor e major reviews foram acatadas, o que elevou o nível da discussão; especialmente por alguns erros de compatibilização dos editores de texto que suprimiu algumas fórmulas do texto antes da revisão, o que com certeza dificultou o entendimento de algumas sentenças;
- (v) As sugestões contidas no arquivo 40763-115981-2-ED\_comentarios.pdf foram acatadas, com exceção de uma, e assim como a carta de revisão contribuíram positivamente para a elaboração do manuscrito, agradecemos por isso. O trecho que não pôde ser alterado foi quanto à afirmação de que o Random Forest não pode ser utilizado para regressões. Na verdade o random forest é uma extensão do algoritmo CART (Classification and Regression Trees), referências sobre o tema foram incluídas no texto. Mais uma vez agradecemos pelas suas contribuições.
- (vi) As sugestões e críticas contidas no arquivo 40763-115981-1-ED.docx também foram válidas e contribuíram para o pensamento crítico da pesquisa. Respondendo à pergunta quanto ao particionamento dos dados: o período utilizado foi de 1979-2019, 70% dos dados (1979-2007) foram, inicialmente, separados para treinamento e o restante para teste. Por se tratar de séries

temporais não se deve trocar as ordens que os dados se apresentam, o que inviabiliza a utilização, por exemplo, da técnica K-fold Cross Validation, utilizada em processos de Classificação, para realizar o Grid Search de ajuste de parâmetros.

- (vii) Figuras com as arquiteturas das RNA foram apresentadas no texto;

Cordialmente,