



Propuesta de corredores biológicos a partir de la probabilidad de localización de tres grandes mamíferos en la provincia del Carchi, mediante el uso de herramientas geoinformáticas

Chauca Yugsi, Alex Mauricio y Lucero Morán, María Fernanda

Departamento de Ciencias de la Tierra y de la Construcción

Carrera de Ingeniería Geográfica y del Medio Ambiente

Trabajo de titulación, previo a la obtención del título de Ingeniero Geógrafo y del Medio Ambiente

Ing. Padilla Almeida, Oswaldo Vinicio. PhD

23 de agosto de 2021

Document Information

Analyzed document	T_F_LUCERO_CHAUCA.docx (D111994883)
Submitted	9/3/2021 12:32:00 AM
Submitted by	
Submitter email	melucero@espe.edu.ec
Similarity	8%
Analysis address	jaranguren.utn@analysis.urkund.com

Oswaldo
Padilla
Almeida

Firmado digitalmente por Oswaldo Padilla Almeida
Nombre de reconocimiento (DN): cn=Oswaldo Padilla Almeida, o=Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE, ou=Departamento de Ciencias de la Tierra y de la Construcción, email=ovpadilla@espe.edu.ec, c=EC
Fecha: 2021.09.03 15:21:02 -05'00'

Sources included in the report

SA	Tesis-Chauca_Lucero.pdf Document Tesis-Chauca_Lucero.pdf (D111944180)	 70
SA	Tesis_Mario_Balseca.docx Document Tesis_Mario_Balseca.docx (D26279187)	 4
SA	PACHACAMA_TESIS_revisión.pdf Document PACHACAMA_TESIS_revisión.pdf (D60813114)	 2
W	URL: https://www.researchgate.net/publication/327652109_Modelos_predictivos_en_Biogeografia_aplicacion_para_la_modelizacion_de_nichos_ecologicos_en_Geografia_Fisica_Predictive_modeling_in_Biogeography_applying_ecological_niche_modelling_in_Physical_Geograp Fetched: 3/1/2021 9:12:42 PM	 1
W	URL: https://docplayer.es/50578255-Universidad-tecnica-particular-de-loja-la-universidad-catolica-de-loja-titulacion-de-biologia.html Fetched: 9/23/2020 1:22:28 PM	 1

Oswaldo
Padilla
Almeida

Firmado digitalmente por Oswaldo Padilla Almeida
Nombre de reconocimiento (DN): cn=Oswaldo Padilla Almeida, o=Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE, ou=Departamento de Ciencias de la Tierra y de la Construcción, email=ovpadilla@espe.edu.ec, c=EC
Fecha: 2021.09.03 15:21:17 -05'00'



Departamento de Ciencias de la Tierra y de la Construcción

Carrera de Ingeniería Geográfica y del Medio Ambiente

Certificación

Certifico que el trabajo de titulación, **"Propuesta de corredores biológicos a partir de la probabilidad de localización de tres grandes mamíferos en la provincia del Carchi, mediante el uso de herramientas geoinformáticas"** fue realizado por los señores **Chauca Yugsi Alex Mauricio** y **Lucero Morán María Fernanda**, el cual ha sido revisado y analizado en su totalidad por la herramienta de verificación de similitud de contenido; por lo tanto cumple con los requisitos legales, teóricos, científicos, técnicos y metodológicos establecidos por la Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE, razón por la cual me permito acreditar y autorizar para que lo sustente públicamente.

Sangolquí, 06 de septiembre de 2021

Firma:

**Oswaldo
Padilla
Almeida**

Firmado digitalmente por Oswaldo
Padilla Almeida
Apellido de nacimiento: Este
es Oswaldo Padilla Almeida,
en Universidad de las Fuerzas Armadas
ESPE, en el Departamento de Ciencias de
la Tierra y de la Construcción,
oswaldovpadilla@espe.edu.ec, c=EC
Fecha: 2021.09.18 14:53:06 -05'00'

PhD. Oswaldo Vinicio Padilla Almeida

C.C.: 1709776650



Departamento de Ciencias de la Tierra y de la Construcción

Carrera de Ingeniería Geográfica y del Medio Ambiente

Responsabilidad de Autoría

Nosotros **Chauca Yugsi, Alex Mauricio y Lucero Morán, María Fernanda**, con cédulas de ciudadanía n° 1722221395 y n° 0401581756, declaramos que el contenido, ideas y criterios del trabajo de titulación: **Propuesta de corredores biológicos a partir de la probabilidad de localización de tres grandes mamíferos en la provincia del Carchi, mediante el uso de herramientas geoinformáticas** es de nuestra autoría y responsabilidad, cumpliendo con los requisitos legales, teóricos, científicos, técnicos y metodológicos establecidos por la Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE, respetando los derechos intelectuales de terceros y referenciando las citas bibliográficas.

Sangolquí, 06 de septiembre de 2021

Firma:

Chauca Yugsi, Alex Mauricio

C.C.: 1722221395

Firma:

Lucero Morán, María Fernanda

C.C.: 0401581756



Departamento de Ciencias de la Tierra y de la Construcción

Carrera de Ingeniería Geográfica y del Medio Ambiente

Autorización de Publicación

Nosotros Chauca Yugsi, Alex Mauricio y Lucero Morán, María Fernanda, con cédulas de ciudadanía n° 1722221395 y n° 0401581756, autorizamos a la Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE publicar el trabajo de titulación: **Propuesta de corredores biológicos a partir de la probabilidad de localización de tres grandes mamíferos en la provincia del Carchi, mediante el uso de herramientas geoinformáticas en el Repositorio Institucional, cuyo contenido, ideas y criterios son de nuestra responsabilidad.**

Sangolquí, 06 de septiembre de 2021

Firma:

Chauca Yugsi, Alex Mauricio

C.C.: 1722221395

Firma:

Lucero Morán, María Fernanda

C.C.: 0401581756

Dedicatoria

A Dios y a la Santísima Virgen María por cuidar de mí y guiarme a lo largo de mi carrera universitaria, en los momentos más difíciles sentí su arrullo y cobijo.

A mi padre Jorge Chauca, pilar fundamental en mi vida que, con su templanza, fuerza de carácter y rectitud me ha enseñado que todo, absolutamente todo en la vida se consigue con esfuerzo.

A mi madre Rita Yugsi, el otro pilar transcendental de mi vida que, con su amor infinito me ha enseñado que un corazón bueno y sincero siempre recibirá “recompensas” por parte de Dios.

A mi tía Goita, a mis primos Freddy y Mónica y a sus hijos: Lizbeth (†), Jhosue y Mateo por ser ese apoyo constante a lo largo de este camino.

A Maferita, el mejor regalo de Dios y que la vida universitaria me dejó, gracias por ser la mejor socia en lo académico y en lo cotidiano, por tu apoyo incondicional hoy puedo escribir estas líneas.

A todos mis familiares y amig@s que, con sus muestras de aliento aportaron muchísimo para la feliz culminación de esta etapa en mi vida.

Alex Mauricio Chauca Yugsi

Dedicatoria

“La posibilidad de realizar un sueño es lo que hace que la vida sea interesante”

Paulo Coelho

Mi familia es mi pilar fundamental tanto en lo personal como profesional, a ellos les dedico este sueño hecho realidad, mis padres Anita y Gustavo quienes durante toda mi vida me han apoyado incondicionalmente y son ejemplo de amor y sacrificio, a mis ñaños Anita, Alejo y Eri por presentar su hombro cada vez que lo necesité y sobre todo por ser amigos y mi gran ejemplo, a mis terremotos mis sobrinos Mati, Zoe, Dome y Davicho que con su luz y sus risas me impulsan a luchar y cumplir lo que parece imposible. A mi persona favorita, Alex, por enseñarme el significado de la palabra amor, por no soltar la toalla y poder seguir de la mano en esta aventura llamada vida. A mis cuñados por sus palabras de aliento y sabios consejos. Este logro es gracias a todos ustedes. Les amo con el alma.

María Fernanda Lucero Morán

Agradecimiento

Este logro no es solo mío, agradezco de todo corazón a las personas que me apoyaron para la culminación de esta investigación y a lo largo de mi carrera universitaria.

A mis padres, Jorge y Rita. Lo que ahora soy es gracias a ustedes.

A mi tía Goita, mis primos Freddy y Mónica y sus hijos: Lizbeth (†), Jhosue y Mateo. Gracias por confiar tanto en mí.

A Maferita, compañera de tesis y de la vida. Has hecho de mí una mejor persona.

A la familia Lucero Morán, y en especial a Don Gustavo y Doña Anita, gracias por hacerme sentir como un hijo más.

A Alex Allán (bicha), amiga excepcional y excelente profesional. Gracias totales.

Al PhD. Oswaldo Padilla, guía de esta investigación, uno de los mejores docentes de nuestra universidad.

A la PhD. Débora Simón-Baile, por su prestancia y ayuda desinteresada a lo largo de todo este proceso.

A mis familiares, que de una u otra forma siempre estuvieron pendientes de mí. Los quiero mucho.

A mis amig@s, que han hecho más llevadero este caminar, sin ustedes esto no hubiese sido lo mismo.

Al Área de Gestión Ambiental de la Prefectura del Carchi, por abrirnos sus puertas y confiar en nuestras capacidades para desarrollar este trabajo.

A la Universidad de las Fuerzas Armadas “ESPE”, gracias por darme la oportunidad de cumplir mi sueño.

Alex Mauricio Chauca Yugsi

Agradecimiento

Trabajar duro en silencio y tu éxito hará todo el ruido, sin olvidarse de todos aquellos quienes brindaron su apoyo.

Agradezco a Dios y a la vida por poner en mi camino a personas realmente grandiosas quienes con su luz me acompañaron en este largo camino, principalmente a mis padres y hermanos, gracias por la constancia y las ganas de siempre ser mejores.

A mis amigos que son la familia que uno elige, Andre C, Andre T, Alejita, Karlita, Moralitos, Mel, Rolando, Kary, Ricky, quienes marcaron un antes y un después en mi vida, por todos los buenos y malos ratos, por hacer valer la palabra “amistad”, por abrirme las puertas de su corazón y comprender que donde sea que nos encontremos de una u otra forma estarán ahí para mí, les quiero.

Y como no agradecerle a esa persona que se ganó nuestro cariño y respeto, Bichi, por tu apoyo, tus consejos, tus ganas de sonreírle a la vida, por ser una guía cuando todo se nos nubló.

A la familia Chauca Yugsi por abrirme las puertas de su casa y convertirse en un apoyo incondicional, y como no a ese amor bonito, por hacerme mejor persona y motivarme a nunca darme por vencida.

Al Gobierno Autónomo Descentralizado Provincial del Carchi, en especial a la Dirección de Gestión Ambiental por confiar en nosotros permitiéndonos aprender y compartir conocimientos, brindarnos la confianza de poder culminar esta investigación, por el espacio físico brindado, datos otorgados, conocimientos y experiencia adquirida, también agradecer a BMC y MAAE por la información entregada para la realización de este proyecto de investigación.

María Fernanda Lucero Morán

Índice de Contenido

Original	2
Certificación.....	3
Responsabilidad de autoría.....	4
Autorización de publicación.....	5
Dedicatoria.....	6
Agradecimiento	8
Índice de Contenido	10
Índice de Tablas	16
Índice de Figuras	18
Resumen	22
Abstract.....	23
Capítulo I.....	24
Aspectos generales.....	24
Antecedentes.....	24
Planteamiento del problema.....	26
Justificación e importancia	27
Descripción del área de estudio.....	31
Objetivos.....	32
Objetivo general.....	32
Objetivos específicos	33
Metas	34
Capítulo II.....	35
Marco teórico.....	35
Nicho ecológico.....	35

Distribución geográfica de una especie	36
Diagrama BAM.....	37
Modelos de nicho ecológico (MNE) versus modelos de distribución de especies (MDE).....	39
Sistemas de Información Geográfica (SIG)	40
Modelamiento de distribución de especies	41
Los SIG en los MDE.....	43
Técnicas para el modelamiento de la distribución de especies	44
Lógica Difusa.....	45
Descripción matemática de Lógica Difusa	49
Regresión Logística	55
Descripción matemática de Regresión Logística.....	56
Regresión Multivariada (MARS)	56
Descripción Matemática de MARS.....	57
BIOCLIM	58
Evaluación de los modelos MDE.....	59
Matriz de confusión.....	60
Curva Característica Operativa del Receptor (ROC).....	61
Estadístico Kappa	63
Limitaciones de los MDE	64
Evaluación multicriterio (EMC).....	65
Normalización de variables	65
Método de análisis jerárquico AHP (The Analytic Hierarchy Process).....	66
Servidor de datos	68
Corredor biológico	69

Los SIG en los modelos de corredores	70
Clasificación de categorías de las especies amenazadas de acuerdo a la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN).....	71
Descripción de la especie <i>Tremarctos ornatus</i>.....	73
Descripción de la especie <i>Puma concolor</i>	75
Descripción de la especie <i>Tapirus pinchaque</i>	77
Base Legal	79
Constitución de la República del Ecuador	79
Código Orgánico de Organización Territorial, Autonomía y Descentralización (COOTAD).....	79
Acuerdos expedidos por el Ministerio del Ambiente (actualmente Ministerio del Ambiente, Agua y Transición Ecológica).....	79
Ordenanzas expedidas por el Gobierno Autónomo Descentralizado Provincial del Carchi (GADPC)	80
Capítulo III.....	81
Metodología	81
Esquema metodológico	81
Planificación de toma de datos	82
Captura de datos en campo.....	84
Variables dependientes.....	89
Datos de presencia de la especie <i>Tremarctos Ornatus</i>	89
Datos de pseudoausencia de la especie <i>Tremarctos Ornatus</i>	90
Datos de presencia de la especie <i>Puma concolor</i>	90
Datos de pseudoausencia de la especie <i>Puma concolor</i>	91
Datos de presencia de la especie <i>Tapirus pinchaque</i>	91

Datos de pseudoausencia de la especie <i>Tapirus pinchaque</i>	91
Variables independientes	94
Clima	95
Altitud.....	97
Cuerpos de agua	98
Sitios poblados	99
Cobertura vegetal y uso de suelo.....	100
Normalización de las variables.....	105
Modelos de distribución de especies (MDE)	108
Lógica Difusa	108
<i>Aplicación del modelo de Lógica Difusa</i>	<i>109</i>
<i>Evaluación del modelo Lógica Difusa</i>	<i>111</i>
Regresión Multivariada (MARS).....	112
<i>Aplicación del modelo de Regresión Multivariada (MARS)</i>	<i>112</i>
<i>Funciones básicas para formar la ecuación predictora</i>	<i>118</i>
BIOCLIM.....	121
<i>Aplicación del modelo de BIOCLIM</i>	<i>122</i>
<i>Evaluación del modelo BIOCLIM</i>	<i>126</i>
Regresión Logística	128
<i>Aplicación del modelo de Regresión Logística</i>	<i>129</i>
<i>Evaluación del modelo Regresión Logística</i>	<i>134</i>
Estandarización de los MDE generados	135
Elaboración del corredor biológico mediante SIG	135
Capítulo IV	139
Análisis de resultados	139

Resultados del modelo de Lógica Difusa	139
Estadístico Kappa	139
Modelo de distribución de especies	140
Resultados del modelo Regresión Multivariada (MARS).....	142
Coeficiente de determinación (R^2) y error cuadrático medio (MSE).....	142
Matriz de confusión.....	144
Modelo de distribución de especies	145
Resultados del modelo BIOCLIM	147
Estadístico Kappa	147
Modelo de distribución de especies	148
Resultados del modelo Regresión Logística.....	150
Coeficiente de determinación (R^2).....	150
Matriz de confusión.....	151
Modelo de distribución de especies	152
Evaluación de los modelos.....	154
Análisis de la Curva Característica Operativa del Receptor (ROC)	154
Oso andino (<i>Tremarctos ornatus</i>)	154
Puma (<i>Puma concolor</i>)	155
Tapir de montaña (<i>Tapirus pinchaque</i>)	156
Análisis gráfico de los modelos	157
Selección del modelo que presenta mejor ajuste	160
Resultado de los corredores biológicos.....	161
Análisis gráfico del corredor biológico	165
Oso andino (<i>Tremarctos ornatus</i>)	165
Puma (<i>Puma concolor</i>)	166

Tapir de montaña (<i>Tapirus pinchaque</i>)	169
Propuesta del corredor biológico de cada especie generada en gabinete	171
Oso andino (<i>Tremarctos ornatus</i>)	171
Puma (<i>Puma concolor</i>)	173
Tapir de montaña (<i>Tapirus pinchaque</i>)	175
Propuesta del corredor biológico	176
Capítulo V	182
Conclusiones y recomendaciones	182
Conclusiones	182
Recomendaciones	185
Bibliografía	187
Anexos	207

Índice de Tablas

Tabla 1 Casos de Lógica Difusa.....	54
Tabla 2 Descripción del trabajo en campo realizado.....	84
Tabla 3 Variables independientes para realizar el modelamiento.....	94
Tabla 4 Variables bioclimáticas de Worldclim.....	96
Tabla 5 Matriz de Saaty de la variable cobertura vegetal y uso de suelo para el oso andino.....	101
Tabla 6 Categorías normalizadas de cobertura vegetal y uso de suelo para el oso andino.....	101
Tabla 7 Matriz de Saaty de la variable cobertura vegetal y uso de suelo para el puma.....	102
Tabla 8 Categorías normalizadas de cobertura vegetal y uso de suelo para el puma.....	102
Tabla 9 Matriz de Saaty de cobertura vegetal y uso de suelo para la especie <i>Tapirus pinchaque</i>	103
Tabla 10 Categorías normalizadas de cobertura vegetal y uso de suelo para <i>Tapirus pinchaque</i>	103
Tabla 11 Índice de consistencia y Razón de consistencia de las tres especies.....	104
Tabla 12 Valores máximos de las variables independientes.....	106
Tabla 13 Asignación del caso de Lógica Difusa para cada variable predictora.....	109
Tabla 14 Ecuación predictora de cada especie.....	110
Tabla 15 Funciones base resultantes de la especie <i>Tremarctos ornatus</i> (oso andino).....	118
Tabla 16 Funciones base resultantes de la especie <i>Puma concolor</i> (puma).....	118

Tabla 17 Funciones base resultantes de la especie <i>Tapirus pinchaque</i> (tapir de montaña).....	120
Tabla 18 Coeficientes del modelo Regresión Logística para el oso andino.....	132
Tabla 19 Coeficientes del modelo Regresión Logística para el puma.....	132
Tabla 20 Coeficientes del modelo Regresión Logística para el tapir de montaña.....	133
Tabla 21 Valores del estadístico Kappa.....	140
Tabla 22 Estadísticos obtenidos del modelo MARS.....	143
Tabla 23 Valores del estadístico Kappa.....	148
Tabla 24 Coeficiente de determinación del modelo de Regresión Logística.....	151
Tabla 25 Descripción del trabajo de campo para la verificación.....	176

Índice de Figuras

Figura 1 Área de estudio.....	32
Figura 2 Espacio ecológico disponible y tipos de nicho ecológico.....	36
Figura 3 Diagrama BAM.....	38
Figura 4 Elementos que conforman el Sistema de Información Geográfica.....	41
Figura 5 Esquema para la realización y validación de los MDE.....	43
Figura 6 Lógica clásica versus lógica difusa.....	45
Figura 7 Representación de una función de membresía.....	47
Figura 8 Esquema del controlador difuso.....	48
Figura 9 Funciones de pertenencia difusa.....	49
Figura 10 Puntos importantes en la función.....	51
Figura 11 Matriz de confusión o tabla de contingencia.....	61
Figura 12 Gráfico de la curva ROC.....	62
Figura 13 Escala fundamental de prioridades de Saaty.....	67
Figura 14 Valor del índice aleatorio en función del orden de la matriz.....	68
Figura 15 Estructura de las categorías de amenaza de acuerdo a la UICN.....	72
Figura 16 Oso andino (<i>Tremarctos ornatus</i>).....	74
Figura 17 Puma (<i>Puma concolor</i>).....	76
Figura 18 Tapir de montaña (<i>Tapirus pinchaque</i>).....	78
Figura 19 Flujograma de la metodología empleada.....	82
Figura 20 Mapa de los sitios potenciales para realizar el muestreo.....	83
Figura 21 Mapas de los recorridos y transectos.....	86
Figura 22 Registros capturados en campo.....	87
Figura 23 Mapas de presencias del oso andino, puma y tapir de montaña en el Carchi.....	92

Figura 24 Mapas de pseudoausencias generadas de las tres especies en la provincia del Carchi.....	93
Figura 25 Mapas de las variables bioclimáticas del área de estudio.....	97
Figura 26 Mapa de la variable altitud.....	98
Figura 27 Mapa de la variable cuerpos de agua.....	99
Figura 28 Mapa de la variable sitios poblados.....	100
Figura 29 Mapa de la variable cobertura vegetal y uso de suelo normalizada de las tres especies.....	105
Figura 30 Mapas de variables normalizadas.....	107
Figura 31 Interfaz de raster calculator con las ecuaciones predictoras ingresadas.....	111
Figura 32 Base de datos en formato .csv.....	113
Figura 33 Interfaz principal del software SPM.....	114
Figura 34 Configuración del test de MARS.....	115
Figura 35 Cantidad de funciones base.....	116
Figura 36 Estadísticos y curvas de aprendizaje obtenidas en el modelamiento.....	117
Figura 37 Ventana de resumen del modelamiento.....	117
Figura 38 Transformación de las funciones base a ráster.....	120
Figura 39 Proceso de transformación de ASCII a GRID.....	122
Figura 40 Creación del Stack.....	123
Figura 41 Exportación de presencias a shapefile.....	124
Figura 42 Preparación de puntos de presencia.....	125
Figura 43 Aplicación del modelo BIOCLIM.....	126
Figura 44 Valoración del coeficiente Kappa.....	127
Figura 45 Obtención de la curva ROC y estadístico Kappa.....	128
Figura 46 Configuración de cada variable en el software SPSS.....	130

Figura 47 Elección de variables independientes, variable dependiente y método.....	131
Figura 48 Configuración del estadístico: curva ROC.....	134
Figura 49 Escala cuantitativa y cualitativa para todos los MDE.....	135
Figura 50 Interfaz de la herramienta Linkage Mapper en ArcGIS.....	137
Figura 51 MDE con la aplicación del método Lógica Difusa del oso andino.....	141
Figura 52 MDE con la aplicación del método Lógica Difusa del puma.....	141
Figura 53 MDE con la aplicación del método Lógica Difusa del tapir de montaña.....	142
Figura 54 Curvas de aprendizaje del modelo MARS.....	143
Figura 55 Matriz de confusión de <i>Tremarctos ornatus</i> , <i>Puma concolor</i> y <i>Tapirus pinchaque</i>	145
Figura 56 MDE con la aplicación del método MARS del oso andino.....	146
Figura 57 MDE con la aplicación del método MARS del puma.....	146
Figura 58 MDE con la aplicación del método MARS del tapir de montaña.....	147
Figura 59 MDE con la aplicación del método BIOCLIM del oso andino.....	149
Figura 60 MDE con la aplicación del método BIOCLIM del puma.....	149
Figura 61 MDE con la aplicación del método BIOCLIM del tapir de montaña.....	150
Figura 62 Matriz de confusión del modelo Regresión Logística.....	152
Figura 63 MDE con la aplicación del método Regresión Logística del oso andino.....	153
Figura 64 MDE con la aplicación del método Regresión Logística del puma.....	153
Figura 65 MDE con la aplicación del método Regresión Logística del tapir de montaña.....	154
Figura 66 Curva ROC de la especie <i>Tremarctos ornatus</i>	155
Figura 67 Curva ROC de la especie <i>Puma concolor</i>	156
Figura 68 Curva ROC de la especie <i>Tapirus pinchaque</i>	157

Figura 69 Comparación de los modelos MARS y Regresión Logística del oso andino.....	158
Figura 70 Comparación de los modelos MARS y Regresión Logística del puma.....	159
Figura 71 Comparación de los modelos BIOCLIM y Regresión Logística del tapir de montaña.....	160
Figura 72 Corredor biológico del oso andino.....	162
Figura 73 Corredor biológico del puma.....	163
Figura 74 Corredor biológico del tapir de montaña.....	164
Figura 75 Análisis del corredor biológico del oso andino.....	166
Figura 76 Análisis del corredor biológico del puma.....	168
Figura 77 Análisis del corredor biológico del tapir de montaña.....	170
Figura 78 Propuesta de corredor biológico para el oso andino.....	172
Figura 79 División político-administrativa del Carchi para el corredor biológico del oso andino.....	173
Figura 80 Propuesta de corredor biológico para el puma.....	174
Figura 81 División político-administrativa provincial del Carchi para el corredor biológico del puma.....	175
Figura 82 Propuesta de corredor biológico para el oso andino y puma.....	177
Figura 83 Escenarios de corredor biológico para el oso andino y puma.....	178
Figura 84 División político-administrativa para el corredor biológico del oso andino y el puma.....	179

Resumen

La biodiversidad del Ecuador se torna incalculable, es por ello que los esfuerzos de conservación se convierten esenciales para la subsistencia de las especies. En nuestro país existe un gran número de mamíferos los cuales desempeñan papeles muy importantes en el funcionamiento y sostenimiento de los ecosistemas, razón por la cual en el presente trabajo de investigación se crearon propuestas de corredores biológicos a través del modelamiento de la distribución espacial de tres grandes mamíferos, oso andino (*Tremarctos ornatus*), puma (*Puma concolor*) y tapir de montaña (*Tapirus pinchaque*) en la provincia del Carchi mediante el uso de herramientas geoinformáticas. Los modelos de distribución de especies aplicados fueron: Lógica Difusa, Regresión Logística, Regresión Multivariada (MARS), y BIOCLIM encontrando zonas con mayor probabilidad de presencia para cada especie, además se valoraron con los estadísticos evaluadores (Matriz de Confusión, Curva Característica Operativa del Receptor ROC, Estadístico Kappa, entre otros) y de manera gráfica con el fin de identificar el rendimiento de la predicción. Para realizar las propuestas de corredores biológicos se eligió el modelo con mayor rendimiento estadístico y gráfico, el cual fue Regresión Logística para las tres especies. La herramienta utilizada para la creación de los corredores fue Linkage Mapper, sin embargo, estos fueron modificados y unificados de acuerdo a la viabilidad y realidad del territorio en base a las salidas de verificación en campo realizadas.

PALABRAS CLAVE:

- **GRANDES MAMÍFEROS**
- **MODELO DE DISTRIBUCIÓN DE ESPECIES**
- **CORREDOR BIOLÓGICO**

Abstract

Ecuador's biodiversity becomes incalculable, which is why conservation efforts become essential for the survival of species. In our country there are a large number of mammals, which play very important roles in the functioning and sustainability of ecosystems, which is why in the present research work is created proposals of biological corridors, through the modeling of the spatial distribution of three big mammals, andean bear (*Tremarctos ornatus*), puma (*Puma concolor*) and the mountain tapir (*Tapirus pinchaque*) in the province of Carchi through the use of geoinformatics tools. The species distribution models applied were: Fuzzy Logic, Logistic Regression, Multivariate Regression (MARS), and BIOCLIM finding areas with the highest probability of presence for each species, in addition were evaluated with the statistical evaluators (Confusion Matrix, Receiver Operating Characteristic Curve ROC, Kappa Statistical, among others) and graphically in order to identify the performance of the prediction. To make proposals for biological corridors, the model with the highest statistical and graphical performance was chosen, which was Logistic Regression for the three species. The tool used for the creation of the corridors was Linkage Mapper, however, these were modified and unified according to the viability and reality of the territory based on the field verification outputs carried out.

KEY WORDS:

- **BIG MAMMALS**
- **SPECIES DISTRIBUTION MODEL**
- **BIOLOGICAL CORRIDOR**

Capítulo I

Aspectos generales

Entre los países más diversos del mundo se encuentra el Ecuador debido a su riqueza biológica, es por ello, que se torna vital la conservación de las especies. En el presente capítulo se aborda la importancia de las especies oso andino (*Tremarctos ornatus*), puma (*Puma concolor*) y tapir de montaña (*Tapirus pinchaque*) a nivel ecosistémico y ecológico en la provincia del Carchi con el fin de presérvallas mediante el uso de herramientas geoinformáticas como son: el modelamiento de distribución de especies y el diseño de propuestas de corredores biológicos.

Antecedentes

Con apenas el 1% del área continental de la Tierra, los Andes Tropicales son la región del planeta con la más alta prioridad de conservación, ya que, contiene la mayor cantidad de biodiversidad endémica del mundo (Myers & Funkhouser, 1951).

La diversidad biológica del Ecuador es una de las más ricas del planeta, que se ha favorecido por tres factores determinantes: su ubicación geográfica en la zona ecuatorial, el levantamiento de la cordillera de los Andes y la influencia de las corrientes marinas en sus costas. En este particular escenario se desarrolla el Ecuador, un país con una enorme variedad de regiones climáticas y zonas de vida. (Tirira, 2001, p. 21)

La provincia del Carchi se caracteriza por mantener un mosaico paisajístico derivado de su privilegiada ubicación en los Andes y su gradiente altitudinal desde selvas tropicales del Chocó, hasta los páramos de los altos Andes (Yáñez-Muñoz et al., 2020).

En el Ecuador existe gran cantidad de especie por unidad de superficie, los mamíferos no son una excepción. Hasta mediados del año 2019 “se listan a 440

especies formalmente reportadas; sin embargo, este número continuará incrementándose puesto que varias especies descubiertas o registradas en Ecuador se encuentran en proceso de descripción” (Brito et al., 2019). Los mamíferos, al ser un grupo de vertebrados que han logrado adaptarse con facilidad a diferentes nichos ecológicos y diferentes hábitos alimentarios, cumplen diversas funciones ecológicas (Rumiz, 2010). Como menciona Tirira (2001) “se puede evidenciar que la mayor abundancia de especies de mamíferos en el Ecuador se encuentra en los bosques húmedos tropicales a ambos lados de los Andes”, es así que, en la provincia del Carchi, se han registrado una variedad significativa.

De acuerdo a Nazeri et al. (2012):

La falta de conocimiento detallado de la distribución y conectividad de las especies amenazadas, poco conocidas o invasoras, inclusive en escenarios históricos o futuros, representa una seria preocupación en la gestión y conservación de la fauna, siendo ésta una de las prioridades para cualquier toma de decisiones y planes de acción. (pág. 1)

Desde otra arista, Cartaya et al. (2016) enfatiza:

La conectividad ecológica se centra de en el grado en que el territorio facilita o dificulta procesos ecológicos significativos como los desplazamientos de las especies a través de los recursos de hábitat existentes en el paisaje (San Vicente, 2014). Por tanto, la preservación de la conectividad ecológica contribuye a que se minimicen los efectos negativos de la fragmentación del hábitat (Johnstone et al., 2014). Una manera de contribuir a la disminución de la pérdida de conectividad ecológica consiste en el diseño de corredores ecológicos que funcionen como zonas que amortiguan los efectos negativos de la fragmentación. (pág. 71)

De esta manera, el conocimiento de la distribución de las especies junto con la generación de propuestas de diseños de corredores biológicos apoyados en herramientas prospectivas y geoinformáticas, constituye en la actualidad uno de los procesos más utilizados para conservar especies.

Planteamiento del problema

El fraccionamiento de hábitat y la ausencia de espacios de conexión biológica provocan extinciones locales, empobrecimiento de la genética, vulnerabilidad en las especies y a su vez altera procesos evolutivos y adaptativos (Briones, 2016).

En los Andes, la acción humana ha alterado su vegetación natural. La introducción de especies exóticas, cacería indiscriminada, fragmentación y pérdida del hábitat, son las fuentes principales para que las poblaciones de mamíferos silvestres mermen. De acuerdo a la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza 49 especies de mamíferos silvestres de Ecuador se han categorizado como amenazadas, es decir, se encuentran evaluadas como: En Peligro Crítico (CR), En Peligro (EN) o Vulnerable (VU) (UICN, 2021); “haciendo del Ecuador el cuarto país de Sudamérica y el décimo quinto en el mundo en cuanto al número de especies amenazadas de mamíferos” (Brito et al., 2019).

El oso andino, el puma y el tapir de montaña son considerados grandes mamíferos que cumplen “roles ecológicos importantes en el mantenimiento y funcionamiento de los ecosistemas” (Brito et al., 2019). La principal amenaza del oso andino es la cacería, mientras que para el puma y el tapir de montaña su principal amenaza se deriva “del avance de la civilización e incremento de zonas agrícolas y ganaderas, ya que, se crean conflictos humano-fauna”. Dentro de este contexto, es importante atender la pérdida de hábitat de las especies, ya que, se encuentran susceptibles a la extinción de sus poblaciones (Tirira, 2011).

La protección del ambiente y de sus individuos es una tarea difícil. Ante esta necesidad, existen herramientas geoinformáticas que automatizan y facilitan a los entes rectores la defensa del espacio natural (Jaramillo & Carrión, 2007). Por tal motivo, es necesario el aprovechamiento y uso de estas herramientas para determinar el hábitat de las especies que son importantes para su protección y conservación; caso contrario, a futuro, existirá una pérdida irreparable tanto del hábitat como de las especies.

Justificación e importancia

La mayor abundancia de especies de mamíferos en el Ecuador se encuentra en “los bosques húmedos tropicales a ambos lados de los Andes; diversidad que disminuye conforme aumenta la altitud, por tal razón el piso altoandino es el menos diverso del Ecuador continental” (Tirira, 2007) y a su vez es donde se encuentra el mayor número de especies endémicas (17 especies) de las 41 especies endémicas de mamíferos (10.1% del total nacional) que tiene el país (Tirira, 2015).

El Ecuador ocupa el noveno lugar a nivel mundial en cuanto a presencia de mamíferos, a pesar de tener una superficie pequeña en relación a otros países, como: Brasil, China, México, Indonesia, Perú y Colombia. Debido a lo mencionado “es considerado como uno de los 17 países más biológicamente diversos (megadiversos) del planeta” (Tirira, 2011).

Los corredores biológicos son áreas de conexión entre regiones, que pueden ser franjas de vegetación, plantaciones, túneles por debajo de las carreteras; lo fundamental es que no exista aislamiento entre poblaciones ya sea de flora o fauna, ayudando así a recuperar lo destruido y conservar lo que aún no lo está (Neri-Suárez & Rodríguez-Ramírez, 2011).

Realizar el monitoreo y verificación de la presencia de especies en el territorio se torna vital para obtener su densidad y abundancia (Narváez & Zapata-Ríos, 2020), es

por ello, que para “el muestreo de mamíferos y animales de gran tamaño se lo realiza mediante transectos con técnicas de observación directa y de foto-observación” (Gómez, 2014). En esta última se instalan las “cámaras fotográficas con sensores de movimiento, los cuales se activarán en el momento en el que los animales pasen cerca de la cámara, posteriormente este dispositivo se remueve para descargar la información recopilada en gabinete” (Vasquez et al., 2014).

Dentro de este contexto, hoy en día se hace uso de herramientas geoinformáticas, ya que, estas sirven de complemento en la investigación de campo ordenando en gabinete la información recolectada para una mejor interpretación de los resultados e incluso procesando los datos recolectados para predecir presencia de especies (Jaramillo & Carrión, 2007).

Por lo mencionado, se modeló la probabilidad de localización del oso andino (*Tremarctos ornatus*), el puma (*Puma concolor*) y el tapir de montaña (*Tapirus pinchaque*), para el diseño de las propuestas de corredores biológicos en la provincia del Carchi mediante el uso de herramientas geoinformáticas, para “contribuir a la disminución de la pérdida de conectividad ecológica y conservación de la diversidad de mamíferos, funcionando como zonas que amortiguan los efectos negativos de la fragmentación” (Cartaya et al., 2016).

El oso andino (*Tremarctos ornatus*) “es la única especie de oso existente en América del Sur y es endémica de los Andes tropicales, se encuentran en las vertientes oriental y occidental de los Andes ecuatorianos” (García-Rangel, 2012). De acuerdo a Ministerio del Ambiente de Ecuador (2019), es considerada una especie bandera (especie que dispone de un valor ícono simbólico en el planeta) (Isasi-Catalá, 2011), y además es sensible a perturbaciones antrópicas e interviene en la dinámica y estructura de los bosques y el páramo (López de Vargas-Machuca, 2014). “La expansión de la

frontera agrícola junto con sus prácticas inadecuadas causa la pérdida de conectividad del hábitat de esta especie” (Portillo-Quintero et al., 2012). Por otro lado, la matanza ilegal es una amenaza importante, ya que, de acuerdo a la revisión de la literatura, se evidencia que se mata alrededor de 180 osos por año en su área de distribución. Por ejemplo, evaluaciones en el norte de Ecuador encontraron un número sin precedentes de muertes de osos (al menos 320 durante el período 2009-2014) (Zukowski & Ormsby, 2016). De acuerdo con la UICN (2021), su estado de conservación es vulnerable (VU) y En Peligro (EN) según Tirira (2001).

El puma (*Puma concolor*) es el más grande de todos los mamíferos terrestres en el hemisferio occidental. Si bien el puma es un gato adaptable, que se encuentra en todos los principales tipos de hábitat de las Américas, incluidos los altos Andes, fue eliminado de toda la mitad oriental de América del Norte (Sunquist & Sunquist, 2002). Ésta especie necesita extensas áreas para su conservación, por lo que, se encuentra categorizada como especie paraguas (Isasi-Catalá, 2011). Se ubica en lo alto de la cadena trófica, por tanto, representa procesos ecosistémicos como gran predador (Chiarello, 1999). Los pumas están amenazados por la pérdida y fragmentación del hábitat y la caza furtiva, “son perseguidos en su área de distribución mediante la caza en represalia a la depredación del ganado y por temor a que representen una amenaza para la vida humana” (UICN, 2007). Las muertes en las carreteras son la principal causa de mortalidad de la especie y al ser muy transitadas son una barrera importante para los movimientos y la dispersión de la especie (Sunquist & Sunquist, 2002). Su estado de conservación según la UICN (2021) es Preocupación Menor (LC) y Vulnerable (VU) según Tirira (2001).

El tapir de montaña (*Tapirus pinchaque*) es una de las cuatro especies de tapir existentes en el mundo y la más grande de los Andes de Sudamérica. Sus principales

depredadores naturales son el puma (*Puma concolor*) y el oso andino (*Tremarctos ornatus*), que atacan especialmente a crías, animales viejos o enfermos. “El tapir de montaña no es territorial y en los estudios realizados en Ecuador se estima que un individuo tiene un rango de 8.8 km²” (Downer, 1996).

Los requerimientos metabólicos de los tapires hacen que éstos se alimenten de una gran cantidad de plantas y frutos del bosque, por lo que, cumplen una importante función en procesos ecológicos como la dispersión y predación de semillas, enriquecimiento del suelo y reciclaje de nutrientes. Otras funciones importantes de los tapires tienen que ver con el marcaje de senderos en el bosque, que son utilizados por otros animales y la contribución de heces fecales para los organismos desintegradores del medio, razón por la cual se la considera como especie paraguas. (Tapir Specialist Group-Ecuador, 2011, p. 11)

“La disminución de la población puede activar efectos adversos en el ecosistema, causando rupturas de algunos procesos ecológicos claves, comprometiendo la integridad y biodiversidad del ecosistema a largo plazo, justificando la implementación de planes de manejo para esta especie” (Lizcano et al., 2005). La ampliación de la frontera agrícola y la sobrecacería son las fuentes causales para el decaimiento de las poblaciones de la especie, dejando poblaciones aisladas unas de otras (Lizcano et al., 2005), por lo que, de acuerdo con la UICN (2021) y Tirira (2001) en su libro rojo de los mamíferos del Ecuador su estado de conservación es En Peligro (EN).

Se seleccionaron las mencionadas especies por el importante valor ecosistémico y ecológico que desempeñan, así también por los registros realizados dentro de la provincia del Carchi (56 registros de oso andino, 36 registros de puma y 15 registros del tapir de montaña). Cabe mencionar que el número de registros de cada especie es el

adecuado, de acuerdo a van Proosdij et al (2016); Pérez-García & Liria (2013); Hernández et al. (2006), ya que, en sus estudios se ha evidenciado resultados adecuados con tamaño de muestras pequeñas. Por tanto, el modelamiento de especies con estas características sirve de base para realizar en lo posterior el modelamiento de especies con otros rangos de distribución, estados de conservación y número de registros.

Descripción del área de estudio

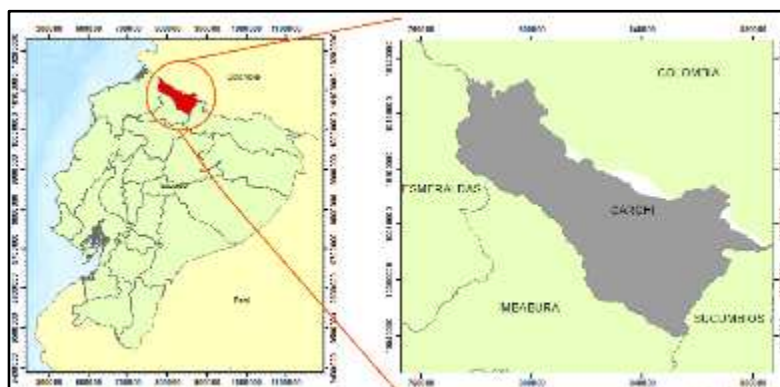
El área de estudio del presente proyecto corresponde a la provincia del Carchi, como se muestra en la **Figura 1**; se encuentra ubicada en el extremo norte del callejón interandino, con una extensión territorial de 3749.6 km². Los límites provinciales son: por el norte la República de Colombia; la provincia de Imbabura por el sur; la provincia de Sucumbíos al este y las provincias de Imbabura y Esmeraldas por el oeste. Sus alturas varían desde los 120 hasta los 4729 metros sobre el nivel del mar; los tipos de climas evidenciados son: megatérmico, mesotérmico y de alta montaña (Gobierno Autónomo Descentralizado de la Provincia del Carchi, 2015).

De acuerdo a Cañadas (1983), en la zona noroccidental de la provincia se identifica la región “muy húmeda tropical con una temperatura promedio anual entre 23 – 25.5 °C y una precipitación anual promedio mayor a 3000 milímetros”. Mientras que en límite con la provincia de Imbabura se identifica una temperatura media anual entre 18 – 22 °C y precipitaciones anuales promedio mayores a 1000 milímetros, pero menores a 1500 mm, clasificándola como región sub-húmeda sub-tropical. Otras regiones bioclimáticas presentes en el Carchi son la húmeda sub-tropical y la muy húmeda sub-tropical con una precipitación media anual de hasta 3000 mm y una temperatura promedio entre 15 y 22.8 °C, evidenciando la presencia de la formación ecológica de bosque húmedo pre-montano. Hacia la parte nororiental de la provincia se

ubican las regiones bioclimáticas húmeda temperada y muy húmeda temperada con una temperatura promedio anual que oscila entre 12 y 18 °C y precipitaciones de hasta 2000 milímetros, en estas regiones se identifican formaciones de bosque húmedo montano bajo. Finalmente, la presencia de páramo en el Carchi es evidente clasificando a estos como regiones de páramo lluvioso y muy lluvioso con temperaturas anuales muy bajas (incluso menores a 3 °C) y una precipitación media anual superior a 1500 mm, en estas regiones se presenta la formación de bosque tipo pluvial sub-alpino.

Figura 1

Área de estudio



Nota. La figura muestra la ubicación geográfica a nivel nacional del área de estudio.

Objetivos

Objetivo general

Generar propuestas de corredores biológicos a partir del cálculo de la probabilidad de localización de tres grandes mamíferos mediante el uso de herramientas geoinformáticas en la provincia del Carchi, evitando así la pérdida y fragmentación del hábitat.

Objetivos específicos

- Identificar las variables independientes que determinan la distribución del oso andino, puma y tapir de montaña mediante revisión bibliográfica para su posterior recolección de información.
- Elaborar la geodatabase de las variables que tendrán efecto sobre la localización de las especies y la generación de los corredores biológicos mediante el uso de Sistemas de Información Geográfica.
- Diseñar los transectos para realizar el muestreo en campo de las especies mediante criterios biológicos con el fin de capturar registros y confirmar las observaciones recopiladas.
- Realizar el muestreo en campo de las especies mediante observación y fototrampeo para complementar la base de datos geoespacial recolectada.
- Normalizar las variables independientes mediante el uso de herramientas estadísticas y método de análisis jerárquico con el fin de estandarizarlas.
- Determinar la probabilidad de distribución de las especies mediante la aplicación de los modelos: Lógica Difusa, Regresión Logística, Regresión Multivariada (MARS) y BIOCLIM, encontrando zonas adecuadas para su desarrollo.
- Evaluar los modelos mediante análisis estadístico buscando el que presente mayor ajuste de la distribución de cada especie para su posterior elección y uso en la creación de los corredores biológicos.
- Elaborar propuestas de corredores biológicos a partir de la elección del modelo con mayor ajuste, con el fin de conservar la biodiversidad de cada especie en el territorio analizado.

Metas

- Una tabla de variables que determinan la distribución de cada una de las especies.
- Geodatabase estructurada tanto de los insumos como de los productos.
- Mapas de los transectos diseñados a partir de criterios biológicos de priorización para el muestreo en campo.
- Una base de datos de las observaciones directas y mediante foto-trampeo obtenidas en campo.
- Una tabla de los valores para realizar la estandarización de todas las variables (independientes y dependientes).
- Cuatro modelos de distribución por cada especie entre los que se encuentran: Lógica Difusa, Regresión Logística, Regresión Multivariada (MARS) y BIOCLIM.
- Tablas y figuras del análisis estadístico para la evaluación de los modelos de distribución de especies.
- Un mapa de la propuesta de corredores biológicos para cada especie.

Capítulo II

Marco teórico

En el presente capítulo se realiza una recopilación de los principales sustentos teóricos con el fin de entender: la diferencia entre modelos de nicho ecológico y modelos de distribución de especies, los métodos a usar (Lógica Difusa, Regresión Logística, Regresión Multivariada MARS y BIOCLIM) y la conexión a través de corredores biológicos. Bajo la validación mediante estadísticos como: Matriz de Confusión, Curva Característica Operativa del Receptor (ROC), Estadístico Kappa, entre otros, con los cuales se evalúa el rendimiento de la predicción. Por otro lado, se detalla las características fundamentales de tres grandes mamíferos (oso andino, puma y tapir de montaña), especies de gran importancia a nivel ecológico.

Nicho ecológico

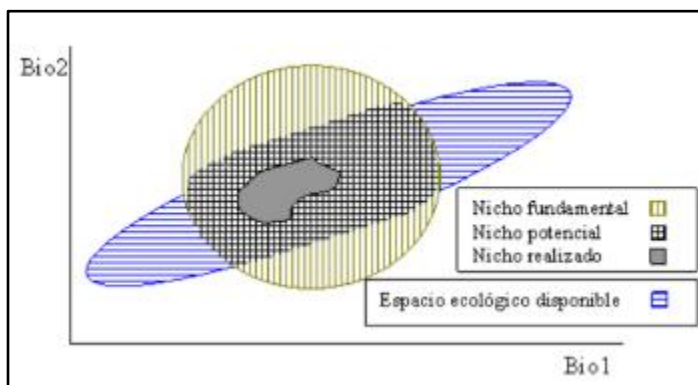
Existe una interacción directa entre las especies y los factores ambientales (temperatura, humedad, presión atmosférica, entre otros.). Cada organismo posee para un determinado factor un margen de tolerancia fisiológica. Entonces, a través de las varias adaptaciones a diferentes rangos de tolerancia se forman áreas multidimensionales en las cuales los organismos realizan su desarrollo, se reproducen y permiten la preservación de la especie. (López, 2007, p. 2)

En la actualidad, la definición nicho ecológico más usada tiene sus cimientos en el propuesto por Hutchinson (1957), donde lo define de la siguiente manera: “es la suma de todos los factores ambientales que actúan sobre un organismo; el nicho es una región sobre un espacio multidimensional”. En otras palabras, como menciona López (2007) “un nicho es el conjunto de características, variables ambientales o ecológicas, que describen los recursos precisos que necesita un organismo para sobrevivir”. Cabe mencionar que las condiciones ambientales del planeta restringen al nicho ecológico.

Además, se pueden diferenciar en el espacio ecológico regiones ambientales con presencia de aquellos ambientes que sólo son potenciales para la vida de la especie, por lo que, surgen las definiciones de los tipos de nicho ecológico: el nicho fundamental es definido como las condiciones ambientales bióticas y abióticas bajo las cuales una especie tiene la capacidad de sobrevivir; el nicho potencial es la intersección del nicho fundamental con el espacio ecológico disponible sobre el planeta y finalmente el nicho realizado es definido como la parte del espacio ecológico donde existe la especie (López, 2007, p. 3).

Figura 2

Espacio ecológico disponible y tipos de nicho ecológico



Nota. El gráfico representa el nicho ecológico con la interacción de sus tipos. Tomado de *Descripción y caracterización de nichos ecológicos: una visión más cuantitativa del espacio ambiental* por López, 2007.

Distribución geográfica de una especie

De acuerdo a Zunino & Paestrini (1991) el área de distribución es: "aquella fracción del espacio geográfico donde una especie está presente e interactúa en forma permanente con el ecosistema", además "el concepto involucra no sólo el lugar, sino

también la forma en como la especie se presenta” (Maciel-Mata et al., 2015). Mientras que con la revisión de otros estudios se ha podido demostrar que cada uno de los factores existentes en el espacio geográfico determinado es vital para el desarrollo de una especie, a tal punto que cualquier cambio tiene efectos casi inevitables sobre otras especies (Nakamura & Soberon, 2007).

Mientras que López (2007):

Denomina a la distribución geográfica de una especie como el lugar donde la vida es viable para esta, ya que, presenta las condiciones adecuadas para el desarrollo, crecimiento y supervivencia; y las clasifica en dos tipos: la distribución realizada es en donde la especie se encuentra en la actualidad y la distribución potencial es aquella donde existen condiciones para la subsistencia de la especie, pero esta no necesariamente se encuentra en ese sitio. (pág. 2)

De acuerdo a CONABIO (2021) las actividades realizadas por el ser humano modifican constantemente:

Las áreas de distribución de las especies, creando y destruyendo hábitats, estableciendo barreras y corredores y transportando accidental o voluntariamente a las especies a nuevos lugares, es por ello que, el mapeo de la distribución geográfica de las de especies es de gran utilidad para entender los patrones y los procesos que explican la biodiversidad, y se convierten en insumo primario con el fin de planear su conservación.

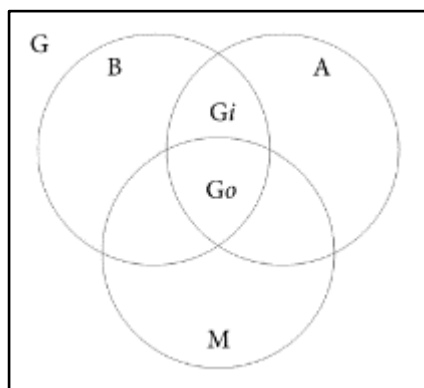
Diagrama BAM

En primer lugar, para poder comprender la base teórica del funcionamiento de los modelos de nicho ecológico (MNE) y los modelos de distribución especies (MDE), se debe ilustrar los dominios que determinan las áreas de distribución de las especies, para lo cual, Soberón & Peterson (2005) desarrollaron “un esquema conocido como el

diagrama BAM (Biótico-Abiótico-Movimiento), el cual se fundamenta en la intersección de tres factores en la geografía” como menciona Mota-Vargas et al. (2019). El primer factor “B” es la zona en donde existen las condiciones bióticas apropiadas para la especie, considerando todas las relaciones interespecíficas; el segundo factor “A” es la zona que presenta los escenarios ambientales óptimos para la supervivencia y reproducción de la especie; y finalmente, el tercer factor “M” representa los lugares que la especie accedió en un tiempo determinado, donde indagó según sus aptitudes de movimiento y esparcimiento (Mota-Vargas et al., 2019; Gutiérrez-Hernández et al., 2018). La zona ocupada por la especie es la intersección de los tres subconjuntos (G_o), mientras que, el área de invasión potencial (G_i) es el cruce de condiciones bióticas y abióticas apropiadas sin acceso para la especie (Mota-Vargas et al., 2019).

Figura 3

Diagrama BAM



Nota. El subconjunto “B” representa las condiciones bióticas, el subconjunto “A” las condiciones ambientales y el subconjunto “M” los lugares accesibles para la especie. Tomado de *Una breve introducción a los modelos de nicho ecológico* por Mota-Vargas et al., 2019.

En consecuencia, las regiones idóneas son las que presentan un clima favorable donde la especie puede subsistir, es decir, no existe interacciones bióticas que la aparten. Por el contrario, en zonas donde no se cumplan las condiciones adecuadas se identifica la ausencia de la especie (Sillero et al., 2010).

Modelos de nicho ecológico (MNE) versus modelos de distribución de especies (MDE)

A menudo, como menciona Graham et al. (2004) “los MNE y los MDE son usados indistintamente e incluso conceptualmente pueden ser muy semejantes. Los MNE son modelos usados para desarrollar relaciones entre los valores ambientales y los datos de presencia, presencia-ausencia y/o abundancia conocidos de las especies”. Mientras que los MDE son modelos en los cuales se proyecta el nicho modelado al espacio geográfico, para describir la distribución actual de una especie o predecir su distribución potencial (Congreso Argentino de Malacología, 2019). Por lo que, el uso de nichos ecológicos como base teórica para realizar los modelos de distribución de especies se han vuelto útiles al momento de solucionar incógnitas acerca de biogeografía, ecología y conservación (Guisan & Thuiller, 2005).

Se debe tomar en cuenta que un MNE puede estar sobrerrepresentando el área de distribución geográfica de una especie, ya que, en el modelo se están considerando todos aquellos sitios en donde se encuentran las mismas condiciones ecológicas bajo las cuales se registró originalmente la presencia de la especie. Sin embargo, esta área puede estar ubicada en sitios donde se conoce que históricamente la especie no puede sobrevivir. (Illoldi-Rangel & Escalante, 2008, p. 8)

Las barreras geográficas, la extinción reciente, falta de muestreo o incluso la competencia con otra especie, hacen que la distribución real en el modelo pueda no ser

exacta y deba ser tomada como una hipótesis más no como una verdad (Maciel-Mata et al., 2015). Por esta razón, es de mucha importancia que a los resultados finales se les realice un análisis por parte de expertos del taxón que ajusten el modelo en caso de ser necesario mediante la edición del modelo final en base a un criterio experto (Pachacama, 2020).

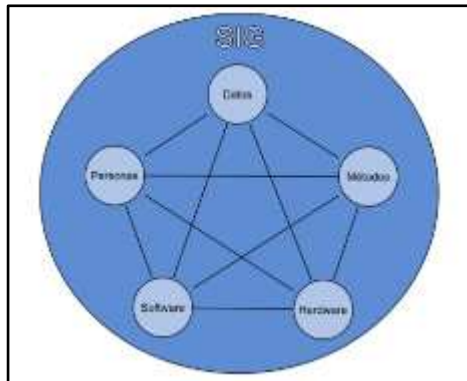
Sistemas de Información Geográfica (SIG)

El concepto ha ido evolucionando, por lo que, existen diferentes definiciones, entre las clásicas se encuentran la expuesta por Deuker & Kjerne (1989) para quienes un “SIG es un sistema de hardware, software, datos, personas, organizaciones y convenios institucionales para la recopilación, almacenamiento, análisis y distribución de información de territorios de la Tierra”. La expuesta por Tomlin (1990) que lo define como “un conjunto de software y hardware que permite analizar, presentar e interpretar hechos relativos a la superficie terrestre”. Y la expuesta por Star & Estes (1990) que contrasta las definiciones citando al SIG como “un sistema de información diseñado para trabajar con datos referenciados mediante coordenadas espaciales o geográficas. En pocas palabras lo define como un mapa de orden superior”.

En la actualidad es necesario que la definición de Sistema de Información Geográfica se centre “en el concepto de sistema como elemento integrador que engloba a un conjunto de componentes interrelacionados” como menciona Espinoza (2019), razón por la cual Olaya (2014) lo describe “como un sistema que integra tecnología informática, personas e información geográfica, y cuya principal función es capturar, analizar, almacenar, editar y representar datos georreferenciados”.

Figura 4

Elementos que conforman el Sistema de Información Geográfica



Nota. El gráfico describe la interacción de los elementos que conforman un SIG.

Tomado de *Sistemas de Información Geográfica* por Olaya, 2014.

Modelamiento de distribución de especies

Como menciona Mateo et al. (2012) en uno de sus trabajos, un modelo es la representación parcial de la realidad que muestra varias peculiaridades del mismo, cuyo objetivo es reducir la complejidad del objeto real para poder trabajar con él. Por otro lado, a la cartografía se la define como el conjunto de métodos y técnicas para construir mapas, consecuentemente los mapas se los puede considerar modelos de la superficie terrestre donde se representan algunas de sus propiedades. Por lo tanto, los modelos de distribución de especies son mapas donde la propiedad representada es la idoneidad de cada lugar para que una especie pueda estar presente.

Cabe mencionar que “la idoneidad no es más que la relación matemática o estadística entre la distribución real conocida y un conjunto de variables independientes que se usan como indicadores” de acuerdo a Mateo et al. (2011). La idoneidad no puede ser medida en el terreno de manera directa convirtiéndose en una variable

desconocida, por lo tanto, los MDE se crean por deducción de los datos (Mateo et al., 2012).

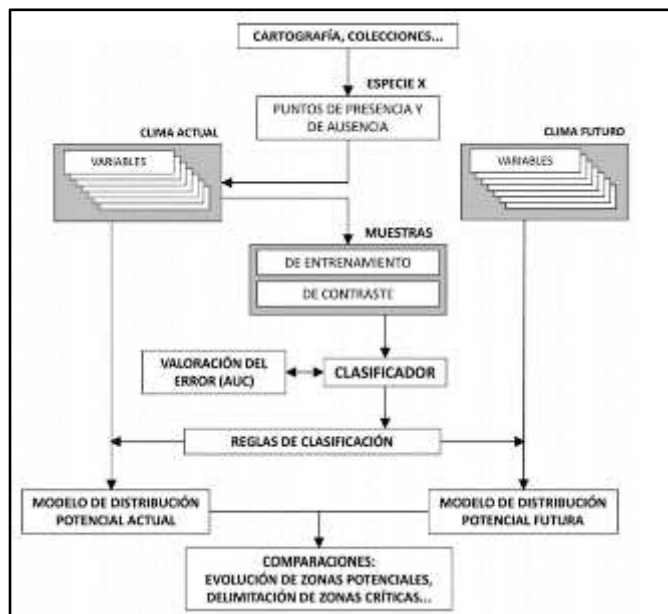
En definitiva, Mateo et al. (2011) menciona que “la construcción de MDE se convierte en un proceso de clasificación (Guisan & Zimmermann, 2000), en donde la variable dependiente es dicotómica (presencia/ausencia) y las independientes pueden ser cuantitativas (temperatura o elevación) o nominales (litología o uso del suelo)”.

La construcción de dichos modelos se realiza mediante una secuencia ordenada de pasos, estos presentan varias posibilidades que intervienen en la eficacia del resultado final. En un primer lugar, los datos de distribución de la especie se agrupan estadísticamente o matemática con las variables independientes (descripción de condiciones ambientales). Si esta relación ocurre, se extrapola al resto del área de estudio, obteniendo un valor en cada lugar, interpretándose como la posibilidad de que exista presencia en ese punto. Realmente lo único que se señala es la semejanza ambiental de las zonas donde existe presencia conocida de la especie con puntos en el territorio (Mateo et al., 2011, p. 218).

Es por ello que la probabilidad modelada debe ser analizada como una zona idónea para el desarrollo de la especie. Razón por la cual es posible que se creen zonas potenciales debido a su similitud ambiental (Mateo et al., 2011). En la **Figura 5** se presenta el proceso de construcción de los modelos de distribución de especies.

Figura 5

Esquema para la realización y validación de los MDE



Nota. La figura describe el procedimiento de construcción de los MDE. Tomado de *Modelos de distribución de especies: Una revisión sintética* por Mateo, et al., 2011.

Actualmente han surgido nuevas herramientas para el análisis de los modelos de distribución de especies debido a la divulgación de los Sistemas de Información Geográfica y el desarrollo de técnicas estadísticas aplicadas (Franklin, 1995; Guisan & Zimmermann, 2000; Foody, 2008). Los MDE se encuentran en auge y constante crecimiento con técnicas/métodos inéditos para la manipulación y análisis de la información de las especies (Mateo, 2008; Ferrier & Guisan, 2006).

Los SIG en los MDE

Desde hace aproximadamente 60 años surgen las primeras ideas para realizar la modelación de la distribución de especies basándose en datos de su presencia/ausencia y sus relaciones con variables ambientales. Razón por la cual los

métodos estadísticos y programas computacionales han evolucionado para realizar el modelamiento (Godron, 1965; Guisan & Zimmermann, 2000; Elith & Leathwick, 2009).

En la actualidad, con la evolución y disponibilidad de los SIG se puede realizar obras cartográficas complejas (Mateo et al., 2011). Los métodos iniciales se asentaron fundamentalmente en la similitud de punto a punto (Nix, 1986), método que hoy en día aún se usa (Vargas et al., 2004; Tsoar et al., 2007). Por lo tanto, en la actualidad se pretende superar inconvenientes que vienen dados por la relación de las variables predictoras, sesgos de muestreo o inclusión de variables nominales (Muñoz & Felicísimo, 2004; Phillips et al., 2009).

Técnicas para el modelamiento de la distribución de especies

De acuerdo a Elith et al. (2006), las técnicas para el modelamiento se las puede clasificar fundamentalmente en tres grupos: el primer grupo son las técnicas discriminantes las cuales requieren datos de presencia y ausencia para construir el clasificador, en este grupo se encuentra la regresión multivariada (MARS) y la Regresión Logística; el segundo grupo son las técnicas descriptivas, estas fueron las primeras usadas para realizar modelamiento, demandan solo datos de presencia, el método BIOCLIM pertenece a este grupo; y el tercer grupo son las técnicas mixtas en donde se emplean las técnicas descriptivas y discriminantes, efectuando sus propias pseudo-ausencias, se destaca el método Desktop-GARP como parte de este grupo. El método que no se encuentra categorizado en las técnicas antes descritas es la Lógica Difusa (método que puede imitar la lógica del ser humano), debido a que no usa datos de presencia ni de ausencia, sin embargo, se ha convertido en un excelente predictor de la distribución espacial de las especies.

Para la obtención de productos cartográficos estos métodos o modelos se han desarrollado en softwares para generalmente a posteriori integrarlos a Sistemas de

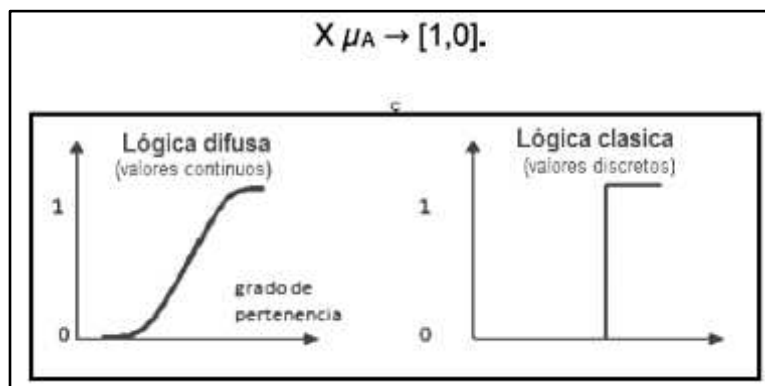
Información Geográfica y con ello establecer la relación entre la presencia/ausencia/pseudo-ausencia de la especie y sus factores condicionantes (Miller, 2010).

Lógica Difusa

De acuerdo a lo que menciona Ponce (2010) la Lógica Difusa o Lógica Borrosa o Lógica Fuzzy es “un conjunto de principios matemáticos basados en grados de membresía o pertenencia, cuya función es modelar información. Este modelado se hace con base en reglas lingüísticas que aproximan una función mediante la relación de entradas y salidas del sistema (composición)”. A su vez describe que también “presenta rangos de membresía dentro de un intervalo a diferencia de la lógica convencional, en la que el rango se limita a dos valores”.

Figura 6

Lógica clásica versus lógica difusa



Nota. La figura realiza una comparación mediante un gráfico entre la lógica difusa y la lógica clásica. Tomado de *Uso de conjuntos difusos para cuantificar el potencial de cuerpos académicos desde la conformación de redes científicas de colaboración* por Flores & Pérez, 2016.

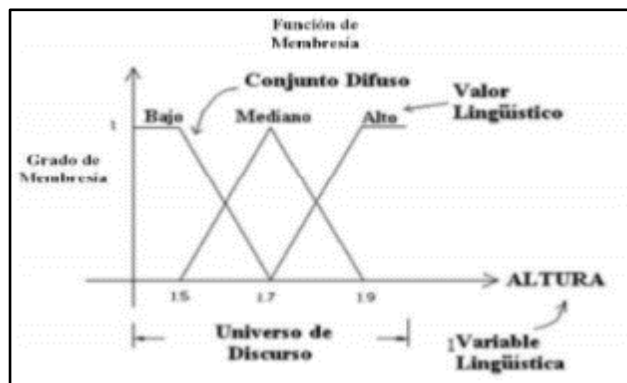
A inicios del siglo XX surge las primeras ideas de la lógica borrosa, más tarde, a mediados de los años sesenta, Zadeh define “bases de la lógica polivalente y del cálculo de la incertidumbre mediante la definición de conjunto difuso a partir de la idea de pertenencia gradual, denominada teoría de la posibilidad, siendo una base matemática para modelar el razonamiento humano” como menciona Medina (2006).

En la vida cotidiana generalmente clasificamos de forma imprecisa las cosas, más bien las clasificamos por grupos, es decir, no se definen precisamente funciones de pertenencia. Si tomamos como ejemplo al grupo personas, estas se pueden clasificar en mujeres y hombres y dentro de estas categorías valores como: “mujer hermosa”, “hombre alto”, “mujer delgada”, entre otros. Los mencionados valores no pueden ser clasificados de manera exacta, por lo que, estos valores son denominados como conjuntos difusos (Terrones-Benicio et al., 2017). Con lo anteriormente descrito, cabe mencionar que, en la teoría de conjuntos tradicional, un elemento pertenece o no a un conjunto, por el contrario, un conjunto difuso no presenta su frontera definida y el grado de pertenencia entrega un valor entre 0 y 1 transformando de valores difusos a valores numéricos (D’Negri & De Vito, 2006).

De acuerdo a Fuentes (2016) la función de membresía “es una curva que define cómo cada punto en el espacio de entrada se asigna a un valor de pertenencia entre 0 y 1 mientras que el espacio de entrada se refiere a veces al universo del discurso”. A continuación, en la **Figura 7** se presenta una función de membresía.

Figura 7

Representación de una función de membresía



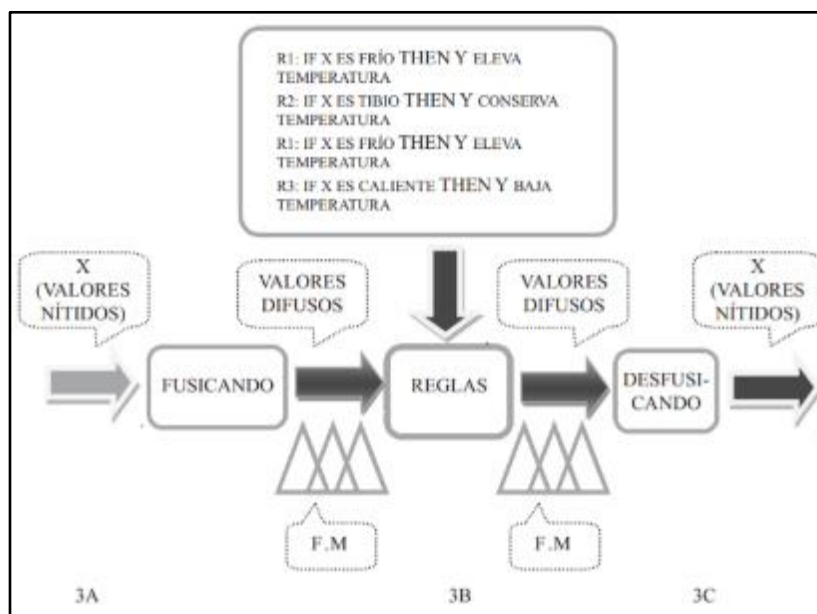
Nota. La figura describe la interacción de los elementos presentes en la lógica difusa. Tomado de *Modelado de sistema difuso para monitoreo de pH en cultivos de plantas ornamentales* por Terrones-Benicio et al., 2017.

La Lógica Difusa consta de tres etapas. En la primera las variables presentan un grado de irresolución metalingüístico, es decir, su rango de valores se clasifica por conjuntos difusos atravesando por una fusificación (“transformar sus valores a un rango de pertenencia entre 0 y 1”) (Ponce, 2010). Buscando establecer en qué grado el valor adquirido corresponde a un conjunto difuso. En la segunda etapa se plantean reglas lingüísticas, las que sirven de pauta haciendo comportar al sistema de una manera más idónea, según el modelo de referencia o los objetivos del interesado. Las reglas de inferencia son determinadas de acuerdo a los expertos y “el grado de pertenencia de cada una de las variables se evalúa en un conjunto de las mencionadas reglas” (Ponce, 2010). El mismo autor Ponce (2010) describe que este “conjunto de reglas de inferencia determina una consecuencia, es decir, asigna un grado de pertenencia a un conjunto difuso que caracteriza a las salidas”. Después de conseguir las consecuencias, se da paso a la tercera etapa que es el “proceso para determinar los valores óptimos de

salida, conocido como defusificación, y que consiste en pasar el grado de pertenencia, proveniente de la consecuencia de la regla de inferencia, a un valor nítido o real” (Ponce, 2010).

Figura 8

Esquema del controlador difuso



Nota. La figura describe el esquema para desarrollar el proceso de la Lógica Difusa. (3A) iniciando con las entradas, para continuar con el proceso de acuerdo al método (3B) y finalmente (3C) obteniendo las salidas. Tomado de *Inteligencia artificial con aplicaciones a la ingeniería* por Ponce, 2010.

Entonces, Almache (2013) precisa que con la Lógica Difusa se puede “regular un sistema a través de reglas de sentido común, relacionadas con cantidades indefinidas, pueden ser enunciadas por expertos o aprendidas con estrategias adaptativas mediante la observación, de forma similar a la que un individuo opera un mecanismo real”.

Las funciones no lineales son modeladas de manera matemática con esta técnica utilizando el razonamiento aproximado (Almache, 2013).

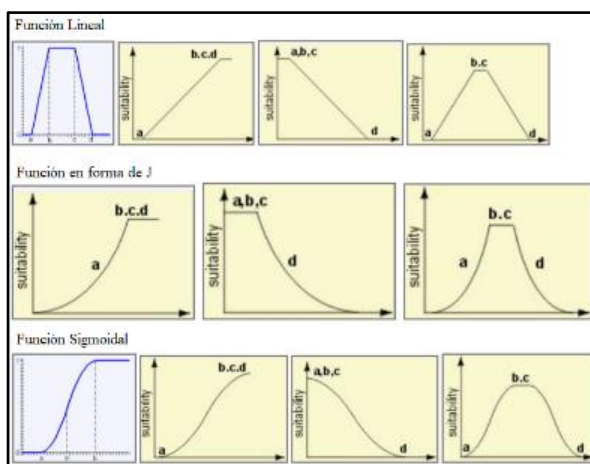
Descripción matemática de Lógica Difusa

Teniendo en cuenta a Padilla (2006) “la clasificación difusa evalúa la posibilidad de que cada elemento o píxel pertenezca a un determinado sistema o fenómeno”, tal como lo expresa Guo et al. (2004).

Los conjuntos difusos presentan una gran flexibilidad debido a que existen diversas funciones de pertenencia (ver **Figura 9**), entre las que se destacan: funciones lineales, funciones en forma de J y funciones sigmoidales (Sainz, 2000), de las cuales se hace uso para múltiples aplicaciones, sin embargo, las más utilizadas y adecuadas para el modelamiento de distribución de especies son las funciones sigmoidales (Padilla, 2006).

Figura 9

Funciones de pertenencia difusa



Nota. La figura indica las diferentes funciones de pertenencia difusa. Modificado de *Sitios candidatos para nuevos servicios médicos utilizando técnicas de evaluación multicriterio, en la Zona Metropolitana de Toluca, México* por Santana & Aguilar, 2020.

De acuerdo a lo expuesto anteriormente se usa la curva del seno cuadrado (función sigmoideal) con el fin de conseguir un rango entre cero y uno, evitando valores negativos. La probabilidad se ubica en el eje x y el ángulo de la función, en este caso α , se encuentra en función de la variable en el eje y (Padilla, 2006).

De esta forma la probabilidad se la define de la siguiente manera:

$$P = f(\text{sen}\alpha) \quad (1)$$

Donde:

P : probabilidad de ocurrencia del evento o fenómeno.

α : variable en función del evento o fenómeno.

Mínima $P = \text{cero o } 0\%$.

Máxima $P = \text{uno o } 100\%$.

Para evitar valores negativos se usa la función del seno cuadrado, obteniendo un rango de $[0,1,0]$.

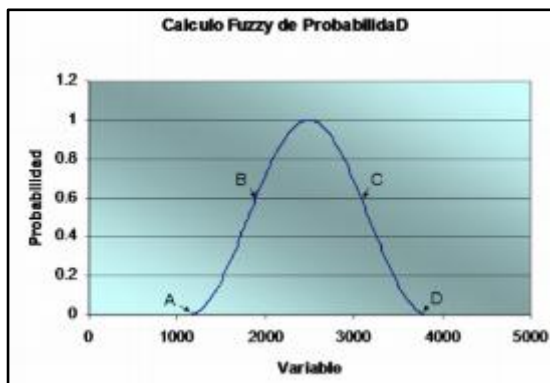
$$P = f(\text{sen}^2\alpha) \quad (2)$$

En la **Figura 10** se señalan los puntos importantes en la función, donde:

el punto A se torna en el de valor mínimo en la variable a modelizar, los puntos B y C son los rangos de valores donde se encuentran la mayor cantidad de datos de la variable y el punto D en el de valor máximo en la variable (Padilla, 2006).

Figura 10

Puntos importantes en la función



Nota. El gráfico muestra los puntos de interés en la función. Tomado de *Fundamento Teórico Para Modelización De Variables Mediante Operadores Difusos* por Padilla, 2006.

“Los puntos de inflexión de la curva pueden ser tomados como un caso particular para situar los puntos B y C de las variables. Se presentan tres casos, como ejemplo el de la curva simétrica” (Padilla, 2006). Para obtener los puntos de inflexión se debe derivar dos veces la función, logrando lo siguiente:

$$P = (\text{sen}^2\alpha)$$

$$P' = 2 * \text{sen}\alpha * \cos\alpha$$

$$P'' = 2 * (\cos^2\alpha - \text{sen}^2\alpha)$$

$$\cos^2\alpha - \text{sen}^2\alpha = 0$$

$$\text{sen}^2\alpha = \frac{1}{2}$$

Obteniendo:

$$\alpha_1 = \frac{\pi}{4}; \alpha_2 = \frac{3\pi}{4}$$

Finalmente:

$$p_1: (A, 0)$$

$$p_2: \left(B, \frac{\pi}{4}\right)$$

$$p_3: \left(C, \frac{3\pi}{4}\right)$$

$$p_4: (D, \pi)$$

$$p_5: \left(\frac{B+C}{2}, \frac{\pi}{2}\right), \text{ pertenece al punto medio de la curva.}$$

Como describe Padilla (2006) para obtener las “zonas bajo la curva se parte de la ecuación general de la recta (**Ecuación 3**), en donde el eje x será la variable V y el eje y será α ”.

$$y - y_1 = \frac{y_2 - y_1}{x_2 - x_1} (x - x_1) \quad (3)$$

La zona I (p_1p_2), es aquella donde inicia la función y es en donde se presenta la menor cantidad de datos.

$$p_1: (A, 0); p_2: \left(B, \frac{\pi}{4}\right)$$

$$y - y_1 = \frac{y_2 - y_1}{x_2 - x_1} (x - x_1)$$

$$\alpha - 0 = \frac{\frac{\pi}{4} - 0}{B - A} (V - A)$$

$$\alpha = \frac{\pi}{4} * \frac{V-A}{B-A} \quad (4)$$

La zona IIa (p_2p_5), es aquella donde inicia la función y es en donde se presenta la mayor cantidad de datos.

$$p_2: \left(B, \frac{\pi}{4}\right); p_5: \left(\frac{B+C}{2}, \frac{\pi}{2}\right)$$

$$y - y_1 = \frac{y_2 - y_1}{x_2 - x_1} (x - x_1)$$

$$\alpha - \frac{\pi}{4} = \frac{\frac{\pi}{2} - \frac{\pi}{4}}{\frac{B+C}{2} - B} (V - B)$$

$$\alpha = \frac{\pi}{4} + \frac{\frac{\pi}{2}*(V-B)}{C-B} \quad (5)$$

La zona IIb (p_5p_3), es aquella donde finaliza la función y es en donde se presenta la mayor cantidad de datos.

$$p_5: \left(\frac{B+C}{2}, \frac{\pi}{2} \right); p_3: \left(C, \frac{3\pi}{4} \right)$$

$$y - y_1 = \frac{y_2 - y_1}{x_2 - x_1} (x - x_1)$$

$$\alpha - \frac{\pi}{2} = \frac{\frac{3\pi}{4} - \frac{\pi}{2}}{C - \frac{B+C}{2}} \left(V - \frac{B+C}{2} \right)$$

$$\alpha = \frac{\pi}{2} + \frac{\frac{\pi}{4}*(2V-B-C)}{C-B} \quad (6)$$

La zona III (p_3p_4), es aquella donde finaliza la función presentando la menor cantidad de datos.

$$p_3: \left(C, \frac{3\pi}{4} \right); p_4: (D, \pi)$$

$$y - y_1 = \frac{y_2 - y_1}{x_2 - x_1} (x - x_1)$$

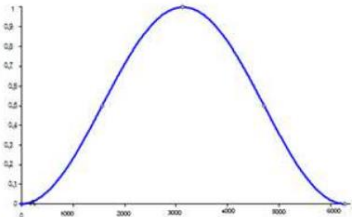
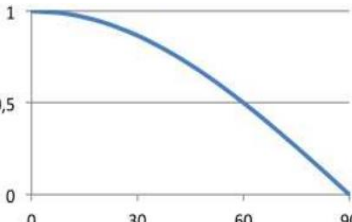
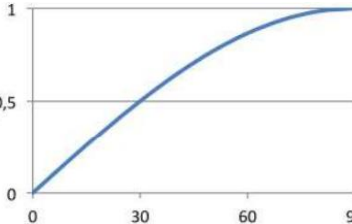
$$\alpha - \frac{3\pi}{4} = \frac{\pi - \frac{3\pi}{4}}{D - C} (V - C)$$

$$\alpha = \frac{3\pi}{4} + \frac{\frac{\pi}{4}*(V-C)}{D-C} \quad (7)$$

Cabe mencionar que las variables tienen distintos comportamientos, por lo que, se usa las funciones del seno de alfa y coseno de alfa, donde α se encuentra en función de la variable que se desea modelar, como se muestra en la **Tabla 1** se los clasifica en tres casos (Ruiz et al., 2007; Padilla, 2006).

Tabla 1

Casos de Lógica Difusa

Casos	Descripción	Función	Rango
	La probabilidad de ocurrencia crece desde cero hasta un máximo uno y posteriormente decrece hasta cero	Seno	0 a π
	La probabilidad de ocurrencia es inversamente proporcional al suceso analizado	Coseno	0 a $\pi/2$
	La probabilidad de ocurrencia es directamente proporcional al suceso analizado	Seno	0 a $\pi/2$

Nota. Listado de los casos con su respectiva descripción, función y rango. Tomado de *Fundamento Teórico Para Modelización De Variables Mediante Operadores Difusos* por Padilla, 2006.

De acuerdo a Padilla (2006) existen múltiples aplicaciones con el método descrito, ya que, se encuentra en función a la ocurrencia de un determinado fenómeno en el cual interactúen más de dos variables. Además, destaca que “la probabilidad de modelar este elemento corresponde al promedio de todas las variables”, a través de la fórmula:

$$P_t = \frac{PV_1 + PV_2 + PV_3 + \dots + PV_n}{n} \quad (8)$$

Donde:

P_t : probabilidad total de obtención de un fenómeno.

PV_1 a PV_n : probabilidades individuales obtenidas mediante la metodología de operadores difusos propuesta de cada variable.

n : número de variables.

Regresión Logística

La Regresión Logística surge en la década del 60, pero (Alonso, 2019; de la Fuente, 2011) sostiene que “su uso se impone de manera creciente desde la década de los 80 debido a las facilidades computacionales con que se cuenta desde entonces”.

Chitarroni (2012) enfatiza que:

La Regresión Logística es un instrumento estadístico de análisis multivariado, de uso tanto explicativo como predictivo. Resulta útil su empleo cuando se tiene una variable dependiente dicotómica (un atributo cuya ausencia o presencia hemos puntuado con los valores cero y uno, respectivamente) y un conjunto de variables predictoras o independientes, que pueden ser cuantitativas (que se denominan covariables o covariadas) o categóricas. (pág. 1)

La Regresión Logística consiente dos propósitos según Villar & Pérez (2015):

El primero es cuantificar la importancia de la relación existente entre las covariables y la variable independiente; y el segundo es clasificar los individuos dentro de las categorías (presente/ausente) de la variable dependiente de acuerdo a la probabilidad que presente de pertenecer a una de ellas dada la presencia de determinadas covariables.

Por lo mencionado en los párrafos anteriores, el método es útil debido a que se manejan tanto variables cualitativas como cuantitativas, buscando que participen todas en una única ecuación conjunta (Salcedo, 2002).

Descripción matemática de Regresión Logística

De acuerdo a de la Fuente (2011) el modelo logístico matemáticamente se entiende de la siguiente manera: sea y una variable dependiente binaria de valores posibles 0 y 1 y sea x un conjunto de n variables independientes (x_1, x_2, \dots, x_n) observadas con el fin de predecir el valor de y .

El objetivo consiste en determinar:

$$P\left[y = \frac{1}{x_1, x_2, \dots, x_n}\right] \rightarrow P\left[y = \frac{0}{x_1, x_2, \dots, x_n}\right] = 1 - P\left[y = \frac{1}{x_1, x_2, \dots, x_n}\right]$$

Para esto se construye el modelo $P\left[y = \frac{1}{x_1, x_2, \dots, x_n}\right] = p(x_1, x_2, \dots, x_n; \beta)$, donde:

$p(x_1, x_2, \dots, x_n; \beta)$: es una función de enlace que depende de un vector de parámetros $\beta = (\beta_1, \beta_2, \dots, \beta_n)$.

Dado que el individuo presenta los valores $(X = x_1, X = x_2, \dots, X = x_n)$, el modelo de regresión logístico binario establece la siguiente relación:

$$P\left[y = \frac{1}{x_1, x_2, \dots, x_n}\right] = \frac{1}{1 + e^{(-\beta_0 - \beta_1 x_1 - \beta_2 x_2 - \dots - \beta_n x_n)}} \quad (9)$$

El objetivo es encontrar los β_n que más se ajusten a la expresión funcional (de la Fuente, 2011).

Regresión Multivariada (MARS)

MARS es una metodología desarrollada por Jerome Friedman en 1991, y lo define como “un método de modelación no paramétrico que extiende el modelo lineal incorporando no linealidades e interacciones de variables. Se torna en una generalización de la Regresión Recursiva Particionada (RPR) que divide el espacio de las variables predictoras en diferentes subregiones”. El modelo propone un procedimiento para una regresión adaptativa no paramétrica sin hacer suposiciones de relación con las variables independientes y dependientes, lo que realiza es una construcción relacionando conjuntos de coeficientes y funciones base que provienen de

los datos de la relación, esto hace que, MARS sea muy adecuado para problemas con dimensiones grandes en los insumos de entrada y para el análisis de más de dos variables (Friedman, 1991; Montero, 2013).

MARS para todas las variables crea puntos de corte (nudos). Los puntos son reconocidos mediante funciones basales, las cuales revelan tanto el inicio como el fin de una región. Una función base de una variable es ajustada en cada una de las regiones en que el espacio se va dividiendo, siendo está lineal. De tal manera que el modelo final es la composición de las funciones base formadas. Los puntos de corte son determinados con el algoritmo forward/backward stepwise por etapas. En primer lugar, el modelo es sobreestimado, contiene varias funciones base mediante el algoritmo forward stepwise, posteriormente, gracias al algoritmo backward stepwise se eliminan los nodos que tienen una menor contribución al ajuste del modelo. El investigador puede fijar un número máximo de funciones a generarse, de esta manera, cuando se cumple dicho número, el algoritmo se detiene (Vanegas & Vásquez, 2017).

Finalmente se concluye que la Regresión Multivariada (MARS) es un instrumento flexible, donde los modelos son automatizados, seleccionando variables importantes que “automatiza la construcción de modelos de predicción, tratamiento de los valores perdidos y un autotest para protegerse del sobreajuste. Revela relaciones y patrones que otros métodos puedan revelar” (Alvarado et al., 2010; Bonilla et al., 2003).

Descripción Matemática de MARS

De acuerdo a Friedman (1991) el modelo se lo puede describir de la siguiente manera:

$$f(x) = \sum_{m=1}^M a_m B_m(x) \quad (10)$$

Donde:

a_m : es el coeficiente de expansión del cual después de un ajuste tiene la mejor afinación a los datos.

B_m : es la función base.

La función base presenta la siguiente forma:

$$B_m(x) = I[x \in R_m] \quad (11)$$

Donde:

I : es la función que indica si el argumento es verdad toma el valor de 1, por el contrario, si el argumento no es verdad toma el valor de 0.

R_m : son las subregiones o cortes desde las cuales existe una sola función basal que no sea 0 para cada punto x .

La función B_m puede tomar la forma de función bisagra la cual tiene la forma de $\max(0, x - constante)$ o $\max(0, constante - x)$, el método MARS elige de manera automática las variables y valores para cada nudo de las funciones bisagra. La forma $\max(0, x - constante)$ o $\max(0, constante - x)$ significa que se toma la parte positiva del condicional $x - constante$ o $constante - x$ (Friedman, 1991).

BIOCLIM

El modelo BIOCLIM usa el algoritmo de envoltura climática (Busby, 1991). El método fue ideado originalmente por Nix e implementado por McMahon, cabe destacar que este método se encuentra entre los primeros predictores y más sencillos de implementar, incluso en la actualidad es usado en la generación de modelos de distribución de especies (Xu & Hutchinson, 2000; Beaumont et al., 2005).

En efecto, las suposiciones principales utilizadas son: “la distribución de las especies está determinada por el clima, la distribución estadística de las variables

climáticas es normal, y todas las variables con intervalos restringidos influyen a la especie de interés” (Illoldi-Rangel & Escalante, 2008).

Finalmente, de acuerdo a Busby (1991) este método compone un rango ecológico de n dimensiones (variables predictoras) para la especie, donde se analiza la distribución de las observaciones en cada variable ambiental.

Benito & Peñas (2007) expresa que:

El hiper-rectángulo resultante está caracterizado por tolerancia mínima y máxima que determinan los límites de idoneidad. El modelo se genera otorgando a cada celda un valor de distancia ecológica relativo a la posición que ocupa en el rango multidimensional de la especie. (pág. 104)

Evaluación de los modelos MDE

La evaluación o validación se basa en la determinación de la confiabilidad de los resultados de los modelos (Allouche et al., 2006), lo ideal es contrastar las predicciones realizadas en función de datos de presencia y ausencia con un conjunto independiente de datos al que se está usando, con la dificultad de que los datos de presencia que se tienen son limitados, involucrando fraccionar el conjunto de datos en dos sets, para la calibración y evaluación (Guisan & Zimmermann, 2000). Lo que se evalúa es el error (Fielding & Bell, 1997), existiendo dos tipos de errores: “el de comisión, que predice una ausencia como presencia, y el de omisión, prediciendo una presencia como ausencia, este último es más criticable porque es un error del que se tiene total certeza” (Mateo et al., 2011). Por la dificultad antes mencionada, existen diferentes estadísticos que se describen a continuación para evaluar la calidad de los modelos, sin fraccionar los datos (Fielding & Bell, 1997).

Matriz de confusión

También llamada matriz de error, es la forma más básica de evaluar un modelo (Hirzel et al., 2006), se trata de “una tabla de contingencia que sirve como herramienta estadística para el análisis de observaciones emparejadas” (Ariza-López et al., 2018), donde se comparan las presencias y ausencias pronosticadas con las reales, permitiendo calcular indicadores como la sensibilidad (“porcentaje de positivos verdaderos correctamente predichos”) y la especificidad (porcentaje de negativos verdaderos correctamente predichos”) (Hirzel et al., 2006), formando así una matriz $M \times M$ donde M denota el número de clases consideradas (Ariza-López et al., 2018). Las clases son binarias (presencias y ausencias) para el caso de los modelos de distribución de especies, obteniendo un matriz de 2×2 como se visualiza en la **Figura 11**, donde indica las cuatro posibles predicciones: (a) verdadero positivo (presencias correctamente identificadas por la predicción), (b) falso positivo (presencias mal identificadas por la predicción), (c) falso negativo (ausencias mal identificadas por la predicción), y (d) verdadero negativo (ausencias correctamente identificadas por la predicción) (CONABIO, 2019).

Para los casos de falsos positivos y falsos negativos, provocan sobre y pobre predicción respectivamente, el primero genera el error por comisión y el segundo el error por omisión (CONABIO, 2019).

Figura 11

Matriz de confusión o tabla de contingencia

		Datos reales	
		Especie presente	Especie ausente
Datos de predicción	Especie predicha	(a) Verdadero Positivo (VP)	(b) Falso Positivo (FP)
	Especie no predicha	(c) Falso Negativo (FN)	(d) Verdadero Negativo (VN)

Nota. La figura muestra las cuatro posibles predicciones de los modelos, las cajas en color tomate suave son los errores producto de las predicciones. Tomado de *Curvas ROC (Receiver-Operating-Characteristic) y sus aplicaciones* por del Valle, 2019.

Curva Característica Operativa del Receptor (ROC)

Es una prueba dicotómica (si o no) (del Valle, 2019) que mide “la capacidad discriminativa que tiene un modelo para todos sus posibles puntos de corte, expresada mediante una gráfica, evaluando datos de presencia/ausencia” (Mateo et al., 2011), es de los estadísticos que más se usa para la validación de modelos de distribución de especies, describe la identificación correcta de presencias (sensibilidad S) o verdaderos positivos en el eje de las ordenadas, mientras que el eje de abscisas está representado por el complementario de la especificidad (E) (1-especificidad) o falsos positivos (Mateo et al., 2011), es decir, $y = f(x)$, donde:

$$ROC(c) = \begin{cases} y = S(c) \\ x = 1 - E(c) \end{cases} \quad (12)$$

$$S = \frac{VP}{VP+FN} \quad (13)$$

Donde:

S : es la sensibilidad.

VP : Verdadero Positivo.

FN : Falso Negativo.

$$E = \frac{VN}{FP+VN} \quad (14)$$

Donde:

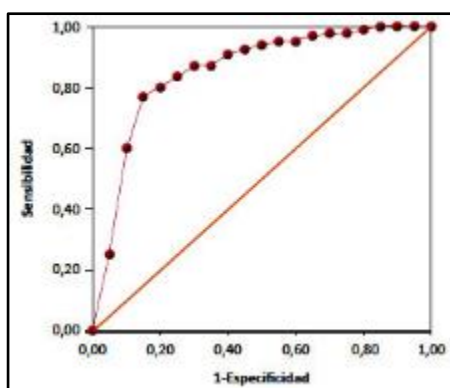
E : es la especificidad.

VN : Verdadero Negativo.

FP : Falso Positivo.

Figura 12

Gráfico de la curva ROC



Nota. El gráfico representa la curva ROC de un test de diagnóstico hipotético. Tomado de *Uso de curvas ROC en investigación clínica. Aspectos teórico-prácticos* por Cerda & Cifuentes, 2012.

El estadístico que se deriva del ROC es el área bajo la curva AUC (Area Under Curve) por sus siglas en inglés, que necesita entre 10 y 15 datos de presencia (Stockwell & Peterson, 2002), se lo realiza a través de una integral simple como se muestra a continuación:

$$AUC = \int_0^1 ROC(c)dc \quad (15)$$

Siendo útil para comparar lo que se esperaría por tomar al azar y la predicción de un modelador, es decir se esperaría que el modelo otorgue al dato de presencia un valor mayor de probabilidad (Mateo et al., 2011), por lo tanto, si el AUC es mayor, el modelamiento se alejará más del azar (del Valle, 2019). El valor del AUC se encuentra entre 0 y 1;

El valor de 1 muestra que todos los casos se han clasificado correctamente y uno de 0.5 indica que el modelo no es diferente de clasificarlo al azar, mientras que un valor menor de 0.5 significa que el modelo es malo, clasificando mal más casos que el mismo azar. (Mateo et al., 2011, p. 230)

Estadístico Kappa

Instrumento diseñado por Cohen que refleja la concordancia inter-observador, contrastando dos observadores (dato real versus dato predicho) (Cerde & Villarroel, 2008) ajustando el efecto por elecciones al azar en proporción de la concordancia observada, evaluando así la exactitud del modelo (Cortés-Reyes et al., 2010), viene expresado a través de la siguiente fórmula:

$$k = \frac{(\sum \text{concordancias observadas}) - (\sum \text{concordancias atribuibles al azar})}{(\text{total de observaciones}) - (\sum \text{concordancias atribuibles al azar})} \quad (16)$$

El coeficiente kappa puede tomar valores entre -1 y 1, si el valor se encuentra más cercano al 1, el grado de concordancia inter-observador es mucho mayor, y mientras más se acerca al -1 aumenta el grado de discordancia, además un valor de $k = 0$ quiere decir que la predicción es la misma que la del azar (Cerde & Villarroel, 2008).

Limitaciones de los MDE

La interacción entre las especies y variables ambientales se encuentra representada de mejor manera por los MDE, ya que, mediante otros medios sería casi imposible entenderla. Sin embargo, el modelamiento de distribución de especies es una técnica que se encuentra en constante evolución y en donde queda mucho trabajo por hacer, esencialmente en la aplicación de la metodología cuando se incluye los factores: espaciales, temporales y bióticos, para aplicar el modelo. Cabe mencionar que nuestra restringida comprensión hacia los sistemas ecológicos, a su vez los datos disponibles (siempre escasos) se convierten en limitaciones para construir modelos más realistas (Mateo et al., 2012).

De acuerdo a Peterson (2003), existen algunas limitaciones comunes definidas por varios autores, las cuales son: la ausencia del componente espacial en el modelamiento, es decir, que barreras climáticas separen a las zonas potenciales; la ausencia del componente temporal, es decir, cambios de un período temporal a otro en la zona de estudio; y la dificultad de realizar el modelo fiable para especies que se adaptan en distintas subpoblaciones morfológicamente indistintas (Guisan & Thuiller, 2005).

A pesar de estas limitaciones, los modelos de la relación especies-hábitat presentan una utilidad significativa en numerosos estudios de diferentes campos, donde escasas técnicas sirven para entenderlos, por ejemplo, predecir las presencias o para

viajar al pasado y modelar la distribución de especies. Se convierten, más bien, en una herramienta de interés heurístico. “Por lo tanto, estos modelos deben considerarse como un acercamiento útil y mejorable, y como una herramienta aplicable a otros problemas como, por ejemplo, la previsión de los potenciales impactos del cambio climático en la distribución de las especies” (Mateo et al., 2012; Seoane & Bustamante, 2001).

Evaluación multicriterio (EMC)

En ocasiones la información geográfica se torna compleja y difícil de representar, haciendo necesario que las variables inmiscuidas en el proyecto se encuentren en una misma escala para una mejor interpretación, esto se logra usando la evaluación multicriterio que permite la ponderación y comparación de las variables, llevando a que su resultado sea evaluado y jerarquizado (Gómez & Barredo, 2005).

La EMC es un conjunto de técnicas que ayudan a la toma de decisiones, su objetivo primordial es definir lineamientos a los que se van a regir los parámetros evaluados, como se menciona en el párrafo anterior, mediante normalización, ponderación y jerarquización de los resultados finales en función de la regla de decisión aplicada (Moreno, 2001).

Normalización de variables

En este proceso se transforman o reescalan los grupos de datos (variables) provenientes de diferentes fuentes mediante la ayuda de un criterio, generalmente estadístico (Cubero, 2019), con el único fin de tener una misma unidad de medida que permita que los valores sean comparables y operables (Gómez & Barredo, 2005).

La normalización elimina problemas de cálculo que pueden darse por la diferencia de escalas, sin embargo, no es un proceso necesario, pero para algunos métodos compensatorios es esencial (Molero et al., 2007).

Método de análisis jerárquico AHP (The Analytic Hierarchy Process)

Se trata de un procedimiento propuesto por Thomas Saaty, planteado para resolver problemas de criterio múltiple (Toskano, 2005), donde los criterios son comparados por pares. Parte de una matriz cuadrada, donde los criterios a ponderar definen el número de filas y columnas, comparando la importancia de cada uno de ellos con los demás (Barba & Pomerol, 1997); a continuación, se establece el eigenvector principal, éste “establece los pesos (w_j) proveyendo una medida cuantitativa de la consistencia de los juicios de valor entre pares de factores” (Saaty, 1980).

El resultado de la matriz de Saaty “es una jerarquización con valores numéricos que muestran las prioridades para cada una de las alternativas de decisión” (Toskano, 2005).

Para establecer los valores (juicio), Saaty (1980) propone una escala fundamental, en un rango de valores entre 1/9 y 9 como se indica en la **Figura 13**, evitando el problema que surge cuando se hacen comparaciones relativas.

Figura 13

Escala fundamental de prioridades de Saaty

VALOR	DEFINICION	COMENTARIOS
1	Igual Importancia	El criterio A es igual de importante que el criterio B
3	Importancia Moderada	La experiencia y el juicio favorecen ligeramente al criterio A sobre el B
5	Importancia grande	La experiencia y el juicio favorecen ligeramente al criterio A sobre el B
7	Importancia muy grande	El criterio A es mucho más importante que el B
9	Importancia extrema	La mayor importancia del criterio A sobre el B esta fuera de toda duda
2,4,6 y 8	Valores intermedios entre los anteriores, cuando es necesario matizar	
Recíprocos de lo anterior	Si el criterio A es de importancia grande frente al criterio B las notaciones serían las siguientes. Criterio A frente a criterio B 5/1 Criterio B frente a criterio A 1/5	

Nota. La figura indica la escala propuesta por Saaty para la asignación de pesos.

Tomado de *The Analytic Hierarchy Process* por Saaty, 1980.

El siguiente paso después de haber obtenido los pesos consiste en el cálculo del eigenvalor principal de la matriz λ_{max} , multiplicando primero la matriz de comparación por pares (A) por el eigenvalor (pesos W), donde se obtiene otro vector denominado V, aplicando la operación entre matrices $AW=V$. Se divide cada componente de la matriz V por las de W y se obtiene una nueva matriz llamada V' ($V/W=V'$), al calcular la media de los componentes de esta última matriz ya se obtiene finalmente el eigenvalor principal λ_{max} (Márquez, 1999).

El eigenvalor nos da una medida cuantitativa que se la consigue a través de la siguiente ecuación (Saaty, 1980):

$$C.I = \frac{\lambda_{max} - n}{n - 1} \quad (17)$$

Donde:

$C.I$: es el índice de consistencia.

λ_{max} : representa al eigenvalor principal de la matriz de comparación por pares.

n : número de filas o columnas de la matriz.

Para que la consistencia de los juicios emitidos en la matriz de comparación por pares sea aceptable, la razón de consistencia R.C. no debe sobrepasar el valor de 0.10, ésta se la calcula dividiendo el $C.I$ entre un índice aleatorio R.I. propuesto por Saaty como se muestra en la **Figura 14**, tomando en cuenta el orden de la matriz.

Figura 14

Valor del índice aleatorio en función del orden de la matriz

N	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
RI	0	0	0.58	0.90	1.12	1.24	1.32	1.41	1.45	1.49	1.51	1.48	1.56	1.57	1.59

Nota. La figura indica el índice tabulado por Saaty, donde la primera fila es el orden de la matriz. Tomado de *The Analytic Hierarchy Process* por Saaty, 1980.

Servidor de datos

Gracias al avance tecnológico y la disponibilidad de alguna información hoy en día es relativamente fácil encontrar datos. Para realizar el modelamiento de la distribución espacial de las especies se requiere de variables ambientales, entre las cuales se encuentran las climáticas.

WorldClim es una base de datos meteorológicos y climáticos globales, abierta y libre, de alta resolución espacial. Estos datos se pueden utilizar para mapeo y modelado

espacial. Este repositorio de datos permite la descarga de 19 variables climáticas, a diferentes resoluciones espaciales (la mejor resolución se encuentra a aproximadamente 1 km², lo que equivale a 30 segundos de arco) y en diferentes formatos ráster. Cabe mencionar que las capas se generan mediante la interpolación de datos recopilados de todo el mundo con las siguientes fuentes: bases de datos recopiladas en la Red Global de Climatología Histórica (GHCN), Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO), World Meteorological Organization (OMN), Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) y la Red Regional de Datos Hidrometeorológicos para Sudamérica, América Central y el Caribe (R-HYdronet) así como una serie de redes menores para Australia, Nueva Zelanda, Europa, Ecuador, Perú y Bolivia, entre otros; base de datos de elevación de Shuttle Radar Topography Mission (SRTM) resolución de 30 arcos de segundo; y el software ANUSPLIN el cual permite interpolar datos ruidosos múltiples utilizando splines de suavizado de placa delgada. Se usa la latitud, longitud y la elevación como variables independientes (Hijmans et al., 2005; Worldclim, 2021).

Corredor biológico

Fue Simpson en el año 1940 quien utilizó por primera vez el término “corredor” con un sentido biológico, en un estudio de dispersión de la biodiversidad entre continentes (Simpson, 1940). Años más tarde, Leopold (1949) señaló que “muchos animales, por razones desconocidas, no parecen prosperar como poblaciones separadas” asegurando así que los procesos de extinción son más fuertes cuando sus poblaciones están aisladas. Es por esta razón que Preston (1962) recomendó la creación de corredores para conservar la biodiversidad.

Actualmente el concepto de corredor que más se utiliza es el propuesto por Wilson y Willis, en base a la teoría que menciona que la abundancia, riqueza y salud

poblacional de las especies está directamente relacionada al tamaño y grado de aislamiento de una isla (área natural) a otra, es decir, islas grandes y cercanas tendrían alto grado de intercambio genético y bajas tasas de extinción de especies (Wilson & Willis, 1975).

Godoy et al. (2002) definen a un corredor biológico “como un espacio geográfico delimitado que proporciona conectividad entre paisajes, ecosistemas y hábitats, naturales o modificados, y asegura el mantenimiento de la diversidad biológica y los procesos ecológicos y evolutivos”.

Por otro lado, investigadores de la biología de la conservación, en respuesta a los perjuicios que sufren los ecosistemas, definen al corredor biológico “como franjas o rutas que conectan espacios de hábitat aislados, de esta manera se promueve la conectividad entre áreas idóneas” (Benítez & Arroyo, 2008).

Varios estudios demuestran que los corredores biológicos tienen impacto positivo, ya que, contribuyen a disminuir los efectos que genera la fragmentación, y su implementación debe ir de la mano con un adecuado análisis, tomando en cuenta condiciones óptimas de supervivencia de las especies (Ortiz, 2020). Dichos corredores, por lo general, tienen el objetivo de conservar una especie en particular, pero sabiendo que existen varias interacciones entre las especies y varias de ellas también se verán beneficiadas (Naidoo et al., 2018).

Los SIG en los modelos de corredores

Los SIG presentan bondades al momento de usarlos como herramientas de diseño, ya que, se hace posible el análisis y relación de gran cantidad de variables, parámetros y elementos que actúan dentro de una estructura ecológica (Romero, 2011). Por otro lado, ayudan a “modelar las condiciones óptimas bajo las cuales sea posible la

supervivencia y establecimiento del hábitat de las especies” (León, 2016), permitiendo implementar una conexión funcional (Ruiz et al., 2012).

Existen varias herramientas que permiten la generación de corredores de conectividad definiendo alternativas de enlace, algunas toman en cuenta rutas óptimas en función del costo (Ruiz et al., 2012), y otras en función de todas las variables que definen el comportamiento de las especies, resultando un instrumento fundamental para la generación de corredores.

Clasificación de categorías de las especies amenazadas de acuerdo a la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN)

El ser humano a medida que transcurre el tiempo va percatándose que el medio en el cual vivimos necesita ser cuidado, consecuentemente han surgido entidades las que con gran esfuerzo luchan diariamente para conservarlo.

De acuerdo a la UICN (2012):

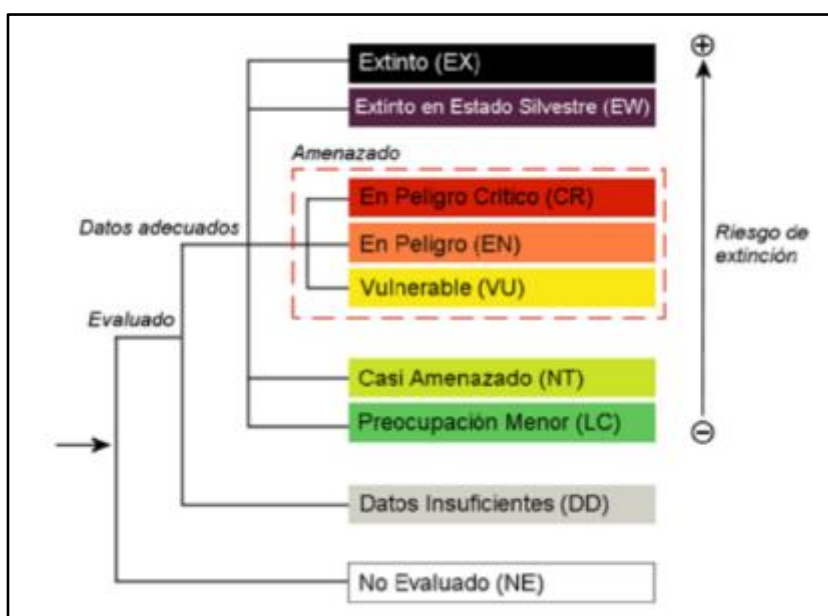
Esta organización es la red ambiental de carácter global más grande y antigua del mundo conformada por la unión de organizaciones gubernamentales y organizaciones de la sociedad civil. La UICN contribuye a encontrar soluciones prácticas a nuestros más urgentes desafíos ambientales y del desarrollo, ya que, presenta experiencia y cuenta con el apoyo de más de 1400 organizaciones miembro y las contribuciones de más de 18000 expertos. Por lo que, debido a su vasta experiencia la convierte en la autoridad mundial sobre el estado del mundo natural y las medidas necesarias para protegerlo.

La UICN (2012) respecto a la Lista Roja de Especies Amenazadas manifiesta que es:

El inventario más reconocido y mundialmente usado sobre el estado de conservación de las especies de plantas, animales y hongos. Se basa en un sistema objetivo para evaluar el riesgo de extinción de una especie si no se adoptaran medidas de conservación. A cada especie evaluada se le asigna una de las ocho categorías de amenaza, como se puede evidenciar en la **Figura 15**, en función de si cumplen con los criterios vinculados a la distribución geográfica y a la tendencia, el tamaño y la estructura de la población.

Figura 15

Estructura de las categorías de amenaza de acuerdo a la UICN



Nota. La figura muestra la estructura de las categorías consideradas como amenazadas y su riesgo de extinción de acuerdo a la UICN. Tomado de *Categorías y criterios de la lista roja de la UICN* por UICN, 2012.

Descripción de la especie *Tremarctos ornatus*

Conocido comúnmente como oso andino u oso de anteojos u oso achupallero debido a su distribución en los Andes de Ecuador, Colombia, Venezuela, Argentina, Bolivia y Perú (Castellanos, 2010), en un rango altitudinal entre los 900 y 4300 m.s.n.m. En el Ecuador habita en la Sierra, Amazonía y estribaciones de los Andes en los bosques templados, subtropicales, altoandinos y páramos (Tirira, 2007). Su alto rango de distribución se le atribuye a sus hábitos alimenticios (Peyton, 1980), ayudando a la polinización, distribución de diferentes plantas, dispersión de semillas y diversidad de especies, por ello, es considerada una especie paisaje (especie que usa áreas de vida extensas y heterogéneas y ecológicamente diversas teniendo impacto significativo sobre la estructura y función de ecosistemas naturales) (Ministerio del Ambiente de Ecuador, 2019) y especie bandera (especie que dispone de un valor ícono simbólico en el planeta) (Isasi-Catalá, 2011), también es solitario, diurno y omnívoro oportunista (Castellanos & Boada, 2019), es decir, se vale de los recursos que el medio le provee, siendo su dieta muy variada especialmente de origen vegetal pero también consume proteína animal la cual la obtiene de lombrices, larvas, insectos, roedores, venados, tapires de montaña o animales descompuestos inclusive restos de su especie (Castellanos, 2006) lo que le provee de energía (Servheen, 1987, citado por Figueroa, 2013, p.5) . En ocasiones ingresan a cultivos en busca de alimento, así como también atacan al ganado vacuno, generando un conflicto humano-animal (Castellanos et al., 2010). Generalmente no ataca al hombre, ya que, es muy tímido, se los considera como buenos trepadores y nadadores habilidades que salen al descubierto cuando sienten la presencia de algún individuo extraño.

Garsheils en el año 2009 menciona que “el período de gestación en cautiverio dura entre 5 y 8.5 meses, pariendo generalmente dos individuos, volviendo a procrear

las hembras cada dos años, alcanzando su madurez sexual a los 4 o 7 años” (Castellanos & Boada, 2019).

“El estado de conservación de esta especie según el Libro Rojo de los Mamíferos del Ecuador (Tirira, 2011) se encuentra En Peligro (EN)” y Vulnerable (VU) según la lista roja de especies amenazadas de la UICN (2021), ya que, es cazada por su carne que sirve para alimento de los pobladores locales, y en represalia por daños de cultivos o depredación (Tirira, 2011).

La longitud de esta especie en el Ecuador va desde los 1.12 metros hasta los 2.20 metros cabeza-cuerpo, presentando dimorfismo sexual, ya que, el macho pesa entre 175-200 kilogramos y la hembra entre 80-90 kilogramos (Tirira, 2017).

Figura 16

Oso andino (Tremarctos ornatus)



Nota. La fotografía muestra un individuo de oso andino, ésta fue capturada en la parroquia Monte Olivo, cantón Bolívar de la provincia del Carchi. Registro fotográfico capturado por Patricio Robles (guardabosque del ACUS Oriental).

Descripción de la especie *Puma concolor*

También es conocido como león de montaña o puma. Es un animal de hábitos nocturnos y muy tolerante a la presencia humana, por tal motivo, puede vivir en sitios muy transitados siempre y cuando tenga un escondite.

Su distribución geográfica se extiende desde Canadá hasta el Estrecho de Magallanes en Chile y Argentina, habitando en todo el Ecuador en un rango altitudinal bastante amplio que va desde los 0 m.s.n.m. hasta el límite nival, con excepción de las Islas Galápagos (Tirira, 2007). Por su tamaño ocupa el segundo lugar de los félidos en América, es considerada una especie solitaria, aunque estudios de Elbroch et al. (2017) revelaron que las asociaciones entre hembras y machos suceden no solamente durante la época de apareamiento la cual puede durar 16 días. Es una especie polígama, es decir, el mismo puma puede reproducirse con más de un individuo. El periodo de gestación puede durar de 82 a 96 días (Eaton & Verlander, 1997, citado por Currier, 1983, p.3), teniendo de 1 a 3 cachorros por cada parto (Logan & Sweanor, 2009), las crías miden entre 20 y 30 cm y pesan entre 220 y 500 gramos, presentando en su pelaje rayas y manchas un tanto irregulares que desaparecen a medida que llegan a su etapa de adultez (Castellanos & Vallejo, 2020), a los dos años los cachorros se separan de su madre (Nowell & Jackson, 1996). “El tamaño corporal de esta especie es directamente proporcional a la latitud, es decir, incrementa con el aumento de la latitud” (Iriarte et al., 1990), los machos alcanzan una longitud promedio de 240 cm desde la nariz hasta la punta de la cola, presentando dimorfismo sexual en cuanto a su peso, para los machos adultos oscila entre 53-80 kg y para las hembras adultas 35-48 kilogramos (Logan & Sweanor, 2002).

Su dieta alimenticia se basa en mamíferos medianos y pequeños como “venados, armadillos, pecarís, conejos, raposas, ardillas, incluso animales domésticos como ovejas y terneros” (Currier, 1983), recorriendo en el transcurso de un día (24 horas) entre 5 y 40 km. Dentro de la cadena trófica se ubica en el tope de los depredadores, teniendo efectos sobre las poblaciones de sus presas y su presencia en los ecosistemas revela un buen estado de conservación de los mismos (Chávez-Tovar, 2005), por lo que, se le considera una especie paraguas (“especie que necesita grandes áreas para su preservación, de modo que al proteger esas áreas también se preserva a las especies más pequeñas que las habitan”) (Isasi-Catalá, 2011).

Según Tirira (2011) en el libro rojo de los mamíferos del Ecuador su estado de conservación es Vulnerable (VU) y en la lista de especies amenazadas de las UICN (2021) es Preocupación Menor (LC).

Figura 17

Puma (Puma concolor)



Nota. La figura muestra a un ejemplar de la especie *Puma concolor*. Tomado de *Plan Nacional de Conservación del Puma* por Servicio Agrícola y Ganadero et al., 2009.

Descripción de la especie *Tapirus pinchaque*

Comúnmente conocido como tapir de montaña, es un mamífero de hábitos tanto diurnos como nocturnos presentando mayor actividad durante el crepúsculo, es el herbívoro más grande presente en los Andes (Sandoval et al., 2009) y a su vez es la especie de tapir de menor tamaño de las cuatro existente (Arias et al., 2010), su dieta es bastante selectiva dentro de lo cual se encuentran plantas vasculares (Downer, 1996), brotes tiernos de arbustos y árboles (Bermúdez & Reyes, 2011), y en ciertas ocasiones se alimenta de frutas que se encuentran en el suelo. Cuenta con un pelaje denso de color negro intenso, alrededor de su boca presenta una mancha blanca aparentando tener labios blancos, en los márgenes de sus orejas también se presenta dicho color (Lizcano et al., 2006), su característica más específica como destaca Downer (1996), “es la proboscis, que es una extensión de sus labios y hocico, que le sirve para respirar, tomar líquidos, alimentarse, cortejar, pelear y como balance corporal”, en cuanto a su tamaño corporal presenta cierto dimorfismo sexual siendo la hembra de mayor tamaño, midiendo en promedio 180 cm de largo y 80 cm de alto con un peso aproximado de 150 kg (Downer, 1997). “Tiene tres dedos en las patas traseras y cuatro en las delanteras” (Lizcano et al., 2006), con pezuñas de gran tamaño asociadas a que puede trepar con facilidad las pendientes, proveyéndole de fuerza y atracción por lo que es bastante ágil para caminar en vegetación espesa y cruzar ríos torrentosos (Castellanos, 1994).

Su distribución geográfica corresponde a los Andes de Colombia, Ecuador y Perú, en un rango altitudinal entre los 1200 a 4700 m.s.n.m. (Castellanos et al., 2017). Estudios realizados en Ecuador demostraron que es un gran dispersor de semillas, varias especies de plantas han germinado a partir de su heces (Downer, 1996), por lo mencionado, se puede considerar que es una especie fundamental para la

conservación de ecosistemas de alta montaña (especie paraguas), y bandera (Caro et al., 2004) utilizada para atraer el apoyo gubernamental para la implementación y desarrollo de programas que permitan la conservación de otras especies no tan llamativas (Noss, 1990).

Es importante destacar el estado de conservación de esta especie, ya que, tanto en el libro rojo de mamíferos del Ecuador por (Tirira, 2011) como en la lista roja de especies amenazadas de la UICN se encuentra En Peligro (EN), por su pérdida de hábitat, fragmentación y caza, debido a la actividad humana (Castellanos et al., 2017).

Figura 18

Tapir de montaña (Tapirus pinchaque)



Nota. La figura muestra el registro fotográfico de un tapir andino observado en el Parque Nacional Llanganates. Fotografía capturada por: Finding Species. Tomado de *Manual de campo para el Estudio y Monitoreo del Tapir de Montaña (Tapirus pinchaque)* por Sandoval et al., 2009.

Base Legal

Constitución de la República del Ecuador

De acuerdo con el Art. 14 y el Art. 400, “se declara de interés público la preservación del ambiente, la conservación de los ecosistemas, la biodiversidad y la integridad del patrimonio genético del país, la prevención del daño ambiental y la recuperación de los espacios naturales degradados” (Asamblea Constituyente, 2008). Por lo tanto, la localización de las especies y la realización de corredores biológicos permiten la preservación y conservación de los ecosistemas y su biodiversidad. Este hecho “garantiza un modelo sustentable de desarrollo ambientalmente equilibrado y respetuoso de la diversidad cultural, que conserve la biodiversidad y la capacidad de regeneración natural de los ecosistemas”, como se establece en el Art. 395 (Asamblea Constituyente, 2008).

Código Orgánico de Organización Territorial, Autonomía y Descentralización (COOTAD)

El presente estudio se desarrolló con el apoyo del Gobierno Autónomo Descentralizado Provincial del Carchi, por lo que, se encuentra en concordancia con el Art. 4, literal d) del mencionado código, donde “establece que la recuperación y conservación de la naturaleza y el mantenimiento del medio ambiente sostenible y sustentable es un fin de los gobiernos autónomos descentralizados” (Asamblea Nacional, 2014).

Acuerdos expedidos por el Ministerio del Ambiente (actualmente Ministerio del Ambiente, Agua y Transición Ecológica)

En correspondencia con lo expuesto por el Acuerdo Ministerial Nro. MAE-2020-: “Lineamientos y criterios técnicos para el diseño, establecimiento y gestión de los

corredores de conectividad” se desarrolló el presente trabajo de investigación. Cabe señalar que se tomó únicamente el Capítulo I: Objeto y Ámbito y el Capítulo II: Diseño de los corredores de conectividad, de acuerdo a los objetivos específicos planteados en esta investigación.

Ordenanzas expedidas por el Gobierno Autónomo Descentralizado Provincial del Carchi (GADPC)

Mediante ordenanzas el GADPC crea áreas de conservación y uso sustentable provinciales con el objetivo de conservar la biodiversidad, las cuales se detallan a continuación: creación del “Área de Conservación y Uso Sustentable Provincial Cordillera Oriental (ACUS COC)”, creación del “Área de Conservación y Uso Sustentable Provincial Microcuenca Río Chinambí (ACUS Río Chinambí)” y creación del “Área de Conservación y Uso Sustentable Provincial Andes Occidental del Carchi” (Gobierno Autónomo Descentralizado de la Provincia del Carchi, 2016).

Capítulo III

Metodología

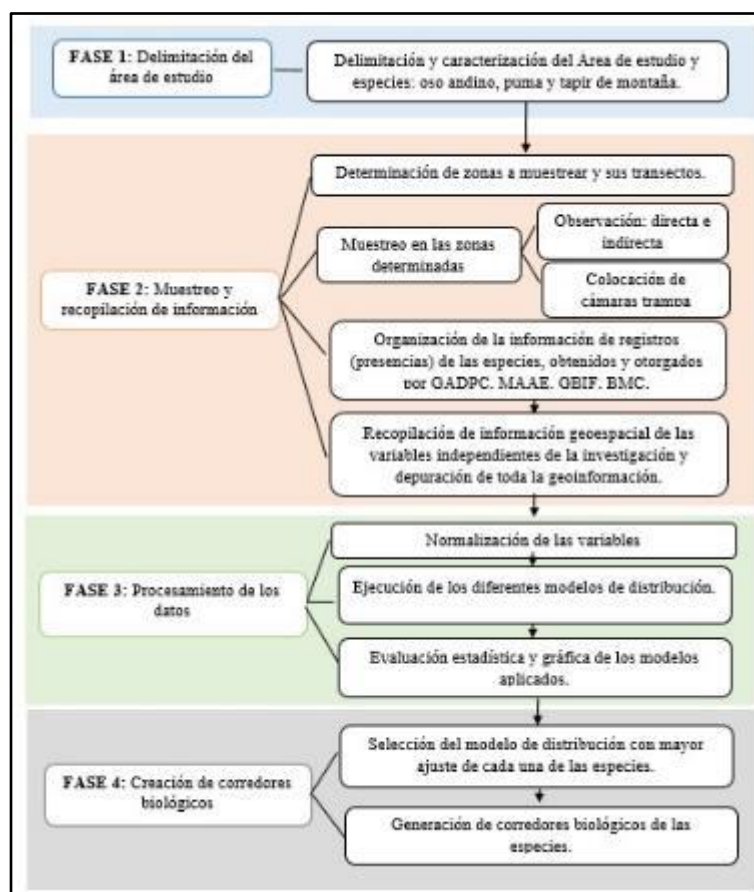
En este capítulo se describe la delimitación del área de estudio para posteriormente realizar la planificación de toma de datos y muestreo en campo. Además, se identificó las variables predictoras las cuales se normalizaron para su posterior uso en el modelamiento de la distribución espacial de las especies. Los métodos utilizados para localizar las áreas con mayor probabilidad de encontrar la especie mediante modelamiento fueron: Lógica Difusa, Regresión Multivariada (MARS), BIOCLIM y Regresión Logística, a partir de los cuales se obtuvieron los estadísticos evaluadores con el fin de validar las predicciones. De manera preliminar se realizó la conexión de las áreas con mayor probabilidad de encontrar la especie mediante la herramienta Linkage Mapper para posteriormente evaluar esta conexión y modificarla en gabinete de acuerdo a otras coberturas, finalmente se constataron los corredores biológicos en campo con el fin de verificar su aplicabilidad.

Esquema metodológico

La metodología empleada para el desarrollo de la presente investigación constó de 4 fases, partiendo desde la delimitación del área de estudio hasta la creación de las propuestas de los corredores biológicos pasando por el muestreo y la recopilación de la información y el procesamiento de las mismas. En la **Figura 19** se detallan las directrices por cada fase.

Figura 19

Flujograma de la metodología empleada



Nota. La figura muestra el proceso metodológico que se siguió para el desarrollo de esta investigación.

Planificación de toma de datos

Una de las fases en la investigación consistió en confirmar y capturar nuevos registros de tres grandes mamíferos (oso andino, puma y tapir de montaña), por lo que, se realizó una planificación para salir al campo mediante criterios biológicos, los mismos que se tomaron en cuenta por recomendación de los técnicos (Biólogos) del GADPC, estos fueron:

- El registro de la especie se debe encontrar en áreas de conservación.
- Debe existir accesibilidad al lugar donde se va a realizar el muestreo.
- Los registros obtenidos de las especies deben estar confirmados.

Con el fin de obtener sitios potenciales para realizar el muestreo. En base a lo expuesto la mencionada planificación arrojó los siguientes sitios a muestrear: la parroquia Maldonado en su parte suroriental, la zona nororiental de El Goatal, la parte central occidental de la parroquia Monte Olivo y la zona sur de la parroquia La Paz, como se puede observar en la **Figura 20**.

Figura 20

Mapa de los sitios potenciales para realizar el muestreo



Nota. El mapa muestra los lugares potenciales en donde se debe realizar el muestreo de acuerdo a la planificación con los criterios biológicos mencionados anteriormente.

Captura de datos en campo

El método más adecuado para muestrear a grandes mamíferos de acuerdo a Gómez (2014) son los transectos, por lo que, en los sitios potenciales de muestreo se realizaron estos en donde se instalaron cámaras trampa, y además se efectuaron recorridos con el objetivo de realizar observación tanto directa (visual, registro fotográfico o vídeo) como indirecta (identificación de huellas, heces, ataques a ganado) con el fin de capturar datos de presencia.

Cabe mencionar que debido a la disponibilidad de movilización, equipos y personal técnico del GADPC se realizaron dos transectos y tres recorridos en los sitios potenciales de muestreo, en la **Tabla 2** se describen los detalles del trabajo en campo (ver **Anexo 1**).

Tabla 2

Descripción del trabajo en campo realizado

Fecha	Equipo de trabajo	Tipo de observación	Lugar	Actividad
5 de mayo de 2021	1 técnico (Biólogo) del GADPC, 2 Guardabosques del GADPC, Tesistas	Recorrido: observación directa	Monte Olivo	Observación de especies mediante: largavista, telescopio y cámaras profesionales
14 de mayo de 2021	1 técnico (Biólogo) del GADPC, 1 Guardabosques del GADPC, Tesistas	Transecto	Monte Olivo	Instalación de cámaras trampa en el transecto definido

Fecha	Equipo de trabajo	Tipo de observación	Lugar	Actividad
14 de mayo de 2021	1 técnico (Biólogo) del GADPC, 1 Guardabosques del GADPC, Tesistas	Recorrido: observación indirecta	Monte Olivo	Observación de especies mediante la identificación de heces y huellas
21 de mayo de 2021	1 técnico (Biólogo) del GADPC, 1 Guardabosques del GADPC, tesistas	Transecto	Monte Olivo	Retirada de cámaras trampa en el transecto definido
28 de mayo de 2021	2 técnicos (Biólogo e Ing. RRNN) del GADPC, Propietario del predio, Tesistas	Transecto	El Goaltal	Instalación de cámaras trampa en el transecto definido
28 de mayo de 2021	2 técnicos (Biólogo e Ing. RRNN) del GADPC, Propietario del predio, Tesistas	Recorrido: observación indirecta	El Goaltal	Observación de especies mediante la identificación de heces y huellas
16 de junio de 2021	2 técnicos (Biólogo e Ing. RRNN) del GADPC, Propietario del predio, Tesistas	Transecto	El Goaltal	Retirada de cámaras trampa en el transecto definido

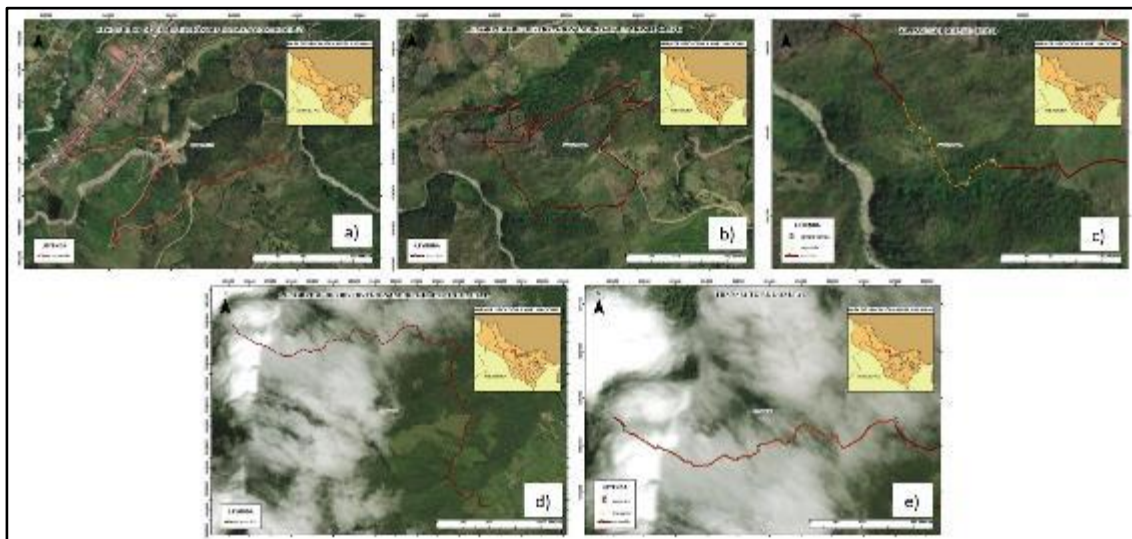
Nota. Listado de las actividades realizadas en campo.

En la **Figura 21** se puede evidenciar los recorridos realizados y los transectos diseñados para la instalación de las cámaras trampa y en la **Figura 22** se presentan los

registros capturados de las especies mediante cámaras trampa, observación directa y observación indirecta.

Figura 21

Mapas de los recorridos y transectos



Nota. La figura se encuentra comprendida por los siguientes mapas, a) recorrido que se realizó para visualizar de manera directa a las especies en la parroquia Monte Olivo; b) recorrido en Monte Olivo con el fin de observar de manera indirecta las especies; c) transecto realizado para la colocación de las cámaras trampa en Monte Olivo; d) recorrido realizado en la parroquia El Goaltal para realizar observación indirecta; y e) instalación de cámaras trampa en el transecto definido en El Goaltal.

Figura 22

Registros capturados en campo



Nota. La figura se encuentra comprendida por los siguientes imágenes, a) y b) registros obtenidos a través de cámaras trampa de la especie *Tremarctos ornatus*; c), d) y e) registros obtenidos de la especie *Tremarctos ornatus* mediante observación directa; f) registro obtenido mediante observación indirecta (huella de puma); g) registro obtenido a través de observación indirecta (heces de oso andino); h) registro obtenido mediante observación indirecta (huella de oso andino); i) registro obtenido a través de observación indirecta (heces de puma).

Finalmente, en gabinete se procedió a agregar los datos de presencia capturados y confirmados a los otorgados por parte de las entidades: Gobierno Autónomo Descentralizado Provincial del Carchi (GADPC), Ministerio del Ambiente, Agua y Transición Ecológica, fundación Big Mammals Conservation (BMC), la organización internacional Global Biodiversity Information Facility (GBIF) y la BLOWEB Ecuador (ver **Anexo 2**).

Cabe mencionar que la conservación y monitoreo de biodiversidad requiere de grandes esfuerzos tanto profesionales como económicos, razón por la cual, se manifiestan personas u organismos interesados en trabajar por la diversidad biológica. Es así que surge la BMC, organización no estatal, de índole social, que se origina como un proyecto de biólogos y veterinarios para impulsar la conservación de grandes mamíferos. Centrando sus esfuerzos principalmente en promover la investigación científica dirigida al manejo adecuado de los hábitats de los grandes mamíferos del Ecuador. Big Mammals Conservation se encuentra dedicado al manejo y conservación de los grandes mamíferos en los Andes norte del Ecuador, enfocándose en el estudio de sus poblaciones e interacciones y vinculando esfuerzos con los Gobiernos Autónomos Descentralizados, distintas direcciones del Ministerio del Ambiente, Agua y Transición Ecológica, unidades de vida silvestre, áreas protegidas y las comunidades rurales (Big Mammals Conservation, 2019). Por otro lado, se encuentra GBIF que surge en 1999 a partir de la idea que la información y los datos de biodiversidad del mundo sea accesible a cualquier persona, desde ese entonces se ha convertido en una red internacional e infraestructura de datos capitalizada por diversos gobiernos y “cuyo objetivo es brindar a cualquier persona, en cualquier lugar, acceso abierto de datos sobre todos los tipos de vida en el planeta Tierra”. La red GBIF permite compartir información acerca de la ubicación y el tiempo del registro de la especie, conformando

así una base de datos proveniente de varias fuentes, que incluyen colecciones de museos desde los siglos XVII y XIX hasta fotografías geoetiquetadas capturadas mediante teléfonos inteligentes en el año 2021 (GBIF, 2021).

Variables dependientes

En los MDE (modelos de distribución de especies) los datos de ausencias son indispensables a fin de obtener resultados sustanciosos, lo cierto es que dichos datos son muy difíciles de obtener para las tres especies producto de la investigación, ya que, “no se conoce con certeza las zonas donde la entidad natural analizada no se encuentra presente” (Guisan & Zimmermann, 2000).

Por tal motivo se generó pseudoausencias que según la bibliografía, es recomendable generarlas en una proporción mayor a los datos de presencias (Barbet-Massin et al., 2012), para esta investigación el conjunto de pseudoausencias generado fue de un 10% mayor que las presencias, esto para las tres especies, utilizando un *buffer* de los datos de presencias donde la distancia ingresada se la calculó en función del área de vida de cada especie, como expresa Powell & Mitchell (2012) “este concepto engloba el espacio que necesita un individuo para realizar sus actividades vitales”.

Los datos de presencias/pseudoausencias de las especies fueron transformados a un mismo sistema de referencia y coordenadas, WGS84 UTM Zona 17 Sur, con el fin de unificar los parámetros geográficos y poder realizar la modelación.

Datos de presencia de la especie *Tremarctos Ornatus*

Para esta investigación los registros de presencias del oso andino se consiguieron mediante cuatro fuentes, la primera fue la base de datos del GADPC de la cual se obtuvo 18 registros, dicha base fue alimentada con nuevos registros obtenidos

en las salidas de campo mediante colocación de cámaras trampa y observación directa e indirecta, 20 registros de la fundación no gubernamental BMC, 15 registros otorgados por parte del Ministerio de Ambiente, Agua y Transición Ecológica y la última fuente de datos fue GBIF que es de libre acceso obteniendo 3 registros, dando un total de 56 registros dentro de la provincia del Carchi. En el literal a) de la **Figura 23** se muestra los puntos de presencia para esta especie.

Datos de pseudoausencia de la especie *Tremarctos Ornatus*

Para la generación de pseudoausencias se procedió a ingresar los datos de presencia del oso andino y con ello realizar un *buffer* en el software ArcGIS, tomando en cuenta su área de vida, que según la BIOWEB se encuentra en un rango de 34 a 150 km², seguidamente con la herramienta *erase* del mismo software se eliminó estas zonas del área de estudio y con ello se generó puntos de ausencias con la utilización de la herramienta *create random point*, el número de puntos que se generó excede el 10% de los datos de presencia, es decir, 62 puntos de ausencias como se muestra en la **Figura 24**, literal a).

Datos de presencia de la especie *Puma concolor*

Los registros de presencias del puma se obtuvieron mediante tres fuentes, la primera fue la base de datos del GADPC de la cual se obtuvo 16 registros, dicha base fue alimentada con nuevos registros obtenidos en las salidas de campo mediante observación indirecta, la segunda fuente el Ministerio de Ambiente, Agua y Transición Ecológica al igual que la primera aportó con 16 registros, por último de la fundación no gubernamental BMC se obtuvieron 4 registros, dando un total de 36 registros dentro de la provincia del Carchi. En la b) de la **Figura 23** se muestra los puntos de presencia para esta especie en la provincia del Carchi.

Datos de pseudoausencia de la especie *Puma concolor*

Para la generación de pseudoausencias se procedió a ingresar los datos de presencia del puma y con ello realizar un *buffer* en el software ArcGIS, tomando en cuenta su área de vida que según la BOWEB en estudios de Chile, se encuentra en un rango de 30 a 210 km², a continuación con la herramienta *erase* del mismo software se eliminó estas zonas del área de estudio y con ello se generó puntos de ausencias con la utilización de la herramienta *create random point*, el número de puntos que se generó excede el 10% de los datos de presencia, es decir, 40 puntos de ausencias como se muestra en la **Figura 24**, literal b).

Datos de presencia de la especie *Tapirus pinchaque*

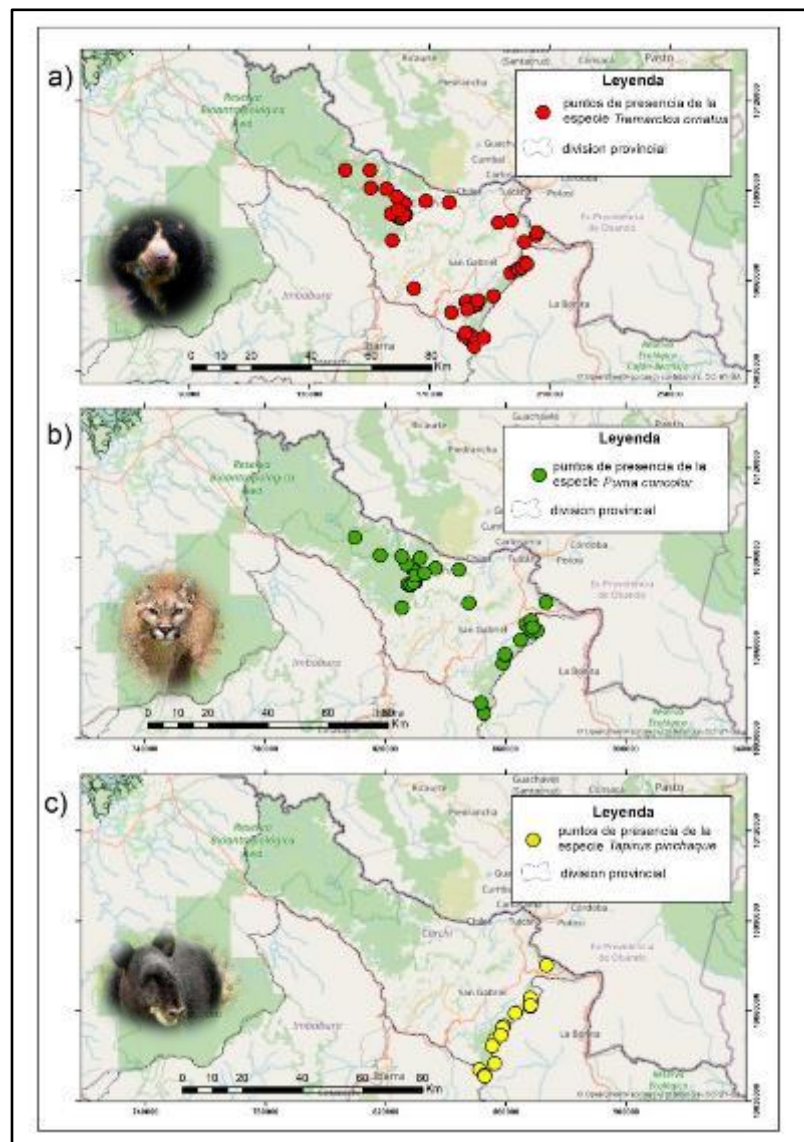
Los registros de presencias de esta especie se consiguieron mediante tres fuentes, la primera fue la base de datos del GADPC de la cual se obtuvo 5 registros, 2 registros de BOWEB y 8 registros otorgados por parte de la tercera fuente BMC, dando un total de 15 registros para la provincia del Carchi. En el literal c) de la **Figura 23** se muestran los puntos de presencia del tapir en la provincia del Carchi.

Datos de pseudoausencia de la especie *Tapirus pinchaque*

Para la generación de pseudoausencias se procedió a ingresar los datos de presencia del tapir de montaña y con ello realizar un *buffer* en el software ArcGIS tomando en cuenta su área de vida que de acuerdo a la BOWEB se encuentra en un rango de 6 a 8 km², seguidamente con la herramienta *erase* del mismo software se eliminó estas zonas del área de estudio y con ello se generó puntos de ausencias con la utilización de la herramienta *create random point*, el número de puntos que se generó excede el 10% de los datos de presencia, es decir, 17 puntos de ausencias como se muestra en la **Figura 24**, literal c).

Figura 23

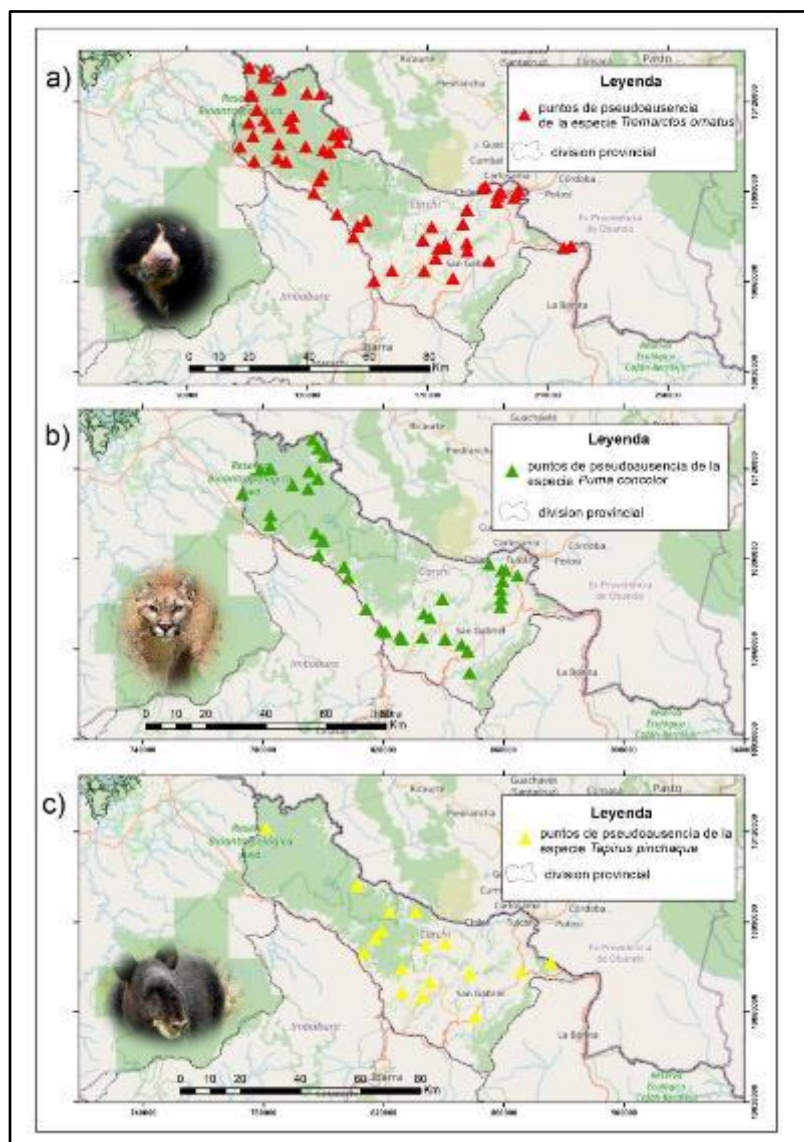
Mapas de presencias del oso andino, puma y tapir de montaña en el Carchi



Nota. La figura se encuentra compuesta por tres mapas, a) puntos de presencia de la especie *Tremarctos ornatus* (56 registros); b) puntos de presencia de la especie *Puma concolor* (36 registros); y c) puntos de presencia de la especie *Tapirus pinchaque* (15 registros).

Figura 24

Mapas de pseudoausencias generadas de las tres especies en la provincia del Carchi



Nota. La figura se encuentra compuesta por tres mapas de pseudoausencias generadas para las tres especies, a) puntos de pseudoausencia de la especie *Tremarctos ornatus* (62 registros); b) puntos de pseudoausencia de la especie *Puma concolor* (40 registros); y c) puntos de pseudoausencia de la especie *Tapirus pinchaque* (17 registros).

Variables independientes

Para realizar el modelamiento de la distribución de especies es necesario el uso de las variables que condicionan su presencia/ausencia y que más tarde van a servir de base para predecir lugares adecuados y potenciales para su habitabilidad, razón por la cual, para el desarrollo de esta investigación se hizo uso de variables: bioclimáticas, topográficas, ambientales, sociales, entre otras (ver Capítulo II: Modelamiento de distribución de especies), las cuales se encuentran en un mismo sistema de referencia y coordenadas, WGS84 UTM Zona 17 Sur, para poder efectuar la modelación (ver **Anexo 3**). Cabe destacar que otro parámetro importante que deben mantener todos los ráster son el valor de la celda y el tamaño de la grilla (filas y columnas) idéntico para todas las variables.

A continuación, en la **Tabla 3** se señalan las variables independientes utilizadas para el modelamiento.

Tabla 3

Variables independientes para realizar el modelamiento

Variable	Descripción	Tipo
BIO 1	Temperatura media anual	Bioclimática
BIO 2	Rango diurno medio (media mensual)	Bioclimática
BIO 3	Isotermalidad	Bioclimática
BIO 4	Estacionalidad de la temperatura	Bioclimática
BIO 5	Temperatura máxima del mes más cálido	Bioclimática
BIO 6	Temperatura mínima del mes más frío	Bioclimática
BIO 7	Rango anual de temperatura	Bioclimática
BIO 8	Temperatura media del trimestre más húmedo	Bioclimática
BIO 9	Temperatura media del cuarto mes más seco	Bioclimática
BIO 10	Temperatura media del trimestre más cálido	Bioclimática

Variable	Descripción	Tipo
BIO 11	Temperatura media del cuarto más frío	Bioclimática
BIO 12	Precipitación anual	Bioclimática
BIO 13	Precipitación del mes más húmedo	Bioclimática
BIO 14	Precipitación del mes más seco	Bioclimática
BIO 15	Estacionalidad de la precipitación	Bioclimática
BIO 16	Precipitación del cuarto más húmedo	Bioclimática
BIO 17	Precipitación del cuarto más seco	Bioclimática
BIO 18	Precipitación del trimestre más cálido	Bioclimática
BIO 19	Precipitación del cuarto más frío	Bioclimática
Altitud	Altura referida al nivel medio del mar	Topográfica
Cuerpos de agua	Distancia a ríos	Ambiental
Sitios poblados	Distancias a sitios poblados	Social
Cobertura vegetal y uso de suelo	Cobertura vegetal presente en el Carchi	Ambiental/Social

Nota. Descripción de las variables independientes utilizadas para realizar la modelación de 3 especies de grandes mamíferos (oso andino, puma y tapir de montaña).

Clima

Las variables climáticas fueron descargadas de la base de datos de Worldclim que presenta diferentes resoluciones, estas van desde 10 minutos hasta 30 segundos. Para realizar el modelamiento se tomó la mejor resolución disponible, es decir, 30 segundos, lo que equivale aproximadamente a 1 km². Se trabajó con las 19 variables bioclimáticas disponibles (como se muestra en la **Tabla 4**), ya que, “se utilizan a menudo en el modelado de distribución de especies debido a su derivación de valores mensuales de temperatura y precipitación para generar variables más significativas desde el punto de vista biológico” como plantea Worldclim (2021) cabe mencionar que las variables bioclimáticas representan tendencias anuales.

Tabla 4*Variables bioclimáticas de Worldclim*

Codificación	Variable
BIO 1	Temperatura media anual
BIO 2	Rango diurno medio
BIO 3	Isotermalidad
BIO 4	Estacionalidad de la temperatura
BIO 5	Temperatura máxima del mes más cálido
BIO 6	Temperatura mínima del mes más frío
BIO 7	Rango anual de temperatura
BIO 8	Temperatura media del trimestre más húmedo
BIO 9	Temperatura media del cuarto más seco
BIO 10	Temperatura media del trimestre más cálido
BIO 11	Temperatura media del cuarto más frío
BIO 12	Precipitación anual
BIO 13	Precipitación del mes más húmedo
BIO 14	Precipitación del mes más seco
BIO 15	Estacionalidad de la precipitación
BIO 16	Precipitación del cuarto más húmedo
BIO 17	Precipitación del cuarto más seco
BIO 18	Precipitación del trimestre más cálido
BIO 19	Precipitación del cuarto más frío

Nota. Listado de las variables bioclimáticas proporcionadas por el portal Worldclim.

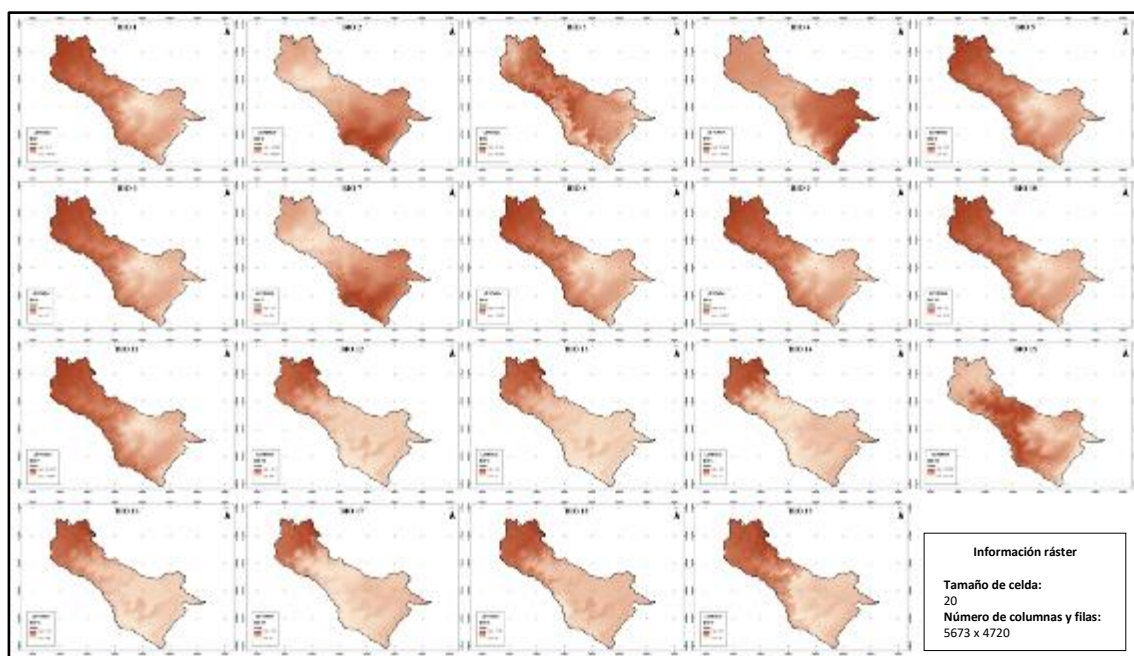
Las variables bioclimáticas descargadas se encuentran en formato TIFF y en coordenadas geográficas con un sistema de referencia WGS84, por lo que, se procedió a re proyectarlas con la herramienta *project* de ArcGIS obteniendo las variables en coordenadas UTM zona 17 sur y sistema de referencia WGS84.

Se realizó el recorte de las 19 variables bioclimáticas con el área de estudio (provincia del Carchi) mediante el uso de la herramienta *extract by mask* de ArcGIS

definiendo el tamaño de celda en 20, el número de columnas en 5673 y el número de filas en 4720. En la **Figura 25** se muestran los ráster de todas las variables bioclimáticas de Worldclim recortadas.

Figura 25

Mapas de las variables bioclimáticas del área de estudio



Nota. La figura muestra los ráster de las 19 variables bioclimáticas que fueron recortadas con la provincia del Carchi (zona de estudio de esta investigación).

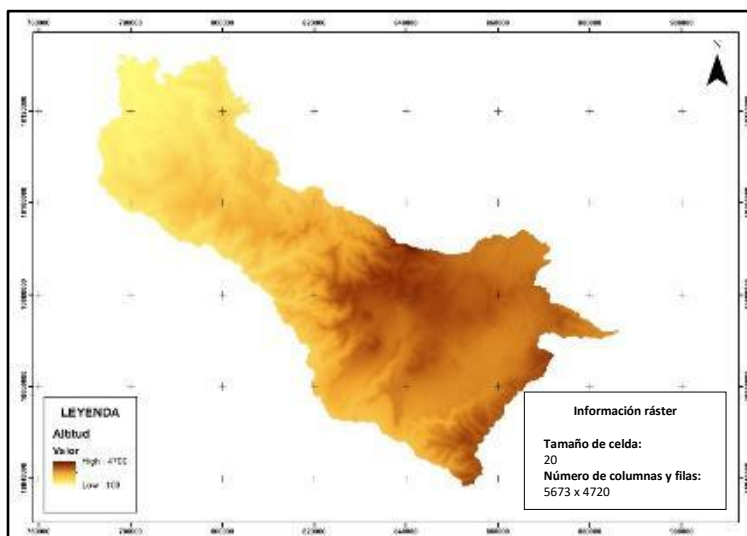
Altitud

La información fue proporcionada por el Ministerio de Agricultura y Ganadería (MAG) con una resolución de 10 metros de todo el Ecuador continental, por lo que, el ráster fue recortado mediante la herramienta *extract by mask* de ArcGIS con el área de estudio. Posterior al recorte se obtuvo el modelo digital de elevación de la provincia del

Carchi con un tamaño de celda de 20 y el número de columnas y filas de 5673x4720, como se exhibe en la **Figura 26**.

Figura 26

Mapa de la variable altitud



Nota. La figura muestra el raster del modelo digital de elevación de la provincia del Carchi.

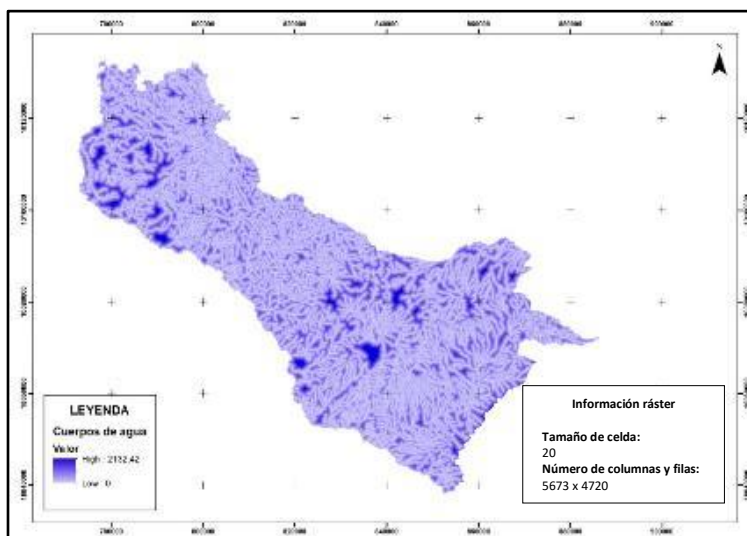
Cuerpos de agua

De la base de datos geográfica del GADPC se obtuvo la información correspondiente a hidrografía de la provincia en formato vector, por lo que, para el desarrollo de esta investigación se eligió la capa de ríos y con ello se realizó la rasterización mediante la herramienta *euclidian distance* de ArcGIS con el fin de crear una variable que represente la distancia más cercana al cuerpo de agua. Esta variable determina la importancia de la cercanía a cuerpos de agua para la presencia de las especies (oso andino, puma y tapir de montaña). Además, es importante mencionar que el raster creado brinda la distancia en metros desde cada celda hasta el punto más

cercano de los cuerpos de agua. En la **Figura 27** se puede evidenciar el ráster creado de la provincia del Carchi.

Figura 27

Mapa de la variable cuerpos de agua



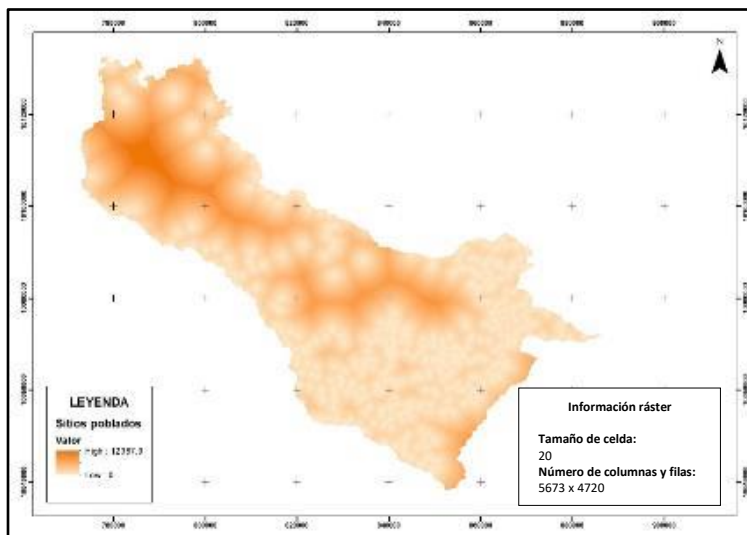
Nota. La figura muestra el ráster de las distancias a la variable cuerpos de agua de la provincia del Carchi.

Sitios poblados

De igual forma que la variable anterior (cuerpos de agua) los sitios poblados en formato vector se obtuvieron de la base de datos geográfica del GADPC. Se aplicó la herramienta *euclidian distance* de ArcGIS para rasterizar la variable y poder obtener valores en distancia, como se muestra en la **Figura 28**. El ráster obtenido proporciona la distancia en metros desde cada celda hasta el origen más cercano a los sitios poblados de la provincia.

Figura 28

Mapa de la variable sitios poblados



Nota. La figura muestra el ráster de las distancias a la variable sitios poblados de la provincia del Carchi.

Cobertura vegetal y uso de suelo

La variable fue proporcionada por el MAG, para su tratamiento se aplicó el método de análisis jerárquico (Saaty) que consiste en jerarquizar cada componente mediante valores numéricos para los juicios de valor con el fin de determinar la variable que presenta mayor importancia frente a las demás. En esta investigación se aplicó este método para conseguir un modelo jerárquico y determinar qué tipo de cobertura tiene mayor influencia en la presencia de las tres especies. En la **Tabla 5**, **Tabla 7** y **Tabla 9** se encuentran las ponderaciones realizadas de cada categoría de cobertura vegetal en el área de estudio para las especies. Consecuentemente en la **Tabla 6**, **Tabla 8** y **Tabla 10** se presentan las categorías ya normalizadas (valores entre 0 y 1), donde se puede interpretar que a mayor peso existe mayor probabilidad de encontrar la especie.

Tabla 5

Matriz de Saaty de la variable cobertura vegetal y uso de suelo para el oso andino

Variables	V	V1	V2	V3	V4	V5	V6	V7
Bosque nativo	V1	1	5	5	2	9	3	3
Cultivo	V2	1/5	1	1	1/6	3	1/5	1
Mosaico agropecuario	V3	1/5	1	1	1/7	5	1/5	1/3
Páramo	V4	1/2	6	7	1	9	3	5
Pastizal	V5	1/9	1/3	1/5	1/9	1	1/7	1/5
Vegetación arbustiva	V6	1/3	5	5	1/3	7	1	2
Vegetación herbácea	V7	1/3	1	3	1/5	5	1/2	1

Nota. La tabla presenta los juicios de valor asignados a la variable cobertura vegetal y uso de suelo, empleando la escala fundamental de prioridades de Saaty.

Tabla 6

Categorías normalizadas de cobertura vegetal y uso de suelo para el oso andino

Variables	V	V1	V2	V3	V4	V5	V6	V7	Peso	%
Bosque nativo	V1	0.37	0.26	0.23	0.506	0.23	0.37	0.24	0.315	31.5
Cultivo	V2	0.07	0.05	0.05	0.042	0.08	0.02	0.08	0.056	5.6
Mosaico agropecuario	V3	0.07	0.05	0.05	0.036	0.13	0.02	0.03	0.055	5.5
Páramo	V4	0.19	0.31	0.32	0.253	0.23	0.37	0.4	0.295	29.5
Pastizal	V5	0.04	0.02	0.01	0.028	0.03	0.02	0.02	0.022	2.2
Vegetación arbustiva	V6	0.12	0.26	0.23	0.084	0.18	0.12	0.16	0.165	16.5
Vegetación herbácea	V7	0.12	0.05	0.14	0.051	0.13	0.06	0.08	0.090	9.0

Nota. La tabla contiene las categorías de la variable cobertura vegetal y uso de suelo normalizadas. Mientras el valor de peso y porcentaje sea más alto, existe mayor probabilidad de encontrar la especie *Tremarctos ornatus*.

Tabla 7

Matriz de Saaty de la variable cobertura vegetal y uso de suelo para el puma

Variables	V	V1	V2	V3	V4	V5	V6	V7
Bosque nativo	V1	1	9	9	1	5	3	5
Cultivo	V2	1/9	1	1	1/9	1/3	1/7	1/5
Mosaico agropecuario	V3	1/9	1	1	1/9	1/2	1/7	1/7
Páramo	V4	1	9	9	1	7	3	5
Pastizal	V5	1/5	3	2	1/7	1	1/5	1/3
Vegetación arbustiva	V6	1/3	7	7	1/3	5	1	3
Vegetación herbácea	V7	1/5	5	7	1/5	3	1/3	1

Nota. La tabla presenta los juicios de valor asignados a cobertura vegetal y uso de suelo del *Puma concolor*, empleando la escala fundamental de prioridades de Saaty.

Tabla 8

Categorías normalizadas de cobertura vegetal y uso de suelo para el puma

Variables	V	V1	V2	V3	V4	V5	V6	V7	Peso	%
Bosque nativo	V1	0.34	0.26	0.25	0.35	0.23	0.38	0.34	0.306	30.6
Cultivo	V2	0.04	0.03	0.03	0.04	0.02	0.02	0.01	0.026	2.6
Mosaico agropecuario	V3	0.04	0.03	0.03	0.04	0.02	0.02	0.01	0.026	2.6
Páramo	V4	0.34	0.26	0.25	0.35	0.32	0.38	0.34	0.319	31.9
Pastizal	V5	0.07	0.09	0.06	0.05	0.05	0.03	0.02	0.050	5.0
Vegetación arbustiva	V6	0.11	0.2	0.19	0.12	0.23	0.13	0.2	0.169	16.9
Vegetación herbácea	V7	0.07	0.14	0.19	0.07	0.14	0.04	0.07	0.103	10.3

Nota. La tabla contiene las categorías de la variable cobertura vegetal y uso de suelo normalizadas. Mientras el valor de peso y porcentaje sea más alto, existe mayor probabilidad de encontrar la especie *Puma concolor*.

Tabla 9

Matriz de Saaty de cobertura vegetal y uso de suelo para la especie Tapirus pinchaque

Variables	V	V1	V2	V3	V4	V5	V6	V7
Bosque nativo	V1	1	9	9	1	9	2	2
Cultivo	V2	1/9	1	1	1/9	2	1/7	1/7
Mosaico agropecuario	V3	1/9	1	1	1/9	2	1/7	1/7
Páramo	V4	1	9	9	1	9	3	3
Pastizal	V5	1/9	1/2	1/2	1/9	1	1/7	1/7
Vegetación arbustiva	V6	1/2	7	7	1/3	7	1	1
Vegetación herbácea	V7	1/2	7	7	1/3	7	1	1

Nota. La tabla presenta los juicios de valor asignados a la cobertura vegetal y uso de suelo de *Tapirus pinchaque*, empleando la escala fundamental de prioridades de Saaty.

Tabla 10

Categorías normalizadas de cobertura vegetal y uso de suelo para Tapirus pinchaque

Variables	V	V1	V2	V3	V4	V5	V6	V7	Peso	%
Bosque nativo	V1	0.3	0.26	0.26	0.33	0.24	0.27	0.27	0.277	27.7
Cultivo	V2	0.03	0.03	0.03	0.04	0.05	0.02	0.02	0.032	3.2
Mosaico agropecuario	V3	0.03	0.03	0.03	0.04	0.05	0.02	0.02	0.032	3.2
Páramo	V4	0.3	0.26	0.26	0.33	0.24	0.4	0.4	0.315	31.5
Pastizal	V5	0.03	0.01	0.01	0.04	0.03	0.02	0.02	0.024	2.4
Vegetación arbustiva	V6	0.15	0.2	0.2	0.11	0.19	0.13	0.13	0.161	16.1
Vegetación herbácea	V7	0.15	0.2	0.2	0.11	0.19	0.13	0.13	0.161	16.1

Nota. La tabla contiene las categorías de la variable cobertura vegetal y uso de suelo normalizadas. Mientras el valor de peso y porcentaje sea más alto, existe mayor probabilidad de encontrar la especie *Tapirus pinchaque*.

Adicional se calculó la razón de consistencia con el fin de obtener una medida operativa de esta en la asignación de los juicios de valor, donde, valores mayores o iguales a 0.10 no son suficientemente consistentes para establecer pesos y los juicios de valor deben ser revisados, mientras que si los valores son inferiores a 0.10 los juicios asignados son satisfactorios. Para los tres casos se dividió el *C.I* para el índice aleatorio de Saaty, es decir, para el valor de 1.32 (ver **Figura 14**), ya que, la matriz generada por pares fue de 7x7. Se obtuvieron razones de consistencia correspondientes a las tres especies como indica la **Tabla 11**, donde se puede evidenciar que los valores son menores a 0.10, demostrando que el método es consistente en la asignación de juicios de valor para los tres casos.

Tabla 11

Índice de consistencia y Razón de consistencia de las tres especies

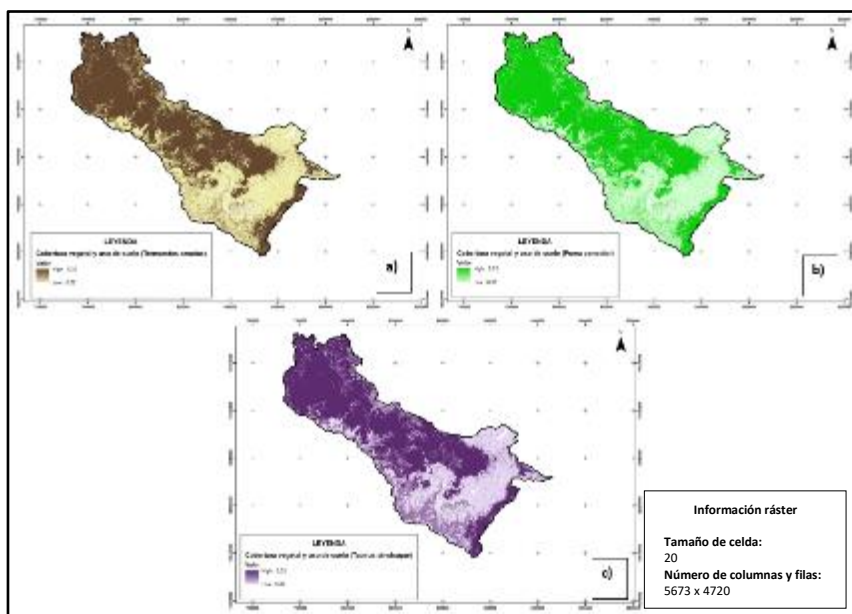
Especie	Índice de consistencia (C.I)	Razón de consistencia (R.C)
<i>Tremarctos ornatus</i>	0.0788	0.0597
<i>Puma concolor</i>	0.0622	0.0471
<i>Tapirus pinchaque</i>	0.0335	0.0254

Nota. La razón de consistencia para las tres especies presenta valores menores a 0.10, llegando a la conclusión que los juicios de valor asignados son consistentes.

Con los valores conseguidos se rasterizó la variable en función de los pesos mediante la herramienta *feature to raster* de ArcGIS como se evidencia en la **Figura 29**.

Figura 29

Mapa de la variable cobertura vegetal y uso de suelo normalizada de las tres especies



Nota. La figura muestra el ráster de la variable normalizada cobertura vegetal y uso de suelo de la provincia del Carchi por cada especie a) oso andino, b) puma y c) tapir de montaña.

Normalización de las variables

De acuerdo a lo expuesto anteriormente (ver Capítulo II: Normalización de variables), se realiza este proceso para reescalar los datos que vienen de fuentes distintas mediante un criterio estadístico con el fin de mantener la misma unidad de medida. Se normalizó en una escala entre el rango de 0 a 1 con el apoyo de los valores máximos en el área de estudio de cada variable independiente, los valores se lograron mediante la herramienta *extract multi values to points* de ArcGIS. En la tabla a continuación (**Tabla 12**) se presentan los valores máximos de todas las variables independientes.

Tabla 12*Valores máximos de las variables independientes*

Variables	Valor Máximo
BIO 1	24.65
BIO 2	10.96
BIO 3	93.64
BIO 4	53.89
BIO 5	29.90
BIO 6	19.70
BIO 7	12.40
BIO 8	24.92
BIO 9	24.45
BIO 10	25.10
BIO 11	24.38
BIO 12	3813.00
BIO 13	485.00
BIO 14	209.00
BIO 15	53.51
BIO 16	1201.00
BIO 17	769.00
BIO 18	1136.00
BIO 19	789.00
Altitud	4709.00
Cuerpos de agua	2132.42
Sitios poblados	12387.90

Nota. La tabla muestra los valores máximos de las variables predictoras.

De acuerdo al criterio del Dr. Oswaldo Padilla experto en modelamiento mediante la aplicación de Sistemas de Información Geográfica se procedió a aplicar la **Ecuación 18** con el fin de normalizar las variables predictoras, ya que, mediante esta relación matemática se logra mantener la proporcionalidad de la variable.

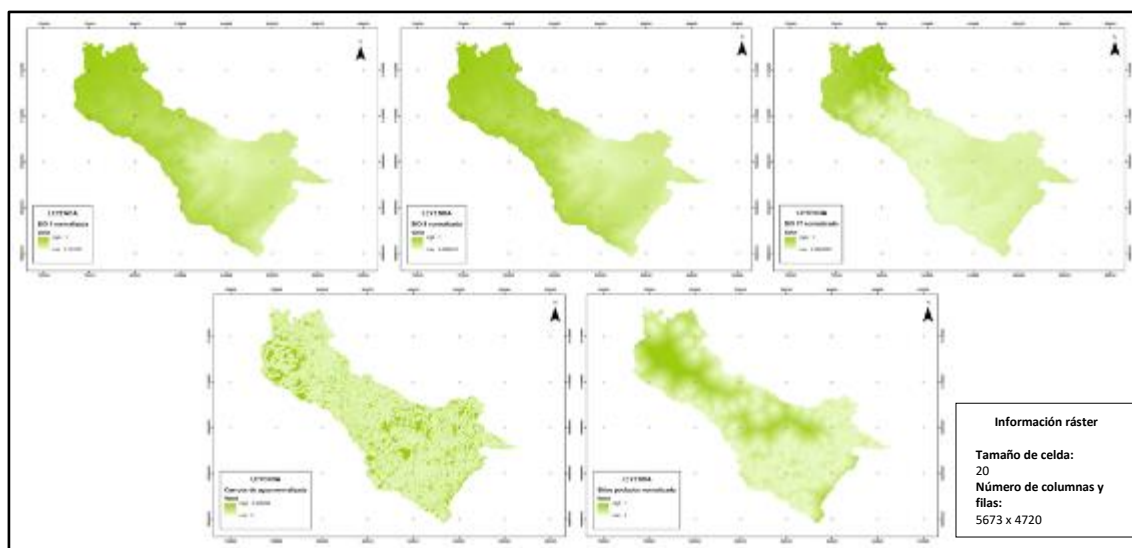
$$X_n = \frac{X_i}{X_{max}} \quad (18)$$

Donde, X_n es la variable normalizada, X_i es la variable y X_{max} el valor máximo. Cabe mencionar que este proceso no se realizó para la variable cobertura vegetal y uso de suelo, ya que, fue normalizada mediante el método propuesto por Saaty.

Finalmente, en la figura a continuación se evidencia algunas variables independientes normalizadas en el rango de 0 hasta 1, estas sirven de base para realizar la predicción de la distribución espacial para cada especie en la zona de estudio.

Figura 30

Mapas de variables normalizadas



Nota. En la figura se puede evidenciar algunas de las variables predictoras normalizadas.

Modelos de distribución de especies (MDE)

Existe un sinnúmero de modelos para determinar la distribución de especies en el territorio, para el desarrollo de este trabajo se aplicaron los siguientes modelos: Lógica Difusa, Regresión Multivariada (MARS), BIOCLIM y Regresión Logística, con el fin de establecer el modelo que mejor realice la predicción de habitabilidad del oso andino (*Tremarctos ornatus*), el puma (*Puma concolor*) y el tapir de montaña (*Tapirus pinchaque*).

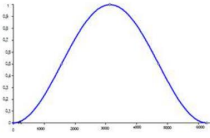
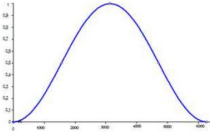
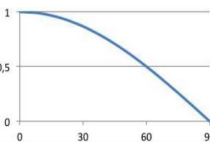
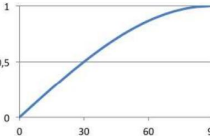
Lógica Difusa

De acuerdo a lo mencionado en el Capítulo II: Lógica Difusa, este método proporciona la base matemática para modelar el razonamiento humano, por lo que, se puede representar valores cualitativos (si o no) en valores numéricos en un rango de 0 a 1. Las funciones empleadas fueron el seno y coseno de acuerdo al comportamiento de cada variable predictora como se describió en la **Tabla 1**.

A continuación, en la **Tabla 13** se detalla el análisis realizado entre la interacción de las variables independientes con la presencia de la especie de acuerdo al caso de correspondencia de la Lógica Difusa. Cabe destacar que las variables predictoras influyen de la misma manera en las tres especies que son objeto de esta investigación excepto la variable cobertura vegetal y uso de suelo la cual se encuentra determinada para cada especie. Por otro lado, no es necesario aplicar la fusificación a la mencionada variable predictora debido a que previamente sufrió la aplicación del método de Saaty.

Tabla 13

Asignación del caso de Lógica Difusa para cada variable predictora

Variable	Descripción	Caso Lógica Difusa	Función	Rango
Bioclimáticas	De acuerdo al rango óptimo para el desarrollo de la especie las condiciones extremas estropean el hábitat, por el contrario, las no extremas adecúan el hábitat para la vida.		Seno	De 0 a π
Altitud	La especie presenta un rango óptimo de elevación para su habitabilidad, al momento de sobrepasar o disminuir el rango de elevación la presencia tiende a mermar.		Seno	De 0 a π
Distancia a cuerpos de agua	La relación es inversa, ya que, mientras más alejado se encuentre el cuerpo de agua a la especie la presencia tiende a menguar.		Coseno	De 0 a $\pi/2$
Distancia a sitios poblados	La relación es directa debido a que si la especie está más alejada de los sitios poblados su presencia tiende a crecer.		Seno	De 0 a $\pi/2$

Nota. La tabla muestra la descripción y el respectivo caso de Lógica Difusa con su función y rango por cada variable predictora.

Aplicación del modelo de Lógica Difusa

Una vez establecidos los casos para cada variable predictora normalizada se procedió a transformarlas a radianes mediante la multiplicación de π o $\pi/2$ según corresponda. La fórmula usada fue la siguiente:

$$X_{nR} = X_n * C \quad (19)$$

Donde, X_{nR} representa el valor de la variable predictora normalizada en radianes, X_n es la variable predictora normalizada y C es el valor de π o $\pi/2$ según el caso de Lógica Difusa.

Posteriormente se calculó la probabilidad de ocurrencia de cada variable predictora de acuerdo a su función (ver **Tabla 13**) a través de la **Ecuación 20** y **Ecuación 21** y con la ayuda de la herramienta *sin* y *cos* de ArcGIS.

$$P = \text{Sen}(X_{nR}) \quad (20)$$

$$P = \text{Cos}(X_{nR}) \quad (21)$$

Donde, P es la probabilidad de ocurrencia.

Con todos los resultados de las probabilidades de ocurrencia se procedió a formar la ecuación predictora del modelo como se mencionó en el Capítulo II: Descripción matemática de Lógica Difusa en la **Ecuación 8**. Consecuentemente, se obtuvieron 3 ecuaciones predictoras, una por cada especie, como se muestra en la **Tabla 14**.

Tabla 14

Ecuación predictora de cada especie

Especie	Ecuación predictora
Oso andino	$Y = (P_{\text{BIO } 1} + P_{\text{BIO } 2} + P_{\text{BIO } 3} + P_{\text{BIO } 4} + P_{\text{BIO } 5} + P_{\text{BIO } 6} + P_{\text{BIO } 7} + P_{\text{BIO } 8} + P_{\text{BIO } 9} + P_{\text{BIO } 10} + P_{\text{BIO } 11} + P_{\text{BIO } 12} + P_{\text{BIO } 13} + P_{\text{BIO } 14} + P_{\text{BIO } 15} + P_{\text{BIO } 16} + P_{\text{BIO } 17} + P_{\text{BIO } 18} + P_{\text{BIO } 19} + P_{\text{Altitud}} + P_{\text{Cuerpos de agua}} + P_{\text{Sitios poblados}} + P_{\text{Cobertura y uso oso}}) / 23$
Puma	$Y = (P_{\text{BIO } 1} + P_{\text{BIO } 2} + P_{\text{BIO } 3} + P_{\text{BIO } 4} + P_{\text{BIO } 5} + P_{\text{BIO } 6} + P_{\text{BIO } 7} + P_{\text{BIO } 8} + P_{\text{BIO } 9} + P_{\text{BIO } 10} + P_{\text{BIO } 11} + P_{\text{BIO } 12} + P_{\text{BIO } 13} + P_{\text{BIO } 14} + P_{\text{BIO } 15} + P_{\text{BIO } 16} + P_{\text{BIO } 17} + P_{\text{BIO } 18} + P_{\text{BIO } 19} + P_{\text{Altitud}} + P_{\text{Cuerpos de agua}} + P_{\text{Sitios poblados}} + P_{\text{Cobertura y uso puma}}) / 23$

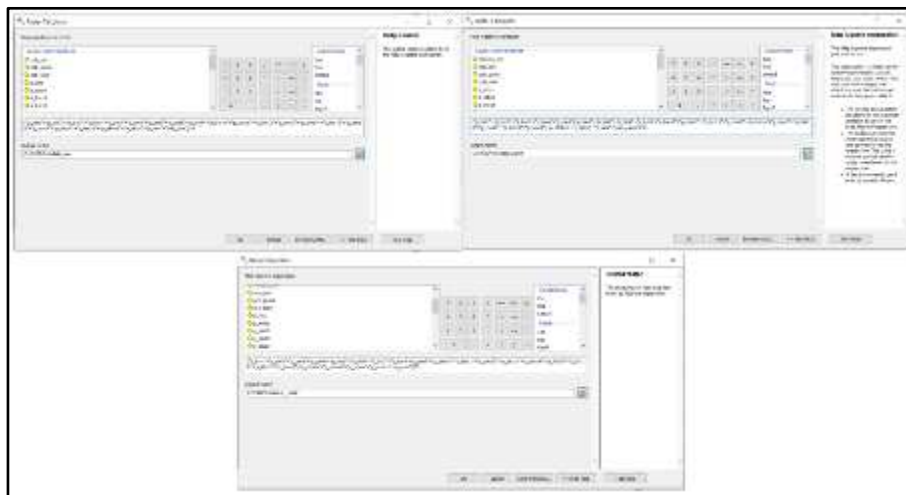
Especie	Ecuación predictora
Tapir de montaña	$Y = (P_{BIO\ 1} + P_{BIO\ 2} + P_{BIO\ 3} + P_{BIO\ 4} + P_{BIO\ 5} + P_{BIO\ 6} + P_{BIO\ 7} + P_{BIO\ 8} + P_{BIO\ 9} + P_{BIO\ 10} + P_{BIO\ 11} + P_{BIO\ 12} + P_{BIO\ 13} + P_{BIO\ 14} + P_{BIO\ 15} + P_{BIO\ 16} + P_{BIO\ 17} + P_{BIO\ 18} + P_{BIO\ 19} + P_{Altitud} + P_{Cuerpos\ de\ agua} + P_{Sitios\ poblados} + P_{Cobertura\ y\ uso\ tapir}) / 23$

Nota. La tabla presenta la ecuación predictora por cada especie.

Finalmente, con el apoyo de la herramienta *raster calculator* del software ArcGIS se procedió a calcular el valor de la ecuación predictora (Y) con el fin de obtener el modelo de la distribución espacial de cada especie, como se muestra en la figura a continuación.

Figura 31

Interfaz de raster calculator con las ecuaciones predictoras ingresadas



Nota. En la figura se muestra el ingreso de la ecuación predictora de cada especie (Y) en el software ArcGIS.

Evaluación del modelo Lógica Difusa

Para conseguir los estadísticos evaluadores del modelo se usó el software DIVA-GIS con el fin de obtener la curva ROC y el valor del índice Kappa, en el Capítulo III:

Evaluación del modelo BIOCLIM se detalla el proceso a seguir para la generación de los mencionados evaluadores.

Regresión Multivariada (MARS)

Se la puede catalogar como “una herramienta que automatiza la construcción de modelos de predicción, que permite la elección de variables relevantes, transformación de las variables predictoras, tratamiento de los valores perdidos y un autotest para protegerse del sobreajuste” como señala Alvarado et al. (2010). Creado por la Universidad de Salford Inglaterra, es un módulo que se encuentra dentro de la plataforma Salford Predictive Modeler (SPM) al igual que otras herramientas estadísticas como Random Forest, CART y TreeNet.

Al ser un método no paramétrico como se describe en el capítulo anterior (Regresión Multivariada) no hace suposiciones entre la relación de las variables dependientes e independientes, al contrario, construye coeficientes y funciones base provenientes de la relación de los datos, esto lo hace un método muy adecuado para el análisis de más de dos variables (Friedman, 1991; Montero, 2013).

Aplicación del modelo de Regresión Multivariada (MARS)

Para la aplicación del modelo MARS en el software SPM v8.3, los insumos de entrada empleados fueron “oso.csv”, “puma.csv” y “tapir.csv”, se usó este formato (.csv) delimitado por comas ya que el programa así lo admite. Los datos que contienen estos archivos fueron, cada punto de presencia y pseudo-ausencia, y los valores de las variables independientes normalizadas que fueron obtenidos mediante la herramienta *extract multi values to points* de ArcGIS, esto para cada una de las especies producto de la investigación. En la **Figura 32** se encuentra un ejemplo de la base de datos ingresada al software SPM.

Figura 32

Base de datos en formato .csv

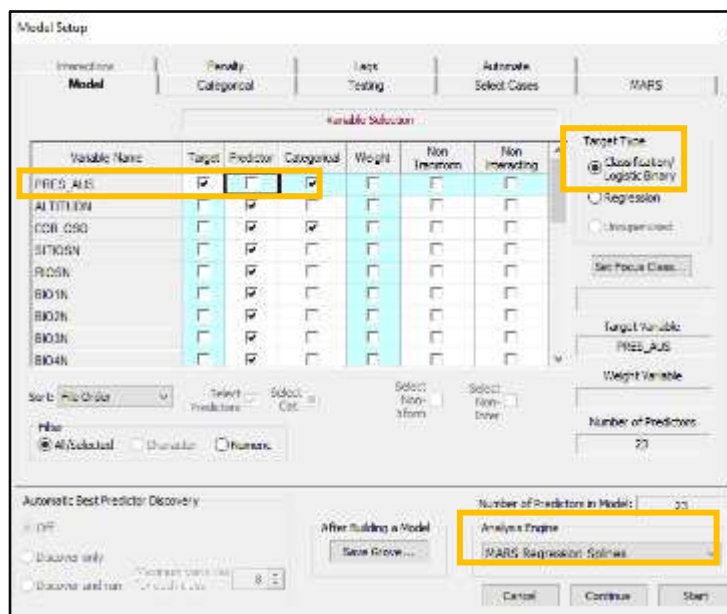
LONGITUD	ANCHO	ALTURAS	COEF. ANG.	ANG. DE INCLINACION	ANG. DE INCLINACION	ANG. DE INCLINACION	ANG. DE INCLINACION	ANG. DE INCLINACION	ANG. DE INCLINACION	ANG. DE INCLINACION	ANG. DE INCLINACION	ANG. DE INCLINACION	ANG. DE INCLINACION	ANG. DE INCLINACION	ANG. DE INCLINACION	ANG. DE INCLINACION	ANG. DE INCLINACION	ANG. DE INCLINACION	ANG. DE INCLINACION
11.2.42	0.319026	0.119423	0.364900	0.240907	0.480975	0.442924	0.388999	0.348888	0.270909	0.200909	0.140909	0.080909	0.020909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909
11.2.42	0.319026	0.119423	0.364900	0.240907	0.480975	0.442924	0.388999	0.348888	0.270909	0.200909	0.140909	0.080909	0.020909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909
11.2.42	0.319026	0.119423	0.364900	0.240907	0.480975	0.442924	0.388999	0.348888	0.270909	0.200909	0.140909	0.080909	0.020909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909
11.2.42	0.319026	0.119423	0.364900	0.240907	0.480975	0.442924	0.388999	0.348888	0.270909	0.200909	0.140909	0.080909	0.020909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909
11.2.42	0.319026	0.119423	0.364900	0.240907	0.480975	0.442924	0.388999	0.348888	0.270909	0.200909	0.140909	0.080909	0.020909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909
11.2.42	0.319026	0.119423	0.364900	0.240907	0.480975	0.442924	0.388999	0.348888	0.270909	0.200909	0.140909	0.080909	0.020909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909
11.2.42	0.319026	0.119423	0.364900	0.240907	0.480975	0.442924	0.388999	0.348888	0.270909	0.200909	0.140909	0.080909	0.020909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909
11.2.42	0.319026	0.119423	0.364900	0.240907	0.480975	0.442924	0.388999	0.348888	0.270909	0.200909	0.140909	0.080909	0.020909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909
11.2.42	0.319026	0.119423	0.364900	0.240907	0.480975	0.442924	0.388999	0.348888	0.270909	0.200909	0.140909	0.080909	0.020909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909
11.2.42	0.319026	0.119423	0.364900	0.240907	0.480975	0.442924	0.388999	0.348888	0.270909	0.200909	0.140909	0.080909	0.020909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909
11.2.42	0.319026	0.119423	0.364900	0.240907	0.480975	0.442924	0.388999	0.348888	0.270909	0.200909	0.140909	0.080909	0.020909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909	0.000909

Nota. La figura muestra un ejemplo de base de datos de una de las especies en formato (.csv) que se usó para el modelamiento.

Posteriormente se elige cuáles serán las variables independientes y dependiente que el mismo software permite seleccionar, la variable seleccionada como dependiente fue “pres/aus” y al ser la variable objetivo, se escogió de tipo logístico binario (por tener datos de presencias y ausencias), las demás variables fueron seleccionadas como predictores, tomando en cuenta que la cobertura vegetal también se la escoge como categórica. A su vez se seleccionó el método de modelamiento, para este caso MARS Regression Splines como se muestra a continuación.

Figura 33

Interfaz principal del software SPM

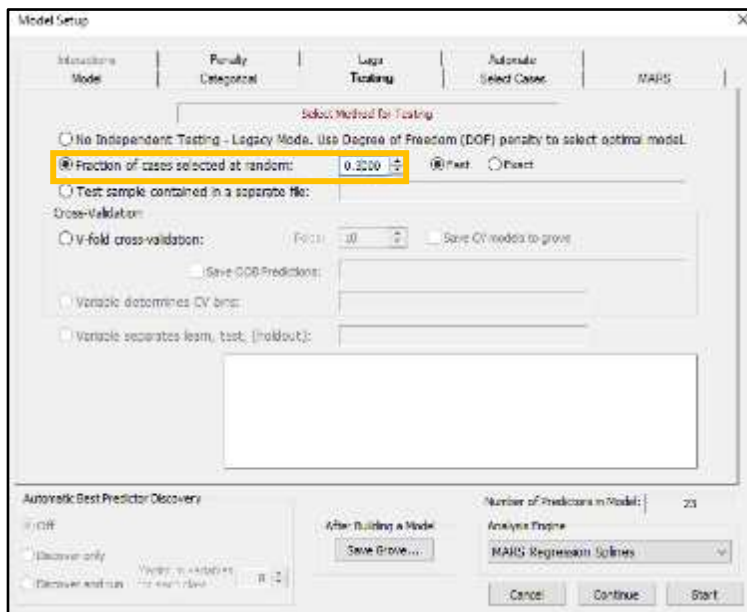


Nota. En la figura se observa la variable seleccionada como dependiente (*Target*) e independientes (*Predictor*), el tipo de variable dependiente escogida (*Target Type*) y el modelo a realizar (*Analysis Engine*).

Lo que se realizó a continuación fue seleccionar el porcentaje de prueba que utilizará el método para realizar el test (evaluación), el porcentaje elegido fue 30%, como se muestra en la a continuación.

Figura 34

Configuración del test de MARS

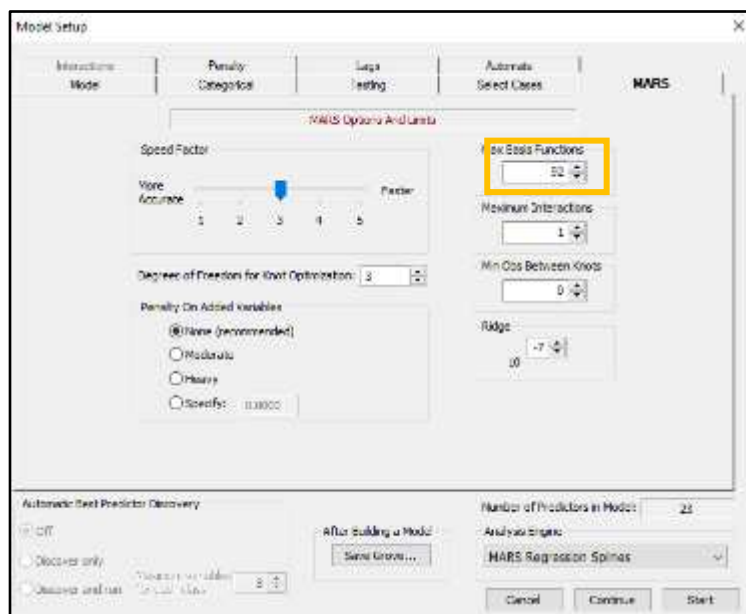


Nota. La figura presenta el porcentaje elegido para que el modelo realice la evaluación del mismo.

Para terminar de configurar el modelo, se definió el número de funciones base siguiendo la recomendación del manual del software SPM para el modelo MARS donde se menciona que deben ser de dos a cuatro veces el número de predictores (Minitab, 2019), al tener 23 predictores, se colocó 92 funciones base como se indica en la **Figura 35**.

Figura 35

Cantidad de funciones base

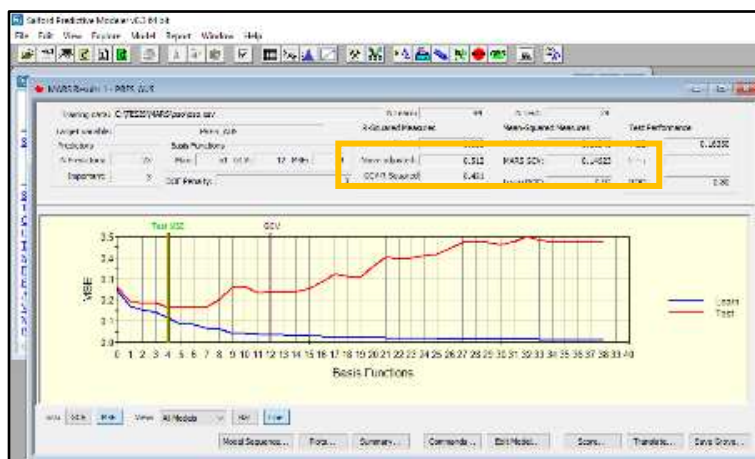


Nota. La figura presenta la cantidad de funciones base seleccionadas.

Una vez que el proceso fue ejecutado, se puede observar estadísticos de relevancia para el modelo, como lo son las curvas de aprendizaje y el R^2 como se puede observar en la **Figura 36**, además dentro de la pestaña *Summary* se puede observar la matriz de confusión, funciones básicas resultantes, curva ROC, contribución de las variables como indica la **Figura 37**.

Figura 36

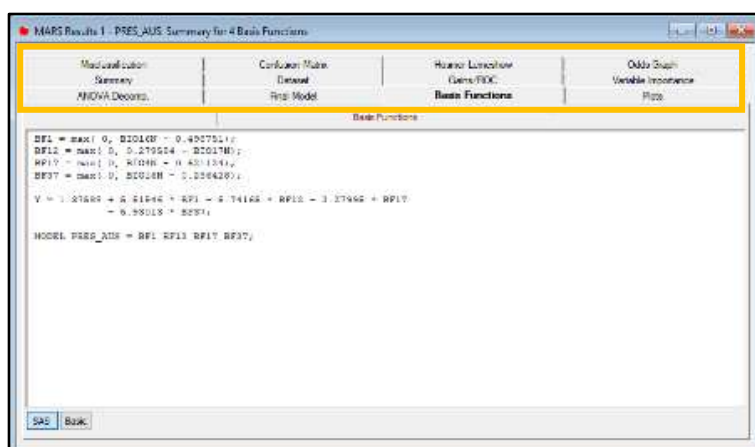
Estadísticos y curvas de aprendizaje obtenidas en el modelamiento



Nota. En la figura se observa el estadístico R^2 , el error cuadrático medio (MSE) y las curvas de aprendizaje.

Figura 37

Ventana de resumen del modelamiento



Nota. En la figura se observa las funciones base resultante como ejemplo del modelamiento de la especie *Tremarctos ornatus*.

Funciones básicas para formar la ecuación predictora

Dentro del software SPM se hace una combinación de funciones básicas generadas, siendo estas el principal resultado de la modelación, las mismas que son utilizadas en la ecuación predictora junto con los coeficientes generados, estos determinan el valor del pixel en el mapa resultante, en las tablas a continuación se muestran las funciones básicas resultantes y la ecuación predictora para cada una de las especies.

Tabla 15

Funciones base resultantes de la especie Tremarctos ornatus (oso andino)

<i>Tremarctos ornatus</i>	Ecuación predictora
BF1 = max (0, BIO16N - 0.498751);	Y = 1.37588 + 5.51546 * BF1 - 5.74165 * BF12 - 2.27995 * BF17 - 5.93013 * BF37
BF12 = max (0, 0.279584 - BIO17N);	
BF17 = max (0, BIO4N - 0.621124);	
BF37 = max (0, BIO16N - 0.286428);	

Nota. En la tabla se observa que existen 4 funciones base y 3 variables de importancia (BIO 16, BIO 17 y BIO 4) que aportaron al modelo de la especie *Tremarctos ornatus*.

Tabla 16

Funciones base resultantes de la especie Puma concolor (puma)

<i>Puma concolor</i>	Ecuación predictora
BF1 = max (0, BIO5N - 0.474916);	Y = -9.08183 + 15.906 * BF1 + 20.3656 * BF2 + 15.0755 * BF3 - 43.3552 * BF4 + 4.15405 * BF5 + 10.2375 * BF6 - 93.4004 * BF7 + 57.0642 * BF8 - 0.315065 * BF9 - 7.04681 * BF10 - 34.1705 * BF11 + 26.6408 * BF12 + 81.5295 * BF13 - 62.4504 * BF14 - 1.65849 * BF15 - 2.64759 * BF16 -1.33051 * BF17 -
BF2 = max (0, 0.474916 - BIO5N);	
BF3 = max (0, BIO11N - 0.338346);	
BF4 = max (0, 0.338346 - BIO11N);	
BF5 = max (0, BIO15N - 0.411146);	
BF6 = max (0, 0.411146 - BIO15N);	

Puma concolor

$$\text{BF7} = \max(0, \text{BIO7N} - 0.798387);$$

$$\text{BF8} = \max(0, 0.798387 - \text{BIO7N});$$

$$\text{BF9} = \max(0, \text{RIOSN} - 0.037516);$$

$$\text{BF10} = \max(0, 0.037516 - \text{RIOSN});$$

$$\text{BF11} = \max(0, \text{BIO9N} - 0.753238);$$

$$\text{BF12} = \max(0, 0.753238 - \text{BIO9N});$$

$$\text{BF13} = \max(0, \text{BIO2N} - 0.823577);$$

$$\text{BF14} = \max(0, 0.823577 - \text{BIO2N});$$

$$\text{BF15} = \max(0, \text{BIO4N} - 0.504286);$$

$$\text{BF16} = \max(0, 0.504286 - \text{BIO4N});$$

$$\text{BF17} = \max(0, \text{BIO14N} - 0.30622);$$

$$\text{BF18} = \max(0, 0.30622 - \text{BIO14N});$$

$$\text{BF19} = \max(0, \text{BIO17N} - 0.328999);$$

$$\text{BF20} = \max(0, 0.328999 - \text{BIO17N});$$

$$\text{BF21} = \max(0, \text{BIO17N} - 0.289987);$$

$$\text{BF23} = \max(0, \text{BIO17N} - 0.258778);$$

$$\text{BF25} = \max(0, \text{BIO13N} - 0.249485);$$

$$\text{BF26} = \max(0, 0.249485 - \text{BIO13N});$$

$$\text{BF27} = \max(0, \text{BIO3N} - 0.963055);$$

$$\text{BF28} = \max(0, 0.963055 - \text{BIO3N});$$

Ecuación predictora

$$8.57232 * \text{BF18} + 25.0016 * \text{BF19} +$$

$$0.988518 * \text{BF20} - 33.9984 * \text{BF21} +$$

$$13.2839 * \text{BF23} - 2.89577 * \text{BF25} +$$

$$12.8974 * \text{BF26} - 65.5745 * \text{BF27} +$$

$$83.3532 * \text{BF28}$$

Nota. En la tabla se observa que existen 26 funciones base y 12 variables de importancia (BIO 5, BIO 11, BIO 15, BIO 7, Cuerpos de agua, BIO 9, BIO 2, BIO 4, BIO 14, BIO 17, BIO 13 y BIO3) que aportaron al modelo de la especie *Puma concolor*.

Tabla 17

Funciones base resultantes de la especie Tapirus pinchaque (tapir de montaña)

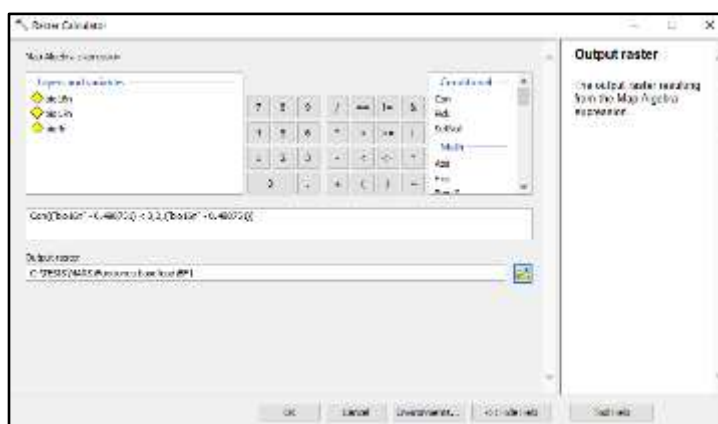
<i>Tapirus pinchaque</i>	Ecuación predictora
BF4 = max (0, 0.230921 - SITIOSN); BF8 = max (0, 0.821501 - BIO4N);	$Y = 0.876223 - 3.96216 * BF4 - 1.9862 * BF8$

Nota. En la tabla se observa que existen 2 funciones base y 2 variables de importancia (Sitios poblados, BIO 4) que aportaron al modelo de la especie *Tapirus pinchaque*.

Las funciones básicas de cada una de las especies fueron transformadas a ráster y aplicadas en la ecuación predictora mediante el uso de la herramienta *Raster Calculator* de ArcGIS, la transformación se la realizó con el condicional *Con*, reemplazando a la función *max* como se observa en la figura a continuación.

Figura 38

Transformación de las funciones base a ráster



Nota. En la figura se observa un ejemplo de la transformación de una de las funciones base de la especie *Tremarctos ornatus*.

Es importante aclarar que el proceso que se realizó para el modelo MARS se lo aplicó para las tres especies, las figuras de referencia solamente son un ejemplo de la aplicación del mismo a una de las especies.

BIOCLIM

De acuerdo a Chapman (2007) BIOCLIM es un modelo heurístico el cual es sencillo de aplicar pero que tiende a sobre predecir, se encuentra incorporado en programas como GARP Desktop y DIVA-GIS, razón por la cual, en el presente trabajo de investigación se realizó la aplicación del modelo en el software DIVA-GIS.

DIVA-GIS es un Sistema de Información Geográfica gratuito con el cual se realiza el estudio de la distribución espacial de especies con el fin de esclarecer sus factores condicionantes y en donde se pueden realizar mapas de distribución. Entre las funciones analíticas más destacadas del programa se encuentran: el mapeo de riqueza y diversidad, el mapeo de la distribución de rasgos específicos y la identificación de áreas con diversidad complementaria. DIVA-GIS también puede extraer datos climáticos para todas las localidades en la tierra y mapear la diversidad basado en datos de marcadores moleculares (DNA). Puede también emplearse para el análisis de autocorrelación espacial, y modelamiento de la distribución de especies utilizando los algoritmos BIOCLIM y DOMAIN (con predicciones para climas presentes y futuros). Cabe señalar que la interoperabilidad no es un problema, ya que, lee y escribe formatos de datos estándar como los shapefiles ESRI, pero su ejecución solamente se puede realizar en Windows. (DIVA-GIS, 2004)

Aplicación del modelo de BIOCLIM

El software DIVA-GIS lee el formato GRID, por lo que, en primer lugar, se realizó la transformación de todas las variables predictoras que se encuentran previamente normalizadas mediante la herramienta *raster to ASCII* de ArcGIS para más tarde con la herramienta *import to gridfile* de DIVA-GIS de igual forma transformar todas las variables ASCII a formato GRID (.grid) y con ello lograr que el programa reconozca las mencionadas variables.

Figura 39

Proceso de transformación de ASCII a GRID

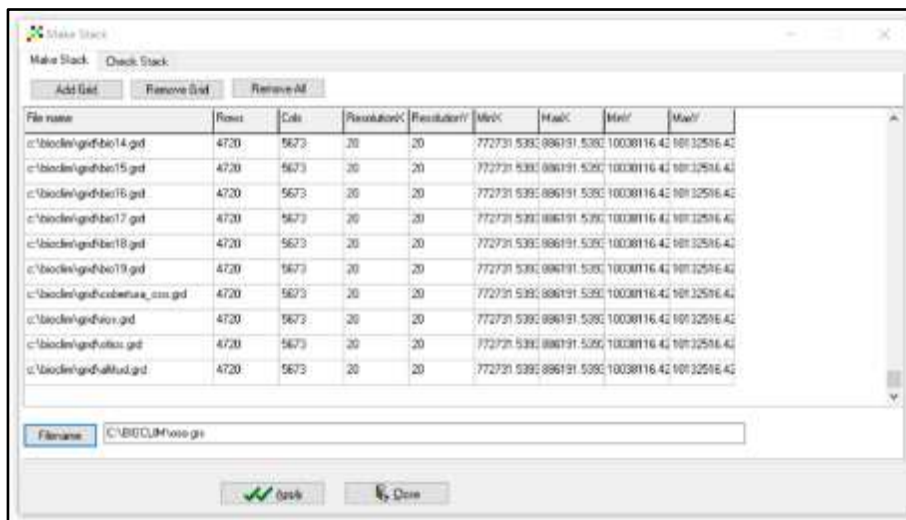


Nota. En la figura se muestra la transformación de una de las variables predictoras normalizadas de formato ASCII a formato GRID.

El siguiente paso fue apilar todas las variables predictoras mediante el uso de la herramienta *make stack* con el fin de unir las cuadrículas para facilitar el procesamiento repetitivo de los archivos. Se obtuvo un archivo Stack de extensión (.grs), como se muestra en la **Figura 40**, el cual se convirtió en el insumo de entrada apilando todas las variables condicionantes de cada especie para realizar la aplicación del modelo BIOCLIM en el programa.

Figura 40

Creación del Stack

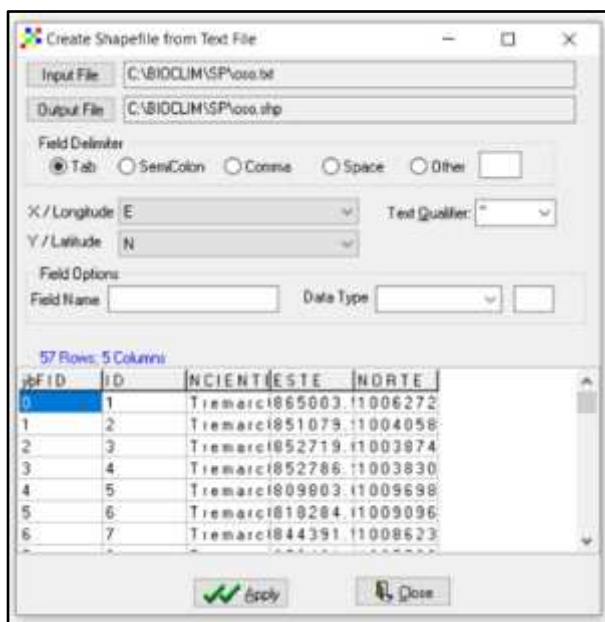


Nota. En la figura se muestra la creación del Stack para el oso andino.

Para exportar los datos de presencia de las especies de este estudio se procedió a realizar una base de datos en formato de texto (.txt) por cada una. La base de datos debe contener necesariamente las coordenadas, las cuales se encuentran en el mismo sistema de referencia y sistema de coordenadas que las variables predictoras (WGS84 UTM Zona 17S). Mediante el uso de la herramienta *create shapefile from text file* se crearon las capas con extensión (.shp) de cada especie definiendo la delimitación de los campos y las coordenadas como se muestra en la **Figura 41**.

Figura 41

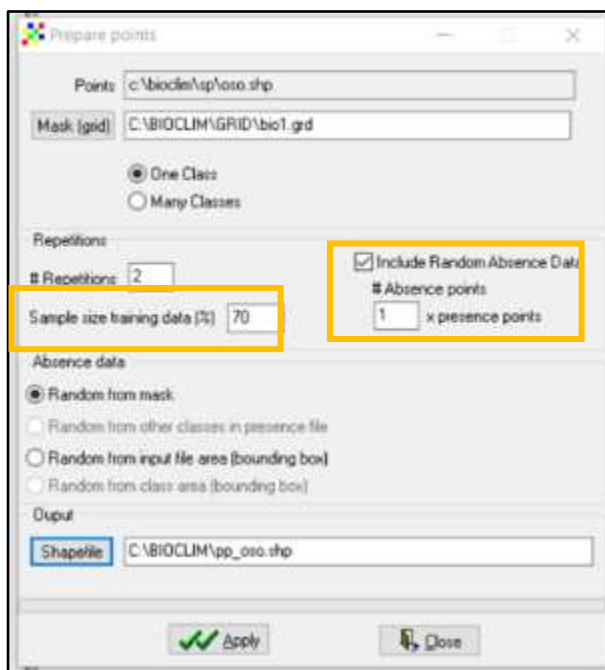
Exportación de presencias a shapefile



Nota. En la figura se evidencia la exportación de la base de datos en formato texto del oso andino (*Tremarctos ornatus*) a shapefile.

En la preparación de los puntos de presencia para aplicar BIOCLIM se hizo uso de la herramienta *prepare points* para cada especie, esta herramienta permite dividir los datos en subconjuntos que se pueden usar para probar el modelo de distribución. Se aplicó el 70% de los datos para realizar el entrenamiento del modelo y además se activó la generación de datos de ausencia aleatorio, un punto de ausencia por cada punto de presencia. El resultado obtenido son dos coberturas de puntos en formato shape, una de ellas son los datos de entrenamiento del modelo (“_train”) mientras que la otra son los datos de prueba del modelo (“_test”).

Figura 42

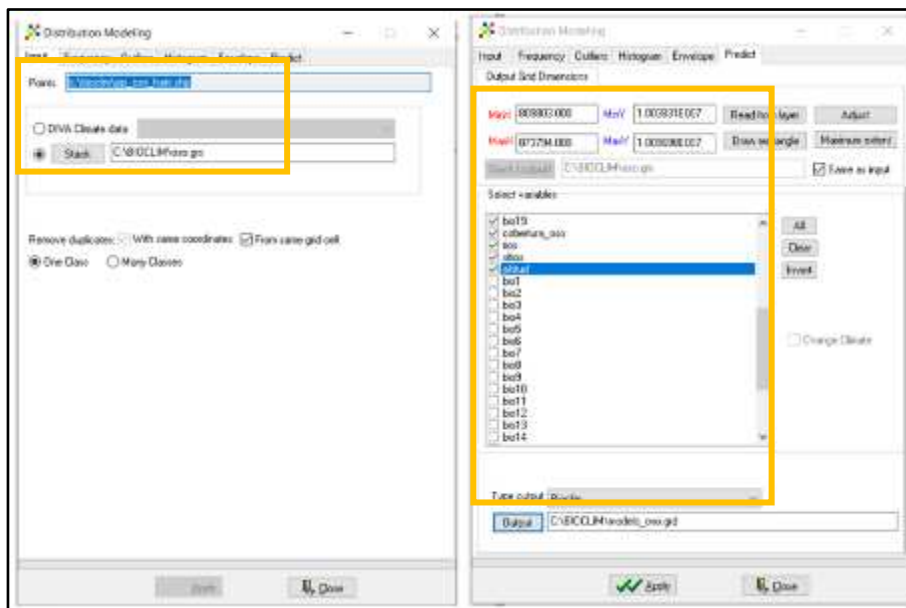
Preparación de puntos de presencia

Nota. En la figura se muestra la preparación de los puntos de presencia del oso andino (*Tremarctos ornatus*), con su respectivo porcentaje de datos para el entrenamiento del modelo y el espacio geográfico (mask) en donde se generarán las ausencias aleatorias activadas.

Finalmente, para realizar el modelamiento se aplicó la herramienta *distribution modeling* en donde se ingresa el shape de los datos de entrenamiento generados anteriormente y el apilamiento de las variables predictoras. Además, se definió las dimensiones para el archivo de salida y se seleccionaron las 23 variables predictoras para concluir con la selección del modelo BIOCLIM. Cabe mencionar que este proceso se realizó para cada especie (oso andino, puma y tapir de montaña), en la **Figura 43** se presenta el proceso para el oso andino.

Figura 43

Aplicación del modelo BIOCLIM



Nota. En la figura se evidencia la aplicación del modelo BIOCLIM del oso andino (*Tremarctos ornatus*) en el software DIVA-GIS con sus respectivas entradas y configuraciones.

Como resultado de la aplicación del método BIOCLIM en el Sistema de Información Geográfica DIVA se obtuvo un archivo GRID (.grid) por cada especie, en el cual se evidencia las zonas de mayor probabilidad de presencia del oso andino, el puma y el tapir de montaña.

Evaluación del modelo BIOCLIM

Para obtener el evaluador del modelo se utilizó la herramienta *extract point values from grid/stack* en donde se ingresaron como insumos de entrada los datos de prueba del modelo (“_test”) y el archivo GRID resultante del modelamiento, se obtuvo como archivo de salida el elemento ROC con extensión (.roc) el cual se usó para

conseguir la curva ROC y el estadístico Kappa mediante la aplicación de la herramienta *show ROC / kappa*.

De acuerdo a Landis & Koch (1977) los valores del índice Kappa se traducen en una escala cualitativa según su fuerza de concordancia, en la **Figura 44** se describe su respectiva categorización conforme al valor.

Figura 44

Valoración del coeficiente Kappa

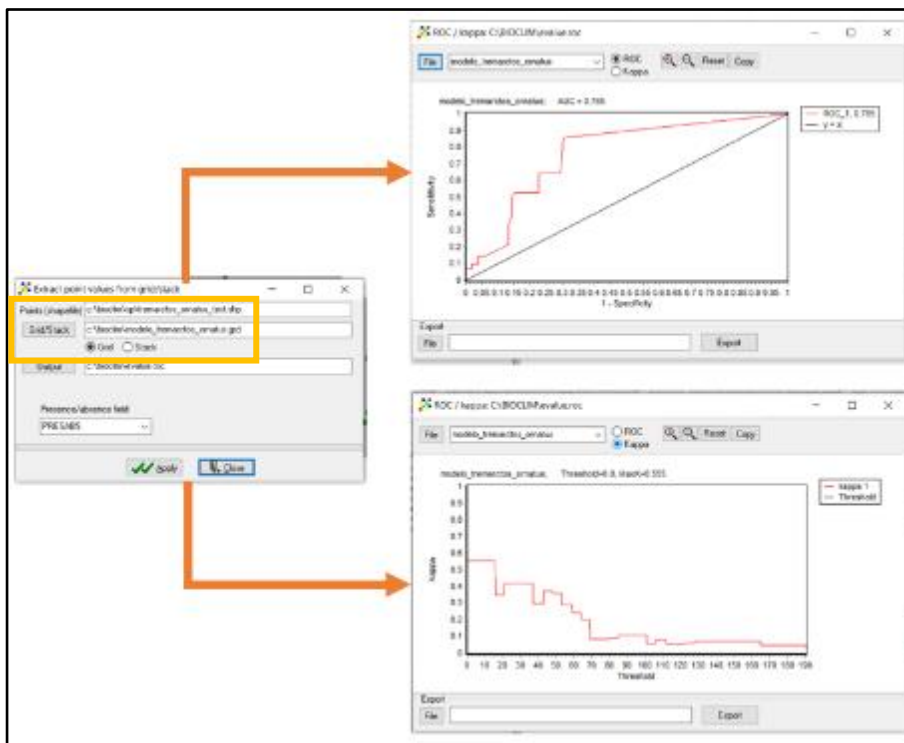
Coeficiente kappa	Fuerza de la concordancia
0,00	Pobre (<i>Poor</i>)
0,01 - 0,20	Leve (<i>Slight</i>)
0,21 - 0,40	Aceptable (<i>Fair</i>)
0,41 - 0,60	Moderada (<i>Moderate</i>)
0,61 - 0,80	Considerable (<i>Substantial</i>)
0,81 - 1,00	Casi perfecta (<i>Almost perfect</i>)

Nota. En la figura se puede evidenciar la fuerza de concordancia según el valor del estadístico Kappa. Tomado de *Evaluación de la concordancia inter-observador en investigación pediátrica: Coeficiente Kappa* por Cerda & Villaroel, 2008.

Es necesario señalar que se realizó el procedimiento escrito anteriormente para las tres especies objeto de esta investigación, en la **Figura 45** se muestra el proceso únicamente para el oso andino.

Figura 45

Obtención de la curva ROC y estadístico Kappa



Nota. En la figura se puede evidenciar el procedimiento para la obtención de la curva ROC y el estadístico Kappa del oso andino.

Regresión Logística

El modelo de Regresión Logística se aplicó en el programa Statistical Package for the Social Sciences 25 (SPSS 25), en donde se pueden realizar análisis de datos complejos. El programa estadístico presenta una interfaz sencilla de entender y manejar, además de poseer una buena capacidad para el manejo de bases de datos grandes. Cabe destacar que SPSS fue creado para atender las necesidades de las ciencias sociales como lo indica su nombre, pero en la actualidad el software es

empleado en múltiples campos en donde se ha comprobado su efectividad en el manejo de la data.

Uno de los módulos destacados de SPSS es el de las regresiones, ya que, permite realizar un análisis completo de las variables. El uso de este software para el cumplimiento de los objetivos del presente estudio se torna vital, ya que, dilucida la relación existente entre las variables predictoras y la presencia de la especie.

Aplicación del modelo de Regresión Logística

Para realizar el modelamiento mediante el método de Regresión Logística en el software SPSS se importó la base de datos en formato (.csv), cabe mencionar que la data importada es la misma que se usó para la aplicación del modelo MARS.

Adicionalmente, se debe aclarar que se realizó la importación y el proceso que se va a describir en los siguientes párrafos para cada especie, pero en las figuras de referencia que describen la metodología solamente se presentan las del oso andino.

Con la ayuda de la herramienta *importar datos* de SPSS se ingresó la base de datos en el software, en la **Figura 46** se evidencia la lista de variables ingresadas con su respectiva configuración.

Figura 46

Configuración de cada variable en el software SPSS

	Nombre	Tipo	Anchura	Decimales	Escala	Valores	Faltantes	Columnas	Alineación	Medida	Etiqueta
1	anos_001	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Nominal	Etiqueda
2	anos_02	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Escala	Etiqueda
3	anos_003	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
4	anos_004	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
5	anos_005	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
6	anos_006	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
7	anos_007	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
8	anos_008	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
9	anos_009	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
10	anos_010	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
11	anos_011	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
12	anos_012	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
13	anos_013	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
14	anos_014	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
15	anos_015	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
16	anos_016	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
17	anos_017	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
18	anos_018	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
19	anos_019	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
20	anos_020	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
21	anos_021	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
22	anos_022	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
23	anos_023	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda
24	anos_024	Número	12	0		Ninguna	Ninguna	12	Centra	Etiqueda	Etiqueda

Nota. En la figura se visualiza la configuración de la variable dependiente y de igual forma de las variables predictoras.

Una vez cargada la data se procedió a realizar la regresión, se seleccionó la Logística binaria debido a que la variable dependiente es dicotómica, es decir, solamente presenta datos de ausencia o presencia. Por otro lado, se eligió el método Hacia atrás, ya que, elimina las variables menos significativas en una serie de pasos hasta obtener las variables que influyen mayormente en el modelo. Cabe mencionar que siempre se debe tomar el último paso, ya que, es el que presenta mayor significancia en el modelo.

Figura 47

Elección de variables independientes, variable dependiente y método



Nota. En la figura se muestra la configuración para cada ítem de la Regresión logística binaria.

Entre los principales resultados en la aplicación de la regresión se obtuvieron estadísticos, como: el R^2 y la matriz de confusión, y los coeficientes β_n los cuales contribuyen a formular la ecuación predictora (**Ecuación 9**).

Para el caso del oso andino se tomó el paso 13 (último paso), en la **Tabla 18** se muestran los coeficientes del modelo los cuales sirven de base para mapear la distribución espacial de la especie.

Tabla 18

Coefficientes del modelo Regresión Logística para el oso andino

Variable predictora	β_n
altitud	60.953
cob_oso	8.58
bio2n	-25.738
bio4n	18.406
bio9n	492.552
bio10n	-451.186
bio12n	-77.58
bio13n	89.205
bio15n	-22.797
bio19n	-23.982
Constante	-21.558

Nota. El campo " β_n " contiene los coeficientes de cada variable para su posterior contribución en la ecuación predictora.

Para el caso del puma se tomó el paso 8 (último paso), en la **Tabla 19** se muestran los coeficientes del modelo los cuales sirven de base para mapear la distribución espacial de la especie.

Tabla 19

Coefficientes del modelo Regresión Logística para el puma

Variable predictora	β_n
cob_puma	102.833
bio1n	36672.922
bio2n	-1837.955
bio3n	633.881

Variable predictora	β_n
bio8n	-1408.723
bio9n	3653.183
bio10n	-26577.926
bio11n	-12674.317
bio12n	2836.067
bio13n	-1258.992
bio14n	1954.813
bio15n	500.142
bio16n	-1741.807
bio17n	-1366.012
bio19n	-659.247
Constante	880.586

Nota. El campo " β_n " contiene los coeficientes de cada variable para su posterior contribución en la ecuación predictora.

Para el caso del tapir de montaña se tomó el paso 2 (último paso), en la **Tabla 20** se muestran los coeficientes del modelo los cuales sirven de base para mapear la distribución espacial de la especie.

Tabla 20

Coefficientes del modelo Regresión Logística para el tapir de montaña

Variable predictora	β_n
cob_tapir	1673.962
bio4n	4211.968
Constante	-3917.102

Nota. El campo " β_n " contiene los coeficientes de cada variable para su posterior contribución en la ecuación predictora.

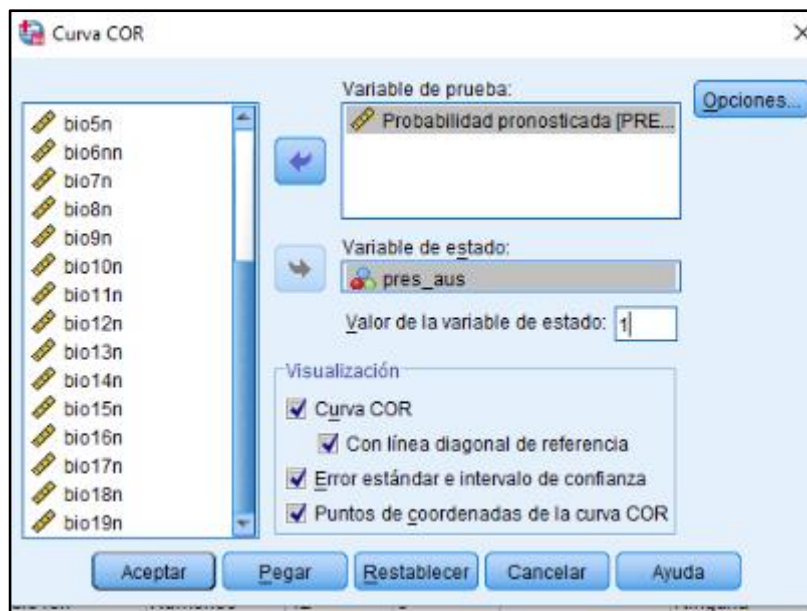
Finalmente, con la ayuda de la herramienta *raster calculator* de ArcGIS se ingresó la **Ecuación 9** con sus respectivos coeficientes para cada especie con el fin de obtener el archivo de la distribución espacial bajo el método de Regresión Logística.

Evaluación del modelo Regresión Logística

La curva ROC es uno de los principales evaluadores del modelo, por lo que, se la generó a través de la herramienta *curva COR*, en donde como insumos de entrada se ingresa la probabilidad pronosticada y la variable de estado (presencias y ausencias). La figura a continuación presenta la configuración del mencionado estadístico.

Figura 48

Configuración del estadístico: curva ROC



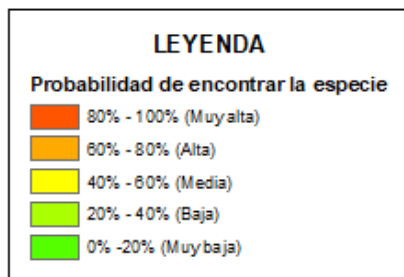
Nota. En la figura se muestra la configuración para la obtención de la curva ROC.

Estandarización de los MDE generados

Con el fin de poder realizar la comparación entre los modelos de distribución de especies generados para elegir el de mejor ajuste tanto estadístico como gráfico, se procedió a estandarizar los ráster, reescalando el valor del ráster para obtener un porcentaje, donde el valor mínimo representa una probabilidad nula de encontrar la especie mientras el valor máximo representa mayor probabilidad para encontrarla. Además, se lo reclasificó en 5 clases acompañado de una escala cualitativa como se muestra a continuación.

Figura 49

Escala cuantitativa y cualitativa para todos los MDE



Nota. En la figura se presenta la escala usada para la reclasificación del ráster obtenido de la modelación para cada especie.

Elaboración del corredor biológico mediante SIG

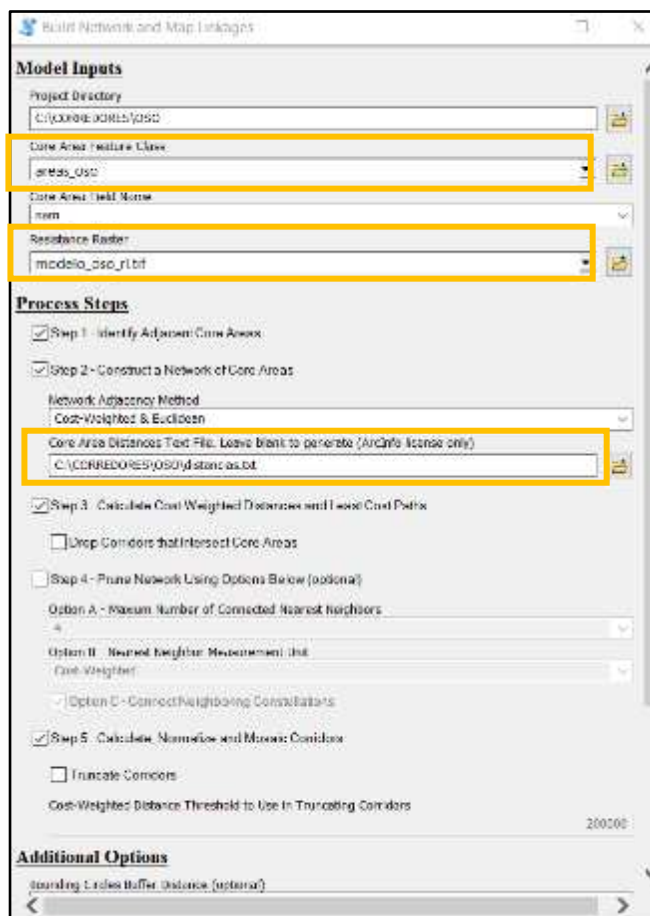
Según la bibliografía revisada y las varias investigaciones sobre corredores a nivel mundial, cabe mencionar que no existe un esquema metodológico para el diseño de los mismos, debido a que se tiene diferentes enfoques y objetivos. Para realizar la presente investigación se realizó la conexión entre áreas con mayor probabilidad de presencia con el algoritmo formulado por McRae y Kavanagh que se encuentra en la

caja de herramientas Linkage Mapper con el fin de crear los corredores biológicos para cada especie.

Linkage Mapper es una herramienta cartográfica disponible para el entorno de ArcGIS la cual identifica distancias de menor costo. El costo se basa en distancia euclidiana, en resistencia o en los dos, permitiendo así definir rutas apropiadas para construir corredores biológicos. Los datos necesarios para ejecutar la herramienta son la aptitud territorial (modelo de distribución de especie seleccionado), las áreas a conectar y la distancia entre dichas áreas. En la **Figura 50** se muestra la interfaz de la herramienta. En “*Core Area Feature Class*” se ingresó el shapefile de áreas a conectar, en “*Resistance Raster*” el modelo de distribución elegido y en “*Core Area Distances Text File*” el archivo de tipo texto de distancias entre las áreas a conectar.

Figura 50

Interfaz de la herramienta Linkage Mapper en ArcGIS



Nota. En la figura se muestra la interfaz de la herramienta Linkage Mapper y los insumos de entrada necesarios para generar corredores.

De acuerdo a Martínez-Castaño (2019) menciona que el ráster devuelto por la herramienta contiene valores mínimos y máximos, los primeros indican una menor resistencia, indicando que son los píxeles más aptos para realizar la conexión.

En la figura anterior se muestra el proceso para generar el corredor del oso andino, es importante mencionar que se llevó a cabo el mismo procedimiento para las otras especies con sus correspondientes insumos.

Capítulo IV

Análisis de resultados

En el presente capítulo se muestran los estadísticos obtenidos y el modelamiento de la distribución de especies por cada método: Lógica Difusa, Regresión Multivariada (MARS), BIOCLIM y Regresión Logística, acompañado de un análisis de tipo gráfico en donde se eligieron puntos de presencia al azar para compararlos con la predicción realizada. Los estadísticos que se obtuvieron fueron: índice kappa, coeficiente de determinación, error cuadrático medio, matriz de confusión y curva ROC, mediante los cuales se procedió a elegir el modelo con mejor ajuste estadístico complementado la elección con el análisis gráfico. El modelo elegido fue el de Regresión Logística, brindando los valores de la curva ROC (AUC) para cada especie: 0.946 para el oso andino y 1 tanto para el puma como para el tapir de montaña. Con el modelo seleccionado para las tres especies mediante el apoyo de la herramienta Linkage Mapper se procedió a realizar los corredores. Finalmente, se los sometió a un análisis gráfico para validar la conexión de acuerdo a la realidad del área de estudio, por lo que, se los modificó generando así las propuestas de corredores biológicos para cada especie, previa una validación en campo comprobando su viabilidad.

Resultados del modelo de Lógica Difusa

Estadístico Kappa

De acuerdo a lo mencionado en el Capítulo II: Estadístico Kappa, este índice evalúa la proporcionalidad entre concordancias observadas y el total de las observaciones (excluyendo las concordancias fortuitas). El estadístico devuelve un valor el cual oscila en el rango de -1 a 1 y este valor se relaciona con una graduación cualitativa de seis niveles. En la **Tabla 21** se presentan los valores del índice Kappa de cada especie y su respectiva categorización de la fuerza de concordancia.

Tabla 21

Valores del estadístico Kappa

Especie	Valor Kappa	Fuerza de la concordancia
Oso andino (<i>Tremarctos ornatus</i>)	0.313	Aceptable
Puma (<i>Puma concolor</i>)	0.243	Aceptable
Tapir de montaña (<i>Tapirus pinchaque</i>)	0.467	Moderada

Nota. En la tabla se muestra el valor numérico y el valor categórico del estadístico

Kappa de cada especie en la aplicación del modelo BIOCLIM.

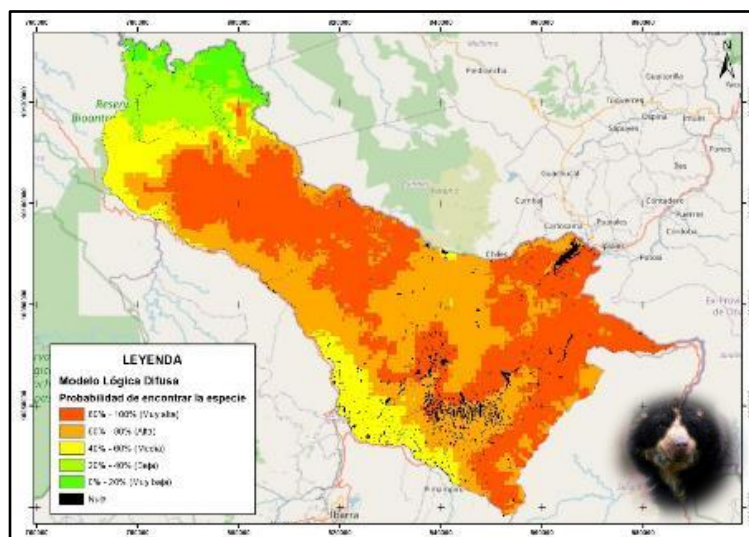
En general, la fuerza de concordancia del modelamiento para las tres especies es baja, la categorización oscila entre aceptable y moderada.

Modelo de distribución de especies

En la **Figuras 51, 52 y 53** se evidencia el resultado de la aplicación del modelo para cada una de las especies objeto del presente estudio.

Figura 51

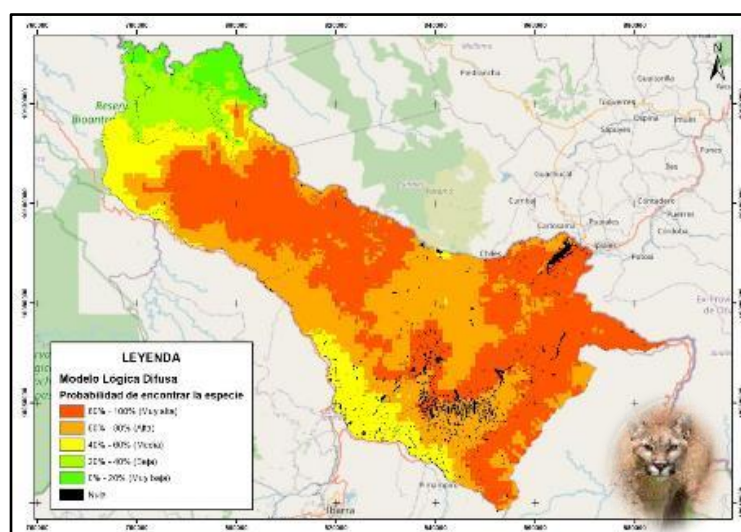
MDE con la aplicación del método Lógica Difusa del oso andino



Nota. En la figura se presenta el modelo obtenido.

Figura 52

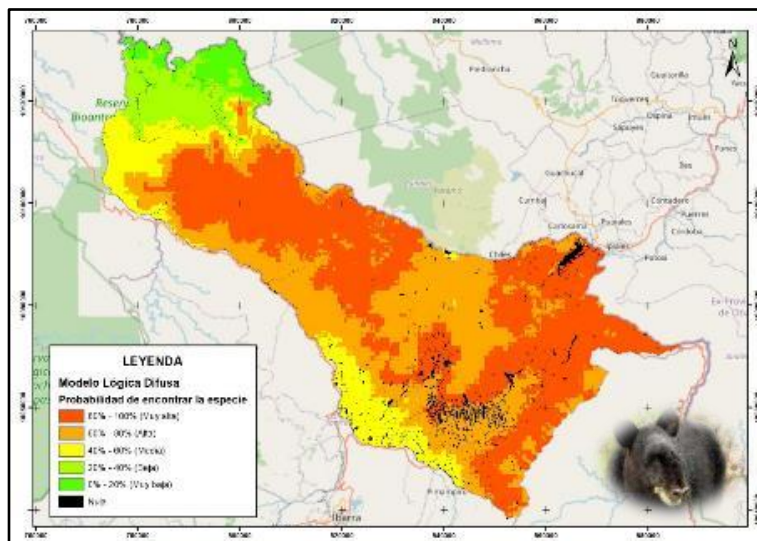
MDE con la aplicación del método Lógica Difusa del puma



Nota. En la figura se presenta el modelo obtenido.

Figura 53

MDE con la aplicación del método Lógica Difusa del tapir de montaña



Nota. En la figura se presenta el modelo obtenido.

Resultados del modelo Regresión Multivariada (MARS)

Coefficiente de determinación (R^2) y error cuadrático medio (MSE)

Este coeficiente fluctúa entre 0 y 1, cuanto más cerca se encuentre a 1, mayor es el ajuste del modelo y por lo tanto más confiable. Mientras que el MSE mide la cantidad de error que existe entre los conjuntos de datos, entre más pequeño sea el valor quiere decir que los valores predichos y observados están más cercanos, ajustándose mejor el modelo. En la **Tabla 22** se observa el R^2 y el MSE de las tres especies, dando como resultado un R^2 alto en el modelamiento de la especie *Puma concolor* con un valor de 0.962. Por otro lado, en la **Figura 54** se presenta la curva de aprendizaje de igual forma para las tres especies.

Tabla 22

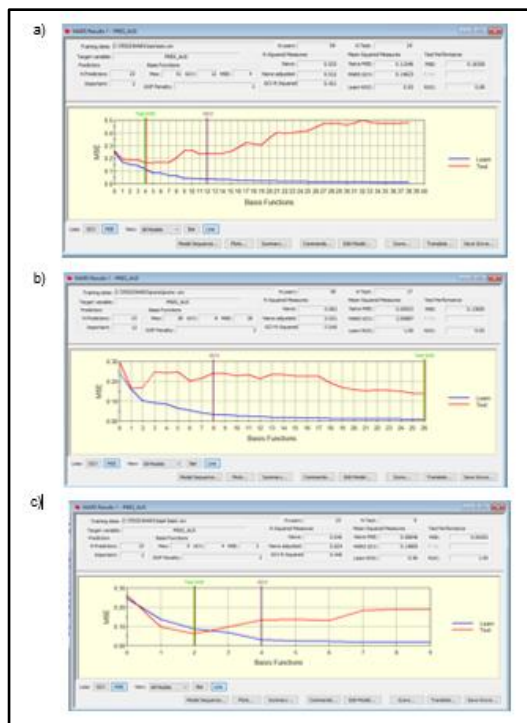
Estadísticos obtenidos del modelo MARS

Especie	R ²	MSE
Oso andino (<i>Tremarctos ornatus</i>)	0.533	0.1150
Puma (<i>Puma concolor</i>)	0.962	0.0092
Tapir de montaña (<i>Tapirus pinchaque</i>)	0.640	0.0885

Nota. En la tabla se observa el R² y MSE resultantes del modelo MARS para las tres especies.

Figura 54

Curvas de aprendizaje del modelo MARS



Nota. En la figura se observa las curvas de aprendizaje, en color azul la curva de entrenamiento y en color rojo la curva del test; a) pertenece a las curvas de la especie

Tremarctos ornatus, b) curvas de la especie *Puma concolor*, c) curvas de la especie *Tapirus pinchaque*.

A pesar de que el R^2 mayor fue el del *Puma concolor*, la curva de aprendizaje que tiene mayor ajuste es la del *Tapirus pinchaque*, por tal motivo, es importante no solo realizar un análisis estadístico sino también gráfico.

Matriz de confusión

Como se mencionó en el Capítulo II, dicha matriz es la forma más básica de evaluar un modelo, comparando presencias y ausencias reales con las predichas, obteniendo errores tanto de comisión (falso positivo) como de omisión (falso negativo), este último es más preocupante ya que predijo una presencia como ausencia. En la **Figura 55** se encuentran las matrices de confusión de las tres especies, en los tres casos se observa que el error de omisión es menor que el de comisión, por lo que, se dedujo que las presencias fueron bien predichas.

Figura 55

Matriz de confusión de *Tremarctos ornatus*, *Puma concolor* y *Tapirus pinchaque*

Actual Class	Total Class	Percent Correct	Predicted Classes	
			0 N = 50	1 N = 44
0	52	84.62%	44	6
1	42	85.71%	36	6
Total	94	85.16%		
Average:		85.16%		
Overall % Correct:		85.11%		
Specificity		84.62%		
Sensitivity/Recall		85.71%		
Precision		81.82%		
F1 statistic		83.72%		

Actual Class	Total Class	Percent Correct	Predicted Classes	
			0 N = 25	1 N = 24
0	25	100.00%	25	0
1	24	100.00%	0	24
Total	50			
Average:		100.00%		
Overall % Correct:		100.00%		
Specificity		100.00%		
Sensitivity/Recall		100.00%		
Precision		100.00%		
F1 statistic		100.00%		

Actual Class	Total Class	Percent Correct	Predicted Classes	
			0 N = 12	1 N = 11
0	13	84.62%	11	2
1	10	90.00%	1	9
Total	23			
Average:		87.31%		
Overall % Correct:		86.96%		
Specificity		84.62%		
Sensitivity/Recall		90.00%		
Precision		81.82%		
F1 statistic		85.71%		

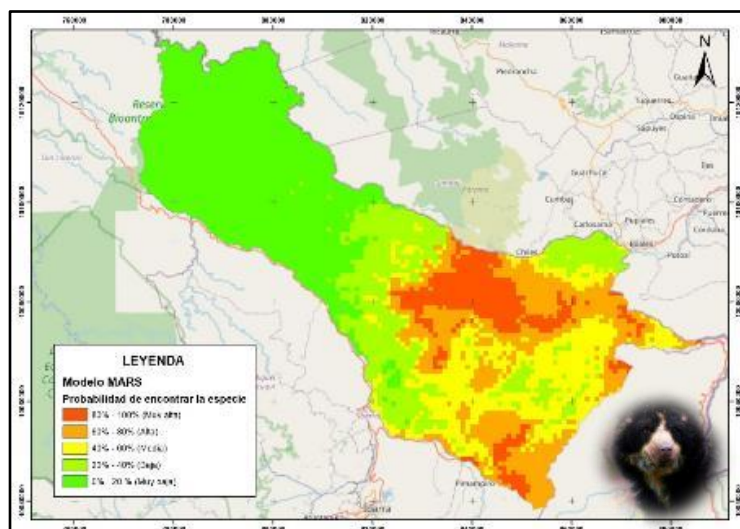
Nota. En la figura se tiene la matriz de confusión de las tres especies; a) matriz de *Tremarctos ornatus* con error de omisión de 6 de 44 casos y porcentaje de aciertos de 85.11%, b) matriz de *Puma concolor* con error de omisión de 0 de 24 casos y porcentaje de aciertos de 100%, c) matriz de *Tapirus pinchaque* con error de omisión de 1 de 11 casos y porcentaje de aciertos 86.96%.

Modelo de distribución de especies

A continuación, se muestra los modelos obtenidos a través de la aplicación del método MARS.

Figura 56

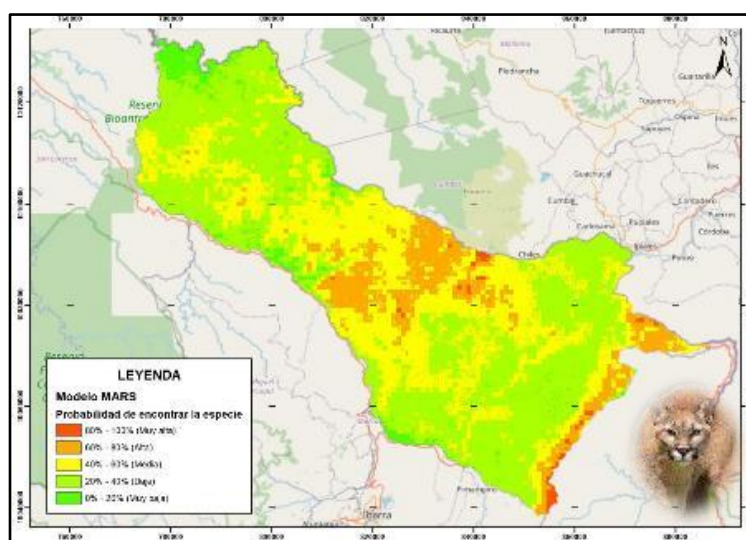
MDE con la aplicación del método MARS del oso andino



Nota. En la figura se presenta el modelo obtenido.

Figura 57

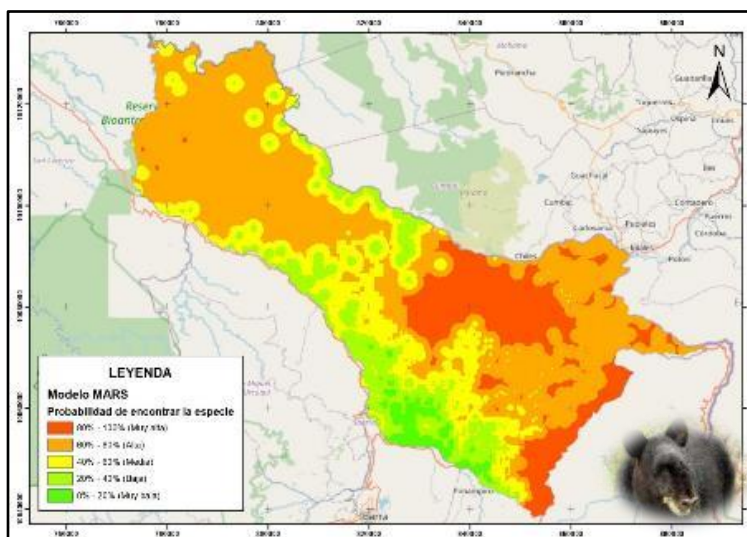
MDE con la aplicación del método MARS del puma



Nota. En la figura se presenta el modelo obtenido.

Figura 58

MDE con la aplicación del método MARS del tapir de montaña



Nota. En la figura se presenta el modelo obtenido.

Resultados del modelo BIOCLIM

Estadístico Kappa

Como se mencionó anteriormente este índice se refiere a la fuerza de concordancia de la predicción, por lo que, en la **Tabla 23** se exhiben los valores del índice Kappa de cada especie y su respectiva categorización.

Tabla 23

Valores del estadístico Kappa

Especie	Valor Kappa	Fuerza de la concordancia
Oso andino (<i>Tremarctos ornatus</i>)	0.56	Moderada
Puma (<i>Puma concolor</i>)	0.70	Considerable
Tapir de montaña (<i>Tapirus pinchaque</i>)	1.00	Casi perfecta

Nota. En la tabla se muestra el valor numérico y el valor categórico del estadístico

Kappa de cada especie en la aplicación del modelo BIOCLIM.

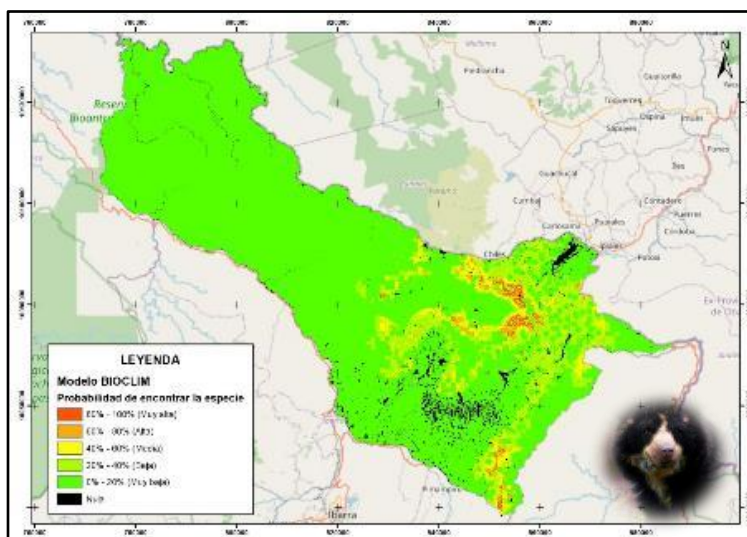
De acuerdo a la tabla anterior la fuerza de concordancia osciló entre moderada y casi perfecta, es decir, el modelamiento realizado predijo de manera adecuada la distribución espacial de las tres especies.

Modelo de distribución de especies

La aplicación del método BIOCLIM arrojó los ráster de las **Figuras 59, 60 y 61** como resultado del modelamiento.

Figura 59

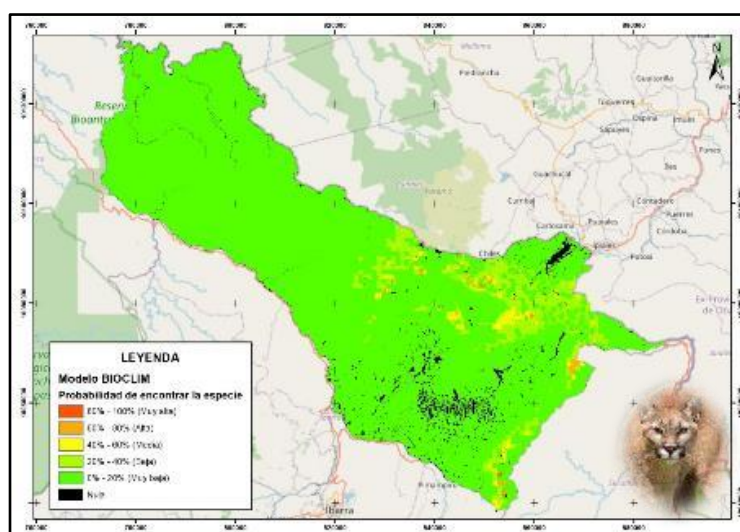
MDE con la aplicación del método BIOCLIM del oso andino



Nota. En la figura se presenta el modelo obtenido.

Figura 60

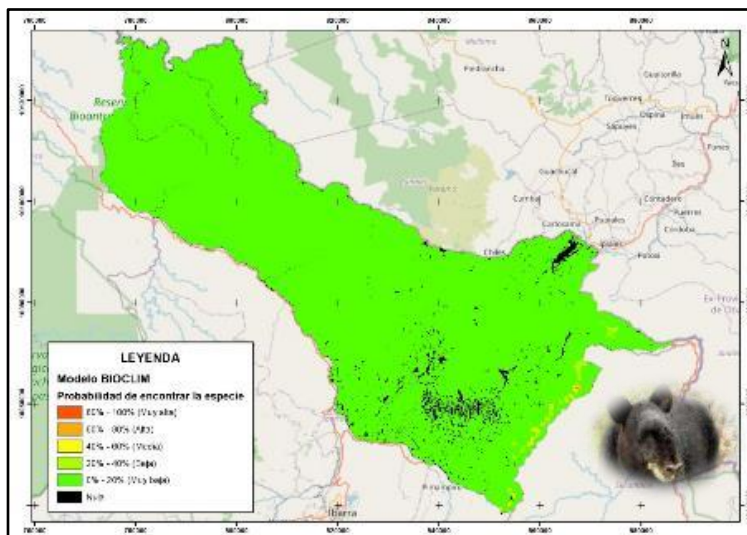
MDE con la aplicación del método BIOCLIM del puma



Nota. En la figura se presenta el modelo obtenido.

Figura 61

MDE con la aplicación del método BIOCLIM del tapir de montaña



Nota. En la figura se presenta el modelo obtenido.

Resultados del modelo Regresión Logística

Coefficiente de determinación (R^2)

En la **Tabla 24** se observa el R^2 de las tres especies del modelo de Regresión Logística, el modelo de la especie *Tremarctos ornatus* fue el que menos se ajustó ya que presenta un R^2 menor al de las otras especies.

Tabla 24

Coefficiente de determinación del modelo de Regresión Logística

Especie	R²
Oso andino (<i>Tremarctos ornatus</i>)	0.556
Puma (<i>Puma concolor</i>)	0.749
Tapir de montaña (<i>Tapirus pinchaque</i>)	0.749

Nota. En la tabla se muestra el valor de R².

Matriz de confusión

En la **Figura 62** que se presenta a continuación se encuentra la matriz de confusión obtenida del método de Regresión Logística para cada especie, donde se observan los errores tanto de comisión como de omisión: a) para la especie *Tremarctos ornatus* se tiene un error de omisión de 4 siendo este menor al de comisión que es lo que se busca con un porcentaje de predicción de 90.7%, por otro lado en el literal b) de la mencionada figura se tiene la matriz de la especie *Puma concolor* con porcentaje de predicción de 100%, y el literal c) corresponde a la matriz de la especie *Tapirus pinchaque* con porcentaje de predicción de 100%, para estas dos últimas especies el error de omisión es 0, lo que quiere decir que tanto las presencias como ausencias fueron bien predichas.

Figura 62

Matriz de confusión del modelo Regresión Logística

a)	Observado	Pronosticado		b)	Observado	Pronosticado	
		ausencia (0)	presencia (1)			ausencia (0)	presencia (1)
	ausencia (0)	55	7		ausencia (0)	40	0
	presencia (1)	4	52		presencia (1)	0	36
	Porcentaje global	90.7			Porcentaje global	100	

c)	Observado	Pronosticado	
		ausencia (0)	presencia (1)
	ausencia (0)	17	0
	presencia (1)	0	15
	Porcentaje global	100	

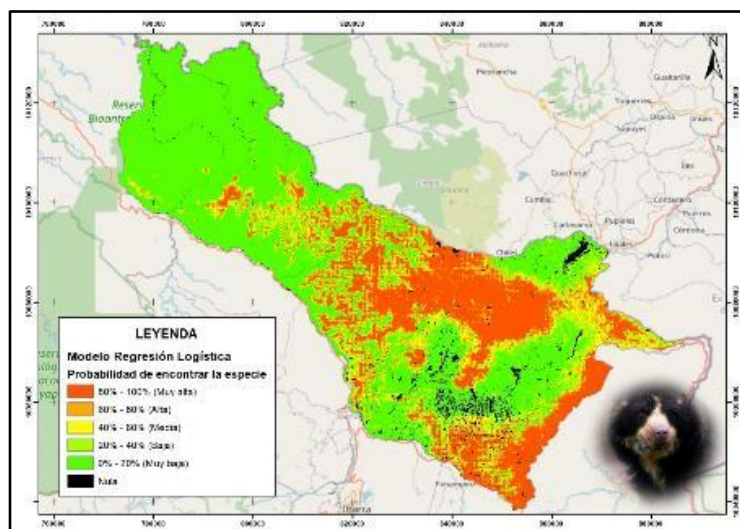
Nota. La figura presenta la matriz de confusión obtenida del modelo de regresión logística para cada una de las especies: a) especie *Tremarctos ornatus*, b) especie *concolor* y c) especie *Tapirus pinchaque*.

Modelo de distribución de especies

Las figuras que se presentan a continuación se obtuvieron mediante la aplicación del método Regresión Logística para el oso andino, puma y tapir de montaña.

Figura 63

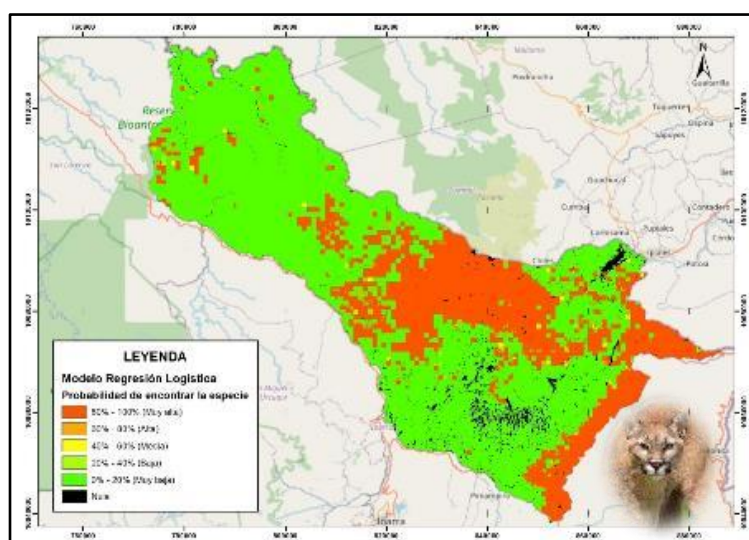
MDE con la aplicación del método Regresión Logística del oso andino



Nota. En la figura se presenta el modelo obtenido.

Figura 64

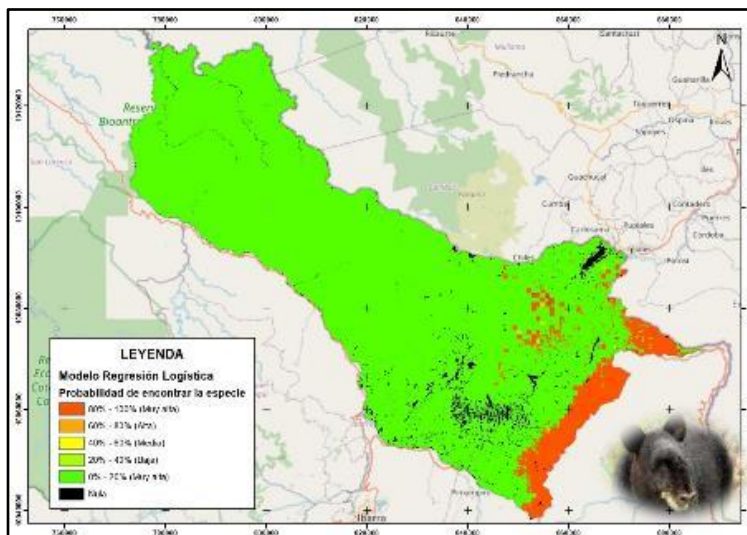
MDE con la aplicación del método Regresión Logística del puma



Nota. En la figura se presenta el modelo obtenido.

Figura 65

MDE con la aplicación del método Regresión Logística del tapir de montaña



Nota. En la figura se presenta el modelo obtenido.

Evaluación de los modelos

Para la evaluación de los modelos se lo realizó a través del análisis del estadístico curva ROC (del cual se deriva el área bajo la curva AUC) de la mano con el análisis gráfico, en las figuras a continuación se observan los resultados obtenidos contrastando con los estadísticos antes descritos.

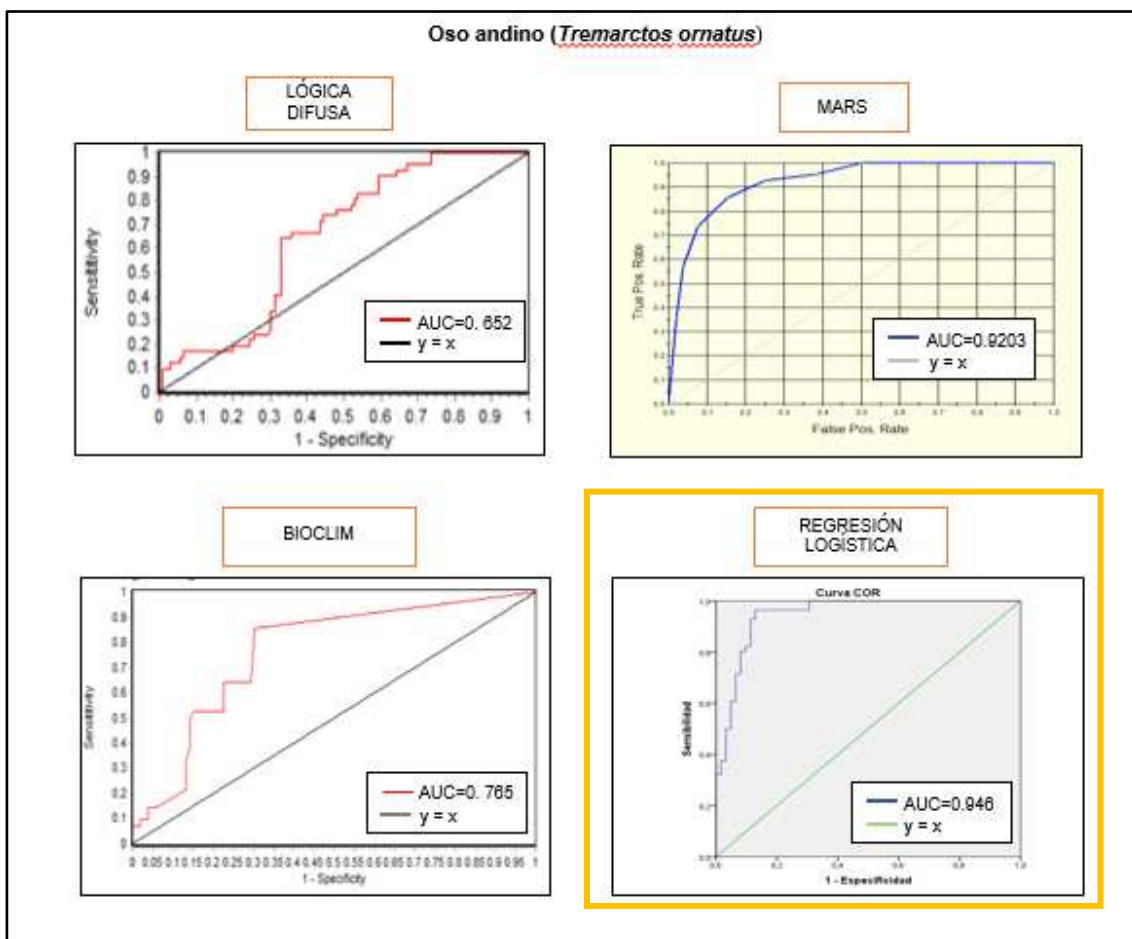
Análisis de la Curva Característica Operativa del Receptor (ROC)

Oso andino (*Tremarctos ornatus*)

Las gráficas demostraron que los modelos que más se ajustaron para esta especie fueron: Regresión Logística con un ROC (AUC) = 0.946, seguido del modelo MARS con un ROC (AUC) = 0.9203. En la **Figura 66** se observan las curvas ROC de los 4 modelos realizados.

Figura 66

Curva ROC de la especie *Tremarctos ornatus*



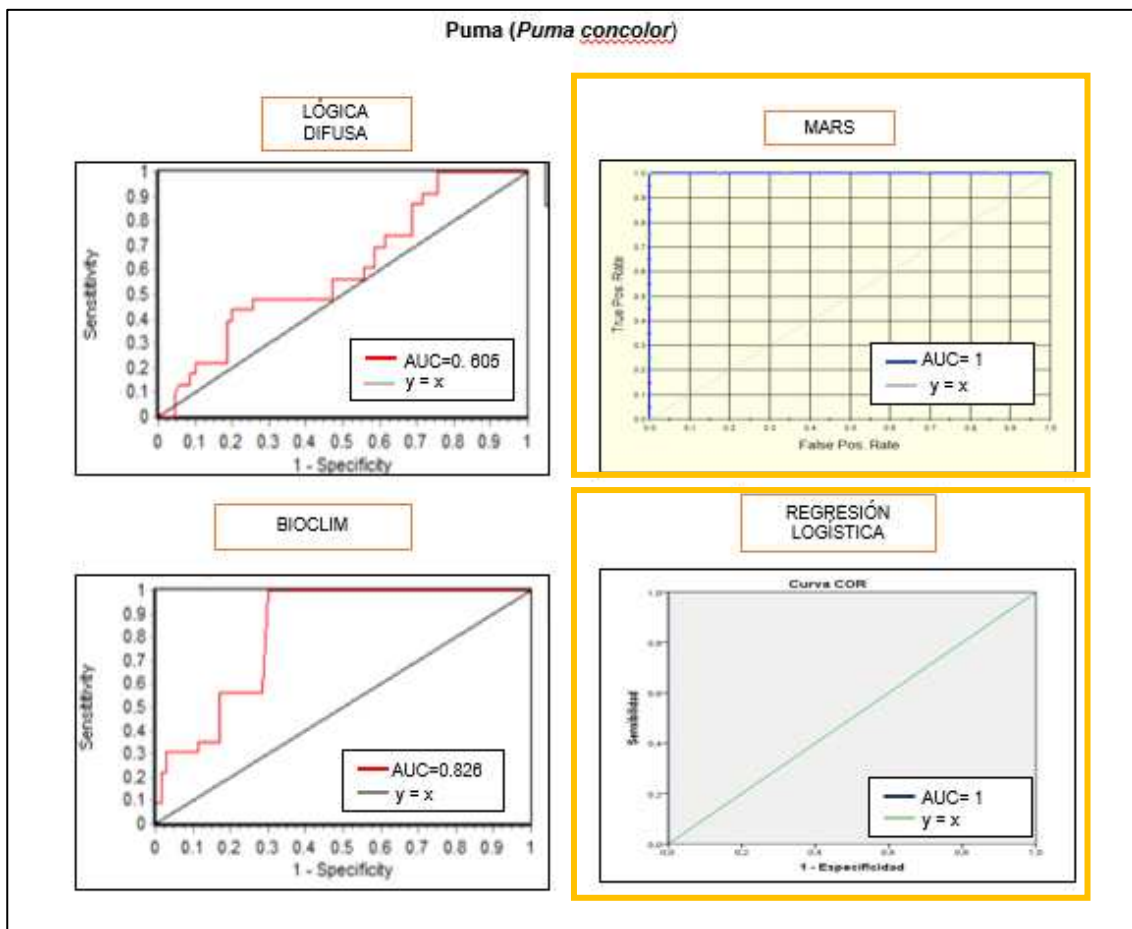
Nota. La figura presenta la curva ROC de la especie *Tremarctos ornatus* para los cuatro modelos: Lógica Difusa, MARS, BIOCLIM y Regresión Logística.

Puma (Puma concolor)

Para el puma los modelos que presentaron mayor ajuste según las gráficas de la curva ROC fueron: MARS y Regresión Logística con un valor de ROC (AUC) = 1, seguidos del modelo BIOCLIM con un ROC (AUC) = 0.826, esto se observa a continuación en la **Figura 67**.

Figura 67

Curva ROC de la especie *Puma concolor*



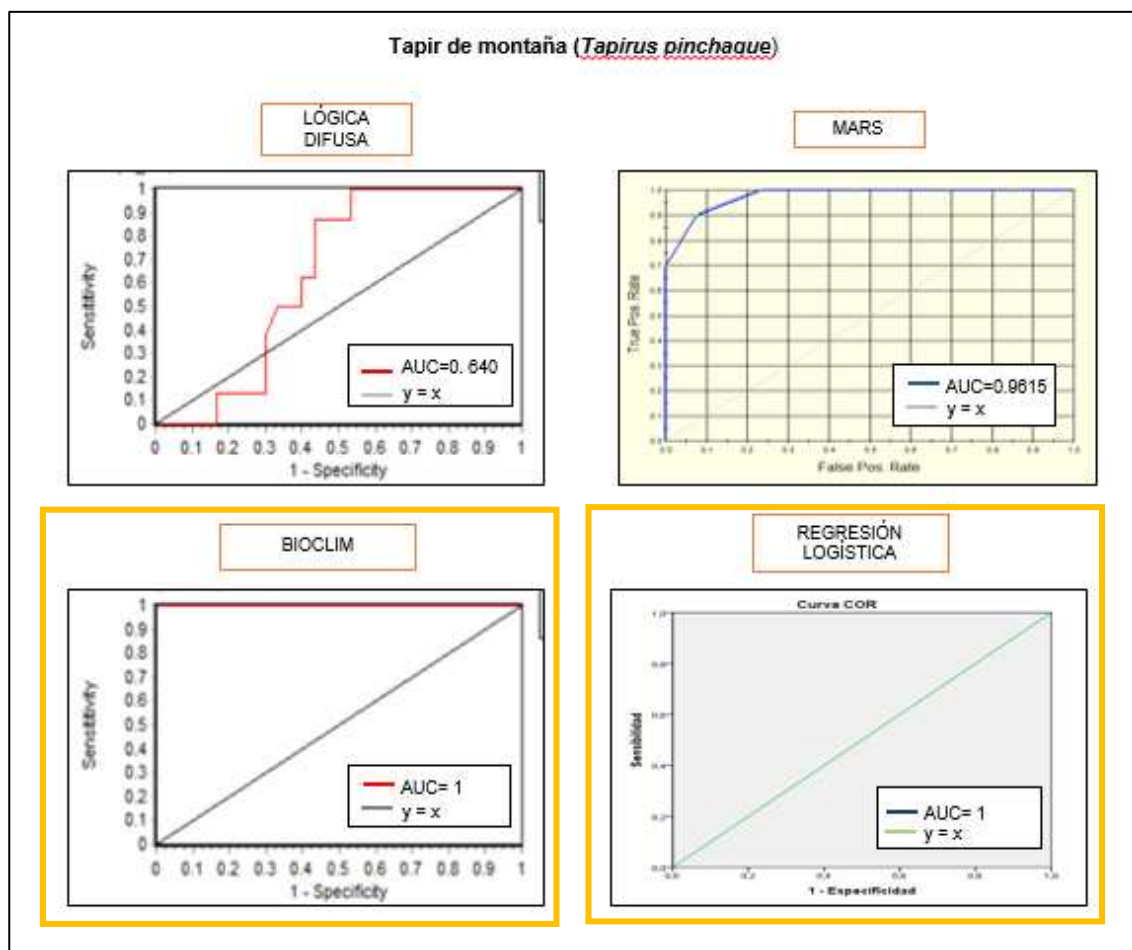
Nota. La figura presenta la curva ROC de la especie *Puma concolor* para los cuatro modelos: Lógica Difusa, MARS, BIOCLIM y Regresión Logística.

Tapir de montaña (*Tapirus pinchaque*)

En el caso del tapir de montaña los modelos con mayor ajuste según las gráficas de la curva ROC fueron: BIOCLIM y Regresión Logística con un valor de ROC (AUC) = 1, seguidos del modelo MARS con un ROC (AUC) = 0.9615. Las curvas de los cuatro modelos se observan en la figura a continuación.

Figura 68

Curva ROC de la especie *Tapirus pinchaque*



Nota. La figura presenta la curva ROC de la especie *Tapirus pinchaque* para los cuatro modelos: Lógica Difusa, MARS, BIOCLIM y Regresión Logística.

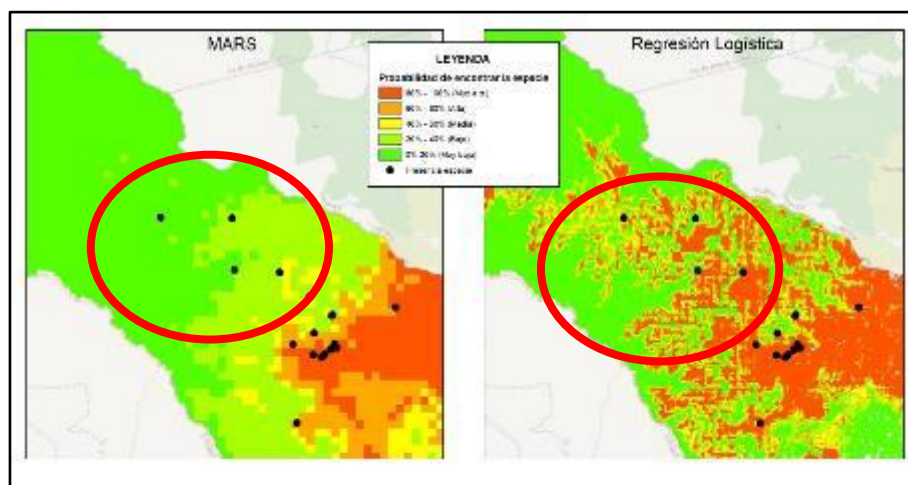
Análisis gráfico de los modelos

La distribución espacial modelada fue validada mediante las presencias de la especie, ya que, en concordancia con el concepto de error de omisión es el que evalúa de mejor manera el rendimiento del modelo.

Para el caso del oso andino se evidenció que en la zona central de la provincia del Carchi existe una diferencia de predicción entre los métodos MARS y Regresión Logística (como se muestra en la **Figura 69**) los cuales presentan mejor rendimiento estadístico.

Figura 69

Comparación de los modelos MARS y Regresión Logística del oso andino



Nota. En la figura se evidencia la predicción de la distribución espacial de MARS y Regresión Logística para el oso andino.

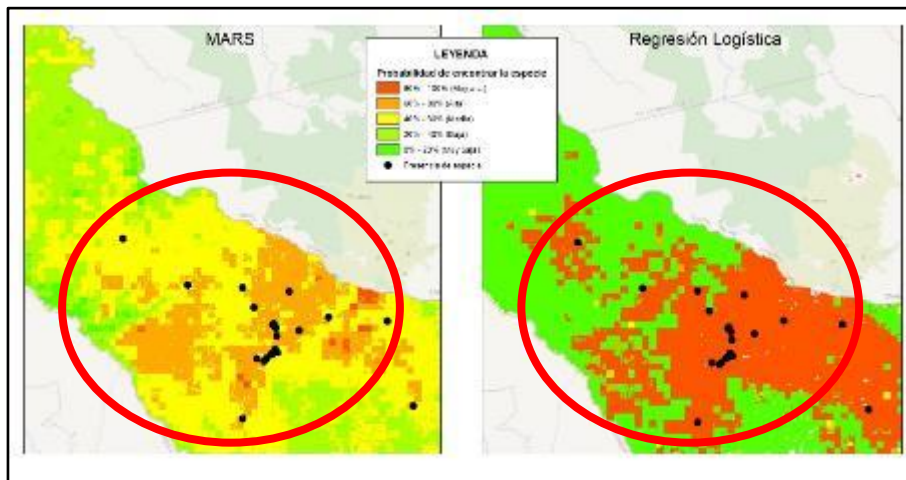
El método Regresión Logística se ajustó de manera más satisfactoria a los puntos de presencia del oso andino, ya que, los ubicó en las zonas con muy alta y alta probabilidad de encontrar a la especie.

De igual forma para el modelamiento de la distribución del puma los modelos que presentaron mayor ajuste estadístico fueron el MARS y la Regresión Logística, por lo que, se procedió a evaluarlos de manera visual evidenciando una diferencia poca

significativa en el centro de la zona de estudio, en la figura a continuación se evidencia la diferenciación de la predicción.

Figura 70

Comparación de los modelos MARS y Regresión Logística del puma



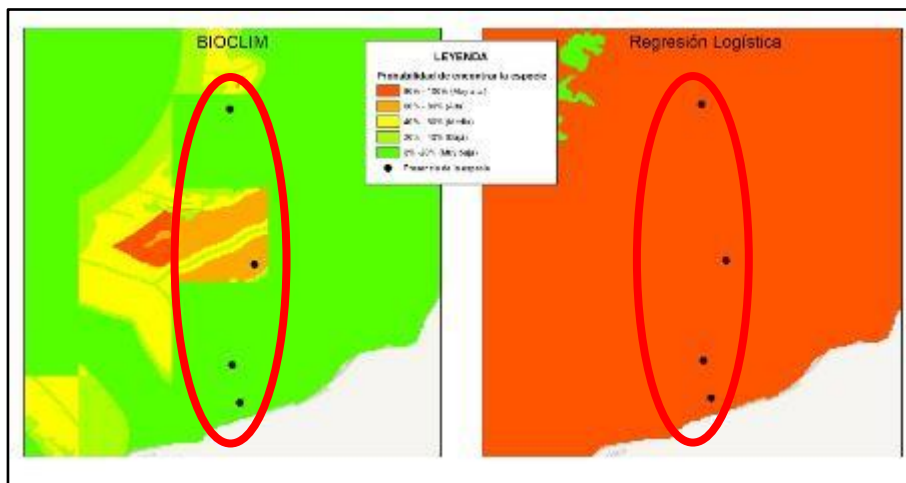
Nota. En la figura se evidencia la diferencia en la predicción de la distribución espacial de MARS y Regresión Logística para el puma.

En la zona central de la provincia del Carchi el modelo Regresión Logística fue el que mejor pronosticó la distribución del puma debido a que situó las presencias en zonas con probabilidad muy alta de hallarlas, contrario al método MARS el cual las ubicó en zonas con alta y media probabilidad de encontrar al puma.

Finalmente, los modelos con mayor ajuste estadístico para el tapir de montaña fueron BIOCLIM y Regresión Logística a los cuales se los sometió a un análisis gráfico obteniendo diferencias muy significativas como se presenta en la **Figura 71**.

Figura 71

Comparación de los modelos BIOCLIM y Regresión Logística del tapir de montaña



Nota. En la figura se evidencia la diferencia en la predicción de la distribución espacial de BIOCLIM y Regresión Logística para el tapir de montaña.

En referencia a la figura anterior se evidenció claramente que la predicción más adecuada fue la realizada por el modelo Regresión Logística, ya que, en la zona oriental de la provincia localiza a las presencias en la zona con probabilidad muy alta de encontrar al tapir de montaña mientras que el modelo BIOCLIM las sitúa en zonas con una probabilidad muy baja para hallar la especie.

Selección del modelo que presenta mejor ajuste

Por lo expuesto en el aparatado anterior (Capítulo IV: Análisis gráfico de los modelos) y con el sustento estadístico mencionado en este mismo capítulo (Capítulo IV: Análisis de la Curva Característica Operativa del Receptor ROC) el modelo de distribución que presentó mayor ajuste es el de Regresión Logística para las tres especies.

En el caso del oso andino la Curva ROC (AUC) del modelo Regresión Logística arrojó un valor de 0.946, además el porcentaje de predicción de la matriz de confusión fue de 90.7% y únicamente un valor de 4 en error de omisión, es decir, presentó valores estadísticos de predicción elevados. Consecuentemente se procedió a contrastar los estadísticos con el análisis gráfico obteniendo de igual forma una excelente predicción, por lo que, se eligió a la Regresión Logística como el modelo que presentó mejor ajuste para la distribución espacial del oso andino.

En cuanto a los estadísticos logrados del puma se obtuvo un modelamiento perfecto con la aplicación del modelo Regresión Logística, ya que, presentó el valor de 1 en la Curva ROC (AUC) y una predicción del 100% en la matriz de confusión además de arrojar el valor de 0 en el error de omisión. Por otro lado, se evaluó de manera gráfica los modelos, corroborando que el de mejor predicción es el método Regresión Logística para la distribución de la especie.

Finalmente, para el caso del tapir de montaña aplicando el modelo de Regresión Logística se obtuvieron los estadísticos: Curva ROC (AUC) = 1, porcentaje de predicción = 100% y un valor de 0 en error de omisión, por lo que se concluyó que el modelo predijo de manera perfecta la distribución espacial de la especie. Además, para contrastar el análisis estadístico se procedió a evaluar de manera gráfica logrando confirmar que el modelo con mejor ajuste es la Regresión Logística, ya que, predijo de manera más adecuada las presencias del tapir de montaña en la zona de estudio.

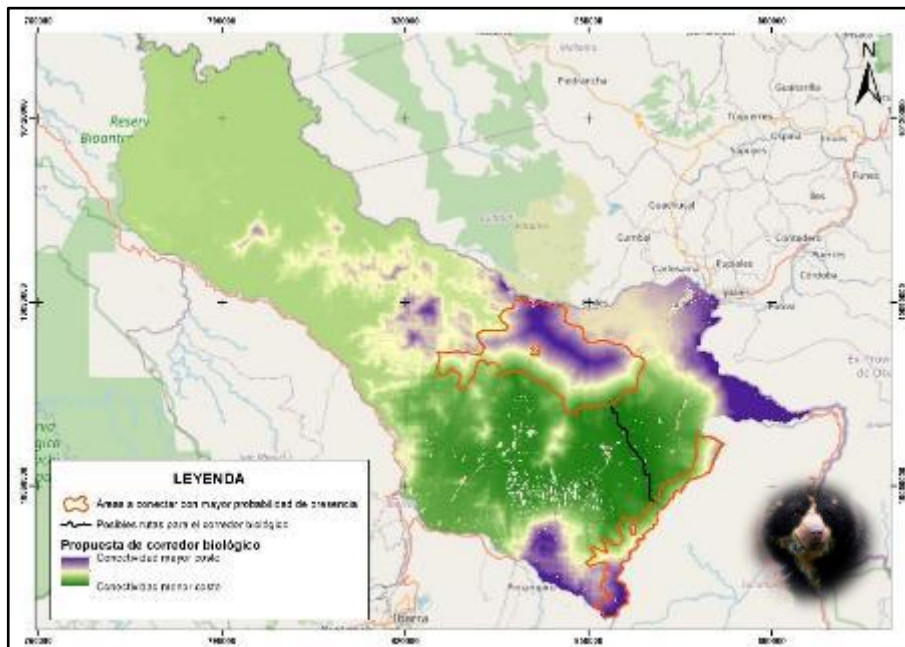
Resultado de los corredores biológicos

En base a lo expuesto en el Capítulo III: Elaboración del corredor biológico mediante SIG, se obtuvieron los corredores para cada especie como se observa en la

Figura 72, 73 y 74, cabe mencionar que se los realizó a partir del modelo de distribución seleccionado (Regresión Logística).

Figura 72

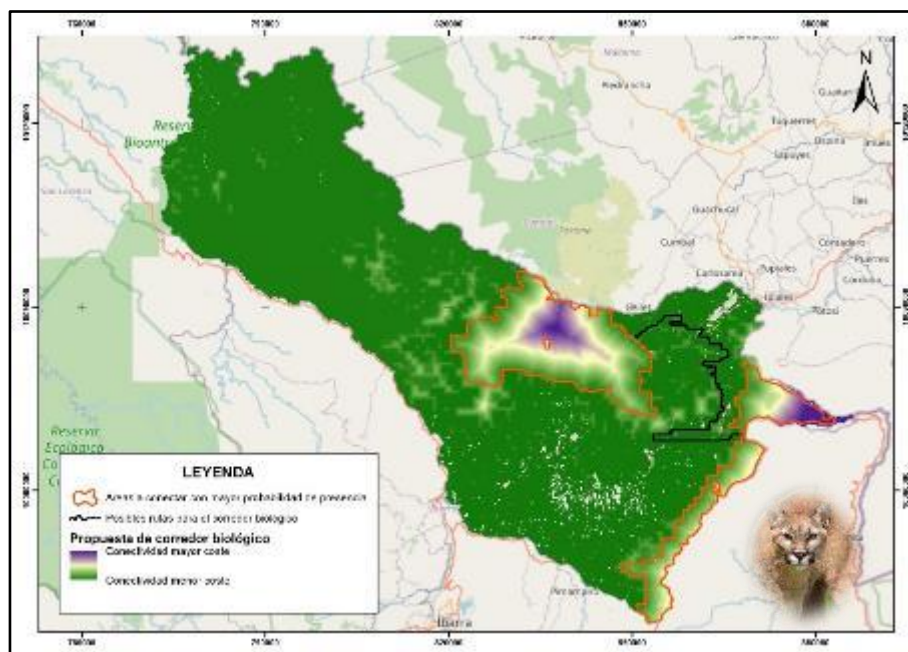
Corredor biológico del oso andino



Nota. En la figura se muestra un archivo de tipo ráster el cual describe en tonos morados las zonas que presentan mayor costo para generar el corredor mientras que en tonos verdes las zonas de menor costo, por otro lado, un archivo de tipo vector de color negro generado por Linkage Mapper como una ruta de conexión entre las áreas con mayor probabilidad de presencia del oso andino (polígonos de color naranja).

Figura 73

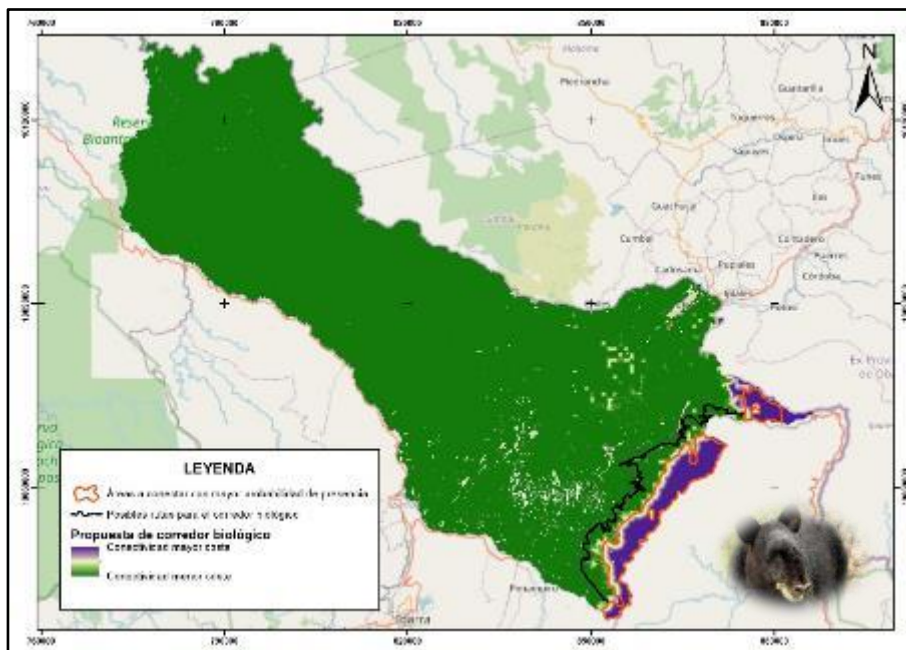
Corredor biológico del puma



Nota. En la figura se muestra un archivo de tipo ráster el cual describe en tonos morados las zonas de mayor costo para generar el corredor mientras que en tonos verdes las zonas de menor costo, por otro lado, un archivo de tipo vector de color negro generado por Linkage Mapper como una ruta de conexión entre las áreas con mayor probabilidad de presencia del puma (polígonos naranjas).

Figura 74

Corredor biológico del tapir de montaña



Nota. En la figura se muestra un archivo de tipo ráster el cual describe en tonos morados las zonas con mayor costo para generar el corredor, mientras que en tonos verdes las de menor costo, por otro lado, un archivo de tipo vector en color negro generado por Linkage Mapper como una ruta de conexión entre las áreas con mayor probabilidad de presencia del tapir de montaña (shapefile de borde naranja).

Estos corredores fueron generados en gabinete con la herramienta Linkage Mapper, por lo que, se verificó mediante un análisis con otras coberturas que aclaran la viabilidad del corredor biológico obtenido, ya que, los resultados obtenidos generan zonas contradictorias para la generación de la conexión a través de estos.

Análisis gráfico del corredor biológico

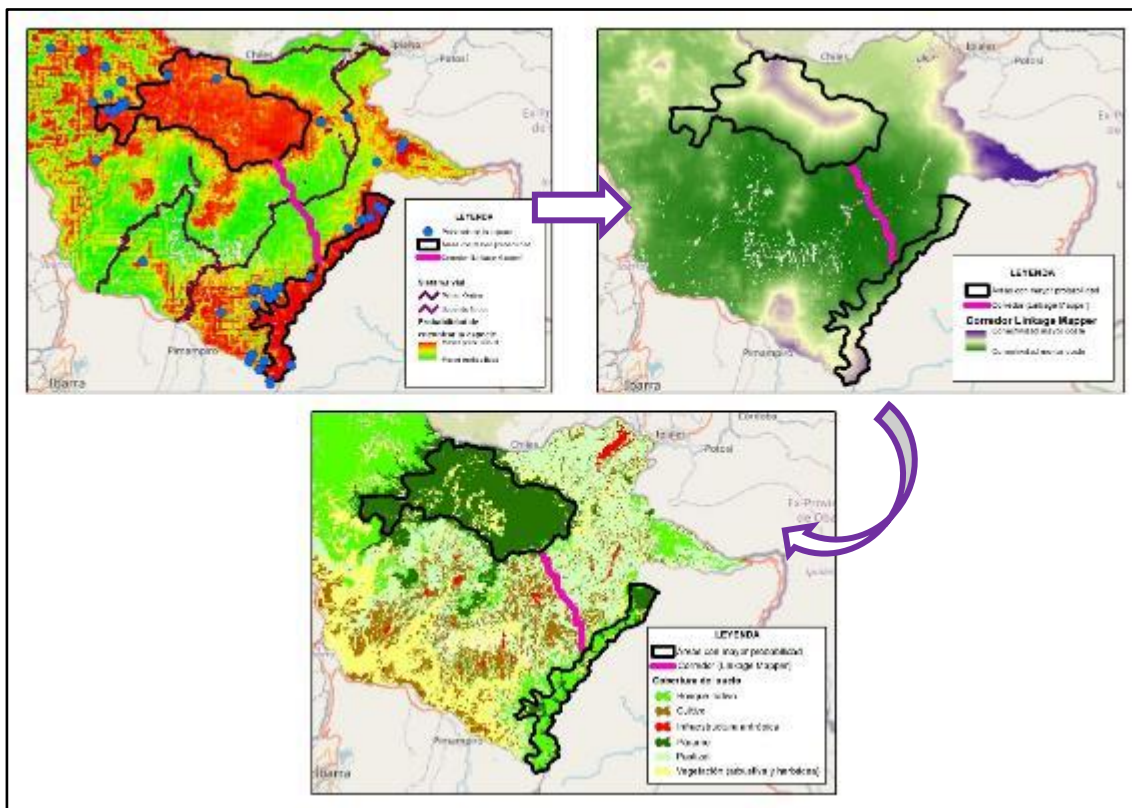
Para complementar los resultados anteriores, se hizo uso de otras coberturas como: ecosistemas, sistema vial e infraestructura antrópica, con el fin de analizar el corredor que realizó la herramienta Linkage Mapper y así juzgar la viabilidad del corredor generado automáticamente.

Oso andino (*Tremarctos ornatus*)

El corredor fue analizado con el modelo de distribución seleccionado anteriormente (Regresión Logística), donde se visualiza las áreas en tonos rojizos-tomates con mayor probabilidad de presencia, las presencias de la especie las cuales brindan un indicio de la movilidad de la misma logrando así una posible conexión entre áreas, el corredor de Linkage Mapper en formato ráster donde las zonas en verde denotan las rutas de conectividad de menor costo, la cobertura vegetal basándose en los hábitos alimenticios, estadía y recorrido del oso andino, en este caso las coberturas analizadas más relevantes fueron: páramo, pastizal, y bosque nativo, haciendo referencia a lo que se mencionó en el Capítulo II: Descripción de la especie *Tremarctos ornatus*, además de la capa en formato vector del corredor. El conjunto de todo el análisis demostró que el corredor generado no es el que más se adapta a la realidad de la distribución de la especie, como se evidencia en la **Figura 75**, los puntos de presencia coinciden con la probabilidad de distribución, pero no con la ruta generada por la herramienta. De igual manera existe una contradicción entre el modelo de distribución y el ráster del corredor ya que, la zona con menor probabilidad de encontrar la especie corresponde a la zona donde las rutas son de menor costo, demostrando que el corredor debe ser modificado y adaptado a la realidad.

Figura 75

Análisis del corredor biológico del oso andino



Nota. La figura presenta el análisis realizado en gabinete del corredor obtenido para el oso andino. En la imagen superior izquierda se encuentran las presencias de la especie y el modelo de distribución de la misma, la imagen superior derecha representa el corredor en formato ráster generado por Linkage Mapper, finalmente en la imagen inferior se encuentra la cobertura y uso de suelo; el corredor en formato vector (línea rosada) está presente en todas las imágenes.

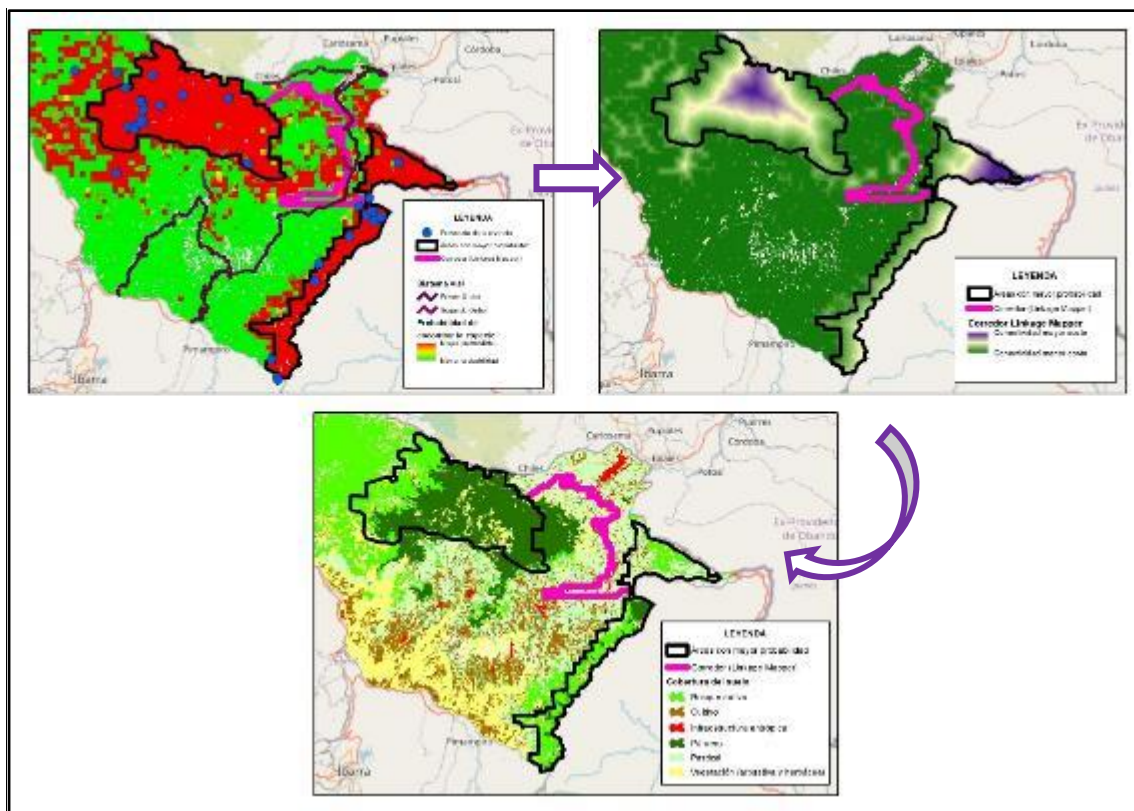
Puma (*Puma concolor*)

De igual forma para el análisis del puma se lo realizó con el modelo Regresión Logística (método que presentó mejor ajuste), donde se visualiza las áreas con mayor

probabilidad de presencia en tonos rojizos y las presencias del puma las cuales brindan un indicio de movilidad de la especie. Por otro lado, se evidencia el ráster generado por Linkage Mapper, donde las zonas verdes indican las rutas óptimas para generar el enlace de las áreas mencionadas y finalmente se analizó la cobertura vegetal basándose en los hábitos alimenticios, estadía y recorrido de la especie (ver Capítulo II: Descripción de la especie *Puma concolor*), en este caso las coberturas analizadas más relevantes fueron: páramo, bosque nativo y pastizal. El análisis que se evidencia en la **Figura 76** demostró que el corredor generado automáticamente tiene un acercamiento a la realidad de la distribución de esta especie, ya que, coincide con el modelo de regresión logística, el ráster del corredor y la cobertura del suelo, sin embargo, fue modificado para ajustarse de mejor manera a la distribución espacial del puma.

Figura 76

Análisis del corredor biológico del puma



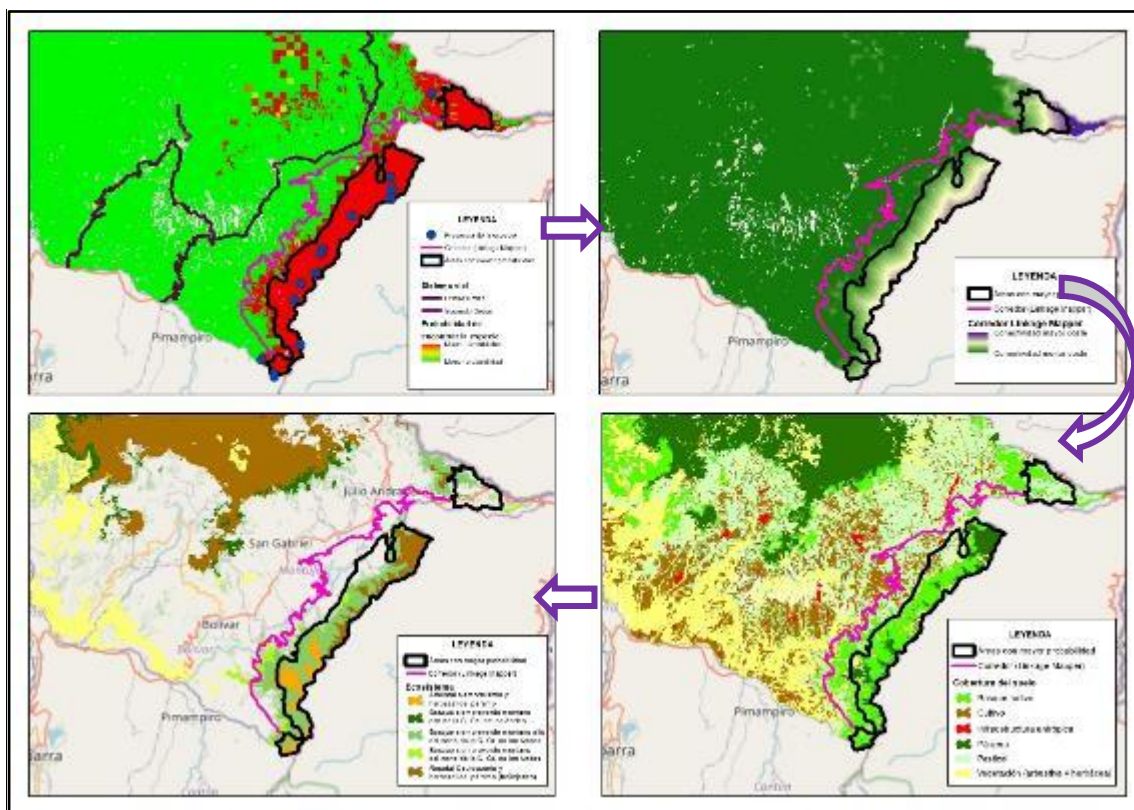
Nota. La figura presenta el análisis realizado en gabinete del corredor obtenido para el puma. En la imagen superior izquierda se encuentran las presencias de la especie y el modelo de distribución de la misma, la imagen superior derecha representa el corredor en formato ráster generado por Linkage Mapper, finalmente en la imagen inferior se encuentra la cobertura y uso de suelo; el corredor en formato vector (línea rosada) está presente en todas las imágenes.

Tapir de montaña (*Tapirus pinchaque*)

Al igual que las otras especies, el corredor del tapir fue analizado con las mismas coberturas, además de la cobertura de ecosistemas que están presentes en las áreas a conectar evidenciando el predominio del bosque siempreverde montano alto del norte de la Cordillera Oriental de los Andes. Como se puede observar en la **Figura 77** el corredor (rutas) generado por Linkage Mapper (línea rosada) no es adecuado para que la especie se traslade, debido a que no tiene remanentes de bosque adecuado para su desarrollo, atraviesan la zona poblada y se encuentra en áreas donde la probabilidad de encontrar la especie es muy baja. Además, la distribución del tapir se encuentra a lo largo de la Cordillera Oriental del Carchi. Por tal motivo, el corredor generado no es tomado en cuenta para la conexión entre áreas.

Figura 77

Análisis del corredor biológico del tapir de montaña



Nota. La figura presenta el análisis realizado en gabinete del corredor obtenido para el tapir de montaña. En la imagen superior izquierda se encuentran las presencias de la especie y el modelo de distribución de la misma, la imagen superior derecha representa el corredor en formato ráster generado por Linkage Mapper, la imagen inferior derecha representa la cobertura y uso de suelo, finalmente en la imagen inferior izquierda se encuentra la cobertura de ecosistemas; el corredor en formato vector (línea rosada) está presente en todas las imágenes.

Propuesta del corredor biológico de cada especie generada en gabinete

La propuesta fue elaborada tomando en cuenta los “Lineamientos de gestión para la conectividad con fines de conservación” emitidos por el Ministerio del Ambiente en el año 2020, donde se menciona que existen criterios para el diseño de los corredores, siendo uno de ellos los elementos constitutivos donde se encuentran las zonas núcleo a conectar, estas son “aquellas áreas del Sistema Nacional de Áreas Protegidas correspondientes a cualquier subsistema Estatal, Autónomo Descentralizado, Comunitario y/o Privado; Patrimonio Forestal Nacional; áreas especiales para la conservación de la biodiversidad; Áreas de Conservación y Uso Sustentable”, y otro criterio fundamental para el diseño de los corredores es el uso y gestión del suelo (MAE, 2020), el cual ya fue tomado en cuenta en el análisis antes realizado.

Otro aspecto importante que se consideró fue la definición del ancho del corredor en función del espacio disponible para la conexión, de acuerdo a la World Wide Web (WWF) el ancho de un corredor biológico oscila entre uno y cinco kilómetros. Por lo mencionado, se definió el ancho de los corredores a un kilómetro. El análisis gráfico realizado de los corredores en el ítem anterior más el apoyo del mapa de pendientes, permitieron definir las rutas óptimas para construir la conexión entre las áreas antes mencionadas.

Finalmente, para validar lo generado en gabinete, se realizó verificación en campo, con el fin de evidenciar la viabilidad del diseño de los corredores propuestos.

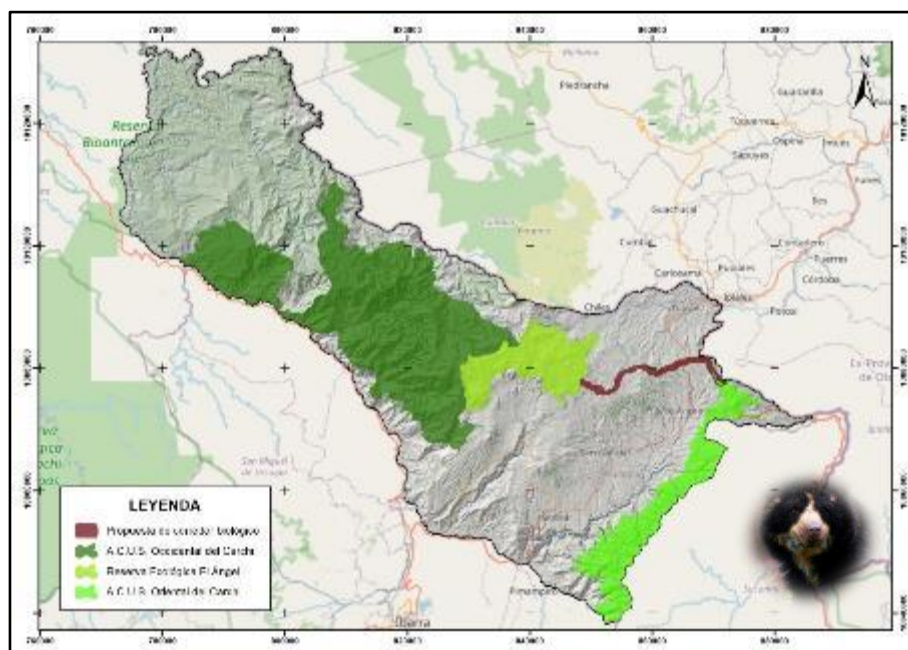
Oso andino (*Tremarctos ornatus*)

Por lo expuesto en los apartados anteriores, se realizó la ruta de conectividad (corredor biológico) tomando los remanentes de páramo, bosque nativo y pastizal, las

áreas modeladas con mayor probabilidad de presencia y las presencias de la especie, el mapa de pendientes y las áreas protegidas que ya se encuentran establecidas, como son: ACUS Oriental del Carchi, ACUS Occidental del Carchi y la Reserva Ecológica El Ángel las cuales pertenecen al Sistema Nacional de Áreas Protegidas (SNAP). El resultado que se logró fue la propuesta del corredor biológico para la especie como se evidencia en la figura a continuación.

Figura 78

Propuesta de corredor biológico para el oso andino



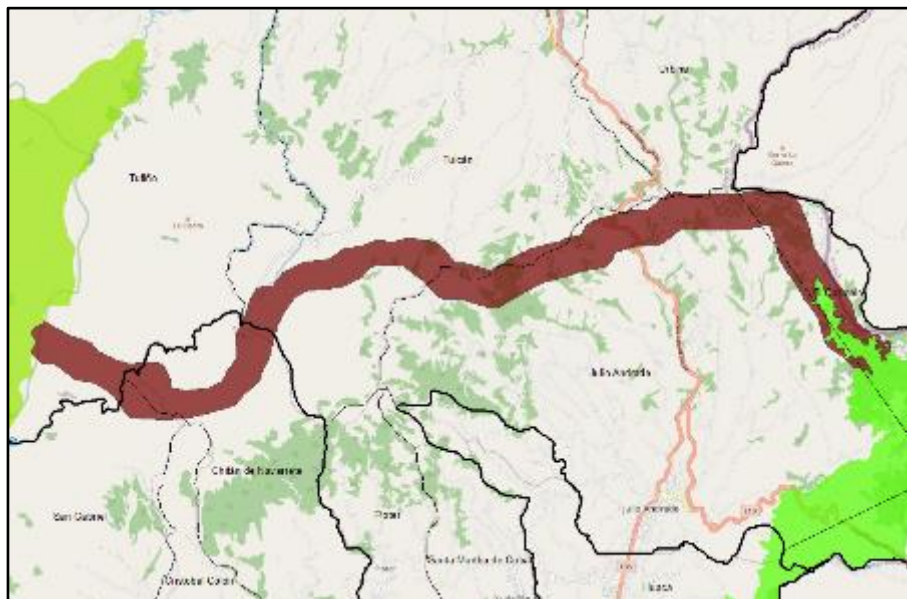
Nota. La figura presenta la propuesta de corredor biológico mediante la conectividad de áreas pertenecientes al SNAP para el oso andino.

El corredor biológico atraviesa los cantones Tulcán y Montúfar de la provincia del Carchi. Los territorios parroquiales del cantón Tulcán que reciben la propuesta del

corredor biológico son: El Carmelo, Urbina, Julio Andrade, Tulcán y Tufiño, y las parroquias del cantón Montúfar son: San Gabriel y Chitán de Navarrete.

Figura 79

División político-administrativa del Carchi para el corredor biológico del oso andino



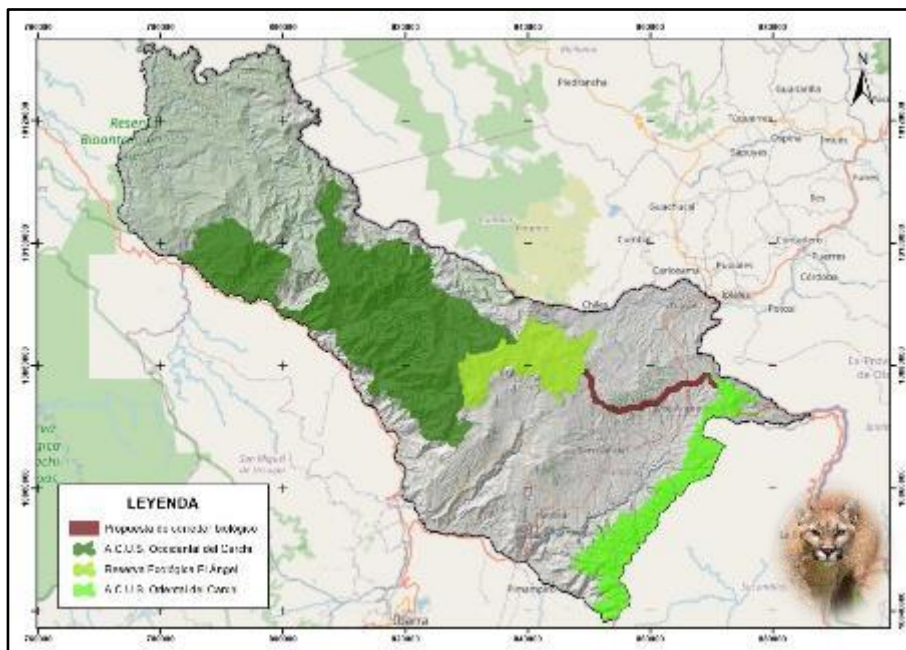
Nota. La figura presenta los cantones y parroquias de la provincia del Carchi por donde atraviesa el corredor biológico del oso andino.

Puma (*Puma concolor*)

Al igual que para el oso andino, la conexión del corredor biológico se estableció mediante áreas protegidas determinadas: el ACUS Oriental del Carchi, el ACUS Occidental del Carchi y la Reserva Ecológica El Ángel pertenecientes al SNAP. Además, se conectaron las zonas modeladas donde existe mayor probabilidad de presencia y la presencia del puma, los remanentes de páramo, bosque nativo y pastizal y el mapa de pendientes provincial. Logrando como resultado la propuesta de corredor biológico para el puma como se muestra en la **Figura 80**.

Figura 80

Propuesta de corredor biológico para el puma



Nota. La figura presenta la propuesta de corredor biológico mediante la conectividad de áreas pertenecientes al SNAP para el puma.

Las parroquias Julio Andrade, Santa Martha de Cuba, Pieter y Tufiño del cantón Tulcán, reciben una parte del corredor biológico. En el cantón Montúfar los territorios parroquiales que atraviesa el corredor son: San Gabriel, Cristóbal Colón y Chitán de Navarrete. Por último, el cantón que recibe otra parte del corredor biológico es el de San Pedro de Huaca con su parroquia Huaca. A continuación, se evidencia lo descrito.

Figura 81

División político-administrativa provincial del Carchi para el corredor biológico del puma



Nota. La figura presenta los cantones y parroquias de la provincia del Carchi por donde atraviesa el corredor biológico del puma.

Tapir de montaña (*Tapirus pinchaque*)

Ligando el análisis de los ítems anteriores para el caso del tapir de montaña, no se puede generar rutas de conexión (corredor biológico) debido a que las áreas modeladas con mayor probabilidad de encontrarla únicamente se localizan a lo largo del ACUS Oriental del Carchi y su zona de amortiguamiento. Cabe mencionar, que el territorio abarcado por el Área de Conservación y Uso Sustentable (ACUS) presenta continuidad y su principal objetivo es conservar la biodiversidad genética contrastando el propósito de generar corredores biológicos.

Propuesta del corredor biológico

En base a lo expuesto en los párrafos anteriores se realizó la verificación en campo logrando obtener resultados satisfactorios en relación a lo generado en gabinete (ver **Anexo 4** y **Anexo 5**). En la tabla a continuación se detalla el trabajo de campo realizado.

Tabla 25

Descripción del trabajo de campo para la verificación

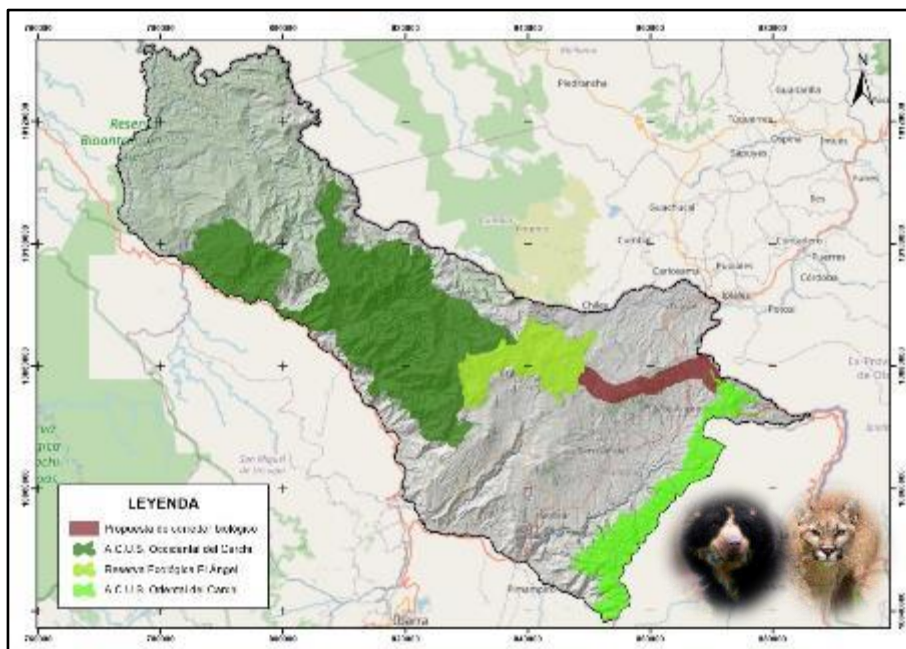
Fecha	Equipo de trabajo	Lugar	Actividad
5 de agosto de 2021	1 técnico (Biólogo) del GADPC, Tesistas	Reserva Ecológica de Juntas de Agua (Chumbán Alto, Cuatro Lomas y Santa Martha de Cuba)	Recorrido por la reserva con el fin de evidenciar la cobertura vegetal de la zona y verificar la aplicabilidad del corredor biológico
5 de agosto de 2021	1 técnico (Biólogo) del GADPC, Tesistas	Reserva Ecológica El Ángel	Recorrido por la reserva con el fin de evidenciar la cobertura vegetal de la zona y verificar la aplicabilidad del corredor biológico
6 de agosto de 2021	1 técnico (Biólogo) del GADPC, Tesistas	Vía El Carmelo – La Estrellita (cantón Tulcán)	Recorrido por la vía con el fin de evidenciar la cobertura vegetal de la zona y verificar la aplicabilidad del corredor biológico

Nota. Listado de las actividades realizadas en campo para verificar la propuesta de corredores biológicos para el oso andino y puma.

De acuerdo a la observación en los sitios recorridos se pudo confirmar la presencia de bosque nativo, páramo (en singular páramo de frailejones), pastizal, escasa zona antrópica (poblados y caseríos) en cada propuesta de corredor (propuesta para el oso andino y propuesta para el puma), además por la cercanía que existe entre estos se generó un solo corredor biológico abarcando las rutas con mayor probabilidad de distribución de ambas especies, con un ancho de 3 kilómetros como sugiere la WWF y una extensión de 26 kilómetros aproximadamente. En la **Figura 82** se presenta la propuesta de corredor biológico para el oso andino y puma.

Figura 82

Propuesta de corredor biológico para el oso andino y puma

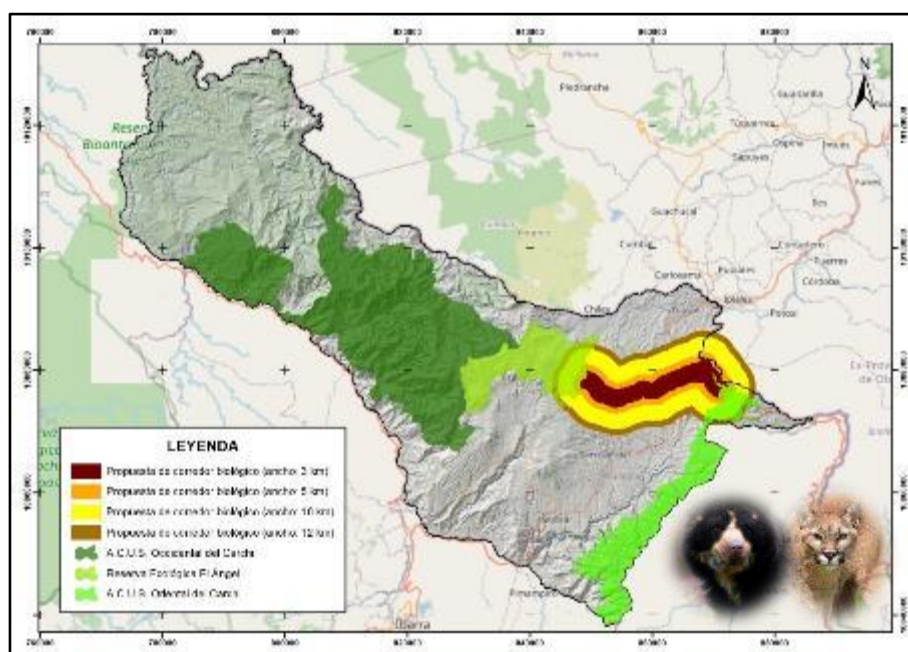


Nota. La figura presenta la propuesta de corredor biológico mediante la conectividad de áreas pertenecientes al SNAP para el oso andino (*Tremarctos ornatus*) y puma (*Puma concolor*).

Cabe mencionar que en general las especies animales no identifican límites, razón por la cual en la **Figura 83** se presenta tres escenarios adicionales para el ancho de corredor que a futuro servirá de base para fines de conservación e implementación en la provincia del Carchi y territorios aledaños. Los anchos que se generaron fueron de: 3, 5, 10 y 12 kilómetros. Sin embargo, la propuesta de corredor biológico para el presente trabajo se desarrolló en base al ancho de 3 kilómetros.

Figura 83

Escenarios de corredor biológico para el oso andino y puma



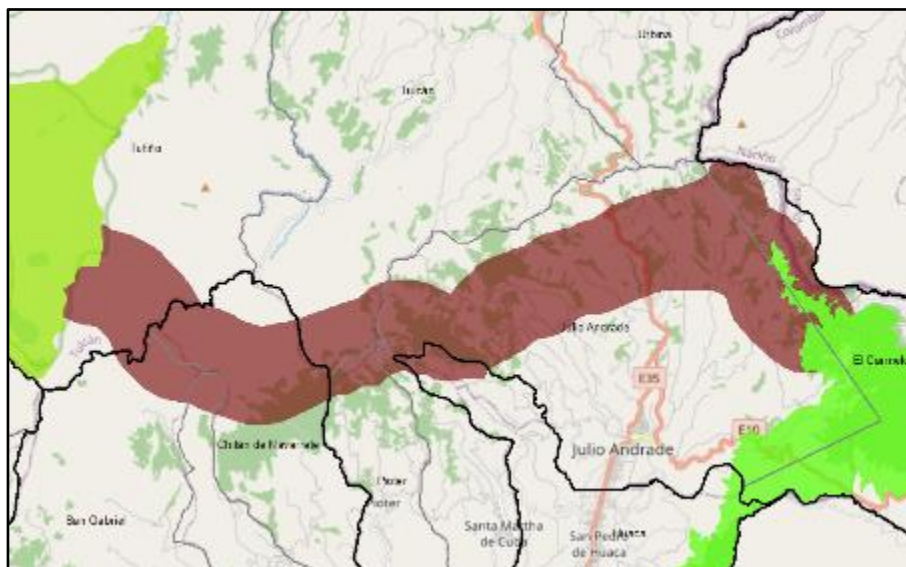
Nota. La figura presenta tres escenarios para la propuesta de corredor biológico mediante la conectividad de áreas pertenecientes al SNAP para el oso andino (*Tremarctos ornatus*) y puma (*Puma concolor*).

La propuesta del corredor biológico franquea los cantones Tulcán, Montúfar y San Pedro de Huaca de la provincia del Carchi. Los territorios parroquiales del cantón

Tulcán que reciben la propuesta del corredor biológico son: El Carmelo, Julio Andrade, Tulcán, Pióter, Santa Martha de Cuba y Tufiño, las parroquias del cantón Montúfar son: San Gabriel, Cristóbal Colón y Chitán de Navarrete y la parroquia Huaca del cantón San Pedro de Huaca. Por otro lado, la propuesta atraviesa principalmente la Troncal de la Sierra (vía E35) y otras vías secundarias, lo que no se transforma en un impedimento para el tránsito de las especies, ya que, se ha evidenciado el cruce de vías por parte del oso andino y el puma. Finalmente, la influencia de fuentes de agua (ríos y lagunas) en la propuesta de corredor biológico contribuye al desarrollo de las especies, ya que, se convierten en un medio de hidratación y refrescamiento en zonas con temperaturas altas, por lo que, tampoco se convierte en un impedimento para su desarrollo y desplazamiento.

Figura 84

División político-administrativa para el corredor biológico del oso andino y el puma



Nota. La figura presenta los cantones y parroquias de la provincia del Carchi por donde atraviesa el corredor biológico para el oso andino y el puma.

A manera de discusión de los resultados logrados se logró dilucidar que los valores obtenidos en la curva ROC demuestran que los modelos con mayor ajuste estadístico predictivo fueron MARS y Regresión Logística. Estas técnicas de modelación han sido aplicadas por varios investigadores como Pachacama en el año 2020 quien utilizó en su proyecto de investigación denominado “Generación de un modelo de distribución de la especie invasora *Polistes versicolor* en la isla Santa Cruz, Galápagos, mediante el uso de herramientas geoinformáticas”. De igual manera Balseca (2018) quien investigó la distribución espacial del vector *Aedes aegypti*, coincide con la presente investigación acerca de las mencionadas técnicas. Afirmando de esta manera lo mencionado por Pliscoff y Fuente-Castillo (2011), que “los modelos de regresiones son muy utilizados porque muestran de manera clara el modelo estadístico que describe la relación entre las variables independientes (predictoras) y dependientes (presencias conocidas)”.

En el artículo 4 literal 6 de los lineamientos y criterios técnicos para el diseño de corredores de conectividad expedidos por Ministerio del Ambiente en el año 2020, hace referencia a “promover el flujo y dispersión de flora y fauna, así como el intercambio genético de especies existentes en dos o más áreas protegidas”, de igual manera en el capítulo II de este mismo documento se describe sobre el diseño de los corredores de conectividad, por otro lado, en el proyecto para la consolidación del corredor Mesoamericano del año 2002, se describe que el objetivo principal del diseño de corredores biológicos es el mantenimiento de la diversidad biológica, y en base a sus criterios biológicos donde hace referencia que el ancho de un corredor no debe ser menor a 200 metros y contando con presencia de especies indicadoras del buen estado de conservación de los ecosistemas. Por tal razón, tomando de base estos acápite, la propuesta desarrollada en esta investigación tomó estos lineamientos y criterios para

realizar la conectividad entre dos áreas protegidas ya establecidas, como lo son ACUS Oriental del Carchi y Reserva Ecológica el Ángel, con dos especies de gran importancia ecosistémica (oso andino y puma), con un ancho de 3 kilómetros con el fin de crear una zona de flujo y mantenimiento de especies tanto de fauna como de flora.

Capítulo V

Conclusiones y recomendaciones

En este capítulo se presentan las conclusiones y recomendaciones surgidas en la elaboración y desarrollo del presente trabajo de investigación.

Conclusiones

El uso de la ecuación para la normalización (ver **Ecuación 18**) de las variables cuantitativas ayudó a obtenerlas en una misma escala de medida sin perder la proporcionalidad de las mismas, mientras que la variable uso y cobertura del suelo al ser de tipo cualitativa fue normalizada con el método de análisis jerárquico para cada especie, determinando el tipo de cobertura que tuvo mayor influencia para la presencia de la misma. En el caso del oso andino fue el bosque nativo, para el puma y el tapir de montaña fue el páramo, esto último se debe a que el tapir de montaña es parte de la cadena alimenticia del puma coexistiendo las dos especies en el mismo tipo de cobertura vegetal.

De acuerdo a los 4 modelos generados, la mayor probabilidad de distribución del oso andino y el puma se extiende por la zona de la Reserva Ecológica El Ángel, el ACUS Occidental y el ACUS Oriental del Carchi, esta evidencia se obtiene a través de los modelos MARS y Regresión Logística los cuales determinaron de mejor forma la probabilidad de distribución espacial. Por otro lado, el tapir de montaña presentó la zona con mayor probabilidad de distribución en el ACUS Oriental como resultado de la modelación mediante los métodos BIOCLIM y Regresión Logística, corroborando los datos de presencia recolectados.

El estadístico evaluador entre los modelos fue la curva ROC (AUC) siendo el común entre los 4 modelos y representa mejor ajuste de predicción mientras su valor se

acerque a 1, determinando que los modelos más precisos en cuanto a la predicción de la distribución espacial de grandes mamíferos fueron las regresiones (MARS y Regresión Logística), ya que, en cuanto a la evaluación estadística presentan valores superiores a 0.92 de ROC (AUC).

A pesar que el modelo BIOCLIM usa el principio de envoltura climática (solo variables climáticas) para realizar el modelamiento, también admite otro tipo de variables predictoras las cuales complementaron la predicción de la distribución potencial de las especies. Sin embargo, los estadísticos de este modelo presentan ajustes de predicción cuestionables, debido a que la comparación gráfica no concuerda con los valores obtenidos.

La Regresión Logística fue el modelo elegido para la elaboración de los corredores biológicos, ya que, presentó el mayor ajuste para las tres especies (grandes mamíferos), luego de una evaluación estadística y gráfica entre los 4 modelos, revelando que las zonas con mayor probabilidad de presencia se asemejan a los datos de existencia de las especies. Por el contrario, a pesar que el modelo de Lógica Difusa presentó un ajuste poco satisfactorio, se lo considera como un buen predictor debido a que no utiliza datos de presencia/ausencia/pseudoausencia de las especies.

Existen varias herramientas que ayudan a la generación de corredores, una de ellas es Linkage Mapper, la cual necesita como insumo la aptitud territorial, para este caso fue el modelo de Regresión Logística, sin embargo, las rutas arrojadas son poco adecuadas para su diseño, debido a que atravesó zonas pobladas siendo estas un impedimento para la conectividad. Por tanto, las propuestas de corredores biológicos fueron elaboradas analizando principalmente la variable uso y cobertura de suelo, el modelo de distribución de especies seleccionado, las presencias de las especies y el

mapa de pendientes, obteniendo una ruta óptima de conexión entre áreas, siendo verificada previamente en campo.

Recomendaciones

Es importante realizar el muestreo en campo para confirmar y obtener nuevos registros de las especies, ya que, es el insumo principal para realizar el modelamiento de distribución. De igual manera aumentar el número de cámaras trampa y tiempo de monitoreo.

Con el fin de realizar comparaciones para próximos estudios de modelamiento de distribución espacial de grandes mamíferos se recomienda usar otras ecuaciones para realizar la normalización de las variables independientes, logrando así comparar las predicciones efectuadas.

El abanico de posibilidades en cuanto a los de métodos de modelamiento es numeroso, por lo que, para próximas investigaciones se recomienda usar otros métodos, los cuales se encuentran incluidos en los softwares utilizados en este trabajo de investigación.

Para investigaciones donde es difícil obtener datos de presencias, es recomendable aplicar el modelo de Lógica Difusa, ya que no utiliza como insumo dichos datos, realizando buenos pronósticos con variables predictoras.

En este trabajo de investigación se usó la herramienta Linkage Mapper acoplada en el software ArcGIS para diseñar los corredores, por lo que, para próximos estudios se recomienda usar otras herramientas y softwares para la generación de los mismos, con el fin de comparar las rutas realizadas en esta investigación, además usar diferentes mapas de fricción o restricción de acuerdo a los propósitos de la investigación.

De acuerdo a los resultados obtenidos en esta investigación, se recomienda al Gobierno Autónomo Descentralizado Provincial del Carchi (GADPC) la implementación de los corredores biológicos generados para el oso andino y el puma, con el fin de conservar la biodiversidad mediante la implementación de programas y proyectos en estos.

Bibliografía

- Allouche, O., Tsoar, A., & Kadmon, R. (2006). Assessing the accuracy of species distribution models: prevalence, kappa and the skill statistic (TSS). *Journal of Applied Ecology*, 1223-1232.
<https://doi.org/10.1111/j.1365-2664.2006.01214.x>
- Almache, J. (2013). Lógica clásica y lógica difusa: Facetas que las caracterizan. *Esta. Revista De La Facultad De Arquitectura Y Urbanismo De La Universidad De Cuenca*, 91-101.
<https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=6118855>
- Alonso, A. (2019). *Introducción a la regresión logística*. Universidad Carlos III de Madrid.
<http://halweb.uc3m.es/esp/Personal/personas/amalonso/esp/bstat-tema9.pdf>
- Alvarado, S., Silva, C., & Cáceres, D. (2010). Modelación de episodios críticos de contaminación por material particulado (PM10) en Santiago de Chile. Comparación de la eficiencia predictiva de los modelos paramétricos y no paramétricos. *Gaceta Sanitaria*, 24(6), 466-472.
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0213911110001962>
- Arias, A., Downer, C., Delgado, C., & Sánchez-Londoño, J. (2010). UN REGISTRO DE TAPIR DE MONTAÑA (Tapirus pinchaque) EN EL NORTE DE LA CORDILLERA OCCIDENTAL DE COLOMBIA. *Mastozoología Neotropical*, 17(1), 111-116.
<https://www.redalyc.org/pdf/457/45713277011.pdf>
- Ariza-López, F., Rodríguez-Avi, J., & Alba-Fernández, V. (2018). Control estricto de matrices de confusión por medio de distribuciones multinomiales. *GeoFocus*, 215-226.
<https://doi.org/10.21138/GF.591>
- Asamblea Constituyente. (2008). *Constitución de la República del Ecuador*.
<https://www.wipo.int/edocs/lexdocs/laws/es/ec/ec030es.pdf>
- Asamblea Nacional. (2014). *Código Orgánico de Organización Territorial, Autonomía y Descentralización (Cootad)*. Quito: Ediciones Legales.
<http://biblioteca.defensoria.gob.ec/handle/37000/495>
- Balseca, M. (2018). *Modelamiento de distribución espacial del vector aedes aegypti transmisor del virus zika en el Ecuador continental, mediante la aplicación de herramientas geoinformáticas*. Sangolquí: Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE.

- Barba, S., & Pomerol, J. (1997). *Decisiones multicriterio: fundamentos teóricos y utilización práctica*. Alcalá de Henares (Madrid): Universidad de Alcalá de Henares.
- Barbet-Massin, M., Jiguet, F., Albert, C., & Thuiller, W. (2012). Selecting pseudo-absences for species distribution models: how, where and how many? *Methods in Ecology and Evolution*, 3, 327-338.
<https://doi.org/10.1111/j.2041-210X.2011.00172.x>
- Beaumont, L., Hughes, L., & Poulsen, M. (2005). Predicting species distributions: use of climatic parameters in BIOCLIM and its impact on predictions of species' current and future distributions. *Ecological Modelling*, 250-268.
<https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2005.01.030>
- Benítez, J., & Arroyo, V. (2008). Habitat fragmentation, edge effects and biological corridors in tropical ecosystems. En *Encyclopedia of Life Support Systems (EOLSS)* (págs. 1-11).
[https://books.google.com.ec/books?hl=es&lr=&id=z1TXCwAAQBAJ&oi=fnd&pg=PA122&dq=Ben%C3%ADtez,+J.+y+V.+Arroyo.+2008.+Habitat+fragmentation,+edge+effects+and+biological+corridors++in+tropical+ecosystems.+In:+Del+Claro+K,+et+al.+\(eds\).+Encyclopedia+of+Life+Su](https://books.google.com.ec/books?hl=es&lr=&id=z1TXCwAAQBAJ&oi=fnd&pg=PA122&dq=Ben%C3%ADtez,+J.+y+V.+Arroyo.+2008.+Habitat+fragmentation,+edge+effects+and+biological+corridors++in+tropical+ecosystems.+In:+Del+Claro+K,+et+al.+(eds).+Encyclopedia+of+Life+Su)
- Benito, B., & Peñas, J. (2007). Aplicación de modelos de distribución de especies a la conservación de la biodiversidad en el sureste de la Península Ibérica. *GeoFocus. Revista Internacional de Ciencia y Tecnología de la Información Geográfica*, 100-119.
<http://www.geofocus.org/index.php/geofocus/article/viewFile/113/275>
- Bermúdez, D., & Reyes, J. (2011). Dieta del tapir de montaña (*Tapirus pinchaque*) en tres localidades del corredor ecológico Llangantes-Sangay. *Serie Zoológica, Boletín técnico 10*, 1-13.
http://atrium.tapirs.org/documents/bibliofile_20130218002008_BermudezEtAl2011_DietaTapirMontanaTresLocalidadesCorredorEcologicoLlangantesSangay.pdf
- Big Mammals Conservation. (2019). *¿Quiénes Somos?* (Trip Producciones) Recuperado el 9 de Junio de 2021, de <https://bigmammalsconservation.org/about/mision/>
- Bonilla, M., Olmeda, I., & Puertas, R. (2003). Modelos Paramétricos y no Paramétricos en Problemas de Credit Scoring. *Revista Española de Financiación y Contabilidad*, 833-869.

<https://doi.org/10.1080/02102412.2003.10779502>

- Briones, E. (2016). *Corredores de Conectividad Biológica en Ecuador*. Quito: Pontificia Universidad Católica del Ecuador.
<http://repositorio.puce.edu.ec/bitstream/handle/22000/11465/Monografia%20completa.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Brito, J., Camacho, M., Romero, V., & Vallejo, A. (5 de Julio de 2019). *BIOWEB*. Recuperado el 9 de Abril de 2021, de <https://bioweb.bio/faunaweb/mammaliaweb>
- Busby, J. (1991). BIOCLIM - a bioclimate analysis and prediction system. En C. Margules, & M. Austin, *Nature Conservation: Cost Effective Biological Surveys and Data Analysis* (págs. 64-68). Melbourne: CSIRO.
- Cañadas, L. (1983). *El mapa bioclimático y ecológico del Ecuador*. Quito.
- Caro, T., Engilis, A., Fitzherbert, E., & Gardner, T. (2004). Preliminary assessment of the flagship species concept at a small scale. *Animal Conservation*, 7(1), 63-70.
<https://doi.org/10.1017/S136794300300115X>
- Cartaya, S., Zurita, S., & Mantuano-Eduarte, R. (2016). Propuesta de corredores ecológicos y zonas de amortiguamiento como medidas para restaurar la conectividad del hábitat de la especie *Cuniculus alpaca* en Ecuador. *Ambiente y Desarrollo*, 20(39), 68-82.
<https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=5737572>
- Castellanos, A. (1994). *El tapir andino (Tapirus pinchaque): crianza de un ejemplar en el bosque protector Pasochoa y notas ecológicas en el Parque Nacional Yasuní, Ecuador*. Quito: Universidad Central del Ecuador.
- Castellanos, A. (2006). Cannibalism in Andean Bears? *Bear News*, 15(4), 20.
- Castellanos, A. (2010). *Guía para la rehabilitación, liberación y seguimiento de osos Andinos*. Quito: Imprenta Anyma.
- Castellanos, A., & Boada, C. (2019). *Mamíferos del Ecuador. Museo de Zoología, Pontificia Universidad Católica del Ecuador*.
<https://bioweb.bio/faunaweb/mammaliaweb/FichaEspecie/Tremarctos%20ornatus>
- Castellanos, A., & Vallejo, A. (2020). *Mamíferos del Ecuador. Museo de Zoología, Pontificia Universidad Católica del Ecuador*.
<https://bioweb.bio/faunaweb/mammaliaweb/FichaEspecie/Puma%20concolor>

- Castellanos, A., Cevallos, J., Andrés, L., Aching, L., Viteri, P., & Molina, S. (2010). *Estrategia Nacional de Conservación del Oso Andino*. Quito, Ecuador: Imprenta Anyma.
<https://es.scribd.com/document/375875813/Estrategia-Nacional-Oso-Andino-Ecuador>
- Castellanos, A., Vallejo, A., & Boada, C. (2017). Tapirus pinchaque. En J. Brito, M. Camacho, V. Romero, & A. Vallejo, *Mamíferos del Ecuador*. Museo de Zoología, Pontificia Universidad Católica del Ecuador.
<https://bioweb.bio/faunaweb/mammaliaweb/FichaEspecie/Tapirus%20pinchaque>
- Cerda, J., & Cifuentes, L. (2012). Uso de curvas ROC en investigación clínica. Aspectos teórico-prácticos. *Revista chilena de infectología*, 29(2), 138-141.
<http://doi.org/10.4067/S0716-10182012000200003>
- Cerda, J., & Villarroel, L. (2008). Evaluación de la concordancia inter-observador en investigación pediátrica: Coeficiente Kappa. *Revista Chilena de Pediatría*, 79(1), 54-58.
<https://scielo.conicyt.cl/pdf/rcp/v79n1/art08.pdf>
- Chapman, A. (2007). *Modelización de ocurrencia de especies & BIOCLIM*. Cochabamba.
<http://doi.org/10.13140/RG.2.2.27597.90089>
- Chávez-Tovar, J. (2005). Puma. (Puma concolor). En G. Ceballos, & G. Oliva, *Los mamíferos silvestres de México* (págs. 364-367). México: CONABIO-UNAM-Fondo de Cultura Económica.
- Chiarello, A. (1999). Effects of fragmentation of the Atlantic forest on mammal communities in south-eastern Brazil. *Biological Conservation*, 89, 71-82.
[https://doi.org/10.1016/S0006-3207\(98\)00130-X](https://doi.org/10.1016/S0006-3207(98)00130-X)
- Chitarroni, H. (2002). *La regresión logística*. Buenos Aires: IDICSO.
<https://racimo.usal.edu.ar/83/1/Chitarroni17.pdf>
- CONABIO. (2019). *Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad*.
<https://nicho.conabio.gob.mx/home/proposito-y-guia-del-usuario/validacion-del-modelo>
- CONABIO. (12 de Mayo de 2021). *Biodiversidad mexicana*.
<https://www.biodiversidad.gob.mx/especies/distribesp>

- Congreso Argentino de Malacología. (2019). *Minicurso: "Modelos de nicho y distribución de especies"*.
<https://www.gecemac.bbf.uns.edu.ar/3cam/curso-modelos/archivos/TP/TP%20MINICURSO.pdf>
- Cortés-Reyes, É., Rubio-Romero, J., & Gaitán-Duarte, H. (2010). Métodos estadísticos de evaluación de la concordancia y la reproducibilidad de pruebas diagnósticas. *Revista Colombiana Obstetricia y Ginecología*, 61(3), 247-255.
<http://www.scielo.org.co/pdf/rcog/v61n3/v61n3a09.pdf>
- Cubero, C. (2019). *Sistemas inteligentes de gestión*. Granada: Universidad de Granada.
- Currier, M. (1983). Felis Concolor. *Mammalian species*, 1-7.
http://www.bio-nica.info/Mammalia/Felis_concolor.pdf
- D'Negri, C., & De Vito, E. (2006). Introducción al razonamiento aproximado: lógica difusa. *Revista Americana de Medicina Respiratoria*, 126-136.
<https://www.redalyc.org/pdf/3821/382138367007.pdf>
- de la Fuente, S. (2011). *Regresión Logística*. Madrid: Universidad Autónoma de Madrid.
<https://www.fuenterrebollo.com/Economicas/ECONOMETRIA/CUALITATIVAS/LOGISTICA/regresion-logistica.pdf>
- del Valle, A. (2019). *Curvas ROC (Receiver-Operating-Characteristic) y sus aplicaciones*. Universidad de Sevilla.
<https://idus.us.es/bitstream/handle/11441/63201/Valle%20Benavides%20Ana%20Roc%20del%20TFG.pdf?sequence=1>
- Deuker, K., & Kjerne, D. (1989). *Multipurpose Cadastre Terms and Definitions*.
- DIVA-GIS. (2004). *Sistema de Información Geográfica para el Análisis de Datos de Distribución de Especies*.
https://www.diva-gis.org/docs/DIVA-GIS_manual_7.pdf
- Downer, C. (1996). The mountain tapir, endangered 'flagship' species of the high Andes. *Oryx*, 30(1), 45-58.
<https://www.cambridge.org/core/services/aop-cambridge-core/content/view/7A5C92A90DD4030651D6F551D5A04092/S0030605300021384a.pdf/div-class-title-the-mountain-tapir-endangered-flagship-species-of-the-high-andes-div.pdf>
- Downer, C. (1997). Evaluación del Estado y Plan de Acción para el Tapir Andino (Tapirus pinchaque). En D. Brooks, R. Bodmer, & S. Matola, *Status Survey and*

- Conservation Action Plan Tapirs*. IUCN/SSC Tapir Specialist Group.
<https://portals.iucn.org/library/sites/library/files/documents/1997-053.pdf>
- Elbroch, M., Levy, M., Lubell, M., Quigley, H., & Caragiulo, A. (2017). Adaptive social strategies in a solitary carnivore. *Science Advances*, 1-8.
<http://doi.org/10.1126/sciadv.1701218>
- Elith, J., & Leathwick, J. (2009). Species distribution models: ecological explanation and prediction across space and time. *Annual review of ecology, evolution, and systematics*, 677-697.
<https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.110308.120159>
- Elith, J., Graham, C., Anderson, R., Dudík, M., Ferrier, S., Guisan, A., . . . Richardson. (2006). Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. *Ecography*, 129-151.
<https://doi.org/10.1111/j.2006.0906-7590.04596.x>
- Espinoza, L. (2019). *Aplicación de un Sistema de Información Geográfica para la identificación de pasivos ambientales del subsector hidrocarburos en el Perú para el año 2013*. Lima: Universidad Nacional Federico Villareal.
<http://repositorio.unfv.edu.pe/handle/UNFV/2823>
- Ferrier, S., & Guisan, A. (2006). Spatial modelling of biodiversity at the community level. *Journal of Applied Ecology*, 393-404.
<http://doi.org/10.1111/j.1365-2664.2006.01149.x>
- Fielding, A., & Bell, J. (1997). A review of methods for the assessment of prediction errors in conservation presence/absence models. *Environmental Conservation*, 24(1), 38-49.
<https://doi.org/10.1017/S0376892997000088>
- Figueroa, J. (2013). Revisión de la dieta del oso andino *Tremarctos ornatus* (Carnivora: Ursidae) en América del Sur y nuevos registros para el Perú. *Revista del Museo Argentino de Ciencias Naturales nueva serie*, 15(1), 1-27.
https://www.researchgate.net/publication/275044521_Revision_de_la_dieta_del_oso_andino_Tremarctos_ornatus_Carnivora_Ursidae_en_America_del_Sur_y_nuevos_registros_para_el_Peru
- Flores, L., & Pérez, R. (2016). Uso de conjuntos difusos para cuantificar el potencial de cuerpos académicos desde la conformación de redes científicas de

- colaboración. *Investigación y Ciencia*, 70-77.
<https://www.redalyc.org/jatsRepo/674/67448742009/html/index.html>
- Foody, G. (2008). GIS: Biodiversity applications. *Progress in Physical Geography*, 223-235.
<http://doi.org/10.1177/0309133308094656>
- Franklin, K. (1995). Predictive vegetation mapping: Geographic modelling of biospatial patterns in relation to environmental gradients. *Progress in Physical Geography*, 474-499.
<http://doi.org/10.1177/030913339501900403>
- Friedman, J. (1991). Multivariate Adaptive Regression Splines. *The Annals of Statistics*, 1-67.
<https://doi.org/10.1214/aos/1176347963>
- Fuentes, M. (2016). *Control difuso para apoyar el proceso de aprendizaje en video juegos a través de reconocimiento de emoción por voz*. Zacatecas: CIMAT.
<https://cimat.repositorioinstitucional.mx/jspui/bitstream/1008/533/1/ZAC%20TE%2051.pdf>
- García-Rangel, S. (2012). Andean bear *Tremarctos ornatus* natural history and conservation. *Mammal Review*, 42(2), 85-119.
<https://doi.org/10.1111/j.1365-2907.2011.00207.x>
- GBIF. (2021). *¿Qué es GBIF?* Recuperado el 9 de Junio de 2021, de
<https://www.gbif.org/what-is-gbif>
- Gobierno Autónomo Descentralizado de la Provincia del Carchi. (2015). *Plan de Desarrollo y Ordenamiento Territorial de la Provincia del Carchi*.
http://app.sni.gob.ec/sni-link/sni/PORTAL_SNI/data_sigad_plus/sigadplusdocumentofinal/0460000130001_PDOT%20CARCHI%202015%20-%202019%20ACTUALIZADO%20opt_14-08-2015_22-24-17.pdf
- Gobierno Autónomo Descentralizado de la Provincia del Carchi. (2016). *Creación del Área de Conservación y Uso Sustentable de la Cordillera Oriental del Carchi*. Tulcán: Gobierno Autónomo Descentralizado de la Provincia del Carchi/CONDESAN-Proyecto EcoAndes.
<https://condesan.org/wp-content/uploads/2018/10/Cartilla-ACUS-CO-C-FINAL-216x211.pdf>

- Godoy, J., Elton, C., Galindo-Leal, C., & Cardenal, L. (2002). *El Corredor Biológico Mesoamericano*. Proyecto para la Consolidación del Corredor Biológico Mesoamericano. Managua: CCAD.
- Godron, M. (1965). *Les principaux types de profils écologiques*. Montpellier: CNRS-CEPE.
- Gómez, M. (2014). *Metodología de evaluación de censos por transectos*. Consorcio Camisea.
- Gómez, M., & Barredo, J. (2005). *Sistemas de información geográfica y evaluación multicriterio en la ordenación del territorio*. Madrid: Ra-Ma.
- Graham, C., Ferrier, S., Huettman, F., Moritz, C., & Peterson, A. (2004). New developments in museum-based informatics and applications in biodiversity analysis. *Trends in ecology & evolution*, 497-503.
<http://doi.org/10.1016/j.tree.2004.07.006>
- Guisan, A., & Thuiller, W. (2005). Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. *Ecology Letters*, 993-1009.
<http://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2005.00792.x>
- Guisan, A., & Zimmermann, N. (2000). Predictive habitat distribution models in ecology. *Ecological Modelling*, 147-186.
[http://doi.org/10.1016/S0304-3800\(00\)00354-9](http://doi.org/10.1016/S0304-3800(00)00354-9)
- Guo, D., Guo, R., & Thiart, C. (2004). *Integrating GIS with Fuzzy Logic and Geostatistics: Predicting Air Pollutant PM10 for California, Using Fuzzy Kriging*.
<https://citeseerx.ist.psu.edu/viewdoc/download?doi=10.1.1.596.1037&rep=rep1&type=pdf>
- Gutiérrez-Hernández, O., Cámara-Artigas, R., Senciales-González, J., & García, L. (2018). Modelos predictivos en Biogeografía: aplicación para la modelización de nichos ecológicos en Geografía Física. *Boletín de la Asociación de Geógrafos Españoles*, 88-126.
<https://doi.org/10.21138/bage.2395>
- Hernández, P., Graham, C., Master, L., & Albert, D. (2006). The effect of sample size and species characteristics on performance of different species distribution modeling methods. *Ecography*, 29, 773-785.
<https://doi.org/10.1111/j.0906-7590.2006.04700.x>

- Hijmans, R., Cameron, S., Parra, J., Jones, P., & Jarvis, A. (2005). Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology*, 1965-1978.
<https://doi.org/10.1002/joc.1276>
- Hirzel, A., Le Lay, G., Helfer, V., Randin, C., & Guisan, A. (2006). Evaluating the ability of habitat suitability models to predict species presences. *Ecological Modelling*, 199(2), 142-152.
<https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2006.05.017>
- Hutchinson, G. (1957). Concluding remarks. *Cold Spring harbor Symposia on Quantitative Biology*, 415-427.
- Illoldi-Rangel, P., & Escalante, T. (2008). De los modelos de nicho ecológico a las áreas de distribución geográfica. *Biogeografía* 3, 7-12.
https://www.researchgate.net/publication/286336295_De_los_modelos_de_nicho_ecologico_a_las_areas_de_distribucion_geografica
- Iriarte, A., Franklin, W., Johnson, W., & Redford, K. (1990). Biogeographic variation of food habits and body size of the America puma. *Oecologia*, 185-190.
<https://doi.org/10.1007/BF00319400>
- Isasi-Catalá, E. (2011). Los conceptos de especies indicadoras, paraguas, banderas y claves: su uso y abuso en ecología de la conservación. *Interciencia*, 36(1), 31-38.
<https://www.redalyc.org/pdf/339/33917727005.pdf>
- Jaramillo, L., & Carrión, J. (2007). *Determinación de Disponibilidad de Hábitat para el Oso de Anteojos y el Tapir de Montaña en los Andes Tropicales del Sur del Ecuador*. Sangolquí: Escuela Politécnica del Ejército ESPE.
<http://repositorio.espe.edu.ec/xmlui/handle/21000/917>
- Johnstone, C., Lill, A., & Reina, R. (2014). Habitat loss, fragmentation and degradation effects on small mammals: Analysis with conditional inference tree statistical modelling. *Biological Conservation*, 176, 80-98.
<https://doi.org/10.1016/j.biocon.2014.04.025>
- Landis, R., & Koch, G. (1977). The measurement of observer agreement for categorical data. *Biometrics*, 33(1), 159-174.
<https://doi.org/10.2307/2529310>

- León, A. (2016). *Propuesta de corredor biológico funcional para el Saguinus oedipus (Tifí cabeciblanco)*. Bogotá: Universidad Militar Nueva Granada.
- Leopold, A. (1949). *A sand country almanac*. Oxford and New York, 201.
- Lizcano, D., Guarnio, A., Suárez, J., Flores, F., & Montenegro, O. (2006). Danta de páramo Tapirus pinchaque. En J. Rodríguez, M. Alberico, Trujillo, & J. Jorgensen, *Libro rojo de los Mamíferos de Colombia* (págs. 173-180). Colombia: Serie Libros rojos de especies amenazadas de Colombia.
- Lizcano, D., Medici, P., Montenegro, O., Carrillo, L., Camacho, A., & Miller, P. (Edits.). (2005). *Taller de Conservación de Danta de Montaña. Reporte Final*. IUCN/SSC Conservation Breeding Specialist Group.
<http://www.cbsg.org/sites/cbsg.org/files/documents/Mountain%20Tapir%20PHVA-Spanish.pdf>
- Logan, K., & Sweanor, L. (2002). Evolutionary Ecology and Conservation of an Enduring Carnivore. *Natural Resources Journal*, 42, 463.
<https://digitalrepository.unm.edu/cgi/viewcontent.cgi?referer=https://www.google.com/&httpsredir=1&article=1529&context=nrj>
- Logan, K., & Sweanor, L. (2009). Behavior and Social Organization of Solitary Carnivore. *Cougar*, 105-117.
<https://doi.org/10.7208/9780226353470-015>
- López de Vargas-Machuca, K. (2014). *Diseño de corredores biológicos para mamíferos entre los parques nacionales Llanganates y Sangay (Ecuador)*. Madrid: Universidad Internacional Menéndez Pelayo.
- López, M. (2007). *Descripción y caracterización de nichos ecológicos: una visión más cuantitativa del espacio ambiental*.
<https://cimat.repositorioinstitucional.mx/jspui/bitstream/1008/87/2/TE%20244.pdf>
- Maciel-Mata, C., Manríquez-Morán, N., Octavio-Aguilar, P., & Sánchez-Rojas, G. (2015). El área de distribución de las especies: revisión del concepto. *Acta Universitaria*, 3-19.
<https://doi.org/10.15174/au.2015.690>
- Márquez, H. (1999). Métodos matemáticos de evaluación de factores de riesgo para el Patrimonio Arqueológico: una aplicación GIS del método de jerarquías analíticas de T.L. SAATY. *SPAL: Revista de prehistoria y arqueología de la*

- Universidad de Sevilla*, 21-37.
<https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=176653>
- Martínez-Castaño, D. (2019). *Análisis de conectividad estructural en el corredor kárstico del oriente antioqueño: un análisis exploratorio para el manejo ambiental del territorio*. Medellín: Universidad de San Buenaventura.
http://bibliotecadigital.usb.edu.co/bitstream/10819/7580/1/Analisis_Conectividad_Estructural_Martinez_2019.pdf
- Mateo, M. (2008). *Modelos predictivos de riqueza de diversidad vegetal. Comparación y optimización de métodos de modelado ecológico*. Madrid: Universidad Complutense de Madrid.
https://www.researchgate.net/profile/Ruben-Mateo/publication/236692213_Modelos_predictivos_de_riqueza_de_diversidad_vegetal_Comparacion_y_Optimizacion_de_Metodos_de_Modelado_Ecologico_Madrid_Universidad_Complutense_de_Madrid/links/00b495191cc3d411d9000000
- Mateo, R., Felicísimo, Á., & Muñoz, J. (2011). Modelos de distribución de especies: Una revisión sintética. *Revista Chilena de Historia Natural*, 217-240.
<http://doi.org/10.4067/S0716-078X2011000200008>
- Mateo, R., Felicísimo, Á., & Muñoz, J. (2012). Modelos de distribución de especies y su potencialidad como recurso educativo interdisciplinar. *Reduca (Biología)*, 137-153.
<http://www.revistareduca.es/index.php/biologia/article/view/881/1030>
- Medina, S. (2006). Estado de la cuestión acerca del uso de la lógica difusa en problemas financieros. *Cuadernos de Administración*, 19(32), 195-223., 195-223.
http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-35922006000200009
- Mesoamericano, P. p. (2002). *El Corredor Biológico Mesoamericano: una plataforma para el desarrollo sostenible regional*. Managua: CCAD.
- Miller, J. (2010). Species Distribution Modeling. *Geography Compass*, 490-509.
<https://doi.org/10.1111/j.1749-8198.2010.00351.x>
- Ministerio del Ambiente (MAE). (2020). *Acuerdo Ministerial Nro. MAE-2020-*. Quito.
- Ministerio del Ambiente de Ecuador. (2019). *Plan de acción para la conservación del oso andino (Tremarctos ornatus) en el Ecuador*. Quito: MAE.

- <https://library.wcs.org/search.aspx?Search=plan+de+accion+para+la+conservacion+del+oso+andino+en+el+ecuador>
- Minitab. (2019). *Salford Predictive Modeler. Introducing Mars*.
<https://www.minitab.com/content/dam/www/en/uploadedfiles/content/products/spm/IntroMARS.pdf>
- Molero, E., Grindla, A., & Asensio, J. (2007). Escenarios de aptitud y modelización cartográfica del crecimiento urbano mediante técnicas de evaluación multicriterio. *GeoFocus. Revista Internacional de Ciencia y Tecnología de la Información Geográfica*, 7, 120-147.
<https://www.geofocus.org/index.php/geofocus/article/view/114>
- Montero, R. (2013). *Variables no estacionarias y cointegración*. Universidad de Granada.
<https://www.ugr.es/~montero/matematicas/cointegracion.pdf>
- Moreno, J. (2001). *Proceso Analítico Jerárquico (AHP): Fundamentos, Metodología y Aplicaciones*. Valencia: Universidad de Valencia.
- Mota-Vargas, C., Encarnación-Luévano, A., Ortega-Andrade, H., Prieto-Torres, D., Peña-Peniche, A., & Rojas-Soto, O. (2019). Una breve introducción a los modelos de nicho ecológico. En C. Moreno. Ciudad de México: Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo/Libermex.
https://www.researchgate.net/publication/339181920_Una_breve_introduccion_a_los_modelos_de_nicho_ecologico
- Muñoz, J., & Felicísimo, Á. (2004). Comparison of statistical methods commonly used in predictive modelling. *Journal of Vegetation Science*, 285-292.
<https://doi.org/10.1111/j.1654-1103.2004.tb02263.x>
- Myers, G., & Funkhouser, J. (1951). A new giant toad from southwestern Colombia. *Zoologica*, 36(23), 279-282.
- Naidoo, R., Kilian, J., Preez, P., Beytell, P., Aschenborn, O., Taylor, R., & Stuart-Hill, G. (2018). Evaluating the effectiveness of local- and regional-scale wildlife corridors using quantitative metrics of functional connectivity. *Biological Conservation*, 96-103.
<https://doi.org/10.1016/j.biocon.2017.10.037>
- Nakamura, M., & Soberon, J. (2007). *Some thoughts on the notions of areas of distribution and environmental niches as related to availed data*.

- Narváez, V., & Zapata-Ríos, G. (2020). *Manual para el muestreo de fauna silvestre con transectos lineales*. Quito: Wildlife Conservation Society.
https://www.researchgate.net/publication/343296023_Manual_para_el_Muestreo_de_Fauna_Silvestre_con_Transectos_Lineales
- Nazeri, M., Jusoff, K., Madani, N., Mahmud, A., & Bahman, A. (2012). Predictive modeling and mapping of Malayan sun bear (*Helarctos malayanus*) distribution using maximum entropy. *PLoS ONE*, 7(10).
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0048104>
- Neri-Suárez, M., & Rodríguez-Ramírez, A. (2011). Diseño y Análisis de Corredores Biológicos Locales para El Ejido, Francisco Villa, Tenosique, Tabasco, México. (U. J.-U. Guatemala, Ed.) *2do Encuentro Nacional de Investigación Científica y 1er Simposium Internacional de Investigación Multidisciplinaria*, 230-238.
https://www.researchgate.net/publication/315382766_DISENO_Y_ANALISIS_DE_CORREDORES_BIOLOGICOS_LOCALES_PARA_EL_EJIDO_FRANCISCO_VILLA_TENOSIQUE_TABASCO_MEXICO
- Nix, H. (1986). A biogeographic analysis of Australian elapid snakes. *Atlas of elapid snakes of Australia*, 4-15.
- Noss, R. (1990). Indicators for Monitoring Biodiversity: A Hierarchical Approach. *Conservation Biology*, 4, 355-364.
<https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.1990.tb00309.x>
- Nowell, K., & Jackson, P. (1996). *Wild Cats: status survey and conservation action plan*. Gland, Suiza: UICN.
<https://portals.iucn.org/library/sites/library/files/documents/1996-008.pdf>
- Olaya, V. (2014). *Sistemas de Información Geográfica*.
https://www.icog.es/TyT/files/Libro_SIG.pdf
- Ortiz, S. (2020). *Modelo de conectividad espacial para el tapir de montaña (Tapirus pinchaque) y el tapir de zonas bajas (Tapirus terrestres) en el Magdalena medio, en Colombia*. Bogotá: Universidad de los Andes .
- Pachacama, K. (2020). *Generación de un modelo de distribución de la especie invasora Polistes versicolor en la isla Santa Cruz, Galápagos, mediante el uso de herramientas geoinformáticas*. Sangolquí: Universidad de las Fuerzas Armadas "ESPE".
<https://repositorio.espe.edu.ec/bitstream/21000/21743/1/T-ESPE-043409.pdf>

- Padilla, O. (2006). Fundamento Teórico Para Modelización De Variables Mediante Operadores Difusos. *Revista Geoespacial*.
<http://latingeo.espe.edu.ec/wp-content/uploads/2012/08/Art%C3%ADculo-Fuzzy.pdf>
- Pérez-García, B., & Liria, J. (2013). Modelos de nicho ecológico fundamental para especies del género *Thraulodes* (Ephemeroptera: Leptophlebiidae: Atalophlebiinae). *Revista Mexicana de Biodiversidad*, *84*(2), 600-611.
<https://doi.org/10.7550/rmb.32234>
- Peterson, M. (2003). Predicting the impacts of climate change on the distribution of species: are bioclimatic envelope models useful? *Global Ecology and Biogeography*, 361-371.
<https://doi.org/10.1046/j.1466-822X.2003.00042.x>
- Peyton, B. (1980). Ecology, Distribution, and Food Habits of Spectacled Bears, *Tremarctos ornatus*, in Peru. *Journal of Mammalogy*, *61*(4), 639-652.
<http://doi.org/10.2307/1380309>
- Phillips, S., Dudík, M., Elith, J., Graham, C., Lehmann, A., Leathwick, J., & Ferrier, S. (2009). Sample selection bias and presence-only distribution models: implications for background and pseudo-absence data. *Ecological applications*, 181-197.
<https://doi.org/10.1890/07-2153.1>
- Pliscoff, P., & Fuentes-Castillo, T. (2011). Modelación de la distribución de especies y ecosistemas en el tiempo y en el espacio: una revisión de las nuevas herramientas y enfoques disponibles. *Revista de Geografía Norte Grande*, *48*, 61-79.
- Ponce, P. (2010). *Inteligencia artificial con aplicaciones a la ingeniería*. México D.F.: Alfaomega.
<https://lelinopontes.files.wordpress.com/2014/09/inteligencia-artificial-con-aplicaciones-a-la-ingenierc3ada.pdf>
- Portillo-Quintero, C., Larreal, J., González, I., Sánchez, A., & Valbuena, C. (2012). Forest cover and deforestation patterns in the Northern Andes (Lake Maracaibo Basin): a synoptic assessment using MODIS and Landsat imagery. *Applied Geography*, *35*(1-2), 152-163.
<https://d1wqtxts1xzle7.cloudfront.net/34636290/Portillo->

- Quitero_et_al_2012_cover_forest_cuenca_lago_mcbo.pdf?1409906781=&response-content-disposition=inline%3B+filename%3DForest_cover_and_deforestation_patterns.pdf&Expires=1628810068&Signature=cwHzwNMyA~7
- Powell, R., & Mitchell, M. (2012). What is a home range? *Journal of Mammalogy*, 93(4), 948-958.
<https://doi.org/10.1644/11-MAMM-S-177.1>
- Preston, F. (1962). The Canonical distribution of commonness and rarity: part I. *Ecology*, 43(2), 185-215.
<https://doi.org/10.2307/1931976>
- Romero, A. (2011). *Diseño de un corredor ecológico en el borde norte de la ciudad de Bogotá*. Quito: Universidad San Francisco de Quito.
<https://repositorio.usfq.edu.ec/bitstream/23000/1643/1/103651.pdf>
- Ruiz, C., Cardona, D., & Duque, J. (2012). Corredores biológicos una estrategia de recuperación en paisajes altamente fragmentados. Estudio de caso Microcuenca La Bolsa, municipio de Marinilla. *Gestión y Ambiente*, 15(1), 7-18.
<https://www.redalyc.org/pdf/1694/169424101002.pdf>
- Ruiz, M., Fernández, I., Ortiz, J., Pérez, M., & Fernández, P. (2007). The development of a new methodology based on GIS and fuzzy logic to locate sustainable industrial areas. *Proceedings of 10th AGILE International Conference on Geographic Information Science*.
https://agile-online.org/conference_paper/cds/agile_2007/proc/pdf/8_pdf.pdf
- Rumiz, D. (2010). Roles ecológicos de los mamíferos medianos y grandes. En R. Wallace, *Distribución, ecología y conservación de los mamíferos medianos y grandes de Bolivia*. Santa Cruz de la Sierra: Centro de Ecología Difusión, Fundación Simon I. Patiño.
https://www.researchgate.net/publication/265380059_Roles_ecologicos_de_los_mamiferos_medianos_y_grandes
- Saaty, T. (1980). *The Analytic Hierarchy Process*. New York: McGraw-Hill.
- Sainz, M. (2000). SIG y Modelización de Fauna Protegida: Delimitación de Hábitat Potencial del Urogallo (Tetrao Urogallus) mediante Lógica Borrosa (Fuzzy Logic) en el Parque Natural del Cadí-Moixeró (Pirineo oriental). *Tecnologías Geográficas para el Desarrollo Sostenible*, 352-366.

http://tig.age-geografia.es//docs/IX_3/Sainz_Miquel.PDF

- Salcedo, C. (2002). *Estimación de la ocurrencia de incidencias en declaraciones de pólizas de importación*. Lima: Universidad Nacional Mayor de San Marcos.
https://sisbib.unmsm.edu.pe/bibvirtualdata/Tesis/Basic/Salcedo_pc/enPDF/T_completo.pdf
- San Vicente, M. (2014). Categorización de corredores ecológicos en función de su contribución a la conectividad de la red Natura 2000. Implicaciones para la ordenación del territorio. *GeoFocus. Revista Internacional de Ciencia y Tecnología de la Información Geográfica*(14), 68-84.
<https://www.geofocus.org/index.php/geofocus/article/view/301>
- Sandoval, L., Reyes, J., Tapia, A., & Bermúdez, D. (2009). *Manual de campo para el Estudio y Monitoreo del Tapir de Montaña (Tapirus pinchaque)*. Quito, Ecuador: Grupo de Especialista de Tapires-Ecuador UICN/SSC/TSG. Fundación Oscar Efrén Reyes. Centro Tecnológico de Recursos Amazónicos-Centro Fátima. Finding Species.
https://tapirs.org/wp-content/uploads/2017/03/ManualMonitoreoTapir_FINAL_PCTA.pdf
- Santana, G., & Aguilar, A. (2020). Sitios candidatos para nuevos servicios médicos utilizando técnicas de evaluación multicriterio, en la Zona Metropolitana de Toluca, México. *GeoFocus. Revista Internacional de Ciencia y Tecnología de la Información Geográfica*, 139-162.
<http://dx.doi.org/10.21138/GF.602>
- Seoane, J., & Bustamante, J. (2001). Modelos predictivos de la distribución de especies: una revisión de sus limitaciones. *Ecología*, 9-21.
https://www.miteco.gob.es/en/parques-nacionales-oapn/publicaciones/Ecologia_15_01_tcm38-100523.pdf
- Servicio Agrícola y Ganadero; Corporación Nacional Forestal; Comisión Nacional del Medio Ambiente. (2009). *Plan Nacional de Conservación del Puma* (Segunda ed.). Unidad Comunicación y Prensa, Servicio Agrícola y Ganadero.
<http://bibliotecadigital.ciren.cl/bitstream/handle/123456789/26095/HUM2-0142.pdf?sequence=1>
- Sillero, N., Barbosa, M., Martínez-Freiría, F., & Real, R. (2010). Los modelos de nicho ecológico en la herpetología ibérica: pasado, presente y futuro. *Boletín de la*

- Asociación Herpetológica Española*, 2-24.
http://www.herpetologica.org/BAHE/BAHE21_%5B150%5D_03_Invitado.pdf
- Simpson, G. (1940). Mammals and Land Bridges. *Journal of the Washington Academy of Sciences* 3D, 137-163.
<http://people.wku.edu/charles.smith/biogeog/SIMP940B.htm>
- Soberón, J., & Peterson, A. (2005). Interpretation of models of fundamental ecological niches and species' distributional areas. *Biodiversity Informatics*, 1-10.
<https://doi.org/10.17161/bi.v2i0.4>
- Star, J., & Estes, J. (1990). *Geographic Information Systems: An Introduction*. Prentice-Hall.
- Stockwell, D., & Peterson, A. (2002). Effects of sample size on accuracy of species distribution models. *Ecological Modelling*, 148, 1-13.
https://www.researchgate.net/publication/200734886_Effects_of_sample_size_on_accuracy_of_species_distribution_models
- Sunquist, M., & Sunquist, F. (2002). *Wild Cats of the World*. University of Chicago Press.
- Tapir Specialist Group-Ecuador. (2011). *Estrategia Nacional para la Conservación de los Tapires (Tapirus spp.) en el Ecuador* (Primera ed.). Quito, Ecuador: Grupo Especialista de Tapires de la UICN.
<https://biblio.flacsoandes.edu.ec/libros/digital/56527.pdf>
- Terrones-Benicio, R., Flores-Gallegos, E., Verduzco-Ramírez, J., & García-Díaz, N. (2017). Modelado de sistema difuso para monitoreo de pH en cultivos de plantas ornamentales. *Revista de Simulación y Laboratorio*, 8-18.
https://www.ecorfan.org/bolivia/researchjournals/Simulacion_y_Laboratorio/vol4num13/Revista_de_Simulacion_y_Laboratorio_V4_N13_2.pdf
- Tirira, D. (2001). *Libro rojo de los mamíferos del Ecuador*. Quito: SIMBIOE/EcoCiencia/Ministerio del Ambiente/UICN.
https://www.researchgate.net/publication/315793476_Libro_Rojo_de_los_mamiferos_del_Ecuador
- Tirira, D. (2007). *Nombres de los Mamíferos del Ecuador*. Quito: Ediciones Murciélago Blanco y Museo Ecuatoriano.
https://www.researchgate.net/publication/313023888_Nombres_de_los_mamiferos_del_Ecuador

- Tirira, D. (2011). *Libro Rojo de los mamíferos del Ecuador. 2a edición*. Quito: Fundación Mamíferos y Conservación, Pontificia Universidad Católica del Ecuador y Ministerio del Ambiente del Ecuador.
- Tirira, D. (2015). *Mamíferos endémicos del Ecuador*. Quito: Murciélago Blanco y Fundación Mamíferos y Conservación.
<http://www.mamiferosdelecuador.com>
- Tirira, D. (2017). *Una guía de campo para los mamíferos del Ecuador: incluidas las Islas Galápagos y la zona antártica ecuatoriana*. Quito: Murciélago Blanco.
- Tomlin, C. (1990). *Geographic information systems and cartographic modelling*. Prentice Hall.
- Toskano, G. (2005). *El proceso de análisis jerárquico (AHP) como herramienta para la toma de decisiones en la selección de proveedores*. Lima.
https://sisbib.unmsm.edu.pe/bibvirtualdata/tesis/basic/toskano_hg/toskano_hg.pdf
- Tsoar, A., Allouche, O., Steinitz, O., Rotem, D., & Kadmon, R. (2007). A comparative evaluation of presence-only methods for modelling species distribution. *Diversity and distributions*, 397-405.
<https://doi.org/10.1111/j.1472-4642.2007.00346.x>
- UICN. (2007). *Taller de la Lista Roja de Gatos de la UICN*.
<https://www.iucn.org/>
- UICN. (2012). *Categorías y Criterios de la Lista Roja de la UICN: Versión 3.1* (Segunda ed.). Gland.
<https://portals.iucn.org/library/sites/library/files/documents/RL-2001-001-2nd-Es.pdf>
- UICN. (2021). *Lista Roja de Especies Amenazadas de la UICN*. Recuperado el 9 de Abril de 2021, de <https://www.iucnredlist.org>
- van Proosdij, A., Sosef, M., Wieringa, J., & Raes, N. (2016). Minimum required number of specimen records to develop accurate species distribution models. *Ecography*, 39, 542-552.
<https://doi.org/10.1111/ecog.01509>
- Vanegas, J., & Vásquez, F. (2017). Multivariate Adaptive Regression Splines (MARS), una alternativa para el análisis de series de tiempo. *Gaceta Sanitaria*, 235-237.
<https://doi.org/10.1016/j.gaceta.2016.10.003>

- Vargas, J., Consiglio, T., Jørgensen, P., & Croat, T. (2004). Modelling distribution patterns in a species-rich plant genus, *Anthurium* (Araceae), in Ecuador. *Diversity and Distributions*, 211-216.
<http://doi.org/10.1111/j.1366-9516.2004.00081.x>
- Vásquez, A., Trucco, C., & Aguerre, G. (2014). Metodologías desarrolladas para el monitoreo de pequeños mamíferos en la región del Bajo Urubamba. En P. d. Biodiversidad (Ed.), *METODOLOGÍAS PARA EL MONITOREO DE LA BIODIVERSIDAD EN LA AMAZONÍA*. Consorcio Camisea.
<http://yakuss.com/assets/metodologias-final-web.pdf>
- Villar, B., & Pérez, S. (2015). Modelos bayesianos para modelar distribuciones de especies con registros de solo presencias. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 165-174.
<https://www.redalyc.org/pdf/939/93941388005.pdf>
- Wilson, E., & Willis, E. (1975). Applied biogeography. *Ecological structure of species communities*, 534.
- Worldclim. (8 de Junio de 2021). *WorldClim*.
<https://worldclim.org/data/index.html>
- Xu, T., & Hutchinson, M. (2000). *Anuclim version 6.1. User guide*. The Australian National University.
<https://fennergchool.anu.edu.au/files/anuclim61.pdf>
- Yáñez-Muñoz, M., Batallas, D., Franco-Mena, D., Meza-Ramos, P., Oyagata, L., Padilla, D., . . . Vega-Yáñez, M. (2020). *Anfibios en los Ecosistemas Andino-Tropicales de la provincia del Carchi*. Serie de Publicaciones del Gobierno Autónomo Descentralizado Provincial del Carchi y el Instituto Nacional de Biodiversidad.
http://inabio.biodiversidad.gob.ec/wp-content/uploads/2020/09/ANFIBIOS%20EN%20LOS%20ECOSISTEMAS%20ANDINO%20TROPICALES%20%20DE%20LA%20PROVINCIA%20DEL%20CARCHI%20_INABIO.pdf
- Zukowski, B., & Ormsby, A. (2016). Depredación del ganado de los osos andinos y percepciones de la comunidad en el norte de Ecuador. *Dimensiones humanas de la vida silvestre*, 111-126.
- Zunino, M., & Palestrini, C. (1991). El concepto de especie y la biogeografía. *Anales de Biología*, 85-88.

[https://digitum.um.es/digitum/bitstream/10201/2068/1/AB17%20\(1991\)%20p%2085-88.pdf](https://digitum.um.es/digitum/bitstream/10201/2068/1/AB17%20(1991)%20p%2085-88.pdf)

Anexos