



FACULTAD DE
CIENCIAS
UDELAR | fcien.edu.uy



UNIVERSIDAD
DE LA REPÚBLICA
URUGUAY

UNIVERSIDAD DE LA REPÚBLICA
FACULTAD DE CIENCIAS

Tesis para optar al título de Licenciada en Ciencias Biológicas

**APLICACIÓN DE LA LÓGICA DIFUSA PARA ANALIZAR LA DISTRIBUCIÓN DE DOS
ESPECIES DE MAMÍFEROS PARAPÁTRIDOS EN EL CONTINENTE AMERICANO**

(Procyon cancrivorus y P. lotor)

Daniela Cinara Valiente Puchalvert

Tutor: José Carlos Guerrero. Laboratorio de Desarrollo Sustentable y Gestión Ambiental del Territorio. Facultad de Ciencias, Udelar.

Co-tutor: David Romero. Departamento de Ecología y Geografía. Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga.

Montevideo, Uruguay, 2025

Contenido

Resumen	2
1. Introducción	3
1.1. Biogeografía y patrones de distribución de las especies	3
1.2. Biogeografía del grupo de los mamíferos	4
1.3. Modelos de distribución de especies como análisis biogeográfico.....	7
2. Objetivo General y Específicos.....	10
3. Materiales y métodos	10
3.1. Área de estudio.....	10
3.2. Especies objeto de estudio.....	12
3.3. Obtención de registros y variables.....	14
3.4. Elaboración de los modelos de favorabilidad.....	18
3.5. Evaluación de los modelos obtenidos.....	19
3.6. Favorabilidad compartida en el análisis de las interacciones competitivas entre especies	20
4. Resultados	21
4.1. Registros de las especies y variables elaboradas.....	21
4.2. Mapas de favorabilidad.....	21
4.3. Condiciones favorables para <i>P. cancrivorus</i> y <i>P. lotor</i>	22
4.4. Interacción biótica entre las especies y favorabilidad compartida.....	24
5. Discusión	26
5.1. Valoraciones generales de los modelos.....	26
5.2. Interacción biótica entre las especies.....	28
6. Conclusiones	29
7. Referencias Bibliográficas	31
Anexos	42

RESUMEN

La biogeografía estudia cómo los seres vivos se distribuyen sobre la Tierra, en el espacio y en el tiempo, y los procesos que dan lugar a dichos patrones de distribución. Conocer la distribución es importante para su conservación y manejo. Las especies no se distribuyen de manera azarosa, sino que dónde y cuándo ocurren es consecuencia de procesos que actúan a diferentes escalas (globales, regionales y locales) y generan diferentes patrones. Entre los procesos que afectan la distribución, tenemos la especiación, la cual se clasifica en: alopatría, parapatría, y simpatría. Concretamente, en este trabajo se analizaron dos especies de la familia *Procyonidae*, *Procyon cancrivorus* y *Procyon lotor*, las cuales presentan distribuciones en parapatría en América del Sur y América del Norte respectivamente, con una zona de contacto en América Central. El objetivo fue utilizar las propiedades de la función de favorabilidad, y las herramientas de la lógica difusa, para analizar el grado de parapatría entre ambas especies. Se estudió la distribución potencial y el grado de solapamiento en sus distribuciones, a partir de registros obtenidos de la plataforma GBIF. Se utilizaron los Modelos de Distribución de las Especies (MDE) los cuales permiten identificar los territorios con condiciones favorables a la presencia de las mismas. La función de favorabilidad es un modelo lineal generalizado (GLM) que corrige la prevalencia. Para elaborar los modelos se usaron los paquetes fuzzySim y modEVA implementados en el programa R. Los modelos correspondientes a las dos especies bajo estudio presentaron un valor de $AUC > 0,9$ y aceptable capacidad de clasificación con valores de sensibilidad y especificidad mayores de 0,7. Los primeros resultados no evidenciaron lo esperado, ya que se observó una mayor extensión en la distribución potencial para *P. cancrivorus* en comparación a *P. lotor*, siendo que se esperaba que este último presentara una distribución más amplia en América del Sur debido a su fácil adaptación a cualquier hábitat. Conocer con más certeza las condiciones que benefician a estas especies, permite evaluar la vulnerabilidad de las mismas ante eventuales cambios en sus hábitats y cómo esto podría generar un corrimiento en su distribución.

INTRODUCCIÓN

Biogeografía y patrones de distribución de las especies

La biogeografía es la ciencia que estudia la forma en que los seres vivos se distribuyen sobre la Tierra, en el espacio y en el tiempo, y los procesos que dan lugar a dichos patrones de distribución (Crisci *et al.*, 2000). Friedrich Ratzel, geógrafo alemán del siglo XIX, fue quien acuñó por primera vez el término *biogeografía*. Él definió el término como la distribución de los seres vivos, en función de una serie de atributos. En otras palabras, podría establecerse que la biogeografía se cuestiona cómo se distribuyen los seres vivos y el por qué (Morrone & Escalante, 2016). Conocer la distribución de una especie con exactitud es sumamente importante para su conservación y manejo (Margules & Pressey, 2000), pero además la biogeografía realiza aportes aplicados que contribuyen a la gestión ambiental y al ordenamiento territorial (Ramírez & Vargas, 1992). Un aspecto que está implícito en las principales preguntas que aborda la biogeografía, y que es parte de su objeto de estudio, es el comprender cómo se distribuye la biodiversidad en la Tierra (Morrone & Escalante, 2016).

Según el Convenio Internacional sobre la Diversidad Biológica (CBD, 1992), la biodiversidad o diversidad biológica se refiere a la variabilidad de organismos vivos que habitan la Tierra, incluyendo los ecosistemas tanto terrestres, cómo marinos, así como otros ecosistemas acuáticos incluyendo los complejos ecológicos de los que forman parte. Citado en palabras textuales por Morrone y Escalante (2016), según Leon Croizat, botánico y biogeógrafo italiano, "*La biodiversidad tiene una dimensión espacial y otra temporal que son inseparables, pues todos los componentes de la biodiversidad existen en un lugar en el espacio y en un momento en el tiempo*". A partir de este concepto es que se considera a la biodiversidad un complejo espacio-temporal, analizable y documentable a través de mapas biogeográficos (Morrone & Espinosa, 1998).

Los seres vivos no se distribuyen de manera azarosa sobre la Tierra (Terribile *et al.*, 2009), sino que su distribución es consecuencia de procesos que actúan a diferentes escalas

(globales, regionales y locales) y generan diferentes patrones, los cuales se observan, se describen e investigan (Whittaker *et al.*, 2001). La distribución de las especies se ve condicionada por una serie de factores como los ambientales, los geográficos, los vinculados a interacciones bióticas, así como los históricos (Parker *et al.*, 2006). Dentro de los procesos históricos que afectan a las especies tenemos eventos como la extinción, la dispersión y la especiación que luego se ven reflejados en los patrones de distribución en un momento y en un espacio geográfico dado (O'Brien, 1998). Con respecto a este último, existen variados criterios para diferenciar los procesos de especiación, siendo el más utilizado el espacial. Según los patrones espaciales que presenten las poblaciones en proceso de divergencia, se distinguen tres tipos de especiación: la especiación alopátrica, la parapátrica, y la simpátrica (Soler, 2002). La especiación geográfica o alopátrica es el modelo que cuenta con mayor número de casos, consiste en la separación geográfica de un acervo genético continuo, de manera tal que se generan dos o más poblaciones, las cuales están aisladas geográficamente entre sí (Mayr, 1942). La especiación simpátrica es la divergencia de una población local de individuos de una especie que se cruzan activamente entre sí y comparten un acervo genético distinto, *demes*, los cuales adquieren independencia evolutiva dentro de una misma área geográfica. Esto se puede deber a la especialización ecológica de alguno de los *demes* o por hibridación con especies próximas (Soler, 2002). Por último, la especiación parapátrica, ocurre en zonas contiguas, y sucede sin la necesidad de una separación geográfica completa entre poblaciones, incluso la especie hija puede compartir parte de la zona de distribución con la especie madre, dándose hibridación en esas zonas de contacto. Los *demes* divergen tanto por factores estocásticos, como por selección local (Perfectti, 2002).

Es así como el aislamiento geográfico y la dispersión han sido causantes de dar forma a los patrones actuales de diversidad en todo el planeta (Brown & Sax, 2004).

Biogeografía del grupo de los mamíferos

Eventos como el arribo y establecimiento de especies en un nuevo territorio es un fenómeno que se da de manera natural y que forma parte de procesos como expansión y dispersión de una especie (Gotelli, 2008). El ejemplo más conocido es el Gran Intercambio Biótico Americano (GABI), donde se produjo un importante flujo de especies al conectarse América del Norte y del Sur a través del Istmo de Panamá (Marquet & Cofré, 1999; Webb, 2006). Este acontecimiento ocurrió hace aproximadamente tres millones de años en el Pleistoceno Tardío desencadenando inevitablemente nuevas interacciones biológicas entre los dos continentes americanos previamente separados. Si bien hubo un importante flujo de especies entre ambos continentes, las principales características evolutivas del GABI fueron llevadas a cabo por los mamíferos terrestres (Webb, 2006). El GABI se basa principalmente en la historia de los mamíferos atravesando el Istmo de Panamá (Anderson, 1987), lo cual se conoce gracias al amplio registro fósil de mamíferos encontrado (Webb, 1996), en comparación por ejemplo a otros vertebrados de los cuales su registro fósil es incompleto o pobre (Anderson, 1987), o al registro paleobotánico, que se sustenta en el escaso polen hallado (Burnham, 1999).

Los mamíferos se encuentran entre los grupos de animales más distribuidos en el planeta (Tirira, 2007). A pesar de no ser de los grupos de vertebrados con mayor riqueza de especies, presenta una amplia diversidad tanto morfológica como funcional y cumplen un rol importante en numerosos procesos ecológicos (González *et al.*, 2013).

Dentro de los mamíferos se encuentra la familia *Procyonidae*, perteneciente al orden Carnivora y representada actualmente por 14 especies comprendidas en seis géneros: *Procyon*, *Nasua*, *Nasuella*, *Bassaricyon*, *Potos* y *Bassariscus* (Koepfli *et al.*, 2007); con una distribución natural en América y con poblaciones de algunas especies introducidas en diversos lugares del mundo (Helgen & Wilson, 2004). Se encuentra distribuida a lo largo de todo el continente americano e incluye frugívoros tropicales altamente arbóreos de cola prensil, omnívoros terrestres, así como arbóreos que se encuentran en una amplia

diversidad de hábitats (Zevaloff, 2002). El género *Procyon*, comprende tres especies: *Procyon lotor*, presente en América del Norte y Central, (Linnaeus, 1758), *P. pygmaeus* (Merriam, 1901) endémico de la Isla de Cozumel, México y *P. cancrivorus*, distribuido en América del Sur (Kays, 2009).

El registro fósil da indicios de que los Procyonidae ingresaron a América del Sur, provenientes de América del Norte, en al menos dos eventos diferentes (Prevosti & Soibelzon, 2012; Forasiepi *et al.*, 2014). El primero de ellos habría ocurrido durante el Mioceno Tardío, hace aproximadamente 7 millones de años (~7 Ma) (Prevosti & Soibelzon, 2012), previo a que el Istmo de Panamá emergiera completamente (~2,8 Ma) (O'Dea *et al.*, 2016), etapa previa al evento GABI, el cual se denomina proto-GABI (Cione *et al.*, 2015). El otro evento habría ocurrido durante el Pleistoceno Tardío (~126.000), que es cuando se registran en América del Sur los géneros *Procyon* y *Nasua* (Webb, 1985; Lessa *et al.*, 1998;). Hoy en día, de los géneros actuales, solamente *Nasua* y *Procyon* tienen registro fósil en América del Sur (Soibelzon *et al.*, 2010). Los primeros registros fósiles de *P. cancrivorus* provienen del Pleistoceno Tardío, al norte del actual territorio de Argentina, aunque cabe destacar que existen registros anteriores, hallados en Brasil pero no presentaban estratigrafía certera (Soibelzon, 2010).

En el presente trabajo se analizaron las especies *Procyon cancrivorus* y *P. lotor*. Esta última tiene una distribución neártica y neotropical, la cual abarca el Centro y Norte de América. Pero esa distribución ha aumentado debido a que ha sido introducida por el hombre para ser comercializada como animal de compañía a lugares que van desde islas caribeñas (Helgen & Wilson, 2005) a Europa (Salgado, 2018), e incluso ha llegado a Japón, en donde viven en bosques (Okabe & Agetsuma, 2007). Por otro lado, *P. cancrivorus* posee una distribución geográfica amplia, que va desde la región neotropical de América Central (Costa Rica y Panamá) hasta Uruguay, nordeste de Argentina y Brasil (Pereira, 2013). Ambas especies están catalogadas como de Preocupación Menor (IUCN, 2021), aunque con tendencias poblaciones opuestas, siendo que las poblaciones de *P. cancrivorus*

estarían disminuyendo.

Modelos de distribución de especies como análisis biogeográfico

La distribución de las especies a lo largo de un territorio y los patrones que condicionan dichas distribuciones han sido ampliamente estudiados en biogeografía (Muñoz *et al.*, 2005; Martínez-Freiría *et al.*, 2008; Acevedo *et al.*, 2010; Chamorro *et al.*, 2017; Romero *et al.*, 2023) siendo los modelos de distribución, una herramienta muy importante para su estudio (Martínez-Freiría *et al.*, 2008; Acevedo & Real, 2012).

Es por eso que en los últimos años se han desarrollado técnicas que han permitido analizar la relación entre variables ambientales como el clima, la topografía, la hidrología, y las características de las especies, con el objetivo de elaborar modelos que permitan estimar su distribución y determinar sitios potencialmente habitables por dichas especies, permitiendo así explicar e identificar los procesos regionales, locales e históricos que modelan la diversidad a nivel espacial (Gómez & Álvarez, 2006). Sin embargo, no todos los grupos de animales no resultan sencillos al momento de analizar su distribución espacial. Un ejemplo de esto son los mamíferos de mediano y gran porte, debido a que son especies con gran movilidad, lo que genera que abarquen grandes extensiones de territorio, y potencialmente una amplia diversidad de ambientes. A su vez, las especies de gran tamaño presentan en general bajas densidades y hábitos nocturnos, presentando una baja detección (Rojas *et al.*, 2001).

Es a partir de estas problemáticas que surgen los Modelos de Distribución de las Especies (MDE). Éstos permiten inferir a través de algoritmos matemáticos que combinan diferentes variables ambientales distribuciones potenciales de las especies de interés. Los MDE generalmente se basan en (i) datos de distribución de especies, ya sea en forma de datos de presencia y antecedentes (también llamados pseudo-ausencias) o datos de presencia y ausencia verdadera recogidos en el campo, así como (ii) una lista de variables predictoras que se espera represente los impulsores ecológicos y geográficos de la distribución de la especie (Rocchini, 2023). Los modelos de distribución de especies se han utilizado

ampliamente como un enfoque para comprender la distribución potencial de una especie y probar hipótesis biogeográficas, ecológicas y evolutivas (Fyllas, 2022). Los MDE ayudan a estimar factores que identifican las regiones favorables para una especie y las características del hábitat que definen la amplitud de su nicho ecológico (Soberón, 2005; Real *et al.*, 2006; Acevedo & Real, 2012; Romero *et al.*, 2023), e incluso predecir la presencia de especies en localidades que anteriormente no se sabía que estuvieran ocupadas (Real *et al.*, 2017).

Dentro de estos modelos encontramos un concepto matemático que se relaciona con la probabilidad y que tiene aplicaciones para el modelado de la distribución de las especies que es la Función de Favorabilidad (FF) propuesta por Real *et al.* (2006) Acevedo & Real (2012). La favorabilidad puede ser aplicada en aquellos casos en donde el objetivo sea determinar la probabilidad de que un evento tenga lugar. Para los MDE los algoritmos disponibles nos proporcionan diferentes resultados alternativos, entre los más utilizados tenemos: la probabilidad y la idoneidad. La probabilidad se determina por la proporción entre las presencias y ausencias de las especies que se vayan a analizar. Los valores de probabilidad tienden a ser altos cuando una especie es ampliamente distribuida y bajos cuando se encuentran establecidas en una zona específica, independientemente de las condiciones ambientales. Es por este motivo que probabilidades definidas para especies diferentes no pueden ser comparadas ni combinadas entre sí. Por su parte, la idoneidad, carece de una medida estándar, por lo que tampoco se pueden comparar ni combinar (Acevedo & Real, 2012).

En cambio, los modelos de favorabilidad proporcionan valores conmensurables independientes de la relación entre las presencias y ausencias de una especie. Esto quiere decir que modelos de favorabilidad para especies distintas, o basados en factores ambientales diferentes, pueden ser comparados y combinados (Estrada *et al.*, 2008; Barbosa *et al.*, 2010). La favorabilidad permite evaluar el grado en que las condiciones locales influyen en la probabilidad de presencia, ya sea mayor o menor que la esperada por

azar; esta probabilidad al azar se define como la prevalencia total del evento (Acevedo & Real, 2012). Esto implica que si la favorabilidad para la presencia de una especie en una localidad determinada es 0,5, la probabilidad de que le especies esté allí presente es la misma que la prevalencia de la especie en el conjunto total de datos, esto quiere decir que las condiciones ambientales no generan fluctuaciones en la probabilidad de presencia con respecto a lo esperado en función de la prevalencia. Pero si los valores de favorabilidad local son mayores a 0,5 es señal de que las condiciones presentes resultan favorables para la presencia de la especie, por el contrario si los valores son menores a 0,5 significa que las condiciones son desfavorables para la misma.

Cómo se menciona más arriba, el hecho que la favorabilidad proporcione valores conmensurables (Estrada *et al.*, 2008; Barbosa *et al.*, 2010) permite combinar diferentes modelos mediante el uso de la lógica difusa (Zadeh, 1965; Barbosa y Real, 2012). Este tipo de modelado de distribución de las especies basados en la lógica difusa mediante FF permiten analizar las relaciones entre las distribuciones de diferentes taxones (Real *et al.*, 2006; Acevedo y Real, 2012). Dicha lógica difusa fue introducida por Zadeh (Zadeh, 1965) permitiendo establecer relaciones de los registros de las especies (presencias) con las características ecogeográficas que explican dicha distribución espacio-temporal, prediciendo así áreas más similares donde la presencia de la especie podría darse (Chamorro *et al.*, 2020). El concepto de lógica difusa aplicado a la favorabilidad sirve para explicar, dentro de un rango de [0, 1], al conjunto de localidades favorables para la presencia de la o las especies dentro del área de estudio (Taboada *et al.*, 2020).

OBJETIVO GENERAL

Conocer la distribución potencial y el grado de parapatría en las áreas de distribución de las especies del género *Procyon* (*Procyon lotor* y *Procyon cancrivorus*) en el continente americano a través de herramientas de la lógica difusa.

Objetivos específicos

- Elaborar bases de datos de las especies y de las variables ambientales explicativas.
- Obtener modelos de favorabilidad y mapas de las distribuciones potenciales de las dos especies analizadas.
- Identificar los territorios en los que se de coexistencia y cuáles tendrían condiciones de exclusión competitiva entre ambas especies.

MATERIALES Y MÉTODOS

Área de estudio

El área de estudio abarca todo el continente americano (Figura 1). América ocupa gran parte del Hemisferio Occidental de la Tierra. Se extiende desde el Océano Glacial Ártico por el norte hasta el Cabo de Hornos por el sur, en la confluencia de los océanos Atlántico y Pacífico que delimitan al continente por el este y el oeste, respectivamente; con una superficie de aproximadamente 42.262.142 km² (Atlas Mundial Clarin, 2009). Por tener una extensión tan grande, esta región se caracteriza por presentar gran diversidad de ambientes. En América del Sur se encuentra entre otros, el trópico de Los Llanos bolivianos, el polar de la cordillera de los Andes, el frío seco de la Patagonia, el subtropical del Chaco, el templado húmedo de los pastizales del Río de la Plata y la aridez del desierto de Atacama (Volante, 2015). Desde una clasificación biogeográfica, Morrone (1996b) divide a América del Sur en dos regiones bien definidas, Región Andina y Región Neotropical, esto debido a que desde hace un tiempo se reconoció que la presencia de la cordillera de los Andes divide en dos áreas al continente, una occidental y una oriental (Kuschel, 1969; Sick, 1969; Morello, 1984). La región Andina se extiende a lo largo de las altas cordilleras de Venezuela, Colombia y Ecuador, a través del Desierto Costero y la Puna de Perú, Bolivia, norte de Chile y Argentina, hasta la Patagonia argentino-chilena (Morrone, 1994b, 1996b, 2001d). La región Neotropical básicamente comprende los trópicos americanos, desde el norte de México hasta el centro de la Argentina (Rapoport, 1968; Fittkau, 1969; Cabrera y Willink, 1973; Morrone, 1996b, 2001d).

Por otra lado, América del Norte también posee una gran variedad climática debido a su extensión, este varía desde el clima tropical del sur hasta el clima polar de las zonas más al norte. Pasando por las tundras al norte, una gran diversidad de bosques, desiertos, llanuras y manglares más al sur (Watson, 2021). Biogeográficamente se clasifica como la región Neártica que comprende las áreas templado-frías, como son Canadá, Estados Unidos y el norte de México (Morrone *et al.*, inéd).

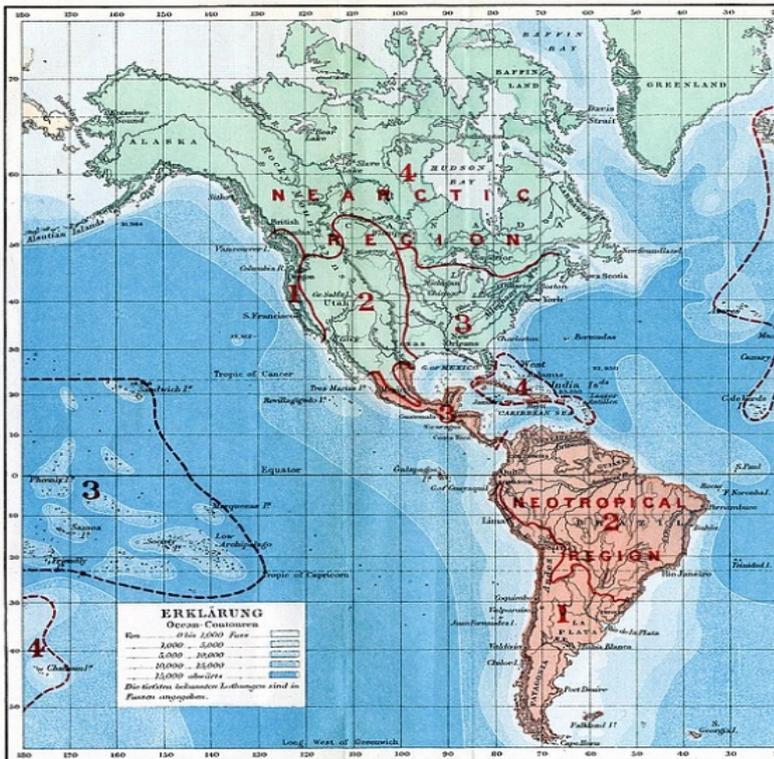


Figura 1. Mapa de América extraído del libro “Distribución geográfica de los animales”, publicado en 1876 por Alfred R. Wallace. En color rojo se representa la región Neotropical, y en color verde claro la región Neártica.

Especies objeto de estudio

Procyon cancrivorus, conocido como “mano pelada” o “mapache cangrejero” (Figura 2) es un carnívoro ampliamente distribuido desde Costa Rica abarcando casi todo el norte y centro de Sudamérica (excepto en zonas de cordillera), al este de Paraguay, Uruguay, y en Argentina, en las provincias del norte, centro, hasta noreste de la provincia de Buenos Aires (Canevari & Vaccaro, 2007; Wilson & Mittermeier, 2009). Habita desde bosques húmedos hasta secos, bordes de sabanas y otros hábitats cerca de ríos, arroyos o lagunas donde se alimenta de moluscos, artrópodos, anfibios, reptiles, aves, peces, y frutos (De Fátima *et al.*, 1999; Emmons & Feer, 1999). El “mano pelada”, es un mamífero carnívoro de tamaño medio (6 a 10 kg) (De Fátima *et al.*, 1999), y los adultos varían en rango de masa corporal entre 7 – 10 kg (Canevari & Vaccaro, 2007). Es una especie que se encuentra muy asociada a los cuerpos de agua, que utiliza las praderas, los bosques y los humedales para refugiarse y desplazarse (Brazeiro *et al.*, 2012). Se caracteriza por presentar un pelaje corto y de coloración gris oscura con tonos amarillentos, un antifaz negro, orejas pequeñas y

redondeados, y una cola larga y anillada, lo cual ha permitido la identificación de individuos a partir del número y forma de los anillos de la cola. La punta de la cola es negra, sus extremidades son oscuras con dedos largos y sin pelos (Arispe *et al.*, 2008; González & Martínez-Lanfranco, 2010). Presenta hábitos nocturnos y suele ser solitario (Emmons & Feer, 1997; Arispe *et al.*, 2008), se caracteriza por meter la comida en el agua antes de consumirla (González & Martínez -Lanfranco, 2010).

El “mapache boreal” (Figura 2) *P. lotor*, presenta una distribución nativa que va desde Canadá hasta Panamá (Helgen & Wilson, 2005). Su pelaje es largo y denso, de color gris, negruzco o rojizo, más claro en los flancos y las patas (Hogan, 1988). Los rasgos distintivos del mapache son la cola anillada, entre 5 y 7 bandas oscuras, y la máscara facial negra a modo de antifaz. El promedio de masa corporal es de 6,4 kg, y los adultos pueden llegar a medir hasta 60 cm y pesar 12 kg (Kays, 1999). Estos son nocturnos omnívoros y generalistas. Habitan una amplia variedad de ambientes principalmente cercanos a arroyos, ríos, humedales, y además son los únicos dentro de la familia que prosperan en zonas urbanas (Wilson & Mittermeier, 2009).



Figura 2A. Ejemplar de mano pelada (*Procyon cancrivorus*). Foto: María José Rodríguez-Cajarville. Extraído del Coelho (2022). **2B.** Ejemplar de mapache común (*Procyon lotor*). Foto: Paul Steeves. Extraído de NaturalistaUY.

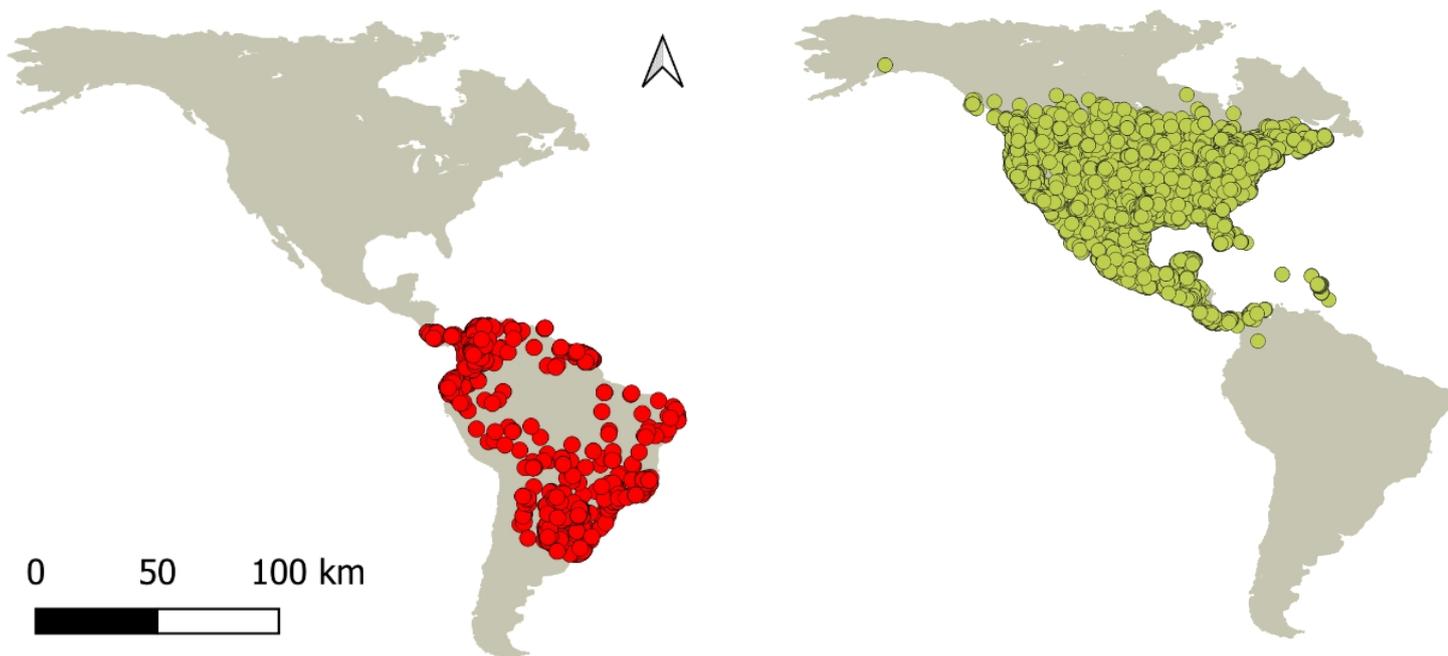


Figura 3. Área de estudio y datos de distribución. Datos de ocurrencia real de *Procyon cancrivorus* (color rojo) y *P. lotor* (verde), obtenidos de GBIF (<https://www.gbif.org/es/>).

Obtención de registros y variables

Se trabajó con datos de presencia/ausencia de *P. lotor* y *P. cancrivorus*, a lo largo del continente americano, y con diferentes variables ambientales (climáticas, topográficas, hidrológicas, cobertura de suelo y variable espacial).

En la malla de hexágonos del área de estudio (90 km de apotema), se obtuvo la relación de presencia/ausencia de cada una de las especies. Se eligió el hexágono porque parece la forma más apropiada en estudios de conectividad, ya que ofrece una mejor correspondencia entre las distancias medidas y euclidianas que las cuadrículas rectangulares (Birch, 2007).

Se consideraron como hexágonos con presencia aquellos que tuvieran por lo menos un registro de la especie, los hexágonos con ausencia serán aquellos en los cuales no hay registro de la especie. Se obtuvo el valor promedio de cada variable explicativa para cada hexágono de la grilla de estudio. Además, se consideró la variable espacial. Se obtuvo el valor promedio de cada variable explicativa para cada hexágono de la grilla de estudio.

Los **datos de las especies** se descargaron de la página web de GBIF -Global Biodiversity Information Facility- (<https://www.gbif.org/es/>) los registros de *P. lotor* y *P. cancrivorus* para el continente americano. Esas observaciones se clasifican en las siguientes categorías: espécimen fosilizado, observación humana, literatura, espécimen vivo, observación por máquina, muestra material, observación, espécimen preservado, desconocido. Utilizando como máscara la capa vectorial del continente americano se realizó en el QGIS (Romero *et al.*, 2019) el comando contar puntos por polígono a cada uno de los registros de las especies.

Con respecto a las variables ambientales se consideraron cuatro factores explicativos referidos al clima, la topografía, hidrología y cobertura del suelo estas se obtuvieron de diferentes bancos de información:

Las **variables climáticas** se obtuvieron de la página web CHELSA (<https://chelsa-climate.org>) se descargaron las 19 variables bioclimáticas para Sudamérica (11 variables de temperatura y 8 de precipitación).

Las **variables topográficas** fueron seleccionadas de la página United States Geological Survey (<https://www.usgs.gov/>), y se descargaron 6 de ellas (Pendiente, Índice de posición topográfica, Índice de irregularidad del terreno, Irregularidad, Orientación Este-Oeste, Orientación Sur-Norte,). La pendiente es la tasa de cambio de elevación en la dirección del descenso más pronunciado. El Índice de irregularidad es la medición cuantitativa de la heterogeneidad del terreno. El índice de posición topográfica (TPI) es la diferencia entre la elevación de una celda focal y la media de celdas circundantes. Los valores positivos y negativos corresponden a crestas y valles, respectivamente, mientras que los valores cero corresponden generalmente a áreas planas. La irregularidad se refiere a la carencia de uniformidad, conformada por elevaciones o desniveles e incluso depresiones bruscas (<https://www.usgs.gov>).

Las **variables hidrológicas** fueron empleadas utilizando los datos disponibles en Hydrosheds y Natural Earth (<http://hydrosheds.cr.usgs.gov/index.php/>).

Para las **variables de cobertura del suelo** se utilizaron los datos obtenidos de Copernicus Global Land Service (Cobertura desnuda, Cultivos, Bosque, Pastizal, Musgo, Agua Permanente, Agua estacional, Arbustos, Nieve, Árboles).

Por último, la **variable espacial** (Ysp) se construyó utilizando un análisis polinómico de tendencia superficie que incluye efectos cuadráticos, cúbicos y de interacción de latitud (La) y longitud (Lo) (Lo, Lo², Lo³, La, La², La³, LaLo, La²Lo y LaLo²). Este descriptor espacial detecta tendencias geográficas que no son evidentes con otras variables ambientales (Legendre, 1993; Legendre & Legendre, 1998; Chamorro, 2020).

Debido a que las variables abarcaban todo el planeta, se cortaron en el QGIS utilizando como máscara la capa vectorial del Continente Americano y luego se les realizó el estadístico de zona. La herramienta estadístico de zona permite transferir a una capa vectorial los datos de píxel de un archivo ráster. Se consigue asociar a puntos, líneas y polígonos los valores estadísticos de píxel de capas ráster para obtener estadísticos zonales (<https://docs.qgis.org/3.34/en/docs/>, vista el 15 de diciembre del 2025).

Se utilizó el programa QGIS (www.qgis.org) para elaborar mapas con los datos de distribución espacial de las especies (obtenidos de GBIF) y las variables ambientales explicativas.

Con todos los registros obtenidos se modeló la distribución potencial de ambas especies, lo que permitió elaborar un mapa de favorabilidad, en el que se observa con detalle las áreas favorables para ambas especies (ver anexo). Se utilizó la combinación espacial lineal Ysp y el resto de variables enumeradas en la Tabla 1 (factores ambientales) para producir modelos de distribución según todos los factores explicativos juntos.

Tabla 1. Variables explicativas (Espacial, Topografía, Variables climáticas, Hidrología, Cobertura del suelo) usadas para generar los modelos de *P. cancrivorus* y *P. lotor* para América.

Abreviación	Variable		Abreviación	Variable
Variable espacial				
(Ysp) ^a	Combinación lineal espacial			
Topografía^b				
P	Pendiente		TRI	Índice de irregularidad del terreno
I	Irregularidad		O _{E/O}	Orientación este - oeste
TPI	Índice de posición tipográfica		O _{S/N}	Orientación sur - norte
Variables climáticas^c				
Bio1	Temperatura media anual del aire (°C)		Bio11	Temperatura media diaria media del aire del trimestre más frío (°C)
Bio2	Rango de temperatura media diaria del aire (°C)		Bio12	Cantidad de precipitación anual (mm)
Bio3	Isotermalidad (°C)		Bio13	Cantidad de precipitación del mes más lluvioso (mm)
Bio4	Estacionalidad de la temperatura (°C)		Bio14	Cantidad de precipitación del mes más seco (mm)
Bio5	Temperatura media diaria máxima del aire del mes más cálido (°C)		Bio15	Estacionalidad de las precipitaciones (mm)
Bio6	Temperatura mínima diaria media del aire del mes más frío (°C)		Bio16	Precipitación media mensual del trimestre más lluvioso (mm)
Bio7	Rango anual de temperatura del aire (°C)		Bio17	Precipitación media mensual del trimestre más seco
Bio8	Temperatura media diaria del aire del trimestre más lluvioso (°C)		Bio18	Precipitación media mensual del trimestre más cálido
Bio9	Temperatura media diaria del aire del trimestre más seco (°C)		Bio19	Precipitación media mensual del trimestre más frío
Bio10	Temperatura media diaria del aire del trimestre			

Abreviación	Variable		Abreviación	Variable
	más cálido (°C)			
Hidrología^d				
DistRio	Mínima distancia a ríos (Km)		SumRios	Suma de kilómetros de ríos por cuadrícula (Km)
Cobertura del suelo^e				
CobDes	Cobertura desnuda (%)		AguaP	Agua permanente (%)
Cultivos	Cultivos (%)		AguaE	Agua estacional (%)
Bosques	Bosques (%)		Arbustos	Arbustos (%)
Pastizal	Pastizal (%)		Nieve	Nieve (%)
Musgo	Musgo (%)		Árboles	Árboles (%)

^a Las variables espaciales, latitud y longitud, se generaron utilizando QGIS (www.qgis.org) de acuerdo con las herramientas de geometría vectorial: (i) con "centroides de polígonos" se calculó el centroide de cada cuadrícula, y (ii) con "Exportar/Agregar columnas de geometría" se calcularon los valores de longitud y latitud expresados en el Sistema Geodésico Mundial de 1984 asignado a cada centroide (WGS84).

^b United States Geological Survey (<https://www.usgs.gov/>).

^c WorldClim: datos climáticos globales disponible (<http://www.worldclim.org/>). Descrito en: Fick, S. E. y R. J. Hijmans. Worldclim 2: Nuevas superficies climáticas con resolución espacial de 1 km para áreas terrestres globales. Revista Internacional de Climatología. 2017.

^d United States Geological Survey. HydroShed (<http://hydrosheds.cr.usgs.gov/index.php/>). Datos hidrológicos y mapas basados en Shuttle Elevation Derivatives a múltiples escalas.

^e GlobCover 2009. Global land cover map. 2006 (http://due.esrin.esa.int/page_globcover.php).

Elaboración de los modelos de favorabilidad

Se utilizó a la favorabilidad como algoritmo matemático de modelación de la distribución de las especies. Se modeló con la Función de Favorabilidad (FF) desarrollada por Real *et al.* (2006) y Acevedo & Real (2012):

$$F = [P / (1-P)] / [(n_1 / n_0) + (P / [1-P])]$$

Donde P es la probabilidad de presencia de una especie, n_1 es el número de presencias registradas y n_0 es el número de ausencias. P deriva de la regresión logística por pasos de los datos de presencia y ausencia de las especies, con cada una de las variables ambientales consideradas. En cada caso, con el procedimiento realizado se obtuvieron valores de probabilidad de presencia (P) para cada especie en la unidad geográfica de estudio según la ecuación:

$$P = e^y / (1 + e^y)$$

en donde:

“e” es la base del logaritmo neperiano e;

“y” es una combinación lineal de variables obtenida a partir de la regresión logística

$$y = \alpha + \beta_1x_1 + \beta_2x_2 + \dots + \beta_nx_n,$$

en donde:

“ α ” es el término independiente de la ecuación

“ x_n ” las variables ambientales; y

“ β_n ” son sus respectivos coeficientes.

De esta manera los valores de probabilidad (P) fueron transformados en valores de Favorabilidad (F), utilizando la función de favorabilidad, que se menciona más arriba,

$$F = e^y / [(n_1/n_0) + e^y],$$

Es así que la FF, con respecto a la P, resulta más ventajosa para proporcionar un resultado independiente de la prevalencia (Real et al., 2006; Acevedo y Real, 2012), ya que el valor de favorabilidad solamente responde al conjunto de variables ambientales utilizadas para construir el modelo. De esta forma, a partir de los datos de la FF se obtiene el valor de favorabilidad (0 a 1) en que las condiciones ambientales favorecen o desfavorecen, la presencia de las especies en cada unidad geográfica. Ante esto, los valores de favorabilidad no son un reflejo de la probabilidad de presencia, sino que son valores de favorabilidad del ambiente, es por eso que la FF determina la variación en la probabilidad local de ocurrencia respecto a la probabilidad general esperada por la prevalencia de la especie (Acevedo & Real, 2012), esto se explica como el número de presencias dividido entre el número total de casos (Laplace, 1825).

Se clasificó en tres intervalos: $F < 0,2$ corresponde a áreas desfavorables, $0,2 < F < 0,8$ áreas de favorabilidad intermedia y $F > 0,8$ áreas de mayor favorabilidad. De ese modo, se obtuvo un modelo de favorabilidad para cada especie, en el que se indica el grado en que las condiciones ambientales favorecen o desfavorecen la presencia de la especie (Real et

al., 2006). Este análisis se realizó con el paquete fuzzySim (Barbosa, 2015) implementado en R (R Core Team, 2020). Además, se utilizó la función multGLM, que sirve para realizar los procedimientos analíticos de forma secuencial en varios pasos.

Evaluación de los modelos obtenidos

Se evaluó la capacidad explicativa y de clasificación de los modelos con el paquete modEva (Barbosa *et al.*, 2013) implementado en el programa R (R Core Team, 2020). El área bajo la curva (AUC) se utilizó para evaluar la capacidad explicativa de los modelos (Lobo *et al.*, 2008) y la capacidad de clasificación se estimó a través de la sensibilidad (proporción de presencias que predice correctamente el número total de presencias), especificidad (la proporción de ausencias que predice el número total de ausencias). Se utilizó el coeficiente Kappa el cual es una herramienta estadística que se usa para evaluar la concordancia entre modelos y tasa de clasificación correcta (CCR) del modelo, utilizando el valor de $F = 0,5$ como umbral de clasificación (Cliff *et al.*, 1981). Luego se evaluó el peso relativo de cada variable incluida en los modelos a través del parámetro de Wald (Wald, 1943).

Se utilizó el programa QGIS para representar los modelos obtenidos, lo que permitió visualizar y analizar la distribución de los sitios favorables para cada especie permitiendo así identificar las zonas donde coincidían ambas especies.

Favorabilidad compartida

Una de las propiedades más notables de la FF es la posibilidad de comparar de manera simultánea los valores obtenidos de favorabilidad para varias especies (Estrada *et al.*, 2008; Barbosa *et al.*, 2010), y combinar, a través de la lógica difusa, diferentes modelos (Zadeh, 1965; Barbosa y Real, 2012). Es por eso que se estudió el componente geográfico de interacción biótica según Acevedo *et al.* (2012) con el cual se realizó un análisis espacial de la interacción de las zonas favorables para las especies, en donde los valores de favorabilidad, en el área de estudio, varían en un rango de [0 a 1] indicando las localidades

favorables para la presencia de las especies. Se calculó, para los modelos de favorabilidad de cada especie, la intersección difusa, que son las áreas simultáneamente favorables, es decir la favorabilidad de intersección (FI) para más de una especie. Esto se interpreta como el valor mínimo de favorabilidad de dos especies en un lugar dado (Zadeh, 1965), calculando el valor mínimo de favorabilidad de cada una de las unidades geográficas involucradas (Taboada *et al.*, 2020). Con este procedimiento se identificó el conjunto de áreas que resultan favorables simultáneamente para ambas especies o Favorabilidad compartida (F_c). Para explicar la F_c , se toman dos posibilidades, cuando se considera una predicción favorable las probabilidades de favorabilidad son superiores a 4:1, y desfavorable cuando son menores a 1:4 (Muñoz y Real, 2006). Para discutir e interpretar los datos obtenidos a partir de la F_c para cada especie analizada se siguió el siguiente criterio:

Cuando $F_c \leq 0,2$, los recursos en las cuadrículas son insuficientes, por lo que acaba siendo desfavorable para al menos una de las especies, lo que resultaría en una exclusión ambiental, si las condiciones son desfavorables para las dos especies, o una segregación ambiental donde las condiciones sean desfavorables solo para una de ellas

Cuando se obtiene valores de F_c en un rango entre **0,2 – 0,8**, se considera una favorabilidad compartida intermedia, que sucede en los casos en donde existen recursos, pero no son suficientes para ambas especies, por lo que se esperaría que se de una exclusión competitiva por parte de una de ellas. Por ende, en las unidades geográficas en donde la favorabilidad individual para una especie es mayor que la favorabilidad de la otra especie, el resultado de esta competición le sería más favorable. Este criterio no es válido para los casos en donde la especie con mayor valor de favorabilidad individual es una especie exótica invasora.

Los valores de $F_c \geq 0,8$ o alta, indican una coexistencia simpátrica entre especies, esto debido a que las condiciones ambientales resultan favorables para ambas y se estarían minimizando los efectos de la competencia entre ellas (Taboada *et al.*, 2020).

RESULTADOS

Registros de las especies y variables elaboradas

Se recopilaron 72.694 registros de presencia de *P. lotor*, 2.801 presencias de *P. cancrivorus* y 36 factores explicativos (climáticos, topográficas, hidrológicas y cobertura del suelo).

Mapas de favorabilidad

En la Figura 4 se muestran los modelos cartográficos de favorabilidad para ambas especies, con valores agrupados en los tres intervalos de favorabilidad mencionados anteriormente. Los valores de F inferiores a 0.2 indican una baja favorabilidad o baja probabilidad de presencia, valores entre 0.2 y 0.8 indican zona con probabilidad de presencia media, y valores mayores a 0.8 indican áreas con alta probabilidad de presencia de la especie. Si se compara con el área de distribución obtenido de GBIF (Figura 3) se observa un incremento en las zonas de presencia potencial para ambas especies. Para el caso de *P. cancrivorus* observamos que en el mapa de favorabilidad, las zonas con alta presencia favorable se extienden más hacia el sur de Argentina de lo que está registrado en el mapa de distribución real, en Centroamérica se observan áreas con probabilidad de presencia media, e incluso *P. cancrivorus*, si bien es baja su probabilidad de presencia, se observa en el estado de Florida en Estados Unidos. Para *P. lotor* sucede algo similar, se observa en el mapa de favorabilidad que las zonas potencialmente favorables aumentan, llegando hasta América del Sur e incluso aumenta las zonas favorables más hacia el norte de Canadá.

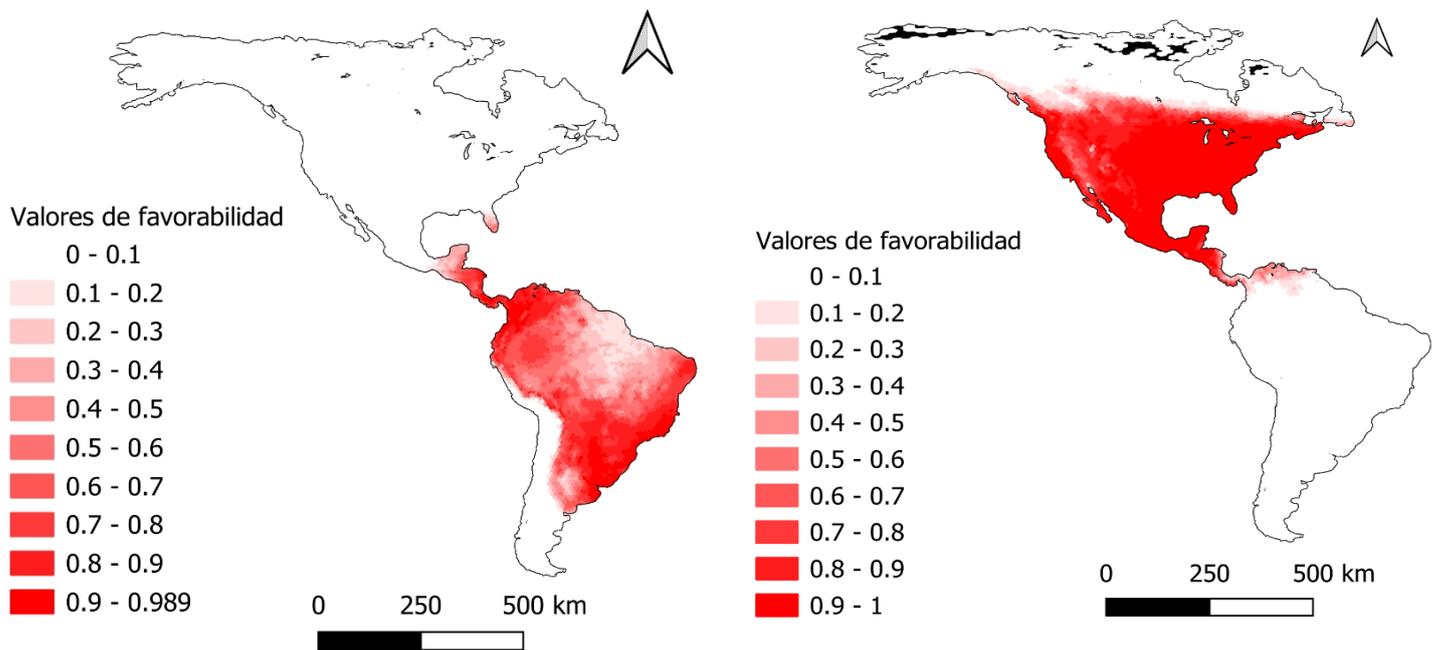


Figura 4. Mapa de favorabilidad de *Procyon P. cancrivorus* (izquierda) y de *P. lotor* (derecha). Elaboración propia en QGIS, versión 3.30.2.

Condiciones favorables para *P. cancrivorus* y *P. lotor*

De las 36 variables utilizadas para construir los modelos, las que fueron significativas con la ocurrencia de ambas especies se observan en la Tabla 2. Todos los factores ambientales explicaron en cierta medida la ocurrencia de las especies, con la excepción de la hidrología para ambos casos. El componente espacial fue el predictor más importante en la distribución de *P. cancrivorus*, que obtuvo la mayor contribución relativa según el test de Wald (ver Tabla 2). Para esta especie se observa también que su presencia se ve favorecida en territorios con cierta irregularidad (indicado por la variable irregularidad), y la temperatura media diaria del aire del trimestre más lluvioso (Bio_8) fue un predictor relevante para la especie.

Para *P. lotor* el componente espacial también resulta ser la variable más influyente, seguida por la precipitación media mensual del trimestre más cálido y las zonas con presencia cultivos (ver Tabla 2).

Tabla 2. Variables predictoras incluidas en los modelos de favorabilidad de *P. cancrivorus* y *P. lotor*. El parámetro Wald indica el peso relativo de cada variable en el modelo (Wald, 1943). Las abreviaciones de las variables se muestran en la tabla 1.

Factor ambiental	<i>P. cancrivorus</i>	Wald	<i>P. lotor</i>	Wald
Factor espacial	Ysp	190,59	Ysp	583,56
Variable Climática	Bio ₈	32,48	Bio ₁₈	47,46
	Bio ₇	19,80	Bio ₁₇	13,68
	Bio ₁₈	10,30	Bio ₁₆	13,10
Cobertura del suelo			Bio ₁₅	5,44
	Árboles	26,043	Cultivos	49,22
	Cultivos	5,92	Bosques	45,38
			CobDes	27,90
Topografía	I	31,93	P	9.91
			Ori _{S/N}	5.59

Los modelos de favorabilidad para ambas especies en general obtuvieron una buena calificación según los parámetros considerados para evaluar la capacidad discriminativa y sensibilidad (ver Tabla 3). La capacidad de discriminación (AUC) para ambas especies fue mayor a 0,86, lo cual se interpreta como excelente capacidad de discriminación (Hosmer & Lemeshow, 2000). Los valores de Sensibilidad fueron siempre mayores que 0,79, la especificidad fue mayor que 0,74 y CCR fue mayor a 0,75 para ambas especies. Los valores de Kappa en cambio fueron diferentes entre las especies ya que para *P. lotor* el valor es mayor a 0,6 lo que es “sustancial” según Landis y Kock (1977), mientras que para *P. cancrivorus* el valor fue de 0,25 lo cual es considerado “justo”.

Tabla 3. Valores obtenidos de los índices para evaluar la discriminación y clasificación de los modelos: Área bajo la curva (AUC), tasa de clasificación correcta (CCR), sensibilidad, especificidad y kappa.

	Discriminación	Clasificación			
	AUC	Sensibilidad	Especificidad	Kappa	CCR
<i>P. lotor</i>	0.9808497	0.9692638	0.9146187	0.8277358	0.9289188
<i>P. cancrivorus</i>	0.9221782	0.899696	0.7726291	0.2586582	0.7803394

Interacción biótica entre las especies y favorabilidad compartida

Las relaciones de interacción geográfica entre las especies, en términos de favorabilidad están representados en las Figuras 5 y 6.

Lo primero que observamos en la Figura 5 es que los valores de favorabilidad de *P. cancrivorus* están siempre por encima de *P. lotor*, en las localidades que están en el rango de 0,1 a 0,3. Una vez pasado ese rango se ve que sigue aumentando la favorabilidad para ambos, pero se da una alternancia entre ambas especies, en donde primeramente es *P. lotor* quien muestra valores de favorabilidad más altos y luego es *P. cancrivorus* vuelve a resultar más favorecida. A pesar de la alternancia que se observa a lo largo de la gráfica los valores son siempre muy similares y existe poca diferencia en la favorabilidad individual de cada intervalo. Por último, en las localidades del rango de 0,6 – 0,8 es *P. lotor* quien resulta más favorecido. La Figura 6 es una representación cartográfica de la intersección difusa (favorabilidad compartida) para *P. lotor* y *P. cancrivorus*.

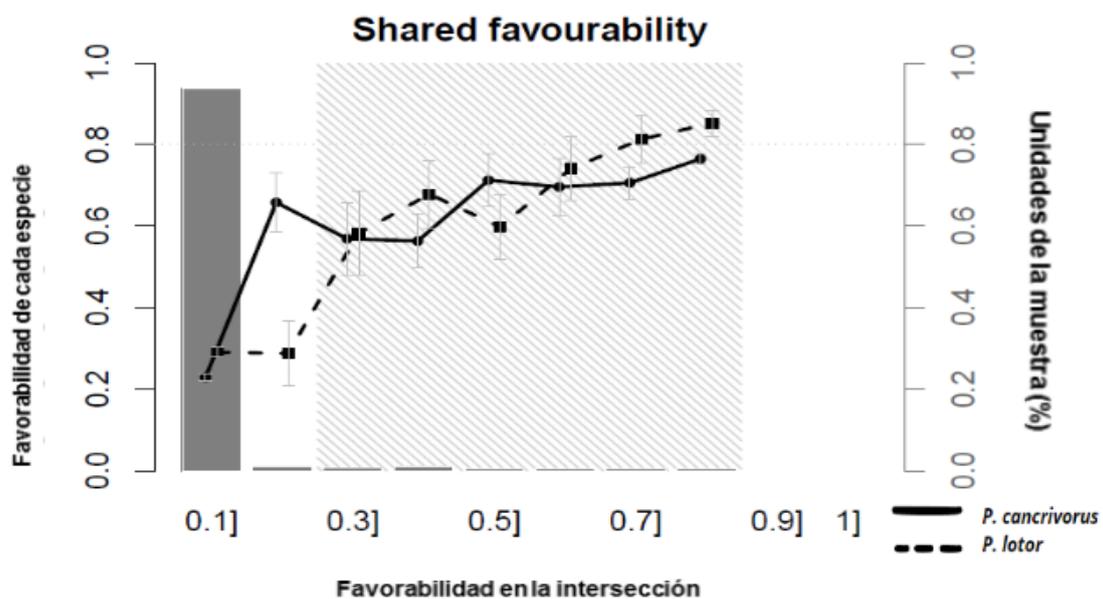


Figura 5. Relación de interacción geográfica entre las especies de *Procyonidae* analizadas en este estudio. Los valores de intersección difusa se muestran en los ejes horizontales (que van de 0,1 a 1), agrupados en 10 grupos de valores de igual rango de favorabilidad. Se representan los valores medios de favorabilidad para ambas especies, en línea continua para *P. cancrivorus*, el caso de *P. lotor* líneas discontinuas. Las columnas representan el porcentaje de celdas de la cuadrícula en cada contenedor de intersección difusa (en los ejes verticales derechos).

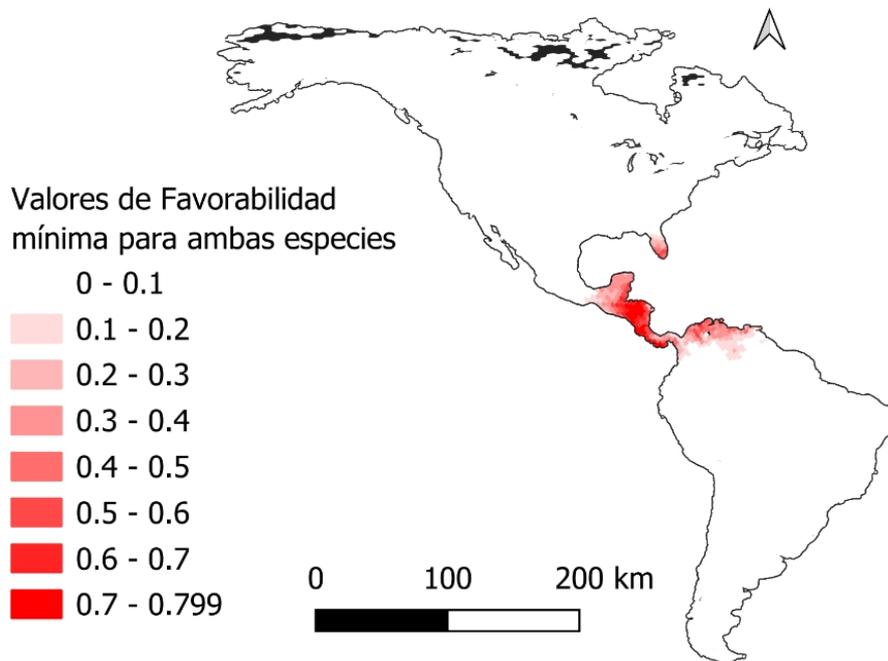


Figura 6. Representación cartográfica de las áreas simultáneamente favorables para ambas especies. A esto se le conoce como favorabilidad mínima.

DISCUSIÓN

Cuando se estudia la distribución de las especies, no solo se intenta describir, sino también se pretende comprender y explicar los patrones de distribución (Romero *et al.*, 2023). Se pueden usar las matemáticas clásicas con el fin de estudiar la distribución de las especies mediante la aplicación de métodos estadísticos y modelos matemáticos (Sillero *et al.*, 2021). Se pueden utilizar variados métodos matemáticos para analizar los datos de presencia y ausencia de especies, así como evaluar patrones de distribución y predecir posibles distribuciones a futuro en función de variables ambientales y geográficas. La inclusión de la lógica difusa proporciona a los modelos de distribución la posibilidad de analizar y extraer de la manera más clara posible los datos de distribución de las especies (Zadeh, 1965; Kosko, 1986). Esto debido a que los datos de presencia y ausencia tienden a ser confusos a causa de la falta de información precisa o a la variabilidad natural en la distribución de las especies (Fei SL & Yu F, 2016; Real *et al.*, 2017).

Valoraciones generales de los modelos

Los resultados de esta investigación permitieron cumplir con los objetivos planteados. Se generaron bases de datos de las especies y de las variables ambientales, en base a esto es que se obtuvieron los mapas de distribuciones potenciales, que permitieron analizar las zonas las cuales podrían llegar a ocupar ambas especies, para la identificación de las zonas en las que se podría llegar a darse coexistencia o exclusión competitiva.

Lo obtenido a partir de los mapas de favorabilidad está dentro de lo esperado, ya que los sitios de mayor idoneidad para cada especie no se extienden más allá de las áreas de distribución conocidas para las mismas según los mapas de distribución publicados por la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN).

P. lotor es una especie con una gran capacidad de adaptación, que ha logrado poblar zonas muy diversas (Helgen & Wilson, 2005) como Alemania o Francia, Italia (Salgado, 2018), e incluso Japón (Okabe & Agetsuma, 2007). Por lo que era de esperar que bajo condiciones ambientales favorables su distribución aumentara. Esta especie tiene una gran adaptabilidad a diferentes condiciones de hábitat, siempre y cuando tenga cuerpos de agua cerca (Guerrero *et al.*, 2000; Valenzuela, 2005), es un factor fundamental que influye en su distribución y abundancia (Henner-Lotze & Anderson, 1979; Valenzuela, 2005). Considerando lo anterior, resulta llamativo que la variable distancia a cuerpos de agua (hidrología) no resultara significativa para *P. lotor*, pero que podría ser debido a que existían otras variables con mayor peso relativo (Wald). A su vez los registros se ubicaron en sitios con presencia de bosques y en áreas de cultivo. En general, las zonas de selvas y bosques proporcionan gran disponibilidad de recursos y protección (Endres & Smith, 1993). Al mapache se lo considera una especie oportunista (Rosatte *et al.*, 1991) por lo que no es extraño que se lo asocie a áreas con presencia de cultivos, de los cuales obtiene parte de su alimento. Todas estas variables son factores representativos del ambiente que habitan.

P. cancrivorus es una especie distribuida en la región Neotropical (Emmons, 1990), y las zonas a las cuales se expandió son zonas que reúnen las condiciones necesarias para que dicha especie esté presente. Incluso en el marco de la tropicalización que está sucediendo a nivel global, tiene lógica lo observado en el mapa de favorabilidad de *P. cancrivorus*. La presencia de cuerpos de agua en su hábitat es fundamental (De Fátima *et al.*, 1999) por lo que, al igual que *P. lotor*, resulta extraño que la variable hidrológica no haya influido de manera significativa en la modelación de zonas favorables de presencia. La variable “presencia de árboles” tiene un peso relativo significativo ya que es una especie que habita zonas de bosques, bordes de sabanas, zonas que le proporcionen refugio (De Fátima *et al.*, 1999). El que la variable cobertura de cultivos tengan baja relevancia, podría explicarse debido a que las actividades humanas generan cambios importantes en su hábitat como la fragmentación (Rojas *et al.*, 2001) o también puede deberse a que es una especie solitaria que tiende a evadir la presencia humana (Emmons & Feer, 1997; Arispe *et al.*, 2008).

Las variables ambientales fueron factores importantes en la elaboración de los modelos de favorabilidad de ambas especies y eso es de suma relevancia ya que es sabido que dichos factores determinan la vegetación de cada región y la fauna asociada a la misma (Convenio de Diversidad Biológica, 2007). Conocer con más certeza las condiciones que benefician a estas especies, permite evaluar la vulnerabilidad de las mismas ante eventuales cambios en sus hábitats y cómo esto podría generar un corrimiento en su distribución. La manera en que cada especie afronte estos cambios se relaciona con la capacidad de adaptación a las nuevas condiciones y dependerá de su capacidad para mantener su población en el área de distribución actual, y del potencial que presente para ampliar su distribución a aquellos sitios en donde las condiciones no sean tan favorables, pero que podrían llegar a serlo debido a los cambios sufridos en su hábitat natural (Arribas *et al.*, 2012).

Interacción biogeográfica entre *P. cancrivorus* y *P. lotor*

La superposición difusa entre los dos tipos de modelos fue notablemente alta (Figura 5), en el rango de 0,3 a 0,6. Esto sugiere que las áreas consideradas favorables para ambas especies fueron sustancialmente similares. Estos hallazgos confirman que existe una alta probabilidad de que se dé una exclusión competitiva entre las especies. A lo largo de ese rango se estaría dando una coexistencia entre las especies, en la cual en ciertas áreas resulta más favorable para *P. lotor* y en otras para *P. cancrivorus*, donde se da una alternancia de zonas favorables para cada especie. Ahora bien para los rangos menores a 0,3 se da una exclusión ambiental en donde *P. cancrivorus* domina por sobre *P. lotor*, el cual presenta mayor favorabilidad, estas áreas son aquellas que tienen menos recursos. Esto se podría asociar a que *P. cancrivorus* es una especie generalista, si bien *P. lotor* también tiene la capacidad de prosperar en zonas urbanas (Wilson & Mittermeier, 2009), lo que les permite vivir de manera más estrecha con los humanos, obteniendo sus recursos ya sea de cultivos de los residuos que se generan, o por otras posibles vías. Esto le podría resultar desventajoso ya que al estar más acostumbrado a obtener sus recursos de una manera más "sencilla" ante una situación en la que escasean recursos no podría adaptarse tan exitosamente como *P. cancrivorus* (Emmons & Feer, 1997; Arispe *et al.*, 2008). Para los valores de F_c mayores a 0,6, es *P. lotor* quien comienza a verse más favorecido y se da una dominancia por parte de esta especie, pero esto puede deberse a que son áreas que comienzan a presentar mayor abundancia de recursos (Taboada *et al.*, 2020) por lo que no tiene que competir por los mismos y son fácil acceso.

Con los datos obtenidos y analizados podemos reafirmar que el origen de estas especies es la especiación parapátrica, ya que surgen de un ancestro en común pero cada una está adaptada a vivir en condiciones sumamente diferentes ya sea por condiciones ambientales o por disponibilidad de recursos. Por lo que podemos concluir que existe un alto grado de parapatrismo entre ambas, esto debido a que las zonas de favorabilidad compartida son sumamente bajas.

CONCLUSIONES

Pudimos cumplir con todos los objetivos planteados, por lo que la elección en las variables y las herramientas utilizadas fueron las correctas y cada enfoque metodológico aportó conocimientos diferentes y complementarios. Los MDE evidenciaron el área favorable de cada especie destacando los principales impulsores de su distribución.

Se identificó al factor espacial como el más importante en la distribución de las especies, a partir de los modelos elaborados de cada una utilizando las variables ambientales.

Al comparar los modelos de distribución (distribución real y los obtenidos con FF) de cada especie, se observa que son muy similares. Los modelos que se obtuvieron describen las áreas favorables para cada especie en el área de estudio, dentro de las cuáles hay zonas en las que no se disponen de registros, por lo tanto, es recomendable establecer futuros esfuerzos de muestreo.

Aunque los resultados del análisis de interacciones bióticas en este estudio concluyeron en que en la mayoría de los sitios que resultaron favorables para ambos existe una exclusión competitiva entre estas especies, se podría reforzar lo obtenido con estudios experimentales en campo a través de cámaras trampa para ver si interaccionan entre sí y si lo hacen cómo se da dicha interacción.

La Función de Favorabilidad es un método que permite comparar entre diferentes modelos gracias a que los valores de favorabilidad son fácilmente interpretables en términos absolutos y proporcionan una medida de favorabilidad ambiental para la especie. Esta función permite informar de manera sutil acerca de muchos aspectos de la biología cómo ser la historia evolutiva e interacciones o también para complementar otras líneas de investigación como la inferencia filogeográfica o el modelo ecofisiológico de distribuciones.

Referencias Bibliográficas

- Acevedo P. & Real R., (2012).** Favorabilidad: Concepto, características distintivas y utilidad potencial. *Naturwissenschaften* 99: 515–522.
- Acevedo, P., Ward, A.I., Real, R. & Smith, G.C. (2010).** “Assessing biogeographical relationships of ecologically related species using favourability functions: A case study on British deer”. *Diversity and Distributions*, 16:515-528.
- Anderson, E., (1987).** [Review of *The Great American Biotic Interchange.*, by F. G. Stehli & S. D. Webb]. *Evolution*, 41(3), 684–684. <https://doi.org/10.2307/2409274>.
- Arispe, R., Venegas, C. y Rumiz, D., (2008).** Abundancia y patrones de actividad del mapache (*Procyon cancrivorus*) en un bosque chiquitano de Bolivia. *Mastozoología Neotropical*, 15(2), 323–333.
- Arribas, P.; Abellán, P., Velasco, J.; Bilton, D. T.; Lobo, J. M.; Millán, A. y Sánchez-Fernández, D., (2012).** La vulnerabilidad de las especies frente al cambio climático, un dato urgente para la conservación de la biodiversidad. *Ecosistemas* 21(3): 79-84.
- Atlas Mundial Clarin, (2009).** América del Norte, Central y Caribe I y II, América del Sur I y II, Tomos 3, 4, 5 y 6. Editorial Sol90. Argentina.
- Barbosa, A.M., (2015).** FuzzySim: Applying Fuzzy Logic to Binary Similarity Indices in Ecology. *Methods Ecol. Evol.* 2015, 6, 853–858.
- Barbosa, M.A.; Real, R.; Muñoz, A.-R.; Brown, J.A., (2013).** New Measures for Assessing Model Equilibrium and Prediction Mismatch in Species Distribution Models. *Divers. Distrib.* 2013, 19, 1333–1338.
- Barbosa, A.M.; Real, R., (2012).** Applying fuzzy logic to comparative distribution modelling: a case study with two sympatric amphibians. *Sci. World J.* doi:10.1100/2012/428206.
- Barbosa, A.M., (2010).** Memoria de tesis doctoral. Málaga: Universidad de Málaga.
- Birch, C.P.D.; Oom, S.P.; Beecham, J.A., (2007).** Rectangular and Hexagonal Grids Used for Observation, Experiment and Simulation in Ecology. *Ecol. Modell.* 206, 347–359.

Brazeiro, A., Achkar, M., Bartesaghi, L., Ceroni, M., Aldabe, J., Carreira, S., ... Zarucki, M. (2012). Distribución potencial de especies de Uruguay: vertebrados y leñosas. Informe Técnico. Convenio MGAP/PPR – Facultad de Ciencias/Vida Silvestre/ Sociedad Zoológica del Uruguay/CIEDUR. 47p.

Brown J.H. & Sax, D., (2004). An Essay on Some Topics Concerning Invasive Species. *Austral Ecology* 29: 530-536.

Burnham, R.J., Graham, A., (1999). The history of Neotropical vegetation: new developments and status. - *Ann. Missouri Bot. Gard.* 86: 546-589.

Cabrera, A. L. Y A. Willink., (1973). Biogeografía de América Latina. Monografía 13, Serie de Biología, OEA, Washington, D.C.

Canevari, M. y Vaccaro, O., (2007). Guía de mamíferos del sur de América del Sur. 1ra edición, editorial L.O.L.A., Buenos Aires, 413 p.

CBD, (1992). Convenio sobre la Diversidad Biológica. Convention on Biological Diversity, ONU. Consultado 15/03/2022.

Chamorro, D., Olivero, J., Real, R., & Muñoz, A.-R., (2017). “Environmental factors determining the establishment of the African Long-legged Buzzard *Buteo rufinus cirtensis* in Western Europe”. *Ibis*, 159:331–342.

Chamorro, D., Benítez-Barrios, I., Real, R., Muñoz, A.R., (2020). ¿Qué nos puede aportar el análisis de la distribución histórica del Ibis Eremita para su introducción en Andalucía?. Carracedo, V.; García-Codron, J.C.; Garmendia, C.; Rivas, V. (Eds.). *Conservación, Gestión y Restauración de la Biodiversidad. XI Congreso Español y I Congreso Iberoamericano de Biogeografía.* Santander (España), 22-25 de junio. Santander: Asociación de Geógrafos Españoles (AGE): 255-263.

Chamorro, D.; Real, R.; Muñoz, A.-R., (2020). Fuzzy Sets Allow Gaging the Extent and Rate of Species Range Shift Due to Climate Change. *Sci. Rep.* 2020, 10, 16272.

Cione, A.L., Gasparini, G.M., Soibelzon, E., Soibelzon, L.H. y Tonni, E.P., (2015). The Great American Biotic Interchange: a South American perspective. En: J. Rabassa, G.

Lohmann, J. Notholt, L.A., Mysak, V. Unnithan (Eds.) SpringerBriefs in Earth System Sciences, p. 97 p.

Clif AD, Ord JK., (1981). Spatial processes: models and applications. London: Pion; 1981. p. 2–10.

Coelho, L., (2022). Ficha zoológica: *Procyon cancrivorus* (Cuvier, 1798) (Carnivora, Procyonidae). Noticias de la SZU, 57: 24-25.

Convenio de Diversidad Biológica. (2007). Cambio Climático y Diversidad Biológica. Folleto por el Día Internacional de la Diversidad Biológica. PNUMA.

Crisci, J., Katinas, L., Posadas, P., (2000). Introducción a la teoría y práctica de la Biogeografía Histórica. Sociedad Argentina de Botánica. Buenos Aires. 157 pp.

De Fátima M, M Dos Santos y S Hartz., (1999). The food habits of *Procyon cancrivorus* (Carnivora, Procyonidae) in the Lami Biological Reserve, Porto Alegre, Southern Brazil. Mammalia 63:525-529.

Emmons L.; F. Feer., (1999). Mamíferos de los bosques húmedos de América Tropical. Editorial FAN (Fundación Amigos de la Naturaleza). Santa Cruz, Bolivia.

Emmons, L. H. y Feer, F., (1997). Neotropical rainforest mammals: a field guide. University of Chicago, Chicago. 308 pp.

Emmons, L. H., (1990). Neotropical rainforest mammals: a field guide. Chicago: The University of Chicago Press.

Endres K., Smith W., (1993). Influence of age, sex, season and availability on den selection by raccoons within the central basin of Tennessee. American Midland Naturalist. 129: 116-131.

Estrada, A.; Real, R.; Vargas, J.M., (2008). Using crisp and fuzzy modelling to identify favourability hotspots useful to perform gap analysis. Biodivers Conserv., 17: 857-871. doi:10.1007/s10531-008-9328-1.

Fei S.L., Yu F., (2016). Quality of presence data determines species distribution model performance: a novel index to evaluate data quality. Landsc Ecol. 31:31–42.

Forasiepi, A.M.; Soibelzon, L.H.; Gómez, C.S.; Sánchez, R.; Quiroz, L.I.; Jaramillo, C. Sánchez-Villagra, M.R., (2014). Carnivorans at the Great American Biotic Interchange: new discoveries from the northern neotropics. *Naturwissenschaften*, p. 1–10. doi:10.1007/s00114-014-1237-4.

Fyllas, N.M.; Koufaki, T.; Sazeides, C.I.; Spyroglou, G.; Theodorou, K., (2022) Potential Impacts of Climate Change on the Habitat Suitability of the Dominant Tree Species in Greece. *Plants* 2022, 11, 1616.

Gómez, A.M. & Álvarez, E., (2006). Modelación de la distribución espacial de diez especies de aves amenazadas en Jurisdicción de Corantioquia. *Gestión y Ambiente*, vol. 9, núm. 1. pp. 65-76.

González, E.M., Martínez-Lanfranco, J.A., Juri E., Rodales, A.L., Botto, G. & Soutullo, A., (2013). Mamíferos. Especies prioritarias para la conservación en Uruguay. *Vertebrados, moluscos continentales y plantas vasculares*, Soutullo A., Clavijo C. y Martínez-Lanfranco J.A. (eds.). 175-207. snap/dinama/mvotma y dicyt/mec, Montevideo.

González, E. M. y Martínez Lanfranco, J. A., (2010). Mamíferos de Uruguay. Guía de campo e introducción a su estudio y conservación. Banda Oriental, Vida Silvestre & MNHN. Montevideo, 463 pp.

Gotelli, N.J., (2008). *A primer of Ecology* (4th ed). Sinauer Associates, Inc, Sunderland, MA.

Groves, C., Wilson, D.E., Reeder, D.M., (2005). Eds. *Mammal Species of the World* (3ª edición). Baltimore: Johns Hopkins University Press. p. 155. ISBN 0-8018-8221-4.

Guerrero S., Sandoval M., Zalapa S., (2000). Determinación de la dieta de mapache (*Procyon lotor*) en la costa sur de Jalisco. *Acta Zoológica Mexicana* (n. s.). 80: 211-221.

Helgen, K.M., Maldonado, J.E., Wilson, D.E., Buckner, S.D., (2008). Molecular Confirmation of the Origin and Invasive Status of West Indian Raccoons. *Journal of Mammalogy*, 89(2): 282- 291.

Helgen, K.M. and D. E Wilson., (2004). A Systematic and zoogeographic overview of the raccoons of Mexico and Central America. En: Sánchez-Cordero V. y Medellín R.A. (Eds.)

Contribuciones Mastozoológicas en homenaje a Bernardo Villa. Instituto de Biología e Instituto de Ecología, UNAM, México. CAP. 20: 219- 234.

Henner-Lotze J., Anderson, S., (1979). *Procyon lotor*. *Mammalian Species*. 119: 1-8.

Hosmer DW, Lemeshow S., (2000) *Applied logistic regression*. 2nd ed. New York: Wiley.

IUCN [International Union for Conservation of Nature] (2021). The IUCN Red List of Threatened Species. Versión 2021-1. <https://www.iucnredlist.org>. (Fecha de consulta 12 de agosto 2022).

Kays, R., (2009). Family Procyonidae (Racoons). In: Wilson, D.E. (Ed.). In: Mittermeier, R.A. (Ed.), *Handbook of the Mammals of the World Carnivores*, vol. 1. Lynx Editions, Barcelona, pp. 504e531.

Kays, R., Nowak, R.M., Walker, E.P., (1999). Raccoons and relatives. In *Walker's Mammals of the World*, 6th ed.; Eds.; The John Hopkins University Press: Baltimore, MD, USA; London, UK, pp. 694–700.

Koepfli, K.P., Gompper, M.E., Eizirik, E., Ho, C.C., Linden, L., Maldonado, J.E. y Wayne, R.K., (2007). Phylogeny of the Procyonidae (Mammalia: Carnivora): molecules, morphology and the great American interchange. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 43: 1076–1095.

Kosko, B., (1986). Fuzzy entropy and conditioning. *Inf Sci*. 40:165–74

Kuschel, G., (1969). Biogeography and ecology of South American Coleoptera. In: Fittkau, E. J. J. Illies, H. Klinge, G. H. Schwabe y H. Sioli (eds.), *Biogeography and ecology in South America*, 2, Junk, La Haya, pp. 709-722.

Landis J.R., Koch G.C., (1977). The measurement of observer agreement for categorical data. *Biometrics*. 1977;33:159–74

Laplace, P.S., (1825). *Essai philosophique sur les probabilités*. Bachelier, Paris.

Linnaeus, C., (1758). *Systema Naturae per Regna Tria Naturae, Secundum Classis, Ordines, Genera, Genera, Species cum Characteribus, Differentiis, Synonymis, Locis, Laurentii Salvii*. Stockholm 1 (10), 824.

Legendre, P.; Legendre, L.F.J., (1998). Numerical Ecology, 2nd ed.; Elsevier Science: Amsterdam, The Netherlands, 1998; p. 853.

Legendre, P., (1993). Spatial Autocorrelation: Trouble or New Paradigm? Ecology 1993, 74, 1659–1673.

Lessa, G., Cartelle, C., Faria, H.D. y Gonçalves, P.R., (1998). Novos achados de mamíferos carnívoros do Pleistoceno final–Holoceno em grutas calcárias do estado da Bahia. Acta Geologica Leopoldensia 21: 157–169.

Lobo J, Jiménez-Valverde A, Real R., (2008). AUC: a misleading measure of the performance of predictive distribution models. Glob Ecol Biogeogr. 17:145–51.

Margules, C.R. & Pressey, R.L., (2000). Systematic conservation planning. Nature, 405: 243-253.

Marquet, P.A. & Cofré, H., (1999). Large temporal and spatial scales in the structure of mammalian assemblages in South America : a macroecological approach. Oikos, 85: 299-309.

Martínez-Freiría, F., Sillero, N., Lizana, M. & Brito, J.C., (2008). “GIS-based niche models identify environmental correlates sustaining a contact zone between three species of European vipers”. Diversity and Distributions, 14:452-461.

Merriam, C.H., (1901). Six new mammals from Cozumel Island, Yucatan. Proceedings of the Biological Society of Washington 14, 99e104.

Morello, J., (1984). Perfil ecológico de Sudamérica: Características estructurales de Sudamérica y su relación con espacios semejantes del planeta. Ediciones Cultura Hispánica, Instituto de Cooperación Iberoamericana, Barcelona.

Morrone, J. J., (1994). Systematics, cladistics, and biogeography of the Andean weevil genera *Macrostyphlus*, *Adioristidius*, *Puranius*, and *Amathynetoides*, new genus (Coleoptera:Curculionidae). Am. Mus. Novit., 3104: 1-63.

Morrone, J. J., (1996b.) The biogeographical Andean subregion: A proposal exemplified by Arthropod taxa (Arachnida, Crustacea, and Hexapoda). Neotropica, 42(107-108): 103-114.

- Morrone, J.J. & Espinosa, D., (1998).** La relevancia de los atlas biogeográficos para la conservación de la biodiversidad mexicana. *Ciencia (México)*, 49, 12-16.
- Morrone, J. J., (2001d).** A proposal concerning formal definitions of the Neotropical and Andean regions. *Biogeographica*, 77(2): 65-82.
- Morrone, J.J. & Escalante, T., (2016).** Introducción a la biogeografía. Universidad Nacional Autónoma de México, México, 315 pp.
- Morrone, J. J., D. Espinosa & J. Llorente., (Inéd).** Mexican biogeographic provinces: Preliminary scheme, general characterizations, and synonymies.
- Muñoz, A.R.; Real, R., (2006).** Assessing the potential range expansion of the exotic monk parakeet in Spain. *Divers Distrib.*, 12: 656-665. doi:10.1111/j.1472-4642.2006.00272.x
- Muñoz, A.-R., Real, R., Barbosa, A.M., & Vargas, J.M., (2005).** “Modelling the distribution of Bonelli’s eagle in Spain: Implications for conservation planning”. *Diversity and Distributions*, 11:477-486.
- O’Brien E.M., (1998).** Water-energy dynamics, climate, and prediction of woody plant species richness: an interim general model. *Journal of Biogeography* 25: 379-398.
- Okabe, F. & Agetsuma, N., (2007).** Habitat use by introduced raccoons and native raccoon dogs in a deciduous forest of Japan. *Journal of Mammalogy*, 88(4): 1090-1097.
- Parker, J.D., Burkepille, D.E., Hayt, M.E., (2006).** Opposing effects of native and exotic herbivores on plant invasions. *Science*, 311(5766): 1459-1461.
- Pereira, K. F., Souza, D. R., Ferreira, L. S., Chela, P. R., Helrigle, C., & de Araújo, E. G., (2013).** Morphological aspects of the salivary glands of Crab-eating racoon (*Procyon cancrivorus*). *Acta Scientiarum. Biological Sciences*, 35(1), 99-103.
- Perfectti, F., (2002).** Especiación: modos y mecanismos. www.academia.edu/6181285/capitulo18/pdf. Consultado 10/03/2023.
- Prevosti, F.J.; Soibelzon, L.H.; Patterson, B.D. & Costa, L.P., (2012).** Evolution of the South American carnivores (Mammalia, Carnivora): a paleontological perspective. In: D.B.

Patterson & L.P. Costa (eds.) *Bones, clones, and Biomes: The History and Geography of Recent Neotropical Mammals*, The University of Chicago Press, p. 102–122.

Ramírez, J.M. & Vargas, J.M., (1992). Contribución de la biogeografía a la gestión del medio ambiente y a la conservación de las especies. En: Vargas, J.M., Real, R., Antúnez, A. (Eds.). *Objetivos y métodos biogeográficos. Aplicaciones en herpetología. Monografías de Herpetología*, 2: 95-106.

RAPOPORT, E. H., (1968). Algunos problemas biogeográficos del Nuevo Mundo con especial referencia a la región Neotropical. In: Delamare Debouteville y E. H. Rapoport (eds.), *Biologie del'Amérique Australe*, 4, CNRS, Paris, pp. 55-110.

Real, R., Estrada, A., Barbosa, A.M. & Vargas, J.M., (2006). Aplicación de la lógica difusa al concepto de rareza para su uso en Gap Analysis: el caso de los mamíferos terrestres en Andalucía. *Serie Geográfica- Biogeografía: Distribuciones, Dinámicas y Diversidad*, 13, 99 - 116.

Real R, Barbosa AM, Bull JW., (2017). Species distributions, quantum theory, and the enhancement of biodiversity measures. *Syst Biol.* 2017;66:453–62.

Rocchini D., Tordoni E., Marchetto E., Marcantonio M., Barbosa AM , Bazzichetto M., Beierkuhnlein C., Castelnuovo E., Cazzolla Gatti R., Chiarucci A., Chieffallo L., Da Re D., Di Musciano M., Foody GM, Gabor L., Garzon-Lopez CX, Guisan A., Hattab T., Hortal J. , Kunin WE, Jordán F., Lenoir J., Mirri S., Moudrý V., Naimi B., Nowosad J., Sabatini FM, Schweiger AH, Šímová P., Tassarolo G., Zannini P. & Malavasi M., (2023). Una visión quijotesca del sesgo espacial en el modelado de la distribución de especies y su diversidad . *npj Biodiversidad*.

R Core Team., (2020). R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Available online: <https://www.r-project.org/>.

Rojas, A. B.; I. Cotilla; R. Real & L. J. Palomo, (2001). Determinación de las áreas probables de distribución de los mamíferos terrestres en la provincia de Málaga. *Galemys*,

13: 217-229.

Romero D.; Maneyro R.; Guerrero JC.; Real R., (2023). Using fuzzy logic to compare species distribution models developed on the basis of expert knowledge and sampling records. *Front Zool.* 20:38.

Romero, D., Olivero, J., Real, R., & Guerrero, J. C., (2019). Applying fuzzy logic to assess the biogeographical risk of dengue in South America. *Parasites & vectors*, 12, 1-13.

Rosatte R., Power M., Macinnes C., (1991). Wildlife Conservation in Metropolitan Environment, in: L. Adams, D. Leedy (Eds.). *Ecology of urban skunks, raccoons and foxes in Metropolitan Toronto* (pp. 31-38). National Institute for Urban Wildlife. Columbia, USA.

Salgado, I., (2018). Is the raccoon (*Procyon lotor*) out of control in Europe? *Biodiversity and Conservation*, 27: 2243–2256.

Sick, W. D., (1969). Geographical substance. *Mon. Biol.*, 19: 449-474.

Sillero N, Arenas-Castro S, Enriquez-Urzelai U, Vale GG, Sousa-Guedes D, Martínez-Freiría F, Real R, Barbosa AM., (2021). Want to model a species niche? A step-by-step guideline on correlative ecological niche modelling. *Ecol Modell.* 2021; 456.

Soberon, J.; Peterson, A.T., (2005). Interpretation of Models of Fundamental Ecological Niches and Species' Distributional Areas. *Biodivers. Inform.* 2005, 2, 1–10.

Soibelzon, L.H., Zurita, A.E., Morgan, C. C., Rodríguez, S.G., G.M., Soibelzon, E., Schubert, Blaine W., & Miño-Boilin, Á.R., (2010). Primer registro fósil de *Procyon cancrivorus* (G. Cuvier, 1798) (Carnivora, Procyonidae) en la Argentina. *Revista mexicana de ciencias geológicas*, 27(2), 313-319.

Soibelzon, L.H., Prevosti, F.J., (2007). Los carnívoros (Carnivora, Mammalia) terrestres del Cuaternario de América del Sur. En: Pons, G.X., Vicens, D. (Eds.), *Geomorfologia Litoral i Quaternari. Homenatge a D. Joan Cuerda Barceló*. Monografies de la Societat d'Història Natural de les Balears, vol. 14. pp. 49–68.

Taboada; Martín, A.; Romero, D.; Aliaga-Samanez, A.; Chamorro, D.; Díaz-Ruiz, F.; Muñoz, A.R.; García-Carrasco, J.M.; Márquez, A.L.; Olivero, J.; Martínez-Freiría, F.;

Vermeer, J.; Real, R., (2020). Favorabilidad y lógica difusa cómo herramientas para el análisis biogeográfico de las interacciones competitivas entre especies. Carracedo, V.; García-Codron, J.C.; Garmendia, C.; Rivas, V. (Eds.). Conservación, Gestión y Restauración de la Biodiversidad. XI Congreso Español y I Congreso Iberoamericano de Biogeografía. Santander (España), 22-25 de junio. Santander: Asociación de Geógrafos Españoles (AGE): 155-163.

Terribile L.C., Diniz-Filho J.A.F., Rodríguez M.A. & Rangel T.F.L.V.B., (2009). Richness patterns, species distributions and the principle of extreme deconstruction. *Global Ecology and Biogeography* 18:123-136.

Tirira, D., (2007). Guía de campo de los mamíferos del Ecuador. Ediciones Murciélagos Blanco. Publicación especial sobre los mamíferos del Ecuador 6. Quito. 567 pp

Valenzuela D.G., (2005). Mapache. In: Ceballos G., Oliva G. (Eds), *Los mamíferos silvestres de México.* (Pp. 415-417).FCE.-CONABIO. México.

Volante, J., Mosciaro, J., Morales Poclava, M., Vale, L., Castrillo, S., Sawchik, J. & Paruelo, J., (2015). Expansión agrícola en Argentina, Bolivia, Paraguay, Uruguay y Chile entre 2000-2010: Caracterización espacial mediante series temporales de índices de vegetación. *RIA. Revista de investigaciones agropecuarias*, 41(2): 179-191.

Wald A., (1943). Tests of statistical hypotheses concerning several parameters with applications to problems of estimation. *Trans Am Math Soc.* 1943;54:426–82.

Watson, J. Wreford , Schaetzi, . Randall J. , Hoffman, . Paul F. & Zelinsky, . Wilbur, (2021). North America. *Encyclopedia Britannica.* <https://www.britannica.com/place/North-America>

Webb, S.D., (2006). The Great American Biotic Interchange: Patterns and Processes. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 93(2), 245–257.

Webb, S.D. & Rancy, A., (1996). Late Cenozoic evolution of the neotropical mammal fauna. In: Jackson, J.B.C. *et al.* (eds), *Evolution and environment in tropical America.* Univ. Chicago press, pp. 335-358.

Webb, S.D., (1985). Late Cenozoic mammal dispersal between the Americas. En: F.G. Stehli y S.D. Webb (Eds.), The Great American Biotic Interchange. Topics in Geobiology 4. Springer US, Nueva York, p. 357–386

Whittaker R.J., Willis K.J. & Field R., (2001). Scale and species richness: towards a general, hierarchical theory of species diversity. Journal of Biogeography, 28: 453-470.

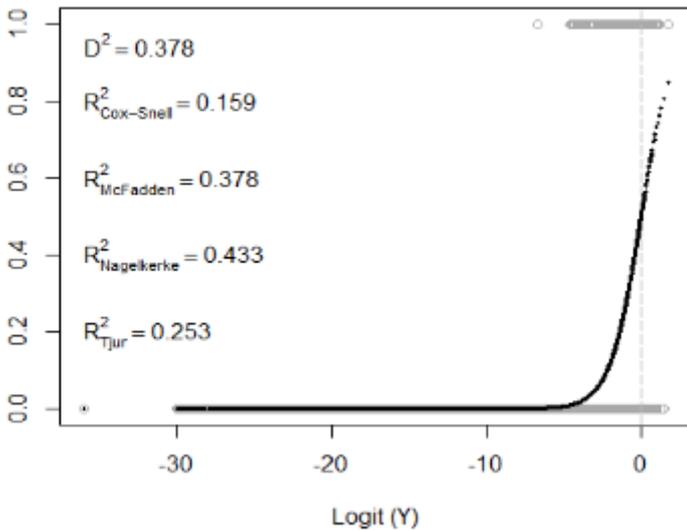
Wilson, D.E. y Mittermeier, R.A., (2009). Handbook of the Mammals of the World. Vol.1: Carnivora, editorial Lynx, Barcelona, 727 p.

Zadeh, L.A., (1965). Fuzzy Sets. Information and control, 8(3): 338-353. doi:10.1016/S0019-9958(65)90241-X

Zeveloff, S.I., (2002). Raccoons: A Natural History. Smithsonian Institution Press, Washington, DC.

Anexo

Modelo de *P. cancrivorus*



Modelo de *P. lotor*

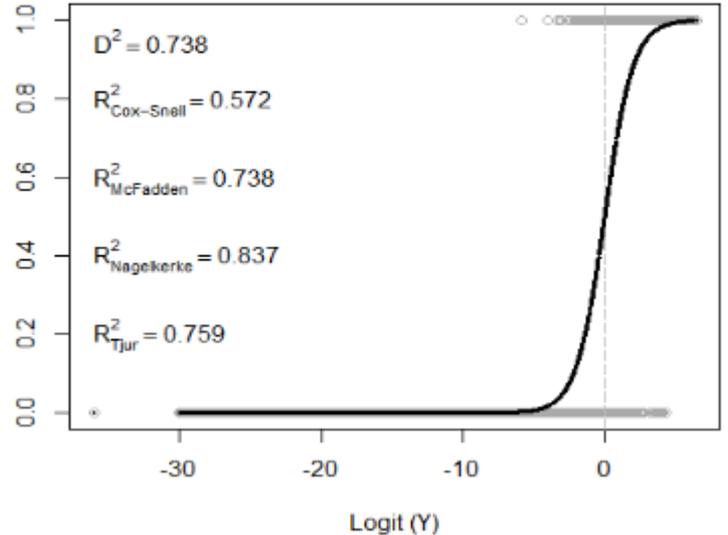
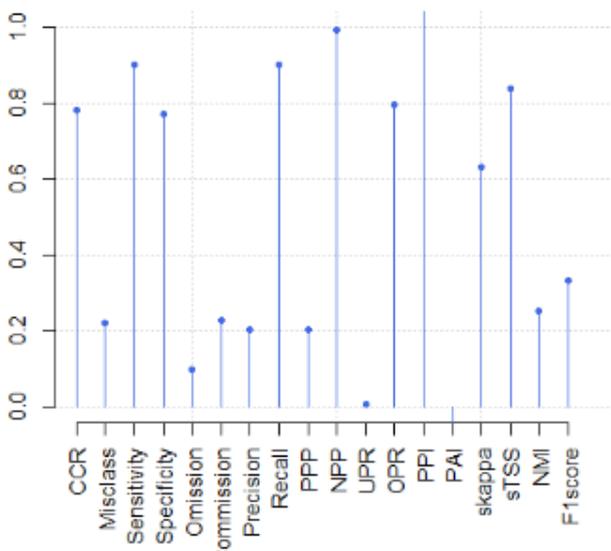


Figura 7. Gráficas que representan la capacidad explicativa para *P. cancrivorus* y *P. lotor* respectivamente. Se representa como el área bajo la curva (AUC), la cual fue superior a 0,9 para todos los modelos, lo que se interpreta como una capacidad de discriminación excepcional.

Modelo de *P. cancrivorus*



Modelo de *P. lotor*

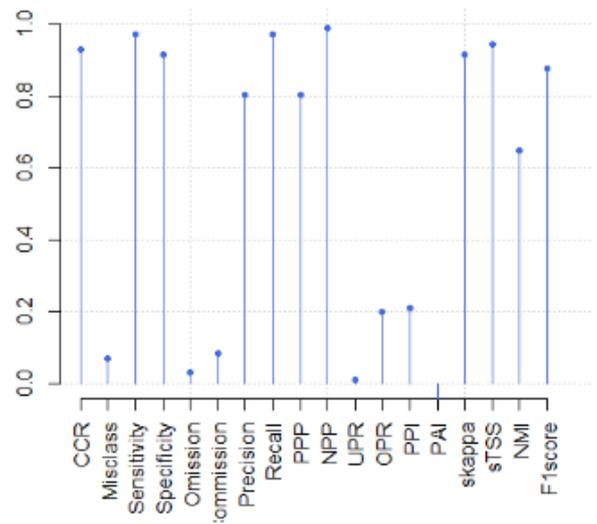


Figura 8. Gráfica en el que se representa la capacidad de clasificación, que se estimó a través de la sensibilidad (proporción de presencias que predice correctamente el número total de presencias), especificidad (la proporción de ausencias que predice el número total de ausencias), kappa y tasa de clasificación correcta (CCR) del modelo, utilizando el valor de $F = 0,5$ como umbral de clasificación.

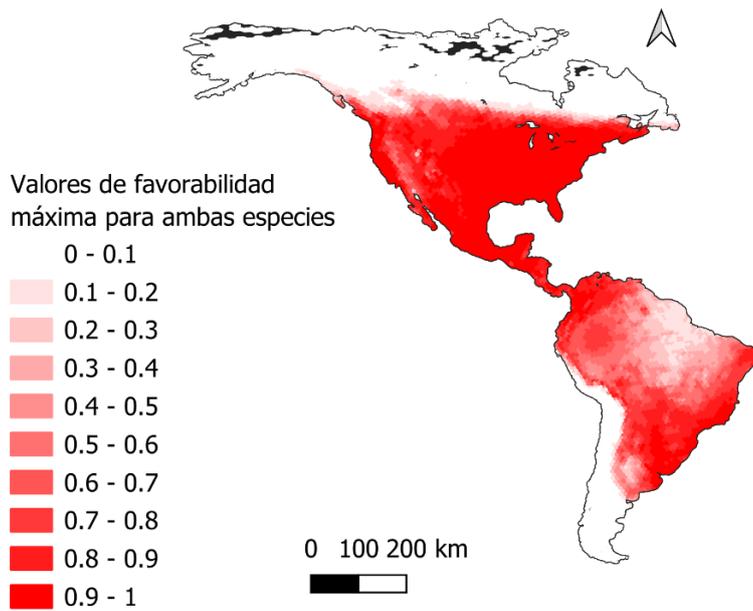


Figura 9. Representación de la unión difusa de la favorabilidad para ambas especies, (valor de favorabilidad máxima), que identifica el conjunto difuso de áreas favorables a cualquiera de las especies.