

Informe final* del Proyecto JM022

Anfibiofauna endémica frente al cambio climático: Análisis de sensibilidad e incertidumbre

Responsable: Dr. Oscar Flores Villela
Institución: Universidad Nacional Autónoma de México
Facultad de Ciencias
Departamento de Biología
Museo de Zoología "Alfonso L Herrera"
Dirección: Av. Universidad # 3000, Ciudad Universitaria, Coyoacán, México, 04510, Ciudad de México
Correo electrónico: ofvq@servidor.unam.mx
Teléfono/Fax: Tel. 56-22-48-32
Fecha de inicio: Mayo 15, 2012.
Fecha de término: Septiembre 5, 2016.
Principales resultados: Base de datos, cartografía, informe final.
Forma de citar el informe final y otros resultados:** Ochoa-Ochoa, L.M. y O. A. Flores-Villela. 2016. Anfibiofauna endémica frente al cambio climático: Análisis de sensibilidad e incertidumbre. Universidad Nacional Autónoma de México. Facultad de Ciencias. **Informe final SNIB-CONABIO, proyecto No. JM022.** Ciudad de México.

Resumen:

El presente trabajo tiene por objetivo modelar parte del nicho ecológico para generar distribuciones potenciales de la anfibio-fauna endémica a México, tanto para el presente como para tres periodos en el futuro (2039, 2069 y 2099), bajo un conjunto de simulaciones de cambio climático. Los modelos de nicho ecológico se generarán utilizando las técnicas más recientes a través de la plataforma BIOMOD (Biodiversity Modelling), en la cual se pueden generar modelos utilizando nueve algoritmos diferentes, incluyendo los cuatro algoritmos más comúnmente utilizados en modelaciones estadísticas (GLM, GAM, CTA, ANN, SRE, GBM, random Forest, MDA, MARS). En la plataforma BIOMOD se pueden generar pseudo-ausencias, además tendremos la ventaja de poder usar diferentes estadísticos para evaluar los modelos (AUC, Kappa, TSS). A su vez se podrá calcular la sensibilidad de las predicciones a las condiciones iniciales del modelado, también se podrá saber la incertidumbre de los modelos. Posteriormente se ensamblarán dichos modelos para generar distribuciones potenciales robustas utilizando el promedio ponderado. Los modelos de nicho ecológico se proyectarán en el futuro utilizando 10 modelos diferentes de cambio climático y dos escenarios de emisiones A1B y A2. Con los datos anteriores se calculará la sensibilidad de las áreas de distribución de los anfibios endémicos para los tres periodos futuros (2039, 2069 y 2099). Al finalizar el proyecto se obtendrán mil modelos de distribución potencial, 250 modelos para el presente, y 250 para cada uno de los periodos propuestos, todos los modelos serán resultado de consensos ponderados. Además se obtendrán 60 conjuntos de variables climáticas de 19 variables cada uno.

-
- * El presente documento no necesariamente contiene los principales resultados del proyecto correspondiente o la descripción de los mismos. Los proyectos apoyados por la CONABIO así como información adicional sobre ellos, pueden consultarse en www.conabio.gob.mx
 - ** El usuario tiene la obligación, de conformidad con el artículo 57 de la LFDA, de citar a los autores de obras individuales, así como a los compiladores. De manera que deberán citarse todos los responsables de los proyectos, que proveyeron datos, así como a la CONABIO como depositaria, compiladora y proveedora de la información. En su caso, el usuario deberá obtener del proveedor la información complementaria sobre la autoría específica de los datos.

**Anfibiofauna endémica frente al cambio climático: análisis de sensibilidad e incertidumbre
(JM022)**

Responsable: Dr. Oscar Flores Villela

Corresponsable: Dra. Leticia M. Ochoa Ochoa

Nombre de los participantes:

Belén Chávez Galván, técnico responsable de la base de datos.

Angélica Domínguez Pérez, técnico de la base de datos.

ÍNDICE

I. Resumen ejecutivo	3
II. Introducción	4
III. Desarrollo del proyecto	5
1. Calidad de datos	5
2. Criterio de Selección de la región de referencia (M) por especie	7
3. Selección de variables	8
4. Método de modelación	9
5. Parámetros de modelación	12
6. Evaluación del modelo	12
7. Análisis de incertidumbre de los modelos	14
8. Análisis de sensibilidad y especificidad	15
9. Proyecciones al futuro	16
IV. Conclusiones y recomendaciones	18
V. Referencias bibliográficas	19
VII. Apéndices	21
Apéndice 1. Lista de anfibios endémicos de México	21
Apéndice 2. Lista de colecciones	28
Apéndice 3. Incertidumbre de los modelos (archivo adjunto en Excel)	
Apéndice 4. Resultados ROC modelos (archivo adjunto en Excel)	

I. Resumen ejecutivo.

El presente trabajo tuvo por objetivo modelar el nicho ecológico para generar distribuciones potenciales de la anfibio-fauna endémica a México, tanto para el presente como para dos periodos en el futuro (2050 y 2070), bajo un conjunto de simulaciones de cambio climático. Los modelos de nicho ecológico se generaron utilizando las técnicas más recientes a través de la plataforma Biodiversity Modelling BIOMOD2 (Thuiller et al., 2009, 2013), en la cual se pueden generar diferentes modelos utilizando distintos algoritmos, incluyendo tres de los cuatro algoritmos más comúnmente utilizados en modelaciones estadísticas (ANN - Artificial Neural Networks, CTA - Classification Tree Analysis FDA - Flexible Discriminant Analysis, GBM - Generalised Boosting Model, GLM - Generalised Linear Models, MARS - Multiple Adaptive Regression Splines, MaxEnt - Maximum Entropy, Random Forest, and SRE - Surface Range Envelope). El paquete permite calcular la sensibilidad de las predicciones a las condiciones iniciales del modelado, y también se puede estimar la incertidumbre de los modelos individuales. Para generar distribuciones potenciales robustas se ensamblaron los modelos geográficamente y para determinar el umbral de presencia se utilizó la presencia mínima (Minimum Threshold presence). Los modelos de nicho ecológico se proyectaron en el futuro utilizando el modelo de cambio climático CMIP5 - Coupled Model Intercomparison Project Phase 5 HadGEM2-ES (Jones et al., 2011) para generar la distribución potencial en los periodos 2050 (promedio para 2041-2060) y 2070 (promedio para 2061-2080). Se logró modelar 213 de las 252 especies de anfibios endémicas del país (Apéndice 1). Al proyectar los modelos en el futuro sólo 177 especies obtuvieron un modelo de distribución potencial en el 2050 y 175 especies en el 2070. Se entregan 585 modelos de distribución potencial cumpliendo parcialmente con lo propuesto en el proyecto original.

II. Introducción.

El presente proyecto tuvo como objetivo generar modelos de nicho ecológico de los anfibios endémicos de México utilizando la plataforma BIOMOD2 (Thuiller et al., 2009, 2013). Posteriormente se proyectaron estos modelos para generar distribuciones potenciales en el presente y frente a distintos escenarios de cambio climático.

Los anfibios endémicos representan más del 60% de las especies de anfibios del país. Aunque a la fecha se han registrado 372 especies de anfibios para el país (Frías-Alvarez et al., 2010), México se encuentra en una etapa temprana del conocimiento del anfibios. Por ejemplo, en la década de 1993 a 2003, 26 especies de ranas y 31 de salamandras se describieron como nuevas taxa para el país (Flores-Villela y Canseco-Márquez 2004). Se espera que en los próximos años sean descritas nuevas especies de anfibios y los modelos de nicho ecológico pueden ser una herramienta útil en este aspecto (e.g. Pearson *et al.*, 2006).

Es importante mencionar que 152 de los 250 anfibios endémicos están en la Norma Ecológica Mexicana (NOM-059-SEMARNAT-2010) bajo alguna categoría de riesgo. Cabe mencionar que la revisión de la literatura reciente que se realizó como parte de este proyecto indudablemente mejoró la información base (registros) y es sabido que entre mejor representadas estén las condiciones ambientales en las que se distribuye una especie, se obtienen mejores resultados en la modelación.

A pesar de que ya se cuenta con modelos de distribución para las especies propuestas, en el presente proyecto se utilizaron las técnicas más recientes para el modelado de nicho ecológico, además de que se hizo la valoración de los modelos generados. Estos dos aspectos representan un avance importante respecto a los modelos que actualmente se encuentran publicados en el Geoportal de la CONABIO. Además, los estándares académicos actuales para validar los modelos incluyen análisis de incertidumbre y de sensibilidad que sólo se pueden generar utilizando diferentes algoritmos. En el caso de este proyecto, se utilizaron diferentes modelos y diferentes escenarios de cambio climático para medir la incertidumbre y la sensibilidad de los modelos, ya que BIOMOD (Thuiller *et al.*, 2009) es una plataforma que permite ensamblar varios modelos generados por distintos algoritmos (e.g. GLM, GAM,) y al mismo tiempo permite hacer análisis de incertidumbre y sensibilidad entre los modelos de nicho ecológico. Como resultado se genera un modelo de distribución potencial robusto. BIOMOD es un paquete que corre en la plataforma R (R, 2008), ambos de libre acceso.

En este proyecto se pudo medir la incertidumbre de cada modelo, i.e. variación entre algoritmos. Para obtener el modelo final de cada especie no se siguió el protocolo propuesto originalmente (la propuesta original consistía en hacer un consenso geográfico estricto de las proyecciones de todos los algoritmos), sino que se siguió el método de presencia mínima. Sin embargo, el hecho de haber utilizado distintos algoritmos hace del modelo final una predicción más robusta. También se obtuvo el AUC de cada modelo de consenso y el AUC ratio en los casos que se pudo. Lo anterior le da mayor valor a cada modelo a la hora de utilizarse en otro tipo de proyectos, i.e. conservación, biogeografía, etc. También se proyectaron los modelos generados para los anfibios endémicos frente al cambio climático en dos periodos diferentes.

III. Desarrollo del proyecto.

1. Calidad de Información

- Para el presente proyecto ya se contaba con la base de datos de 145 especies micro-endémicas revisada y actualizada (Ochoa-Ochoa et al., 2009, 2011), por lo que fue necesario actualizar los registros para las restantes 108 especies.
- Debido a los constantes cambios taxonómicos suscitados para este grupo taxonómico en los últimos años, fue necesario realizar una actualización taxonómica, con base en los trabajos de Flores Villela y Canseco Márquez (2004), y verificando la validez de los nombres con base en Frost (2013) e ITIS (2013). Alrededor de 120 nombres fueron actualizados.
- **Georreferencias.** Numerosos registros no presentaban coordenadas geográficas, por lo que para aquellos que contaban con suficiente información sobre la localidad se hizo el cálculo de las coordenadas geográficas de acuerdo con el manual de procedimientos de georreferenciación de localidades de colecciones biológicas de Conabio (2008), usando el SIG Google Earth v. 5, mapas carreteros de la Secretaría de Comunicaciones y Transportes (<http://www.sct.gob.mx/informacion-general/planeacion/atlas-cartograficos/listado-de-atlas/>) y cartas topográficas digitalizadas del INEGI escalas 1:50,000 y 1:250,000 disponibles en línea (<http://www.inegi.org.mx/sistemas/biblioteca/>).
- **Darwin Core.** Se ajustó la base conforme a los campos del Darwin Core que está la CONABIO está solicitando como estándar y se hicieron las consultas necesarias para homogeneizar la base.

- **Fechas.** La mayoría de las bases de datos con las que se contó tenían la fecha de recolecta en un solo campo, y en el Darwin Core las requieren desglosadas por día, mes y año. En algunos casos esas fechas tenían el nombre del mes escrito con letra, pero en otros venía con número. Como no se cuenta con más información se decidió considerar a los dos primeros números como el día, los siguientes como el mes y los últimos como el año. Excepto en casos donde era evidente el orden de la fecha (día/mes/año o mes/día/año), por ejemplo, 03/15/1969. Pedimos sean cautelosos porque es sabido que algunos colectores, sobre todo estadounidenses, escriben primero el mes seguido del día de colecta. En algunos casos, en el campo de fecha, en lugar de una fecha precisa, se reportó un intervalo de tiempo. Para uniformizar la base consideramos únicamente el primer día de ese intervalo como la fecha de colecta. Todo esto con la finalidad de cumplir con los campos y formato requeridos.
- Actualmente se cuenta con una base de 80,000 registros aproximadamente. La base incluye información de ocho familias (Ambystomatidae, Bufonidae, Caeciliidae, Eleutherodactylidae, Hylidae, Plethodontidae y Ranidae), 28 géneros y 253 especies. Dichos registros provienen de 45 colecciones tanto nacionales como internacionales, que se adquirieron mediante consultas hechas directamente a las instituciones responsables. La lista de las colecciones se encuentra en el Apéndice 2.
- **Las bases de datos se obtuvieron directamente de las colecciones a través del Dr. Johnatan Campbell.**
- La base de datos se entregó en el informe pasado y fue liberada.
- Se hizo una evaluación especie por especie (se entregó con el primer informe). Estas evaluaciones contienen el perfil completo del conjunto de datos, histogramas, y diagramas de cada especie. Se entregó en forma de html para cada especie. La guía de estos archivos se encuentra en el índice anexo a este informe.
- Los outliers se identificaron utilizando las 19 variables climáticas. Los valores de las variables se asignaron a las localidades, para posteriormente hacer un análisis de componentes principales (pca). Se tomaron los valores del primer y segundo eje. Utilizando los valores del primer eje del pca, todas las localidades que estaban a una distancia de más de dos desviaciones estándares se tomaron

como outliers. El mismo procedimiento se siguió con los valores del segundo eje de los componentes principales.

- Sin embargo, es muy importante resaltar que no se eliminaron los outliers automáticamente ya que en el caso de los anfibios y particularmente de los endémicos hay un submuestreo en el territorio y eliminar estas localidades podría ser contraproducente. Ya que se conoce muy poco de la distribución de estas especies y además no se tiene el suficiente conocimiento fisiológico y/o biológico como para eliminar los *outliers*, estos registros sí se incluyeron en el modelado.

2. Criterio de Selección de la región de referencia (M) por especie.

Siguiendo los preceptos que indican la importancia de la delimitación del “área accesible” (de aquí en adelante llamada “M”), para cada especie se eligió una ‘M’ antes de comenzar el proceso de modelado (Barve et al., 2011; Peterson et al., 2011). El procedimiento para delimitar dicha área fue el siguiente:

- i. Utilizando los registros por especie se generó una envoltura convexa (*convex-hull*) que une todos los puntos externos para generar un polígono (Figura 1). Esto se hizo para todas las especies con más de dos registros. La envoltura convexa se ha utilizado anteriormente para delimitar el volumen del espacio ecológico (Cornwell et al., 2006).

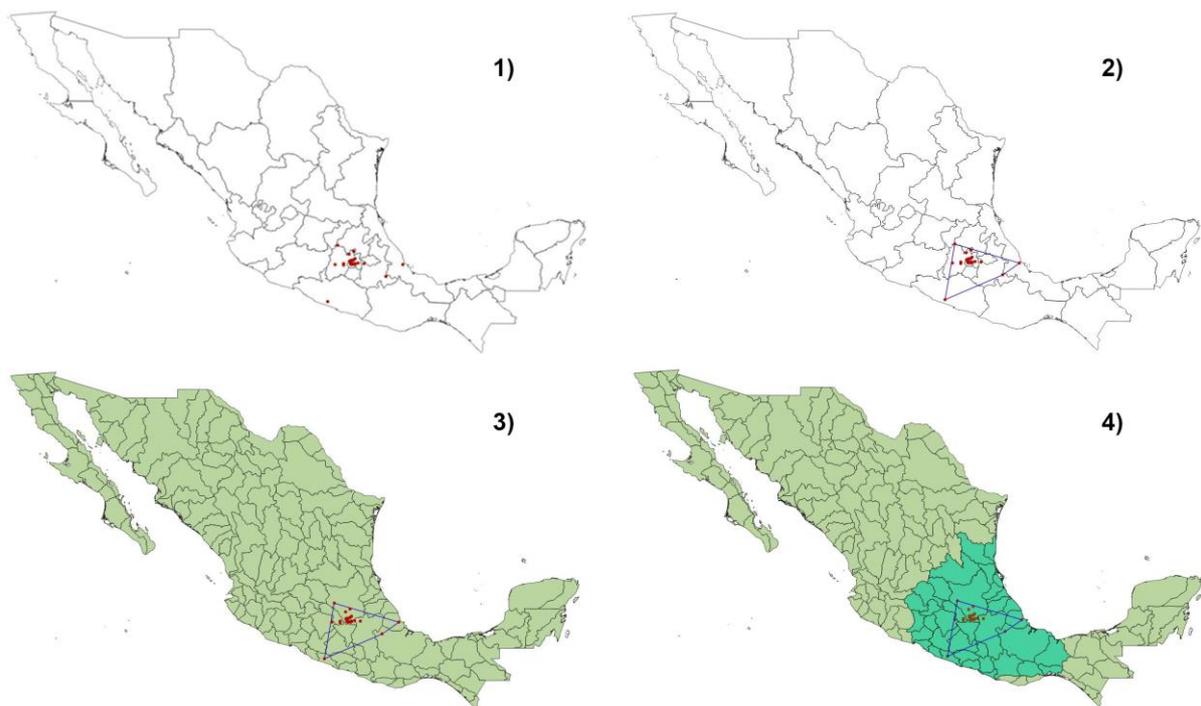


Figura 1. Representación gráfica del proceso para seleccionar el área accesible o “M”. 1) Registros de la especie, 2) Generación del polígono convexo, 3) Cuencas de México, 4) Selección de las cuencas. Con ésta selección se hizo un clip de rasters.

- ii. Utilizando la capa de la Comisión Nacional del Agua (1998), a escala 1:250000 bajada del portal de geoinformación de CONABIO (CNA, 1998) se seleccionaron las cuencas hidrológicas que intersectaban cada una de las envolturas convexas.
- iii. Posteriormente se generó un *buffer* de cuencas alrededor de las cuencas seleccionadas y a partir de dicho *buffer* se cortaron las capas ambientales seleccionadas para generar una M para cada especie.
- iv. Cabe resaltar en el caso de los rasters con polígonos se toman en cuenta las coordenadas extremas únicamente. Por esta razón todas las M son rectangulares.

3. Variables utilizadas en la modelación

- A cada uno de los registros únicos por celda de 1km x 1km se les agregó el valor de las 19 variables ambientales de WorldClim (Hijmans et al., 2005).

Con estos datos se corrieron correlaciones para buscar colinearidad en conjunto. Se seleccionaron 10 de las 19 variables que presentaban menor colinearidad pero que fueran limitantes para los anfibios. Se utilizó este único conjunto de variables climáticas para hacer el modelo de distribución de todas las especies.

- i. Isotermalidad (Rango promedio de la temperatura diaria / Rango de la temperatura anual) (* 100).
- ii. Estacionalidad de la Temperatura (Desviación Estándar *100).
- iii. Rango Anual de la Temperatura (Temperatura máxima del mes más caliente – Temperatura mínima del mes más frío).
- iv. Temperatura promedio del cuatrimestre más lluvioso.
- v. Temperatura promedio del cuatrimestre más caliente.
- vi. Precipitación Anual.
- vii. Precipitación del mes más seco.
- viii. Precipitación del cuatrimestre más seco.
- ix. Precipitación del cuatrimestre más caliente.
- x. Precipitación del cuatrimestre más frío.

4. Método de modelación

- Para evitar el sobre-ajuste de los modelos se eliminaron todos los registros duplicados por especie por celda ambiental de aproximadamente 1km x 1km. De esta manera se mantuvieron exclusivamente los registros únicos especie-celda. La base resultante fue de 13, 241 registros. Se anexa una tabla donde se especifica el número de registros totales y el de únicos por especie en el Apéndice 1.
- Para generar las distribuciones potenciales a través de modelos de nicho ecológico basados en clima (Environmental Niche Modelling, ENM) se utilizó la plataforma de BIOMOD2 Biodiversity Modelling (Thuiller et al., 2013), la cual corre en R, lenguaje que permite hacer cálculos estadísticos y gráficos (R, 2008); ambos de libre acceso. BIOMOD2 aprovecha diferentes técnicas usadas en modelaciones estadísticas para generar predicciones espaciales. En esta plataforma se pueden ensamblar todos los modelos generados los nueve algoritmos, incluyendo los cuatro algoritmos más comúnmente utilizados en

modelaciones estadísticas, que tiene implementados: ANN - Artificial Neural Networks, CTA - Classification Tree Analysis FDA - Flexible Discriminant Analysis, GBM - Generalised Boosting Model, GLM - Generalised Linear Models, MARS - Multiple Adaptive Regression Splines, MaxEnt - Maximum Entropy, Random Forest, and SRE - Surface Range Envelope

- Redes de neuronas artificiales (Artificial Neural Networks, ANN).
 - Análisis de árboles de clasificación (Classification Tree Analysis, CTA).
 - Análisis flexible de discriminantes (Flexible Discriminant Analysis, FDA).
 - “Generalised Boosting Model” (GBM).
 - Modelos lineares generalizados (Generalised Linear Models, GLM)
 - Regresiones múltiples adaptativas (Multiple Adaptive Regression Splines, MARS).
 - Máxima entropía (Maximum entropy, MaxEnt).
 - Random Forest (randomForest).
 - “Surface Range Envelope” (SRE), muy similar al Bioclim (Jiguet et al., 2007).
-
- Dentro del ámbito del modelado de áreas de distribución, cada vez es más aceptado que las variaciones entre los algoritmos utilizados puede generar áreas de distribución muy diferentes, principalmente en relación a predicciones futuras. Por esta razón se ha vuelto prácticamente una norma utilizar varios algoritmos a la hora de modelar áreas de distribución (Elith et al., 2006; Pearson et al., 2006; Elith & Graham, 2009; Peterson et al., 2011). Asimismo al utilizar BIOMOD2 podemos hacer análisis de incertidumbre y sensibilidad entre los modelos generados por distintos algoritmos, lo que nos permite no solamente conocer la incertidumbre de las predicciones tanto actuales como en el futuro, sino, al hacer los consensos (ver más abajo), reducir la incertidumbre de las predicciones generadas (Araújo & Guisan, 2006; Araújo & New, 2007). Todo esto contribuye a generar un modelo de distribución robusto.
-
- En BIOMOD es posible **evaluar los modelos** a través de cuatro medidas estadísticas comúnmente utilizadas. En el presente proyecto se utilizaron las dos siguientes reportadas en el archivo (ROC_modelos_DIC2014.xls):
 - o **AUC**, evalúa los modelos utilizando el área bajo la ‘curva’ ROC (receiver operating characteristic).

- **Umbral óptimo ROC** (Optimized.Threshold.ROC) es un método de umbral independiente; el cual puede utilizarse para encontrar el umbral óptimo optimizando el porcentaje de presencias-ausencias (p-a) correctamente predichas, al transformar las probabilidades de ocurrencia de los modelos en p-a.
- En BIOMOD no sólo se pueden utilizar “pseudo-ausencias” sino que se puede determinar la forma de generarlas (aleatoria, por círculos, cuadrados, coordenadas extremas, etc.), y el número deseado de pseudo-ausencias. Utilizando esta plataforma se pueden partir los datos para tener datos de entrenamiento y de evaluación de los modelos. En el presente proyecto pensamos seguir lo recomendado (70% de los datos para entrenar el modelo 30% para evaluar) (Guisan and Thuiller 2005), en los casos en los que se cuente con 10 o más localidades únicas. En caso contrario el modelo se generará con todos los puntos.
- BIOMOD también permite utilizar un enfoque de validación cruzada múltiple. En este paso se repite el proceso anterior de partición de datos n- veces, y se generan n- modelos, registrando el desempeño de cada uno. Al final se genera una media de la validación cruzada. De esta manera se puede saber con precisión la sensibilidad del modelo a las condiciones iniciales.
- No se hizo un consenso geográfico estricto como se planteó en el proyecto. En lugar de eso se hizo un consenso geográfico utilizando las proyecciones probabilísticas de cada algoritmo y para convertir el modelo consenso en mapa binario (presencia-ausencia), se utilizó la presencia mínima (Minimum Threshold presence). Cuando el modelo no tenía sentido biológico se examinaron los puntos que podían estar *degenerando* el modelo. No se tomó en cuenta el modelo consenso en los casos en los modelos construidos con outliers (es decir, localidades dentro del análisis de componentes principales de la evaluación ambiental que tenían una distancia mayor a 2 desviaciones estándar del conjunto de datos). En esos casos se anotaron en la base de datos como posibles especímenes mal determinados.
- Para las especies con 3 o menos puntos únicos de colecta que no se pudieron modelar se utilizó el método de la envoltura convexa (convex Hull), evitando así problemas estadísticos (Cornwell et al., 2006).

5. Parámetros utilizados en la modelación

- Para modelar se utilizaron los parámetros que están pre-establecidos en cada uno de los algoritmos.
- Para modelar se siguió la guía de BIOMOD2 (Thuiller et al., 2013; Meller et al., 2014) que viene directamente en el paquete de R, modificándose sólo los parámetros de número de puntos para la evaluación dejando 70% para modelar y 30 % para evaluar en especies con 10 localidades o más. En localidades con menos de 10 localidades únicas se utilizaron todos los puntos para modelar.
- Para cada algoritmo se hizo una sola corrida, ya que en ejercicios previos el hacer varias corridas no cambia los resultados de los modelos y si incrementa exponencialmente el tiempo de modelado.
- Se utilizó la proyección probabilística de los modelos generados por cada algoritmo para hacer el consenso geográfico (álgebra de mapas) y para convertir el modelo consenso en mapa binario (presencia-ausencia), se utilizó la presencia mínima (Minimum Threshold presence).

6. Evaluación del modelo

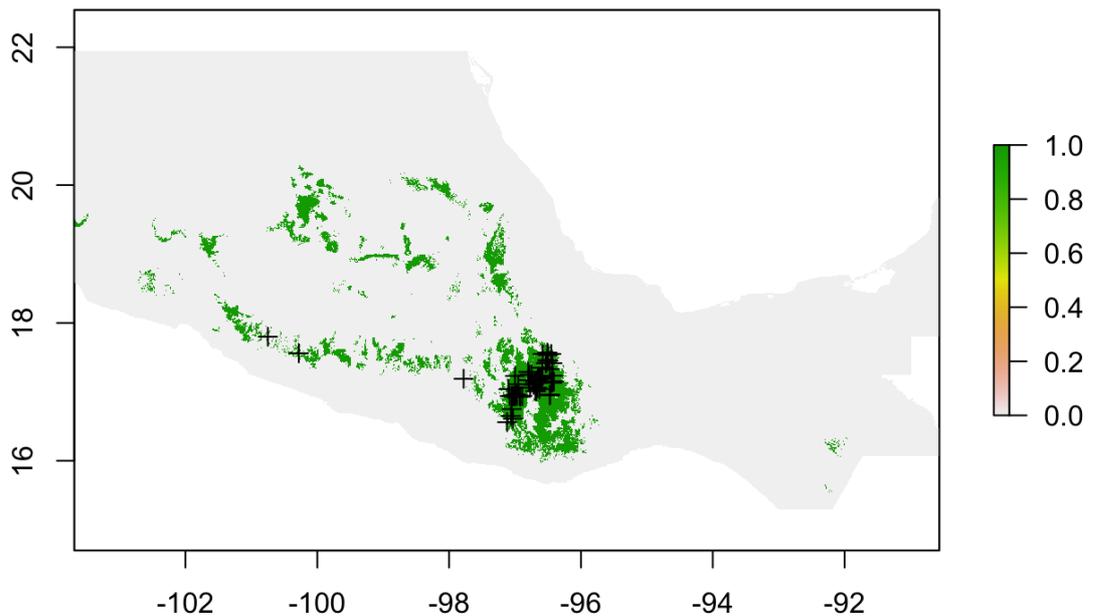
- Se generaron modelos nicho ecológico para 213 especies, de las 252 especies de anfibios endémicos a México, utilizando cada uno de los algoritmos especificados. De acuerdo al procedimiento del proyecto, se hizo el consenso geográfico (i.e. sólo donde todos los algoritmos coincidieron espacialmente) que se puede considerar la aproximación más precisa a la distribución (Araújo & Guisan, 2006; Pearson et al., 2006; Araújo & New, 2007). En caso de que algún algoritmo fallara por alguna razón, por ejemplo el bajo número de registros, se hizo el consenso con las proyecciones de los algoritmos restantes. Sin embargo, cabe aclarar que la proyección modelo final no se modifica aún cuando se utilicen modelos 'malos', ya que se utilizó el umbral de presencia mínima para determinar el umbral de presencia-ausencia.
- Es importante aclarar que no se hizo un consenso geográfico estricto debido a que las distribuciones potenciales que resultaban del mismo estaban

sobreajustadas a la media de los puntos de distribución, lo cual dejaba muchas localidades de registro fuera.

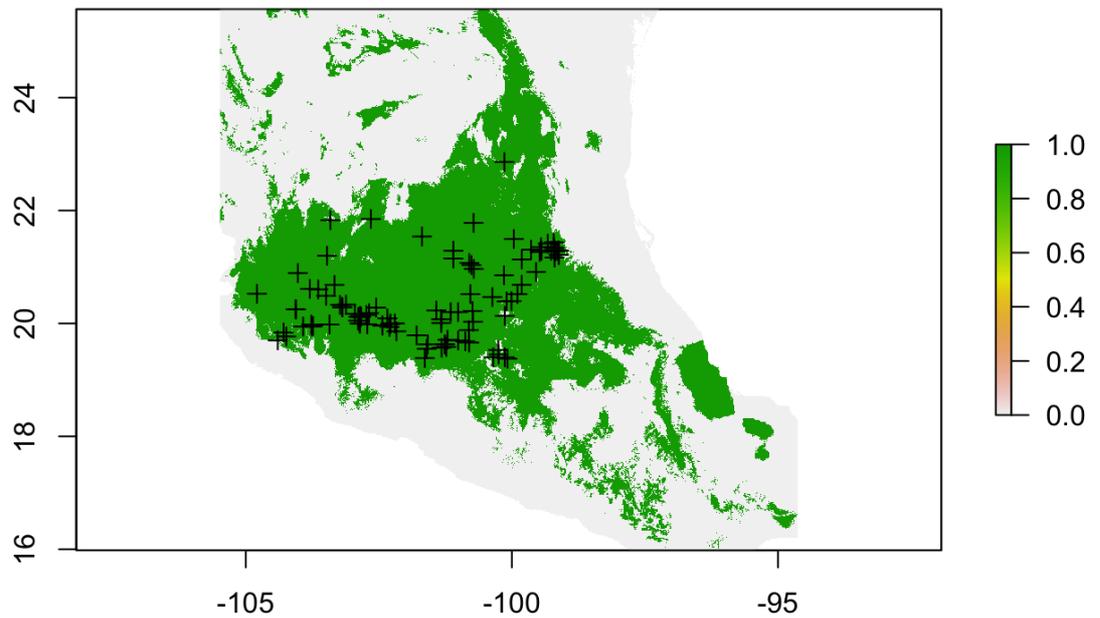
- Cuando se hizo el consenso geográfico se evaluó visualmente cada uno de los modelos. Sin embargo, a los modelos finales se les calculó el AUC y el AUC Ratio en los casos que se pudo con ayuda de los algoritmos de Luis Osorio del Laboratorio de Análisis Espaciales de la UNAM (http://spark.rstudio.com/guen/biodiv_metrics/). AUC Ratio Consensus (=AUCmodelo/AUCaleatoria): si es más grande que 1 quiere decir que el modelo es mejor que el aleatorio, si es 1 es igual que el aleatorio y si es menor quiere decir que es peor que el aleatorio. Cabe mencionar que sí hubo modelos que resultaron peores que el modelo aleatorio.
- A continuación se muestran tres ejemplos, uno donde el modelo es mejor que el aleatorio, uno donde es casi igual, no hubo ningún modelo igual que el aleatorio, y uno donde es peor. Cabe mencionar que en los casos donde los modelos resultaron peores que los aleatorios, se corrieron varias veces. Los nuevos ejercicios no lograron mejorar el modelo.

- **Ejemplos:**

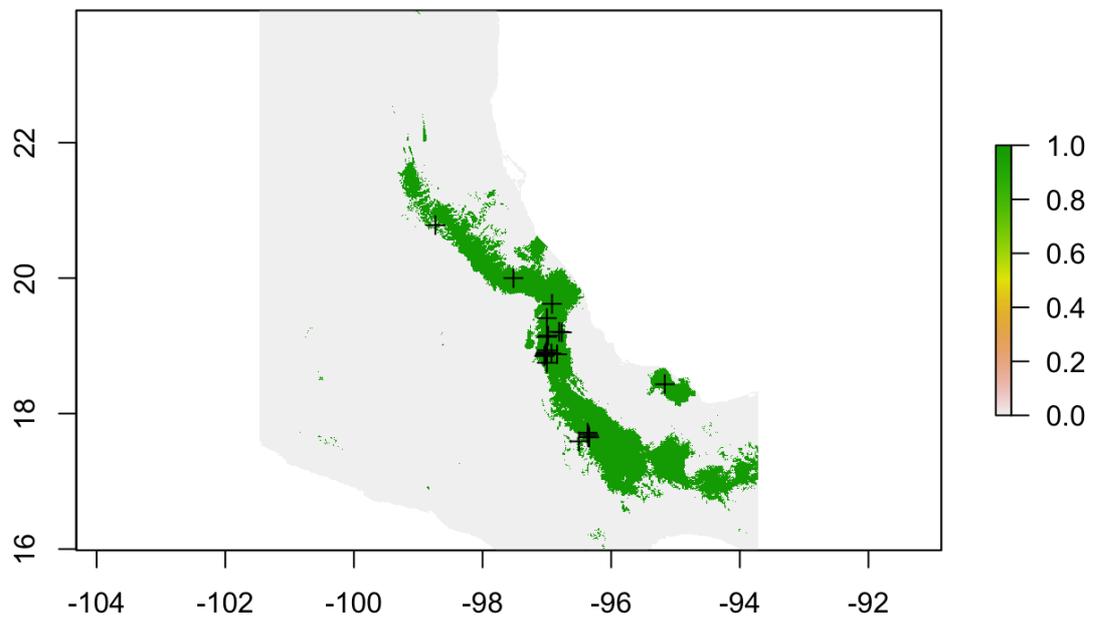
Modelo peor que el aleatorio *Bromeliophyla dendroscarta*



Modelo casi igual (ligeramente mejor) que el aleatorio *Lithobates neovolcanicus*



Modelo mejor que el aleatorio *Bromeliohyla dendroscarta*



7. Medicion de la incertidumbre

- Se obtuvo la incertidumbre de los modelos de nicho ecológico para el presente, que se incluyen dentro del Apéndice 3. En la tabla sólo se toma en cuenta el tamaño del área proyectada.

- Se calculó la incertidumbre de la siguiente manera: para cada una de las áreas de distribución proyectadas por cada algoritmo, se calculó el tamaño en píxeles; con base en esta información se calculó el promedio, la desviación estándar y el coeficiente de variación (CV) de las áreas geográficas. La incertidumbre se estimó en base al coeficiente de variación, ya que esta medida nos dice que tan alejados de la media están los valores de la muestra; en otras palabras nos dice que tanta variación existe dentro del conjunto. Cabe mencionar que estas medidas se calcularon utilizando el umbral de presencia la ROC, aunque estos cortes no se utilizaron para la estimación del área de distribución, la medida de incertidumbre calculada es robusta ya que indica la variación en las proyecciones por los algoritmos. Se determinaron tres categorías, baja incertidumbre ($CV < 1$), media incertidumbre ($>1 CV < 3$), y alta incertidumbre ($CV > 3$).

8. Análisis de sensibilidad y de especificidad

- Uno de los últimos objetivos del proyecto fue calcular la sensibilidad (sensitivity) y la especificidad (specificity) de los modelos de distribución potencial de los anfibios endémicos a México para el presente. La sensibilidad es la probabilidad de que un punto dado al azar resulte positivo cuando la especie está presente (la tasa positiva verdadera, expresada en porcentaje). La especificidad es la probabilidad de que un punto dado al azar de prueba resulte negativo cuando la especie no está presente (la tasa negativa verdadera, expresada en porcentaje). Los algoritmos con mejor desempeño tienen sensibilidad y especificidad cercanas a 100.
- Se calculó la sensibilidad y la especificidad con base en las medidas obtenidas directamente de BIOMOD para cada algoritmo. De estos se obtuvo el promedio y la desviación estándar para determinar la variación entre algoritmos. Con base en estas medidas se clasificaron los modelos de nicho ecológico (MNE) de cada especie de acuerdo a la variación entre los algoritmos que los generaron (ver archivo ROC_modelos_DIC2014.xls).
- Uno de los últimos objetivos del proyecto fue calcular la sensibilidad de las áreas de distribución de los anfibios endémicos para los tres periodos futuros (2039,

2069 y 2099). Sin embargo, debido a que se modificó a una sola el número de proyecciones utilizadas no se realizaron estos cálculos.

9. Proyecciones al futuro

- Originalmente para las proyecciones en el futuro se utilizarían las mismas variables que generaron los modelos para el presente pero derivadas de 10 modelos de cambio climático (ver lista de abajo) en dos escenarios de emisiones (A1B y A2) cada uno, para los periodos 2010-2039, 2040-2069 y 2070-2099. Estos modelos climáticos fueron generados durante la fase 3 del Coupled Model Intercomparison Project (CMIP3). A continuación se muestra la lista de modelos que se pensaban usar en las proyecciones:
 - i. Bjerknnes Centre for Climate Research, Noruega (BCM20)
 - ii. CSIRO Atmospheric Research, Australia (CSMK30)
 - iii. CSIRO Atmospheric Research, Australia (CSMK35).
 - iv. US Dept. of Commerce / NOAA / Geophysical Fluid Dynamics Laboratory, EUA (GFCM20).
 - v. US Dept. of Commerce / NOAA / Geophysical Fluid Dynamics Laboratory, EUA (GFCM21).
 - vi. Center for Climate System Research (The University of Tokyo), National Institute for Environmental Studies, and Frontier Research Center for Global Change, Japón (JAMSTEC) (MIHR).
 - vii. Center for Climate System Research (The University of Tokyo), National Institute for Environmental Studies, and Frontier Research Center for Global Change, Japón (JAMSTEC) (MIMR).
 - viii. NASA / Goddard Institute for Space Studies, EUA (GIAOM).
 - ix. National Center for Atmospheric Research, EUA (NCCCSM).
 - x. Institute for Numerical Mathematics, Rusia (INCM3).

- Se seleccionaron esos modelos porque son los únicos que tenían disponibles los datos (al momento de presentar el proyecto inicial a la CONABIO) para hacer el downscaling apropiado: delta de temperatura y variación en porcentaje para la precipitación. Ya que no es parte de los objetivos del proyecto presentado aquí no entraremos en más detalles sobre los modelos climáticos pero para mayor

información de los parámetros utilizados en cada uno de los modelos de cambio climático se puede recurrir a la página de internet del panel internacional de cambio climático, IPCC (www.ipcc-data.org/ar4/gcm_data.html).

- Se entregaron los conjuntos de variables climáticas en el primer informe para los cuales se utilizó el llamado “método delta” para el downscaling (Maraun et al. 2010), el proceso se tiene que llevar a cabo individualmente para cada modelo de cambio climático y escenario de emisiones (A1B y A2) en cada periodo de tiempo. El método consiste en utilizar las anomalías por mes (deltas) de temperatura (máxima y mínima), y precipitación derivadas de los modelos de circulación general (GMCs). Re-escalar a la resolución deseada, en este caso alrededor 30 arc-segundos (~1 km²). Posteriormente, en el caso de la temperatura, tanto máxima como mínima, sumar el valor absoluto del delta a la cobertura (layer) de las temperaturas observadas al presente, para el presente proyecto Worldclim; para el caso de la precipitación, la cobertura de precipitación presente se multiplicó por el porcentaje del incremento (anomalía relativa). Toda el álgebra de mapas se hizo en R. Una vez obtenido el juego de 36 variables (12 por mes, de temperatura máxima, mínima y precipitación) para cada modelo por cada escenario de emisión se procedió a generar el conjunto de 19 variables para hacerlo compatible con el presente utilizando el script de Hijmans (2006). El mismo procedimiento se realizará para los set de variables climáticas faltantes.
- Sin embargo, debido al tiempo transcurrido desde el envío del proyecto y hasta el momento de empezar a modelar los modelos climáticos anteriormente mencionados ya estaban obsoletos. Debido a esto para las proyecciones en el futuro se decidió utilizar la información más reciente y la última generación de modelos de cambio climático, modelo de cambio climático CMIP5 - Coupled Model Intercomparison Project Phase 5 HadGEM2-ES (Jones et al., 2011) para generar la distribución potencial en los periodos 2050 (promedio para 2041-2060) y 2070 (promedio para 2061-2080). Por lo tanto se generaron únicamente dos proyecciones en el futuro 2050 y 2070; y se utilizó sólo un modelo de cambio climático y un escenario.

- Después de revisar las salidas de todos los algoritmos se optó utilizar la proyección del algoritmo RandomForest con el corte binario que genera BIOMOD a partir de la ROC para las proyecciones al futuro.
- Los modelos de distribución potencial se entregan en formato ascii. Se entregan 213 modelos de distribución potencial actual, 177 modelos de distribución potencial en el 2050 y 175 para el 2070.

IV. Conclusiones y recomendaciones

- Las especies que no se modelaron en su mayoría fue por falta de registros, i.e. tenían tres o menos registros. Sin embargo, cabe resaltar que en algunos casos, específicamente nueve especies, con tres registros únicos sí se pudieron modelar y aparentemente éstas tienen baja sensibilidad en general probablemente debido al sobreajuste (*overfitting*) de los mismos algoritmos.
- Es importante resaltar que a pesar del consenso geográfico estricto resultaba sumamente atractivo para determinar un área precisa de distribución potencial, los resultados fueron un poco desalentadores ya que los modelos quedaron sobreajustados a los puntos de distribución. Dos cosas pudieron haber influido en estos resultados: se utilizaron los valores de ROC como umbrales para determinar la presencia en cada algoritmo y el mismo consenso geográfico estricto. En el primer caso los valores en general son altos, lo cual indica un buen desempeño del algoritmo por un lado, pero al tomarlos como umbral se descartan todos los valores que se alejan de la media; lo mismo sucedió con el consenso geográfico estricto. Por lo cual se decidió utilizar la presencia mínima como umbral de presencia.
- Finalmente es importante resaltar que el hecho de haber utilizado distintos modelos no solo permite obtener medidas interesantes de evaluación del modelo sino que incrementa la robustez del modelo de consenso. No obstante sigue quedando en manos de un experto determinar que tan cercano a la realidad es un modelo de distribución ya que cualquier medida utilizada para evaluar el desempeño de un algoritmo va a estar basada en los mismos datos utilizados para modelar ya sea incluidos o reservados específicamente para dicho propósito.
- Queda pues la pregunta ¿cómo sabemos que un modelo de distribución potencial es un proxy preciso del área de distribución real de cierta especie? La respuesta queda en el aire. Sin embargo, nos gustaría hacer hincapié en que, a fin de desarrollar modelos de

distribución potencial lo más precisos posibles, es absolutamente necesaria la participación de expertos taxónomos en los pasos anteriores a el proceso de modelado, como es la depuración y curación de las bases de datos. Esa es la razón por la cual los expertos, los taxónomos e investigadores de campo se deben incluir en todos los pasos de la generación de los modelos de distribución potencial.

V. Referencias bibliográficas

- Araújo M.B. & Guisan A. (2006) Five (or so) challenges for species distribution modelling. *Journal of Biogeography*, **33**, 1677–1688.
- Araújo M.B. & New M. (2007) Ensemble forecasting of species distributions. *Trends in ecology & evolution*, **22**, 42–7.
- Barve N., Barve V., Jiménez-Valverde A., Lira-Noriega A., Maher S.P., Peterson a. T., Soberón J., & Villalobos F. (2011) The crucial role of the accessible area in ecological niche modeling and species distribution modeling. *Ecological Modelling*, **222**, 1810–1819.
- CNA (1998) Cuencas Hidrológicas de la Comisión Nacional del Agua. Escala: 1:250000. Shapefile. .
- Cornwell W., Schwillk D., & Ackerly D. (2006) A trait-based test for habitat filtering: convex hull volume. *Ecology*, **i**, 1465–1471.
- Elith J. & Graham C.H. (2009) Do they? How do they? WHY do they differ? On finding reasons for differing performances of species distribution models. *Ecography*, **32**, 66–77.
- Elith J., Graham C.H., Anderson R.P., Dudík M., Ferrier S., Guisan A., Hijmans, J. R., Huettmann F., Leathwick J.R., Lehmann A., Li J., Lohmann L.G., Loiselle B.A., Manion G., Moritz C., Nakamura M., Nakazawa Y., Overton J.M., Peterson A.T., Phillips S.J., Richardson K., Scachetti-Pereira R., Schapire R.E., Soberón J., Williams S., Wisz M.S., & Zimmermann N.E. (2006) Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. *Ecography*, **29**, 129–151.
- Frías-Alvarez P., Zúñiga-Vega J.J., & Flores-Villela O. (2010) A general assessment of the conservation status and decline trends of Mexican amphibians. *Biodiversity and Conservation*, **19**, 3699–3742.
- Hijmans R.J., Cameron S.E., Parra J.L., Jones P.G., & Jarvis A. (2005) Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology*, **25**, 1965–1978.
- Jiguet F., Gadot A.-S., Julliard R., Newson S.E., & Couvet D. (2007) Climate envelope, life history traits and the resilience of birds facing global change. *Global Change Biology*, **13**, 1672–1684.
- Jones C.D., Hughes J.K., Bellouin N., Hardiman S.C., Jones G.S., Knight J., Liddicoat S., O'Connor F.M., Andres R.J., Bell C., Boo K.-O., Bozzo a., Butchart N., Cadule P., Corbin K.D., Doutriaux-Boucher M., Friedlingstein P., Gornall J., Gray L., Halloran P.R., Hurtt G., Ingram W.J., Lamarque J.-F., Law R.M., Meinshausen M., Osprey S., Palin E.J., Parsons Chini L., Raddatz T., Sanderson M.G., Sellar a. a., Schurer a., Valdes P., Wood N., Woodward S., Yoshioka M., & Zerroukat M. (2011) The

HadGEM2-ES implementation of CMIP5 centennial simulations. *Geoscientific Model Development*, **4**, 543–570.

Maraun, D., Wetterhall, F., Ireson, A.M., Chandler, R.E., Kendon, E.J., Widmann, M., Brienen, S., Rust, H.W., Sauter, T., Themeßl, M., Venema, V.K.C., Chun, K.P., Goodess, C.M., Jones, R.G., Onof, C., Vrac, M. & Thiele-Eich, I. (2010) Precipitation downscaling under climate change: Recent developments to bridge the gap between dynamical models and the end user. *Reviews in Geophysics*, **48**, RG3003

Meller L., Cabeza M., Pironon S., Barbet-Massin M., Maiorano L., Georges D., & Thuiller W. (2014) Ensemble distribution models in conservation prioritization: from consensus predictions to consensus reserve networks. *Diversity & distributions*, **20**, 309–321.

Ochoa-Ochoa L., Urbina-Cardona J.N., Vázquez L.-B., Flores-Villela O., & Bezaury-Creel J. (2009) The effects of governmental protected areas and social initiatives for land protection on the conservation of Mexican amphibians. *PloS one*, **4**, e6878.

Ochoa-Ochoa L.M., Bezaury-Creel J.E., Vázquez L.B., & Flores-Villela O. (2011) Choosing the survivors? A GIS-based triage support tool for micro-endemics: Application to data for Mexican amphibians. *Biological Conservation*, **144**, 2710–2718.

Pearson R.G., Thuiller W., Araújo M.B., Martinez-Meyer E., Brotons L., McClean C., Miles L., Segurado P., Dawson T.P., & Lees D.C. (2006) Model-based uncertainty in species range prediction. *Journal of Biogeography*, **33**, 1704–1711.

Peterson A.T., Soberón J., Pearson R.G., Anderson R.P., Martínez-Meyer E., Nakamura M., & Araújo M.B. (2011) *Ecological Niches and Geographic Distributions*.

Thuiller A.W., Georges D., & Engler R. (2013) Package “biomod2”: Ensemble platform for species distribution modeling. 89.

Thuiller W., Lafourcade B., Engler R., & Araújo M.B. (2009) BIOMOD - a platform for ensemble forecasting of species distributions. *Ecography*, **32**, 369–373.

VI. Apéndices

Apéndice 1.

Lista de anfibios endémicos de México, número de registros totales por especie, número de registros únicos por celda de 1km x 1km, indicación si se generó un modelo en BIOMOD y si a su vez se hizo el consenso. La sensibilidad y la especificidad se indican con el promedio y la desviación estándar de los valores de cada uno de los modelos de los algoritmos.

Especie	Registros totales	Registros únicos por celda	Modelo en Biomod	Consenso	Sensibilidad	Especificidad
<i>Agalychnis dacnicolor</i>	1922	616	Sí	Sí	90.53 ± 7.51	83.22 ± 2.96
<i>Ambystoma altamirani</i>	554	65	Sí	Sí	85.47 ± 8.98	93.89 ± 2.65
<i>Ambystoma amblycephalum</i>	319	26	Sí	Sí	73.33 ± 10	88.39 ± 8.41
<i>Ambystoma andersoni</i>	107	5	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	86.33 ± 33.09
<i>Ambystoma bombypellum</i>	208	1	No	-	-	-
<i>Ambystoma dumerilii</i>	385	13	Sí	Sí	81.48 ± 33.79	87.67 ± 32.97
<i>Ambystoma flavipiperatum</i>	143	20	Sí	Sí	86.11 ± 25.34	89.72 ± 9.58
<i>Ambystoma granulolum</i>	405	44	Sí	Sí	96.3 ± 7.86	95.22 ± 1.82
<i>Ambystoma leorae</i>	25	7	Sí	Sí	77.78 ± 44.1	77.56 ± 43.97
<i>Ambystoma lermaense</i>	271	21	Sí	Sí	72.22 ± 19.54	90.83 ± 5.53
<i>Ambystoma mexicanum</i>	238	30	Sí	Sí	88.89 ± 8.34	91.28 ± 4.42
<i>Ambystoma ordinarium</i>	329	23	Sí	Sí	86.67 ± 14.14	89.67 ± 3.56
<i>Ambystoma rivulare</i>	130	29	Sí	Sí	62.96 ± 11.11	93.89 ± 5.1
<i>Ambystoma rosaceum</i>	1040	167	Sí	Sí	89.23 ± 4.57	86.44 ± 3.75
<i>Ambystoma silvense</i>	12	1	No	-	-	-
<i>Ambystoma taylori</i>	257	5	Sí	Sí	77.78 ± 44.1	72.44 ± 41.9
<i>Ambystoma velasci</i>	268	42	Sí	Sí	93.06 ± 14.13	94.5 ± 6.76
<i>Anaxyrus compactilis</i>	889	274	Sí	Sí	78.38 ± 4.59	77 ± 8.5
<i>Anaxyrus kelloggi</i>	777	141	Sí	Sí	56.35 ± 41.64	72.22 ± 44.1
<i>Anaxyrus mexicanus</i>	267	80	Sí	Sí	86.11 ± 6.83	90.11 ± 5.04
<i>Bolitoglossa alberchi</i>	45	13	Sí	Sí	66.67 ± 43.3	75.11 ± 42.64
<i>Bolitoglossa chinanteca</i>	13	3	No	No	-	-
<i>Bolitoglossa hermosa</i>	26	3	No	No	-	-
<i>Bolitoglossa macrinii</i>	86	23	Sí	Sí	93.36 ± 6.43	94.32 ± 2.61
<i>Bolitoglossa oaxacensis</i>	1	1	No	-	-	-
<i>Bolitoglossa platydactyla</i>	824	156	Sí	Sí	86.02 ± 8.98	88.89 ± 3.68
<i>Bolitoglossa riletii</i>	51	12	Sí	Sí	94.44 ± 16.67	98.11 ± 4.19
<i>Bolitoglossa veracruzis</i>	27	3	Sí	Sí*	55.56 ± 52.7	24.06 ± 33.89
<i>Bolitoglossa zapoteca</i>	5	3	Sí	Sí*	44.44 ± 52.7	42.78 ± 50.76
<i>Bromeliohyala dendroscarta</i>	438	23	Sí	Sí	96.13 ± 7.35	94.87 ± 3.27
<i>Charadrahyla altipotens</i>	71	9	Sí	Sí	38.89 ± 48.59	35.06 ± 43.11
<i>Charadrahyla chaneque</i>	19	10	Sí	Sí	66.67 ± 25	89.78 ± 15.41

Especie	Registros totales	Registros únicos por celda	Modelo en Biomod	Consenso	Sensitividad	Especificidad
<i>Charadrahyla nephila</i>	181	45	Sí	Sí	87.66 ± 12.96	93.5 ± 6.68
<i>Charadrahyla taeniopus</i>	142	61	Sí	Sí	94.45 ± 5.89	97.83 ± 1.44
<i>Charadrahyla tecuani</i>	3	1	No	-	-	-
<i>Charadrahyla trux</i>	17	7	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	88.11 ± 33.08
<i>Chiropterotriton arboreus</i>	82	15	Sí	Sí	81.48 ± 29.4	95.67 ± 5.95
<i>Chiropterotriton chiropterus</i>	3507	232	Sí	Sí	79.95 ± 4.18	90.44 ± 4.56
<i>Chiropterotriton chondrostega</i>	431	64	Sí	Sí	72.65 ± 10.26	92.89 ± 3.62
<i>Chiropterotriton cracens</i>	1	1	No	-	-	-
<i>Chiropterotriton dimidiatus</i>	511	23	Sí	Sí	66.67 ± 28.28	97 ± 3.04
<i>Chiropterotriton lavae</i>	375	13	Sí	Sí	81.48 ± 17.57	95.5 ± 9.19
<i>Chiropterotriton magnipes</i>	428	22	Sí	Sí	100 ± 0	98.33 ± 2.22
<i>Chiropterotriton mosaueri</i>	6	2	No	-	-	-
<i>Chiropterotriton multidentatus</i>	3050	61	Sí	Sí	81.48 ± 21.56	87.39 ± 9.05
<i>Chiropterotriton orculus</i>	46	10	Sí	Sí	88.89 ± 22.05	94.83 ± 4.21
<i>Chiropterotriton priscus</i>	609	28	Sí	Sí	97.78 ± 6.67	99.39 ± 0.33
<i>Chiropterotriton terrestris</i>	149	12	Sí	Sí	66.67 ± 35.36	84.28 ± 31.93
<i>Craugastor batrachylus</i>	17	3	Sí	Sí*	55.56 ± 52.7	28.11 ± 37.63
<i>Craugastor berkenbuschii</i>	342	101	Sí	Sí	66.67 ± 43.3	72.67 ± 41.42
<i>Craugastor decoratus</i>	210	79	Sí	Sí	90.28 ± 10.42	89.06 ± 4.3
<i>Craugastor galacticorhinus</i>	1	1	No	-	-	-
<i>Craugastor glaucus</i>	6	3	No	No	-	-
<i>Craugastor guerreroensis</i>	8	5	Sí	Sí	55.56 ± 52.7	38.67 ± 43.8
<i>Craugastor hobartsmithi</i>	210	74	Sí	Sí	81.48 ± 10.42	85.22 ± 6.69
<i>Craugastor megalotympanum</i>	7	6	Sí	Sí	77.78 ± 44.1	77.11 ± 43.74
<i>Craugastor mexicanus</i>	1606	284	Sí	Sí	93.18 ± 8.25	85.61 ± 3.06
<i>Craugastor montanus</i>	81	27	Sí	Sí	62.22 ± 32.32	72.94 ± 29.65
<i>Craugastor occidentalis</i>	251	121	Sí	Sí	69.44 ± 28.72	74.06 ± 28.14
<i>Craugastor omiltemanus</i>	54	20	Sí	Sí	75 ± 21.65	92.89 ± 8.43
<i>Craugastor pelorus</i>	21	10	Sí	Sí	77.78 ± 36.32	86.22 ± 32.54
<i>Craugastor polymniae</i>	5	2	No	-	-	-
<i>Craugastor pozo</i>	23	7	Sí	Sí	77.78 ± 44.1	75.78 ± 43.02
<i>Craugastor pygmaeus</i>	883	196	Sí	Sí	86.32 ± 6.01	83.94 ± 4.26
<i>Craugastor rhodopis</i>	2783	461	Sí	Sí	94.38 ± 9.62	89.94 ± 2.32
<i>Craugastor rugulosus</i>	1731	230	Sí	Sí	90.1 ± 8.36	84.94 ± 4.56
<i>Craugastor saltator</i>	61	18	Sí	Sí	97.22 ± 8.33	98.17 ± 2.36
<i>Craugastor silvicola</i>	1	1	No	-	-	-
<i>Craugastor spatulatus</i>	169	37	Sí	Sí	84.13 ± 24.16	95.06 ± 2.13
<i>Craugastor tarahumaraensis</i>	26	17	Sí	Sí	81.48 ± 24.22	80.28 ± 15.24
<i>Craugastor taylori</i>	7	2	No	-	-	-
<i>Craugastor uno</i>	7	7	Sí	Sí	77.78 ± 44.1	69.44 ± 40.28
<i>Craugastor vocalis</i>	259	64	Sí	Sí	77.78 ± 9.76	89.44 ± 4.3
<i>Craugastor vulcani</i>	1120	59	Sí	Sí	100 ± 0	98.06 ± 0.53

Especie	Registros totales	Registros únicos por celda	Modelo en Biomod	Consenso	Sensitividad	Especificidad
<i>Craugastor yucatanensis</i>	21	9	Sí	Sí	66.67 ± 35.36	73.17 ± 28.8
<i>Cryptotriton alvarezdeltoroi</i>	2	2	No	-	-	-
<i>Dendropsophus sartori</i>	151	28	Sí	Sí	94.44 ± 16.67	99.72 ± 0.36
<i>Dendrotriton megarhinus</i>	119	2	No	-	-	-
<i>Dendrotriton xoloccalcae</i>	347	5	Sí	Sí	66.67 ± 50	50.56 ± 46.34
<i>Dermophis oaxacae</i>	36	31	Sí	Sí	68.89 ± 20.28	90.39 ± 8.12
<i>Duellmanohyla chamulae</i>	66	17	Sí	Sí	96.3 ± 11.11	97.11 ± 3.19
<i>Duellmanohyla ignicolor</i>	120	24	Sí	Sí	88.89 ± 14.53	91.11 ± 6.04
<i>Ennomiohyla echinata</i>	3	3	Sí	Sí*	44.44 ± 52.7	16.28 ± 30.07
<i>Ennomiohyla miotypanum</i>	2412	353	Sí	Sí	88.25 ± 4.99	87.44 ± 9.14
<i>Ennomiohyla valancifer</i>	6	5	Sí	Sí	77.78 ± 44.1	77.39 ± 43.88
<i>Eleutherodactylus albolabris</i>	105	21	Sí	Sí	72.22 ± 23.2	77.83 ± 17.38
<i>Eleutherodactylus angustidigitorum</i>	406	66	Sí	Sí	88.03 ± 9.51	85.78 ± 7.67
<i>Eleutherodactylus dennisi</i>	41	26	Sí	Sí	66.67 ± 17.68	87.72 ± 12.38
<i>Eleutherodactylus dilatus</i>	54	13	Sí	Sí	77.78 ± 28.87	89.56 ± 9.74
<i>Eleutherodactylus grandis</i>	13	6	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	87.11 ± 33.03
<i>Eleutherodactylus interorbitalis</i>	18	5	Sí	Sí	44.44 ± 52.7	31.33 ± 43.86
<i>Eleutherodactylus longipes</i>	132	58	Sí	Sí	90.74 ± 12.8	83.17 ± 5.51
<i>Eleutherodactylus maurus</i>	44	9	Sí	Sí	44.44 ± 39.09	59.78 ± 45.53
<i>Eleutherodactylus modestus</i>	38	20	Sí	Sí	72.22 ± 26.35	79.78 ± 8.72
<i>Eleutherodactylus nitidus</i>	1050	364	Sí	Sí	89.97 ± 8.56	81.28 ± 4.22
<i>Eleutherodactylus nivicolimae</i>	67	10	Sí	Sí	83.33 ± 35.36	85.67 ± 32.31
<i>Eleutherodactylus pallidus</i>	67	14	Sí	Sí	88.89 ± 22.05	98.28 ± 0.75
<i>Eleutherodactylus rufescens</i>	18	7	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	86.22 ± 32.81
<i>Eleutherodactylus saxatilis</i>	20	7	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	87.56 ± 32.9
<i>Eleutherodactylus syristes</i>	26	14	Sí	Sí	70.37 ± 26.06	70.89 ± 29.68
<i>Eleutherodactylus teretistes</i>	52	15	Sí	Sí	81.48 ± 17.57	94.06 ± 6.34
<i>Eleutherodactylus verrucipes</i>	193	89	Sí	Sí	83.95 ± 13.45	86.78 ± 5.27
<i>Eleutherodactylus verruculatus</i>	18	7	Sí	Sí	33.33 ± 50	19.39 ± 29.5
<i>Exerodonta abdivita</i>	4	2	No	-	-	-
<i>Exerodonta bivocata</i>	22	6	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	87.78 ± 32.98
<i>Exerodonta chimalapa</i>	26	10	Sí	Sí	94.44 ± 16.67	97.06 ± 4.2
<i>Exerodonta juanita</i>	111	15	Sí	Sí	66.67 ± 37.27	72 ± 31.17
<i>Exerodonta melanomma</i>	272	54	Sí	Sí	81.82 ± 14.37	84.11 ± 5.02
<i>Exerodonta pinorum</i>	97	10	Sí	Sí	83.33 ± 35.36	84.56 ± 31.84
<i>Exerodonta smaragdina</i>	272	63	Sí	Sí	90.74 ± 21.83	75.56 ± 11.29
<i>Exerodonta sumichrasti</i>	534	97	Sí	Sí	80.12 ± 7.34	79.61 ± 5.54
<i>Exerodonta xera</i>	66	15	Sí	Sí	96.3 ± 11.11	94.67 ± 5.69
<i>Hyla arboricola</i>	167	25	Sí	Sí	86.67 ± 20	96.89 ± 2.98
<i>Hyla eximia</i>	4138	786	Sí	Sí	86.7 ± 6.39	85.39 ± 3.78
<i>Hyla plicata</i>	855	148	Sí	Sí	94.07 ± 6.19	90.67 ± 1.46
<i>Incilius cavifrons</i>	256	58	Sí	Sí	97.98 ± 6.06	98.22 ± 2.45

Especie	Registros totales	Registros únicos por celda	Modelo en Biomod	Consenso	Sensitividad	Especificidad
<i>Incilius cristatus</i>	141	48	Sí	Sí	74.44 ± 18.1	81.72 ± 7.87
<i>Incilius cycladen</i>	94	15	Sí	Sí	92.59 ± 14.7	98.78 ± 1.94
<i>Incilius gemmifer</i>	67	20	Sí	Sí	83.33 ± 17.68	92.28 ± 3.58
<i>Incilius macrocristatus</i>	125	62	Sí	Sí	74.07 ± 14.7	78.06 ± 10.54
<i>Incilius marmoreus</i>	2527	643	Sí	Sí	83.42 ± 5.09	87.06 ± 3.04
<i>Incilius mazatlanensis</i>	2840	676	Sí	Sí	92.48 ± 7.12	90.11 ± 2.62
<i>Incilius mccoysi</i>	126	54	Sí	Sí	93.94 ± 7.87	88.72 ± 3.32
<i>Incilius occidentalis</i>	1781	691	Sí	Sí	86.71 ± 8.47	72 ± 4.15
<i>Incilius perplexus</i>	598	178	Sí	Sí	91.66 ± 6.36	92.44 ± 3.11
<i>Incilius pisinnus</i>	23	13	Sí	Sí	85.19 ± 24.22	98.39 ± 1.85
<i>Incilius spiculatus</i>	44	32	Sí	Sí	75.93 ± 38.29	57.44 ± 24.94
<i>Lithobates chichicuahutla</i>	1	1	No	-	-	-
<i>Lithobates dunni</i>	146	25	Sí	Sí	93.33 ± 10	98 ± 1.95
<i>Lithobates johni</i>	71	10	Sí	Sí	83.33 ± 25	97.39 ± 1.58
<i>Lithobates lemosespinali</i>	21	13	Sí	Sí	62.96 ± 38.89	67.94 ± 27.87
<i>Lithobates magnaocularis</i>	430	138	Sí	Sí	80.25 ± 7.86	83.89 ± 4.95
<i>Lithobates megapoda</i>	314	70	Sí	Sí	84.92 ± 12.08	90.17 ± 2.88
<i>Lithobates montezumae</i>	815	245	Sí	Sí	87.98 ± 4.38	88.17 ± 2.6
<i>Lithobates neovolcanicus</i>	423	106	Sí	Sí	57.22 ± 33.92	53.44 ± 32.56
<i>Lithobates omiltemanus</i>	44	11	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	83.72 ± 31.83
<i>Lithobates psilonota</i>	61	14	Sí	Sí	70.37 ± 30.93	70.44 ± 26.78
<i>Lithobates pueblae</i>	14	2	No	-	-	-
<i>Lithobates pustulosus</i>	529	192	Sí	Sí	87.72 ± 4.74	80.67 ± 4.91
<i>Lithobates sierramadrensis</i>	145	65	Sí	Sí	87.18 ± 7.69	86.33 ± 5.91
<i>Lithobates spectabilis</i>	930	219	Sí	Sí	79.8 ± 4.88	77.06 ± 5.03
<i>Lithobates tlaloci</i>	17	9	Sí	Sí	66.67 ± 43.3	74.5 ± 42.45
<i>Lithobates zweifeli</i>	538	141	Sí	Sí	82.54 ± 8.07	83.89 ± 9.13
<i>Megastomatohyla mixe</i>	12	8	Sí	Sí	77.78 ± 36.32	82.56 ± 31.98
<i>Megastomatohyla mixomaculata</i>	31	15	Sí	Sí	100 ± 0	98.5 ± 2.41
<i>Megastomatohyla nubicola</i>	9	5	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	88.67 ± 33.25
<i>Megastomatohyla pellita</i>	29	8	Sí	Sí	44.44 ± 30.05	74.39 ± 42.59
<i>Parvimolge townsendi</i>	140	21	Sí	Sí	91.67 ± 17.68	98.39 ± 1.27
<i>Plectrohyla ameibothalame</i>	9	4	Sí	Sí	55.56 ± 52.7	49.67 ± 47.86
<i>Plectrohyla arborescandens</i>	249	38	Sí	Sí	77.78 ± 16.27	86.06 ± 5.2
<i>Plectrohyla bistincta</i>	203	82	Sí	Sí	81.25 ± 10.83	84.61 ± 5.29
<i>Plectrohyla calthula</i>	73	5	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	87.61 ± 32.88
<i>Plectrohyla calvicollina</i>	2	2	No	-	-	-
<i>Plectrohyla celata</i>	83	14	Sí	Sí	92.59 ± 22.22	98.83 ± 1.46
<i>Plectrohyla cembra</i>	7	4	Sí	Sí	33.33 ± 50	18.39 ± 34.98
<i>Plectrohyla charadricola</i>	115	41	Sí	Sí	91.67 ± 6.25	97.67 ± 2.37
<i>Plectrohyla chryses</i>	45	10	Sí	Sí	61.11 ± 33.33	83.72 ± 32.25
<i>Plectrohyla crassa</i>	36	11	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	84.06 ± 32.22
<i>Plectrohyla cyanomma</i>	100	7	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	88.67 ± 33.25

Especie	Registros totales	Registros únicos por celda	Modelo en Biomod	Consenso	Sensitividad	Especificidad
<i>Plectrohyla cyclada</i>	198	37	Sí	Sí	66.67 ± 14.28	88.67 ± 7.55
<i>Plectrohyla ephemera</i>	7	2	No	-	-	-
<i>Plectrohyla hazelae</i>	31	15	Sí	Sí	88.89 ± 16.67	87.28 ± 14.69
<i>Plectrohyla labedactyla</i>	1	1	No	-	-	-
<i>Plectrohyla lacertosa</i>	78	11	Sí	Sí	94.44 ± 16.67	95.06 ± 9.21
<i>Plectrohyla miahuatlanensis</i>	1	1	No	-	-	-
<i>Plectrohyla mykter</i>	19	10	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	88.72 ± 33.27
<i>Plectrohyla pachyderma</i>	5	2	No	-	-	-
<i>Plectrohyla pentheter</i>	99	28	Sí	Sí	96.3 ± 7.35	89.39 ± 5.78
<i>Plectrohyla psarosema</i>	5	3	No	No	-	-
<i>Plectrohyla pycnochila</i>	7	3	No	No	-	-
<i>Plectrohyla robertsorum</i>	268	16	Sí	Sí	77.78 ± 28.87	89.61 ± 8.8
<i>Plectrohyla sabrina</i>	55	8	Sí	Sí	66.67 ± 50	63 ± 47.35
<i>Plectrohyla siopela</i>	63	5	Sí	Sí	77.78 ± 44.1	77.28 ± 43.82
<i>Plectrohyla thorectes</i>	61	12	Sí	Sí	88.89 ± 22.05	97.22 ± 4.01
<i>Pseudoeurycea ahuitzotl</i>	3	1	No	-	-	-
<i>Pseudoeurycea altamontana</i>	110	21	Sí	Sí	88.89 ± 18.16	97.33 ± 4.75
<i>Pseudoeurycea amuzga</i>	11	5	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	87 ± 32.73
<i>Pseudoeurycea anitae</i>	15	6	Sí	Sí	100 ± 0	91.83 ± 7.9
<i>Pseudoeurycea aquatica</i>	4	2	No	-	-	-
<i>Pseudoeurycea aurantia</i>	10	1	No	-	-	-
<i>Pseudoeurycea bellii</i>	1018	232	Sí	Sí	81.62 ± 7.14	81.94 ± 9.23
<i>Pseudoeurycea boneti</i>	3	3	Sí	Sí*	55.56 ± 52.7	21.78 ± 29.37
<i>Pseudoeurycea cafetalera</i>	11	4	Sí	Sí	55.56 ± 52.7	41.83 ± 48.78
<i>Pseudoeurycea cephalica</i>	1070	266	Sí	Sí	92.87 ± 4.5	89.89 ± 3.52
<i>Pseudoeurycea cochranae</i>	244	72	Sí	Sí	84.92 ± 8.33	87.72 ± 5.3
<i>Pseudoeurycea conanti</i>	4	3	Sí	Sí*	55.56 ± 52.7	29.89 ± 34.51
<i>Pseudoeurycea firscheini</i>	21	10	Sí	Sí	77.78 ± 26.35	95.67 ± 5.97
<i>Pseudoeurycea gadovii</i>	365	29	Sí	Sí	70.37 ± 23.24	93.06 ± 3.17
<i>Pseudoeurycea galeanae</i>	126	25	Sí	Sí	100 ± 0	97.5 ± 4.54
<i>Pseudoeurycea gigantea</i>	9	4	Sí	Sí	55.56 ± 52.7	44.33 ± 52.46
<i>Pseudoeurycea juarezi</i>	454	45	Sí	Sí	88.89 ± 17.57	95 ± 3.48
<i>Pseudoeurycea leprosa</i>	2805	239	Sí	Sí	78.47 ± 29.85	83.22 ± 31.35
<i>Pseudoeurycea lineola</i>	327	27	Sí	Sí	91.11 ± 10.54	95.56 ± 5.08
<i>Pseudoeurycea longicauda</i>	96	5	Sí	Sí	55.56 ± 52.7	53.39 ± 50.76
<i>Pseudoeurycea lynchi</i>	39	5	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	86.17 ± 32.58
<i>Pseudoeurycea maxima</i>	24	7	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	82.5 ± 32.6
<i>Pseudoeurycea melanomolga</i>	96	14	Sí	Sí	88.89 ± 23.57	96.67 ± 1.9
<i>Pseudoeurycea mixcoatl</i>	28	3	Sí	Sí*	77.78 ± 44.1	77.67 ± 44.03
<i>Pseudoeurycea mixteca</i>	24	7	Sí	Sí	66.67 ± 50	60.5 ± 45.87
<i>Pseudoeurycea mystax</i>	12	6	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	88.33 ± 33.13
<i>Pseudoeurycea naucampatepetl</i>	5	1	No	-	-	-
<i>Pseudoeurycea nigra</i>	19	2	No	-	-	-

Especie	Registros totales	Registros únicos por celda	Modelo en Biomod	Consenso	Sensitividad	Especificidad
<i>Pseudoeurycea nigromaculata</i>	95	8	Sí	Sí	77.78 ± 26.35	95.78 ± 6.93
<i>Pseudoeurycea obesa</i>	5	3	Sí	Sí*	77.78 ± 44.1	77.33 ± 43.85
<i>Pseudoeurycea orchileucos</i>	2	2	No	-	-	-
<i>Pseudoeurycea orchimelas</i>	23	9	Sí	Sí	83.33 ± 35.36	87.61 ± 32.88
<i>Pseudoeurycea papenfussi</i>	21	7	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	88.89 ± 33.33
<i>Pseudoeurycea parva</i>	19	8	Sí	Sí	88.89 ± 22.05	98.78 ± 1.39
<i>Pseudoeurycea praezellens</i>	2	2	No	-	-	-
<i>Pseudoeurycea quetzalanensis</i>	11	8	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	86.94 ± 32.84
<i>Pseudoeurycea robertsi</i>	319	27	Sí	Sí	73.33 ± 14.14	96.5 ± 2.78
<i>Pseudoeurycea ruficauda</i>	10	3	Sí	Sí*	66.67 ± 50	65.72 ± 49.32
<i>Pseudoeurycea saltator</i>	64	13	Sí	Sí	70.37 ± 30.93	97.89 ± 1.56
<i>Pseudoeurycea scandens</i>	125	33	Sí	Sí	90.47 ± 7.15	96.17 ± 3.54
<i>Pseudoeurycea smithi</i>	2273	56	Sí	Sí	85.86 ± 9.22	93.78 ± 3.36
<i>Pseudoeurycea tenchalli</i>	2	1	No	-	-	-
<i>Pseudoeurycea teotepec</i>	1	1	No	-	-	-
<i>Pseudoeurycea tlahcuiloh</i>	29	4	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	88.83 ± 33.31
<i>Pseudoeurycea tlilixitl</i>	2	2	No	-	-	-
<i>Pseudoeurycea unguidentis</i>	99	9	Sí	Sí	66.67 ± 43.3	62.44 ± 37.49
<i>Pseudoeurycea werleri</i>	187	35	Sí	Sí	80.95 ± 14.29	97 ± 6.25
<i>Ptychohyla acrochorda</i>	191	11	Sí	Sí	55.56 ± 39.09	71.78 ± 42.32
<i>Ptychohyla erythromma</i>	26	11	Sí	Sí	77.78 ± 44.1	64.67 ± 38.71
<i>Ptychohyla leonhardschultzei</i>	273	70	Sí	Sí	89.68 ± 8.08	81.83 ± 5.97
<i>Ptychohyla zophodes</i>	175	40	Sí	Sí	87.5 ± 13.98	90.5 ± 5.03
<i>Smilisca dentata</i>	191	7	Sí	Sí	77.78 ± 44.1	70.83 ± 41.33
<i>Thorius adelos</i>	7	6	Sí	Sí	77.78 ± 44.1	76.72 ± 43.54
<i>Thorius arboreus</i>	31	12	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	88.61 ± 33.23
<i>Thorius aureus</i>	81	6	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	88.61 ± 33.23
<i>Thorius boreas</i>	94	13	Sí	Sí	92.59 ± 22.22	99.56 ± 0.46
<i>Thorius dubitus</i>	388	26	Sí	Sí	100 ± 0	88.5 ± 8.9
<i>Thorius grandis</i>	91	6	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	88.89 ± 33.33
<i>Thorius infernalis</i>	2	1	No	-	-	-
<i>Thorius insperatus</i>	1	1	No	-	-	-
<i>Thorius lunaris</i>	140	6	Sí	Sí	88.89 ± 33.33	88.39 ± 33.16
<i>Thorius macdougalli</i>	994	51	Sí	Sí	77.78 ± 17.16	92.61 ± 8.15
<i>Thorius magnipes</i>	82	9	Sí	Sí	77.78 ± 44.1	75.11 ± 42.68
<i>Thorius minutissimus</i>	205	9	Sí	Sí	55.56 ± 52.7	36.5 ± 36.38
<i>Thorius minydemus</i>	6	2	No	-	-	-
<i>Thorius munificus</i>	127	13	Sí	Sí	77.78 ± 33.33	84.94 ± 32.22
<i>Thorius narismagnus</i>	30	8	Sí	Sí	61.11 ± 22.05	95 ± 12.44
<i>Thorius narisovalis</i>	1348	63	Sí	Sí	95.73 ± 6.79	91.83 ± 4.7
<i>Thorius omiltemi</i>	173	12	Sí	Sí	94.44 ± 16.67	99.33 ± 0.71
<i>Thorius papaloae</i>	99	9	Sí	Sí	38.89 ± 22.05	74.67 ± 42.5

Especie	Registros totales	Registros únicos por celda	Modelo en Biomod	Consenso	Sensitividad	Especificidad
<i>Thorius pennatulus</i>	1052	35	Sí	Sí	73.01 ± 18.13	86.28 ± 16.12
<i>Thorius pulmonaris</i>	266	36	Sí	Sí	98.41 ± 4.76	93.06 ± 4.94
<i>Thorius schmidtii</i>	223	13	Sí	Sí	77.78 ± 37.27	83.44 ± 32.18
<i>Thorius smithii</i>	2	2	No	-	-	-
<i>Thorius spilogaster</i>	170	7	Sí	Sí	77.78 ± 44.1	76.22 ± 43.24
<i>Thorius troglodytes</i>	594	25	Sí	Sí	95.56 ± 8.82	96.56 ± 3.05
<i>Tlalocohyla godmani</i>	387	42	Sí	Sí	81.94 ± 9.08	93.83 ± 5.56
<i>Tlalocohyla smithii</i>	3170	474	Sí	Sí	95.45 ± 4.28	82.5 ± 4.73

Apéndice 2.

Lista de las colecciones incluidas en la base de datos de anfibios endémicos a México que se utilizó para modelar las áreas de distribución.

Nombre de la Colección

American Museum of Natural History
Academy of Natural Sciences of Philadelphia
Arizona State University
Brigham Young University
California Academy of Sciences
Centro de Investigaciones Biológicas, Universidad Autónoma del Estado de Morelos
Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional, Unidad Oaxaca, IPN
Carnegie Museum of Natural History
Escuela de Biología, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla
Museo de Zoología, El Colegio de la Frontera Sur, Unidad Chetumal
El Colegio de la Frontera Sur, Unidad San Cristóbal de las Casas
Departamento de Zoología, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, IPN
Museo de Zoología "Alfonso L. Herrera", Facultad de Ciencias, UNAM
Florida Museum of Natural History, University of Florida
Field Museum of Natural History
Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México
Departamento de Zoología, Instituto de Historia Natural, Chiapas
[James Ford] Bell Museum of Natural History, University of Minnesota
University of Kansas Biodiversity Institute
Los Angeles County Museum of Natural History
Louisiana Museum of Natural History
Museum of Comparative Zoology, Harvard University
Milwaukee Public Museum
Museo Civico di Storia Naturale di Genova 'Giacoma Doria'
University of Oklahoma, Sam Noble Oklahoma Museum of Natural History
Royal Ontario Museum
San Diego Society of Natural History, San Diego Natural History Museum
Strecker Museum, Baylor University
Saskatchewan Museum of Natural History
Sangmyung University
Sul Ross State University
Texas Cooperative Wildlife Collection, Texas A & M University
Texas Natural History Collections, Texas Natural Science Center, Texas Memorial Museum, University of Texas at Austin, Austin, Texas
University of Arizona, Department of Ecology and Evolutionary Biology
Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León
University of California, Los Angeles
University of Colorado Museum of Natural History
University of Illinois Museum of Natural History

Nombre de la Colección

University of Michigan Museum of Zoology

Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, UNAM

National Museum of Natural History, Smithsonian Institution

University of Texas at Arlington, Department of Biology

University of Texas at El Paso, Department of Biological Sciences and Centennial Museum

Yale University

Zoologische Staatssammlung München