

Informe final* del Proyecto JM043

Modelado de la distribución geográfica de especies de ratones endémicos de bosque mesófilo

Responsable: Dr. Francisco Xavier González Cózatl
Institución: Universidad Autónoma del Estado de Morelos
Centro de Investigación en Biodiversidad y Conservación
Departamento de Sistemática y Evolución
Dirección: Av. Universidad # 1001, Chamilpa, Cuernavaca, Mor, 62210 , México
Correo electrónico: xavier@uaem.mx
Teléfono, fax 01 (777) 329-70 19 Ext. 3305
Fecha de inicio: Julio 31, 2012
Fecha de término: Julio 23, 2014
Principales resultados: Base de datos, cartografía, Informe final
Forma de citar el informe final y otros resultados:** González-Cózatl, F. X. 2014. Modelado de la distribución geográfica de especies de ratones endémicos de bosque mesófilo. Universidad Autónoma del Estado de Morelos. Centro de Investigación en Biodiversidad y Conservación. **Informe final SNIB-CONABIO, proyecto No. JM043.** México D. F.

Resumen:

En este proyecto se modeló la distribución geográfica de seis grupos biológicos; tres especies de *Megadontomys* y tres de *Reithrodontomys* *microdon* (considerando la evidencia genética que apoya la existencia de varias entidades taxonómicas distintas en este último grupo; ver abajo). Como lo sugieren estudios recientes, la distribución geográfica de algunos de estos grupos (*M. thomasi*, *R. wagneri*) puede ser más amplia de lo que se propone actualmente, mientras que para otros taxones (*M. cryophilus*, *R. albilabris*), la distribución es muy reducida. Además, todos ellos representan entidades biológicas cuyas poblaciones se encuentran en riesgo, por lo que han sido incluidas en la NOM-059-SEMARNAT como especies prioritarias para su conservación. En este contexto, resulta de suma importancia realizar estimaciones precisas sobre su distribución geográfica potencial, como un elemento adicional en el planteamiento de estrategias adecuadas para su conservación.

La propuesta original del proyecto contempló trabajar con un total seis especies de roedores; tres del género *Megadontomys* (*M. cryophilus*, *M. nelsoni*, *M. thomasi*) y tres del género *Reithrodontomys* (*R. albilabris*, *R. microdon* y *R. wagneri*). En el caso de *Reithrodontomys*, aunque actualmente los tres taxones incluidos son reconocidos como subespecies (*R. microdon albilabris*, *R. m. microdon* y *R. m. wagneri*), en la propuesta de este proyecto se contempló considerar a estos grupos como especies, ya que se cuenta con evidencia genética que indica que estos grupos representan distintas entidades a nivel específico (Arellano et al. 2003; 2005; Rogers, González-Cózatl y Arellano, en preparación). Por lo tanto, en este informe final y en los productos que se entregan se mantiene el nombre a nivel de especie para los grupos de *Reithrodontomys*, tal y como se establece en los términos de referencia de este proyecto. No obstante, cabe mencionar que, en las revisiones finales de la Subdirección de Inventarios Bióticos se indicó que mientras no existiera una publicación con la descripción formal de estos grupos a nivel de especie, era más conveniente seguirlos considerando como entidades a nivel subespecífico en la base de datos. En virtud de lo anterior, solo en la base de datos se manejan los tres grupos de *Reithrodontomys* a nivel subespecífico.

-
- * 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.

INFORME FINAL

Nombre del proyecto: “Modelado de la distribución geográfica de especies de ratones endémicos de bosque mesófilo”.

Número de proyecto: JM043

Responsable del proyecto: Dr. Francisco X. González Cózatl

Índice general

Resumen

Introducción

Desarrollo del proyecto

1. Calidad de información
2. Definición de la M
3. Selección de variables
4. Método de modelación
5. Evaluación de los modelos
6. Modelos

Conclusiones y recomendaciones

Literatura citada

Anexos:

ANEXO I: Proceso particular de control de calidad y limpieza de datos.

ANEXO II: Análisis de correlación de variables ambientales

Resumen

En este proyecto se modeló la distribución geográfica de seis grupos biológicos; tres especies de *Megadontomys* y tres de *Reithrodontomys microdon* (considerando la evidencia genética que apoya la existencia de varias entidades taxonómicas distintas en este último grupo; ver abajo). Como lo sugieren estudios recientes, la distribución geográfica de algunos de estos grupos (*M. thomasi*, *R. wagneri*) puede ser más amplia de lo que se propone actualmente, mientras que para otros taxones (*M. cryophilus*, *R. albilabris*), la distribución es muy reducida. Además, todos ellos representan entidades biológicas cuyas poblaciones se encuentran en riesgo, por lo que han sido incluidas en la NOM-059-SEMARNAT como especies prioritarias para su conservación. En este contexto, resulta de suma importancia realizar estimaciones precisas sobre su distribución geográfica potencial, como un elemento adicional en el planteamiento de estrategias adecuadas para su conservación.

La propuesta original del proyecto contempló trabajar con un total seis especies de roedores; tres del género *Megadontomys* (*M. cryophilus*, *M. nelsoni*, *M. thomasi*) y tres del género *Reithrodontomys* (*R. albilabris*, *R. microdon* y *R. wagneri*). En el caso de *Reithrodontomys*, aunque actualmente los tres taxones incluidos son reconocidos como subespecies (*R. microdon albilabris*, *R. m. microdon* y *R. m. wagneri*), en la propuesta de este proyecto se contempló considerar a estos grupos como especies, ya que se cuenta con evidencia genética que indica que estos grupos representan distintas entidades a nivel específico (Arellano et al. 2003; 2005; Rogers, González-Cózatl y Arellano, en preparación). Por lo tanto, en este informe final y en los productos que se entregan se mantiene el nombre a nivel de especie para los grupos de *Reithrodontomys*, tal y como se establece en los términos de referencia de este proyecto. No obstante, cabe mencionar que, en las revisiones finales de la Subdirección de Inventarios Bióticos se indicó que mientras no existiera una publicación con la descripción formal de estos grupos a nivel de especie, era más conveniente seguirlos considerando como entidades a nivel subespecífico en la base de datos. En virtud de lo anterior, solo en la base de datos se manejan los tres grupos de *Reithrodontomys* a nivel subespecífico.

Introducción

Los roedores cricétidos son un componente importante de la rica mastofauna mexicana cuyo conocimiento biológico es aún incompleto. Entre los aspectos que no se han abordado de manera precisa en este grupo de mamíferos, destacan elementos como su sistemática y su distribución geográfica. Indudablemente, el primero es un aspecto crucial en el conocimiento de la biodiversidad ya que es fundamental identificar primero las unidades básicas (especies) que integran esta riqueza biológica y, posteriormente, evaluar otros aspectos de la historia natural de estas entidades, incluyendo su distribución geográfica. Estudios recientes indican que en nuestro país existe un número importante de especies crípticas de mamíferos, las cuales están siendo descubiertas gracias al empleo de datos genéticos (González-Cózatl et al., 2009). Un ejemplo es el caso de *Reithrodontomys microdon*, una especie que habita bosques mesófilos por arriba de los 2,500 msnm. Por mucho tiempo *R. microdon* fue reconocida como una especie formada por tres poblaciones alopátricas distribuidas en la parte central del Eje Volcánico Transversal (*R. microdon wagneri*), Oaxaca (*R. microdon albilabris*) y Chiapas y Guatemala (*R. microdon microdon*; Hooper, 1952; Hall, 1981). Recientemente Arellano et al. (2003; 2005) demostraron que las poblaciones de *R. microdon* de Oaxaca y Chiapas representan linajes evolutivos independientes con altos niveles de divergencia genética entre sí, lo que sugiere que estas poblaciones que se encuentran geográficamente aisladas representan especies distintas. Además, datos genéticos generados recientemente sugieren que las poblaciones del eje volcánico transversal también representan un grupo filogenético distinto a nivel de especie (Rogers, González-Cózatl y Arellano, en preparación). Actualmente se está trabajando en la descripción y reconocimiento formal de estos tres linajes evolutivos como especies diferentes (*R. albilabris*, *R. microdon* y *R. wagneri*; Rogers, González-Cózatl y Arellano, en preparación). Por otro lado, es importante resaltar que *R. microdon* es un grupo que ha sido poco colectado, razón por la que se le considera como raro y que ha motivado su inclusión en la NOM-059-SEMARNAT como especie amenazada. Una revisión preliminar de los registros de *R. microdon* en 14 colecciones de México y Estados Unidos indica que solo existen 164 ejemplares colectados de esta especie entre 1894 y 2009. Además, en estas colecciones solo existe registro de 18 sitios de colecta (7 en el Eje Volcánico Transversal, 6 en Oaxaca y 5 en Chiapas). Aunque se ha sugerido que esta especie podría tener hábitos arborícolas (Hopper, 1952), hasta hace poco ningún estudio formal había evaluado esta propuesta. Recientemente se documentó la presencia de *R. microdon* en bosques del estado de Morelos y se inició un estudio en el que se evalúa la abundancia y distribución espacial de este grupo (González-Téllez y González-Cózatl, en preparación). Los resultados indican que esta especie es preferentemente de hábitos arborícolas ya que el 95% de las capturas ha sido en árboles a alturas entre 4 y 15 m del suelo. Estos datos sugieren que los pocos registros históricos de este grupo se podrían explicar en virtud de que la mayoría de colectas de ratones está basado principalmente en muestreos realizados en el suelo, y rara vez es considerado un muestreo para roedores en el dosel de los bosques. Evidentemente, estos resultados sugieren que la distribución real de la especie puede ser más amplia de lo que se ha propuesto hasta ahora. De hecho, colectas recientes de individuos con características morfológicas y genéticas similares a

la de *R. microdon* (fuera de las áreas de distribución geográfica conocidas), apoyan este planteamiento.

El género *Megadontomys* es otro grupo de ratones que habita los bosques mesófilos de México, a altitudes por arriba de los 1,800 msnm. Actualmente se reconocen tres especies que se distribuyen de forma alopátrica en diferentes sistemas montañosos de nuestro país (*M. thomasi* = Sierra Madre del Sur, *M. cryophilus* = Tierras altas del norte de Oaxaca y *M. nelsoni* = Sierra Madre Oriental). Como en el caso de *R. microdon*, éste representa otro ejemplo que demuestra como la incorrecta delimitación taxonómica de especies tiene implicaciones en el conocimiento de los rangos de distribución geográfica de cada grupo. Recientemente se revaluó la sistemática de este grupo y se demostró que hay algunas imprecisiones en la determinación taxonómica de organismos colectados en varias localidades (Vallejo y González-Cózatl, 2012), lo que resulta en una delimitación incorrecta de las áreas de distribución de las especies de este género. En este estudio se definieron claramente los límites taxonómicos de las poblaciones de este género reportadas hasta ahora. Adicionalmente, en el mismo trabajo se registraron nuevas áreas de ocurrencia de las tres especies, lo que hace evidente que su distribución geográfica es más amplia de lo que se pensaba (Carleton, 1980; Vallejo y González-Cózatl, 2012). Es importante resaltar que las tres especies de este género se encuentran listadas en la NOM-059-SEMARNAT (*M. thomasi* = amenazada, *M. cryophilus* = amenazada y *M. nelsoni* = protección especial) lo que hace prioritario estimar con mayor precisión sus rangos potenciales de distribución.

Desarrollo del Proyecto

1. Calidad de información

Se conformó una base de datos con una estructura basada en el estándar *Darwin Core* usando el formato Microsoft Excel. En la base de datos se incluyen los registros de presencia de seis taxones: *Megadontomys cryophilus*, *M. nelsoni*, *M. thomasi*, *Reithrodontomys albilabris*, *R. microdon* y *R. wagneri*.

Los registros de presencia fueron recopilados a partir de la consulta de distintas bases de datos públicas con registro de ejemplares de mamíferos: REMIB (Conabio), UNIBIO (UNAM), MaNIS (Mammal Network Information System), ARCTOS (Collection Management Information System), GBIF (Global Biodiversity Information Facility). Adicionalmente se solicitó a la Conabio información de registros de colecta de las especies incluidas en el proyecto que se encuentran en el SNIB.

La búsqueda de datos incluyó la consulta de 90 colecciones biológicas en diversas instituciones académicas de México y el extranjero. De este total solo 26 tuvieron registros de al menos una de las especies incluidas en el proyecto.

Como parte del control de calidad de la base de datos se siguieron los lineamientos establecidos en Instructivo para la conformación de bases de datos compatibles con el Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad (SNIB) para modelar la distribución geográfica de las especies, 2011.

En el caso de las especies del género *Megadontomys* (*M. cryophilus*, *M. nelsoni* y *M. thomasi*), la limpieza y depurado de los registros se basó en la experiencia del responsable del proyecto (Dr. Francisco X. González-Cózatl) quien ha trabajado en aspectos de sistemática y distribución de grupo. Actualmente se tiene evidencia genética de los límites taxonómicos de las entidades que integran este grupo de mamíferos (Vallejo y González-Cózatl, 2012). Esta evidencia estuvo basada en un muestreo geográfico amplio que permitió establecer los posibles límites geográficos de cada taxón.

Con respecto a las especies de *Reithrodontomys* incluidas en el proyecto (*R. microdon*, *R. albilabris* y *R. wagneri*), la limpieza y depuración de la base de datos también se apoyó en la experiencia del responsable del proyecto quien ha realizado intensivo trabajo de colecta y ha estudiado aspectos de sistemática del género *Reithrodontomys* (Arellano et al., 2005; Rogers, González-Cózatl y Arellano, en preparación). La información genética generada en estos trabajos ha permitido establecer los límites taxonómicos dentro del grupo y, en consecuencia, se ha logrado establecer áreas preliminares de distribución de cada grupo.

Como parte del proceso de limpieza, inicialmente se proyectaron los puntos georeferenciados en el espacio geográfico para determinar si estos correspondían a las áreas históricas de distribución de las especies. Para cada grupo biológico se generó un mapa que muestra la ubicación de dichos registros obtenidos de las bases de datos

consultadas (ver mapas en Anexo I). Es importante destacar que tanto las especie del género *Megadontomys* como del género *Reithrodontomys* ocurren en bosques templados húmedos a altitudes por arriba de los 1,500 msnm en varios sistemas montañosos de México. Aunque en este paso del proceso de limpieza aún no se incorporaba información de la variables ambientales, el dato altitud estaba registrado en las bases de datos y fue considerado como un elemento preliminar para detectar puntos dudosos (aquellos ubicado a menos de 1,500 msnm). Cuando algún punto no coincidía con la altitud mínima esperada, se revisaba la información de la descripción de la localidad para evaluar si el dato de georreferenciación era correcto. Si la información disponible permitía hacer el ajuste, se realizaba la modificación del dato de ubicación (coordenadas geográficas). En caso negativo, se eliminaba dicho registro.

Para aquellos puntos ubicados en el área histórica de distribución se obtuvo la información climática/ambiental de las siete capas de variables que se usaron en la modelación de la distribución (ver Tabla X y justificación de variables en la sección de selección de variables) usando la aplicación *Spatial Analyst Tools / Extracting / Extract Multi Values to Points* de ArcGis (versión 10).

Para confirmar la validez de los registros y verificar la existencia de registros fuera del rango en el que la especie podría ocurrir, se graficó la distribución de frecuencias de los registros en distintos intervalos para cada variable y para cada especie (ver Anexo I).

Como resultado del proceso completo de control de calidad y limpieza de datos se eliminaron registros cuya ubicación geográfica no se ajustaba a las condiciones de nicho ecológico en que estas especies ocurren naturalmente (bosques templados húmedos), incluyendo "outliers". Además, con base en la información genética generada en los trabajos sobre sistemática de los grupos, se corrigieron varios registros que tenían una incorrecta identificación taxonómica de la especie, en relación a su localidad de colecta y a la distribución conocida de cada grupo. Hasta este punto, se obtuvo una base de datos (BaseDatosFinalJM043) que incluyó registros de colecta múltiples en la misma localidad (Tabla 1).

Tabla 1. Número de registros por grupo taxonómico, antes y después del proceso de control de calidad y limpieza de datos.

Taxón	No. registros antes de control de calidad y limpieza de datos	No. registros después de control de calidad y limpieza de datos
<i>Megadontomys cryophilus</i>	269	228
<i>Megadontomys nelsoni</i>	126	86
<i>Megadontomys thomasi</i>	214	214
<i>Reithrodontomys albilabris</i>	30	29
<i>Reithrodontomys microdon</i>	136	131
<i>Reithrodontomys wagneri</i>	31	30
TOTAL	806	718

La base de datos final incluyó registros ya vinculados al SNIB, registros vinculados al GBIF (no incluidos en el SNIB) y registros no vinculados al SNIB ni al GBIF (Tabla 2).

Tabla 2. Número de registros por fuentes de información

Base de datos	No. registros
SNIB	436
GBIF	11
Otras fuentes	271
TOTAL	718

El número de registros nuevos que no estaban incorporados al SNIB es de 282. De estos nuevos registros, 188 corresponden a especies de *Megadontomys* y 94 a especies de *Reithrodontomys* (Tabla 3).

Tabla 3. Número de registros nuevos para el SNIB por grupo taxonómico e institución de procedencia.

Taxón	Institución de procedencia	No. registros
<i>Megadontomys cryophilus</i>	CIByCUAEM	16
<i>Megadontomys cryophilus</i>	FMNH	2
<i>Megadontomys cryophilus</i>	KUNHM	46
<i>Megadontomys cryophilus</i>	MVZ-UCB	3
<i>Megadontomys cryophilus</i>	NHM	6
<i>Megadontomys nelsoni</i>	CIByCUAEM	18
<i>Megadontomys nelsoni</i>	IBUNAM	26
<i>Megadontomys nelsoni</i>	MVZ-UCB	3
<i>Megadontomys thomasi</i>	CIByCUAEM	37
<i>Megadontomys thomasi</i>	ENCB	7
<i>Megadontomys thomasi</i>	FMNH	1
<i>Megadontomys thomasi</i>	IBUNAM	1
<i>Megadontomys thomasi</i>	KUNHM	9
<i>Megadontomys thomasi</i>	MSU	2
<i>Megadontomys thomasi</i>	MVZ-UCB	6
<i>Megadontomys thomasi</i>	NHM	5
<i>Reithrodontomys albilabris</i>	KUNHM	1
<i>Reithrodontomys albilabris</i>	ND	1
<i>Reithrodontomys albilabris</i>	NHM	2
<i>Reithrodontomys albilabris</i>	UMMZ	3
<i>Reithrodontomys microdon</i>	CIByCUAEM	12
<i>Reithrodontomys microdon</i>	ECOSUR-SC	1
<i>Reithrodontomys microdon</i>	FMNH	2
<i>Reithrodontomys microdon</i>	IHNE	2
<i>Reithrodontomys microdon</i>	KUNHM	21

<i>Reithrodontomys microdon</i>	MVZ-UCB	6
<i>Reithrodontomys microdon</i>	NMNH-SI	20
<i>Reithrodontomys microdon</i>	UMMZ	8
<i>Reithrodontomys wagneri</i>	CIByCUAEM	10
<i>Reithrodontomys wagneri</i>	UMMZ	5

Para efectos del modelado, se eliminaron registros redundantes representando el mismo sitio. El número de registros por taxón se muestra en la Tabla 4.

Tabla 4. Número de registros por grupo taxonómico usados para el modelado

Taxón	No. registros usados para el modelado
<i>Megadontomys cryophilus</i>	34
<i>Megadontomys nelsoni</i>	25
<i>Megadontomys thomasi</i>	41
<i>Reithrodontomys albilabris</i>	13
<i>Reithrodontomys microdon</i>	41
<i>Reithrodontomys wagneri</i>	17

2. Delimitación del área accesible "M" de las especies incluidas en el proyecto.

La estimación del área accesible "M" es un paso fundamental ya que tiene implicaciones importantes en diferentes aspectos de la modelación de la distribución de una especie (Barve et al., 2011). Con base en el conocimiento que se ha generado sobre la biología de los grupos evaluados y atendiendo la recomendación de Soberón (2010), el área "M" de cada especie se ajustó utilizando distintos esquemas de regionalización, según correspondía (Provincias Biogeográficas, Ecoregiones terrestres, Subcuencas, Tipos de Vegetación, Hidrografía y Curvas de Nivel; ver abajo). Aunque para nuestro proyecto se sugirió ampliar el área "M" de las especies para explorar regiones adicionales (adyacentes) de distribución potencial de las mismas, se decidió hacer delimitaciones acotadas a regiones bióticas ya establecidas, pero afinadas con base a barreras geográficas que se sabe marcan el límite entre especies hermanas o cercanamente emparentadas, como en el caso de las especies del género *Megadontomys*.

Por ejemplo, *Megadontomy nelsoni* ocurren en la porción norte y centro de la Sierra Madre Oriental y *M. cryophilus* en la porción sur del mismo sistema montañoso, además de la Sierra de Juárez, en Oaxaca. El límite de la distribución entre ambas especies es el Río Santo Domingo. Cuando se hace la predicción de la distribución de cada una de las especies sin acotar el área "M" a esa barrera geográfica (y desde luego a una región biótica definida), los modelos generados por una especie incluyen áreas de distribución de la otra especie, y viceversa (además de otras áreas del país; ver Fig. 1).

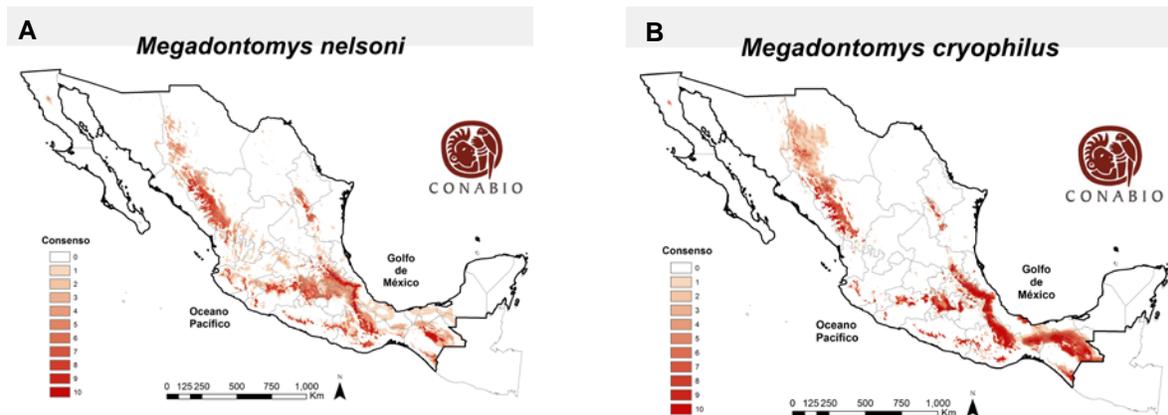


Figura 1. Mapa de distribución potencial de *Megadontomys nelsoni* (A) y *M. cryophilus* (B) sin acotar el área "M" a barreras geográficas conocidas y a regiones bióticas en la que se sabe ocurren dichas especies.

En el caso de las especies de *Megadontomys* se ha sugerido que, en el pasado, existía una sola población ancestral que se distribuía de forma continua en bosques húmedos templados, pero que, por eventos históricos de cambio climático, distintas poblaciones quedaron asiladas, ocupando diferentes áreas de distribución y originando las especies reconocidas ahora (*M. cryophilus*, *M. nelsoni* y *M. thomasi*; Vallejo y González-Cózatl, 2012). Por lo tanto, se tomó en cuenta este tipo de información para hacer una delimitación adecuada de las áreas "M" y no sobre predecir áreas en la que se sabe, son ocupadas por grupos hermanos o cercanamente emparentados, pero que ocupan nichos ecológicos similares.

Particularmente, la delimitación del área accesible "M" de las especies del género *Megadontomys* estuvo basada en la información generada reciente sobre la sistemática y distribución del grupo (Vallejo y González-Cózatl, 2012). En este trabajo se demuestra que todas las especies del género *Megadontomys* habitan en partes altas de varios sistemas montañosos de México (por arriba de los 1,500 msnm), particularmente en bosques húmedos templados o bosques mesófilos de montaña. En general, este grupo de roedores es sensible a los efectos de la perturbación, por lo que no se ha registrado en ambientes con algún grado de disturbio. El área M de cada especie se definió considerando las barrera geográficas que delimitan los sistemas montañosos en que se ha registrado cada taxón.

Megadontomys cryophilus

Esta especie está restringida a las partes altas de la Sierra de Juárez, Oaxaca (Vallejo y González-Cózatl, 2012). Aunque existen condiciones ecológicas similares en otros sistemas montañosos cercanos a esta Sierra, las colectas históricas en estos sitios no han reportado la presencia de esta especie. La Sierra de Juárez es un área que posee un número importante de endemismos ya que a su alrededor se han establecido una serie de barreras geográficas que han promovido el aislamiento

geográfico de diversos grupo biológicos. Al noroeste, la Sierra de Juárez está separada de la Sierra Mazateca por el Río Santo Domingo. Al sur, este sistema montañoso está delimitado de los Valles centrales de Oaxaca. Al sureste, se encuentra parte del Valle Tehuacán-Cuicatlán. Al este, la Sierra de Juárez está aislada del Cerro Zempoaltepec por el Río Cajonos.

El área M para esta especie se acotó a la Provincia Biogeográfica Oaxaca. Los límites se afinaron con el parteaguas del río Santo Domingo y el río Quiotepec.

Coordenadas extremas del área M: 18.038354°/-97.158288°/17.22172°/-96.149995°

Megadontomys nelsoni

Este grupo se distribuye en áreas de bosques templados húmedos en las parte altas de la Sierra Madre Oriental, incluyendo la Sierra Mazateca. El límite hacia el noroeste parece estar determinado por el cruce de los ríos Moctezuma y Amajac en la Sierra Madre Oriental, que permite el establecimiento de tierras bajas al norte de Hidalgo y sur de San Luis Potosí. El límite más sureño de la especie estaría definido por el Río Santo Domingo, que separa la Sierra Mazateca de la Sierra de Juárez, ambas en Oaxaca. Adicionalmente, la porción sureste de Sierra Madre Oriental está claramente separada de la Sierra Mixteca por el Valle Tehuacán-Cuicatlán, que representa una barrera geográfica para este grupo.

El área M para esta especie se acotó a la Provincias Biogeográficas Oaxaca y Sierra Madre Oriental. Al poniente, el límite se afinó con el continuo de vegetación y curvas de nivel. Al norte con la subcuenca Medio Moctezuma y al sur se utilizó el río Santo Domingo y el río Quiotepec.

Coordenadas extremas de área M: 21.208365°/-99.285535°/17.908497°/-96.518979°

Megadontomys thomasi

Este taxón ocurre en zonas de bosques templado húmedos de la Sierra Madre del Sur, incluyendo porciones de la Sierra Mixteca (Vallejo y González-Cózatl, 2012). Si bien existen sistemas montañosos contiguos que presentan condiciones ecológicas similares al hábitat de *M. thomasi*, no existen registros de la especie en estas áreas, a pesar de que se han hecho inventarios históricos en las mismas. El límite de la distribución al norte y noroeste parece estar marcado por la Cuenca del Balsas, que establece una discontinuidad en altitud entre la Sierra Madre del Sur y el Eje Volcánico Transverso. Al noreste, la distribución de la especie está limitada por el Valle Tehuacán-Cuicatlán, que separa la Sierra Mixteca de la Sierra de Juárez y la porción sur de la Sierra Madre Oriental. Adicionalmente, los Valles centrales de Oaxaca juegan un papel relevante como barrera geográfica para este grupo. Al sureste, la porción final de la Sierra Madre del Sur, que va descendiendo en altitud, podría representar el límite de la distribución de la especie.

El área M para esta especie se acotó a la Ecoregión Sierra Madre del Sur. La delimitación al sureste se afinó con las subcuencas Oaxaca, Atoyac y San Francisco, al norte con los ríos Salado y Quiotepec.

Coordenadas extremas área M: 18.465179°/-101.756396°/16.073608°/-96.456608°

El establecimiento del área accesible "M" de las especies del género *Reithrodontomys* se basó en información generada sobre la sistemática y distribución del grupo (Arellano et al. 2003; 2005; Rogers, González-Cózatl y Arellano, en preparación). Cabe mencionar que, aunque los registros de colecta de este grupo son escasos, recientemente se ha demostrado que este grupo de ratones tienen hábitos arborícolas (González-Téllez y González-Cózatl, en preparación). Por lo tanto, los pocos registros históricos de este grupo se podrían explicar en virtud de que la mayoría de colectas de ratones está basado principalmente en muestreos realizados en el suelo, y rara vez es considerado un muestreo para roedores en el dosel de los bosques. Evidentemente, estos resultados sugieren que la especie puede ser más común de lo que se ha propuesto hasta ahora. Como se mencionó antes, estos ratones habitan zonas altas de varios sistemas montañosos de México, particularmente en bosques húmedos templados o bosques mesófilos de montaña.

Reithrodontomys albilabris

Esta especie está restringida a las partes altas de la Sierra de Juárez, Oaxaca (Hopper, 1952, Arellano et al. 2003; 2005). Desde luego, el hecho de que este grupo sea arborícola, abre la posibilidad que no haya sido adecuadamente muestreado y que pudiera tener una distribución más amplia. Sin embargo, aunque existen condiciones ecológicas similares en otros sistemas montañosos cercanos a esta Sierra, no se ha reportado la presencia de esta especie fuera de esta zona. Además, la Sierra de Juárez se encuentra delimitada por una serie de barreras geográficas que han promovido el aislamiento geográfico de diversos grupos biológicos dentro de ella. En este sentido, se considera que este taxón se encuentra restringido a este sistema montañoso. Al noroeste, la Sierra de Juárez está separada de la Sierra Mazateca por el Río Santo Domingo; al sur, está delimitado de los Valles centrales de Oaxaca. Al sureste, se encuentra parte del Valle Tehuacán-Cuicatlán. Al este, la Sierra de Juárez está aislada del Cerro Zempoaltepec por el Río Cajonos.

El área M para esta especie se acotó a la Provincia Biogeográfica Oaxaca. Los límites se afinaron con el parteaguas del río Santo Domingo y el río Quiotepec.

Coordenadas extremas del área M: 18.038354°/-97.158288°/17.22172°/-96.149995°

Reithrodontomys microdon

En México, este grupo está restringido a bosques húmedos templados de la Sierra Madre de Chiapas, pero su distribución se extiende hacia Guatemala y El Salvador, en Centroamérica. Como es un grupo adaptado a zona altas templadas, el Istmo de Tehuantepec, una región de baja altitud, representa una barrera que limita su

distribución a la porción del sureste de nuestro país, como ocurre con otros grupos biológicos. Al norte de la Sierra Madre de Chiapas el terreno también disminuye en elevación, impidiendo la ocurrencia de esta especie hacia la Península de Yucatán. Al sur, la Sierra Madre de Chiapas está delimitada por las planicies costeras del Pacífico.

El área M para esta especie se acotó a las Provincias Biogeográficas Soconusco y Altos de Chiapas y en la parte este con el continuo digital de elevación obtenido de Worldclim.

Coordenadas extremas del área M: 17.382517°/-94.552904°/13.482673°/-88.553144°

Reithrodontomys wagneri

Este taxón se ha colectado en la porción central y occidental del Eje Volcánico Transversal, en bosques húmedos templados relativamente bien conservados, a altitudes mayores de 1,900 m. El hecho de que esta cordillera albergue un número importante de endemismos, hace suponer que es una región que está geográficamente aislada de otros sistemas montañosos aledaños. Aunque hasta ahora no existen registros de la especie en la región oriental del Eje Neovolcánico Transversal, a pesar de que es una zona que ha sido relativamente bien muestreada por varios años, el área M incluyó esta porción porque, aparentemente, esta zona presenta condiciones ecológicas adecuadas para la existencia del grupo. De hecho hay varias especies de ratones que se distribuyen ampliamente a lo largo del Eje Volcánico Transversal, así que no habría razón para descartar la posibilidad de que *R. wagneri* pueda ocurrir en la porción oriental. Además, considerando la condición arborícola de la especie, la falta de registros en esta especie en el este del Eje Volcánico Transversal puede explicarse en función de que los muestreos de ratones son realizados predominantemente en suelo.

El área M para esta especie se acotó a la Ecoregión Eje Neovolcánico Transversal. Se delimitó al oriente con el parteaguas de la Sierra Nevada, al sur con los límites de subcuencas y tipos de vegetación.

Coordenadas extremas área M: 20.222647°/-103.512472°/18.297724°/-98.437675°

3. Selección y descripción de las variables utilizadas en la modelación.

Considerando que las especies, cuya distribución se quiere modelar, ocurren en las tierras altas de sistema montañosos, en bosques templados húmedos, relativamente bien conservados, la selección de las variables utilizadas estuvo orientada a representar las condiciones ecológicas de dicho ecosistema. En este sentido se utilizaron las variables climáticas que consideramos representan nichos caracterizados por un grado importante de humedad relativa y un clima templado constante a lo largo de todo el año. Adicionalmente, en función de que las especies en cuestión ocurren en zonas altas a más de 1,500 msnm, se incluyó una capa de elevación que tome en cuenta este elemento altitudinal.

Se utilizaron variables obtenidas del sitio Worldclim (<http://www.worldclim.org/>; versión 1.4; Hijmans et al., 2005). Las coberturas de estas variables tienen formato grid y una resolución de 30 segundos de arco (aproximadamente 1 km cuadrado). En virtud de que la zona de interés se ubica principalmente en el territorio mexicano, se descargaron los datos climáticos del cuadrante 22 y, particularmente para una de la especies que tiene distribución en Centro América (*Reithrodontomys microdon*), se descargaron datos del cuadrante 23.

Tabla 5. Variables climáticas/ambientales usadas en la modelación de la distribución.

VARIABLE	DEFINICIÓN DE LA VARIABLE
BIO1	Temperatura promedio anual
BIO5	Temperatura máxima del mes más cálido
BIO6	Temperatura mínima del mes más frío
BIO12	Precipitación anual
BIO13	Precipitación del mes más lluvioso
BIO14	Precipitación del mes más seco
Alt	Altitud

Una vez obtenidas las variables ambientales y habiendo generado el polígono del área "M", se hizo un recorte de cada una de las variables acotándolas al área de interés. Esto se realizó con ayuda de la extensión Grid Tools de ArcView (versión 3.3). Las capas de las variables ambientales recortadas se exportaron a formato ASCII con un tamaño de pixel de 0.0083 grados (que equivale a 1 km aproximadamente).

Como se menciona en la literatura, al modelar la distribución geográfica de un grupo biológico con diferentes variables ambientales es deseable explorar si existe correlación entre algunas de ellas para evitar el uso de variables redundantes. En este sentido se hizo un análisis de correlación de las variables utilizadas para generar los modelos de cada especie. Para el análisis de correlación se utilizó la aplicación *Band Collection Statistics* de la barra de herramientas *Spatial Analyst* de ArcMap (versión 10). La matriz de correlación muestra los valores de los coeficientes de correlación que representan la relación entre un conjunto de capas, presentando los valores de la celda de cada capa y su relación con las demás capas raster (Anexo II). Esta relación es la covarianza entre las capas dividido por el producto de sus desviaciones estándar.

Como se aprecia en las matrices de correlación (ver Anexo II) es claro que en el caso de cuatro especies (*Megadontomys nelsoni*, *M. thomasi*, *Reithrodontomys microdon* y *R. wagneri*) algunas variables están correlacionadas. Por lo tanto, para modelar la distribución de estos grupos se eliminaron las variables más correlacionadas. No obstante, también se hizo el ejercicio de modelar la distribución usando las siete variables originalmente seleccionadas. Al comparar los modelos obtenidos bajo estos dos esquemas (eliminado variables correlacionadas vs. usando todas las variables), resultó evidente que los modelos generados con todas las variables tienen más sentido

biológico/geográfico, tomando en consideración lo que se conoce de cada grupo taxonómico (ver Figura 2 como ejemplo de esta situación).

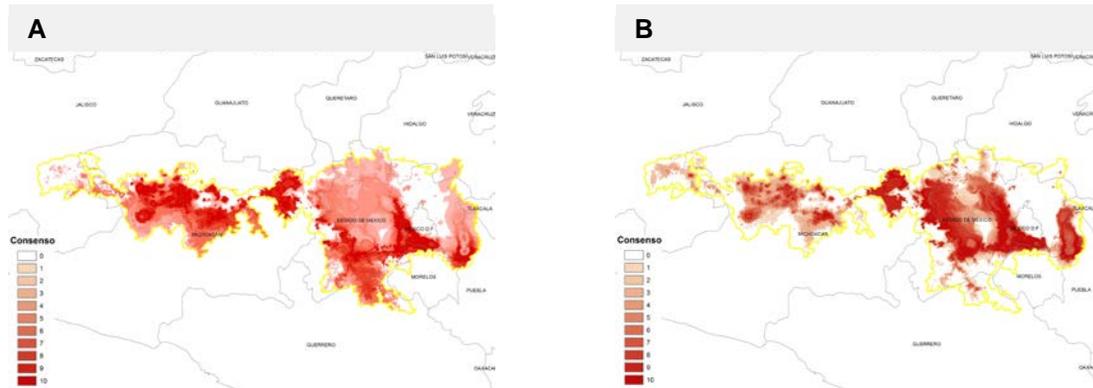


Figura 2. Mapas de distribución de *Reithrodontomys wagneri* sin utilizar variables correlacionadas (A) y usando todas las variables seleccionadas (B).

Curiosamente, los valores obtenidos de la validación con la ROC parcial (AUC ratios; ver procedimiento abajo) son más altos en los modelos generados con todas las variables, con respecto a los obtenidos con menos variables (por ejemplo, en el caso de *R. wagneri* para el modelo con todas las variables el valor fue 1.60, mientras que para el modelo con menos variables el valor fue 1.08). En función de lo anterior se decidió hacer el modelado empleando todas variables.

4. Modelado de la distribución geográfica.

Para modelar la distribución geográfica de las especies incluidas en este proyecto, se utilizó el programa Desktop GARP (versión 1.1.6). Esta decisión se basó en el hecho de que el número de ocurrencias de las especies analizadas, en tres casos es menor de 30 (*M. nelsoni* = 25; *R. albilabris* = 13; *R. wagneri* = 17) y en tres instancias es “ligeramente” mayor a 30 (*M. cryophilus* = 34; *M. thomasi* = 41; *R. microdon* = 41), y ante este tipo de escenarios (pocas ocurrencias), se ha recomendado usar preferentemente GARP (tiende a evitar el “sobreajuste” en el modelado).

Con las capas de información montadas en ArcView con la extensión GarpDatasets previamente habilitada, se prepararon las variables consideradas para el modelado; esto con el fin de que todas las variables fueran uniformes. Enseguida se inició el programa Dataset Manager, que prepara las variables para montarlas en el Desktop Garp y obtener un archivo (.dxl).

En el programa Desktop GARP, se cargaron las localidades previamente seleccionadas y depuradas, y además se montó el archivo (.dxl) que aloja las variables a utilizar en el análisis. Para hacer el modelado se usaron los parámetros establecidos por definición en GARP: no se activó la opción Best Subse (número de modelos = 20); porcentaje o número de registros utilizados para entrenamiento = 50%; número de corridas por experimento = 100; límite de convergencia = .01; máximo de iteraciones =

1000; tipo de reglas utilizado = todas (Atómicas, de Rango, de rango negado, Logit). El formato de salida fue Ascii grids, con un tamaño de celda de .0083 grados, que equivale aproximadamente a 1 km.

Una vez obtenidos los modelos se elaboró un mapa consenso con el siguiente procedimiento: 1) Considerando los mínimos errores (omisión y comisión) se hizo una selección de los mejores modelos y se importaron a ArcView (File – import GRID – ASCII format); 2) Se sumaron todos los mapas con la ayuda de la herramienta “Map Calculator” con el fin de obtener un solo mapa; 3) Una vez obtenido el mapa consenso, éste se reclasificó con el fin de obtener una escala de 0 a 10 donde, 0 representa una nula probabilidad de que la especie esté presente ya que las condiciones no son idóneas para la misma; y 10 representa una probabilidad muy alta de que la especie esté presente, ya que las condiciones son adecuadas para que subsista.

Por último, el mapa resultante se exportó a formato GRID, cuyos parámetros fueron los siguientes:

- Sistema de coordenadas: Sistema de coordenadas geográficas
- Esferoide: WGS84
- Datum horizontal: WGS84
- Meridiano central: Greenwich
- Unidad angular: Grados
- Tamaño de celda: 0.008333 x0.008333
- Número de bandas: 1
- Profundidad de pixel: 8 bit

Los modelos de distribución en formato GRID, incluyendo el directorio INFO de cada modelo, se entregan como archivos comprimidos con los siguientes nombres:

Modelo de <i>Megadontomys cryophilus</i>	= M_cryop.rar
Modelo de <i>Megadontomys nelsoni</i>	= M_nelso.rar
Modelo de <i>Megadontomys thomasi</i>	= M_thoma.rar
Modelo de <i>Reithrodontomys albilabris</i>	= R_albil.rar
Modelo de <i>Reithrodontomys microdon</i>	= R_micro.rar
Modelo de <i>Reithrodontomys wagneri</i>	= R_wagne.rar

5. Validación de los modelos.

Para validar los modelos se usó el método de ROC parcial implementado en el programa Tool for Partial-ROC (versión 1.0; Nayari Barve, 2008). Los archivos de entrada (archivo de presencias y archivo de aptitud dependiente del área) fueron generados a partir del valor del error de omisión de puntos independientes de prueba y del valor del área (píxeles) por clase del modelo predictivo generados en GARP. El análisis se realizó con los parámetros establecidos por definición en Tool for Partial-ROC: Proportion of points in bootstrap (0 – 100%) = 50; Sampling with replacement (# of repetitions) = 1000; 1 - Omission Threshold = 0.95. Con los valores de proporción del

AUC se realizó una prueba de significancia de una cola para estimar la probabilidad de que el promedio de la proporciones sea ≤ 1 usando del estadístico Z implementado en Excel. Con las coordenadas generadas en cada iteración se elaboraron los diagramas de la curvas AUC.

6. Modelos generados para cada especie.

Megadontomys cryophilus

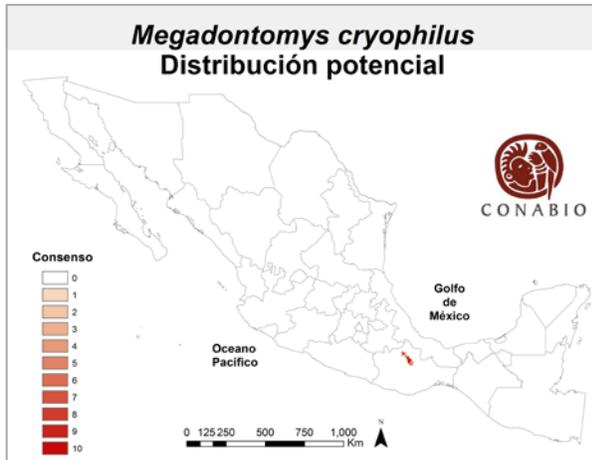


Figura 3. Mapa de distribución potencial de *Megadontomys cryophilus*.

Figura 4. Gráfica que muestra la curva ROC considerando un umbral de $E = 5$ correspondiente a 1-error de omisión para el modelo de distribución potencial de *Megadontomys cryophilus*.

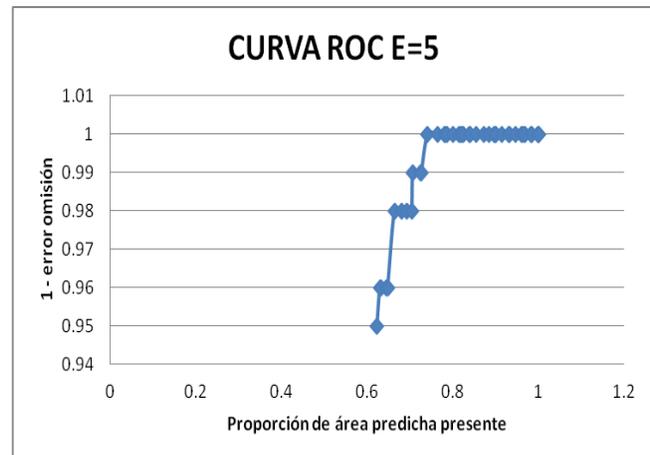


Tabla 6. Índices estadísticos de proporciones de AUC que describen la curva ROC bajo un valor de $E = 5$ para validar el desempeño GARP en la modelación de la distribución de *Megadontomys cryophilus*.

Máximo	1.781479
Mínimo	1.424937
Promedio	1.608214
Desviación Standard	0.048864
P	0.000000

Megadontomys nelsoni

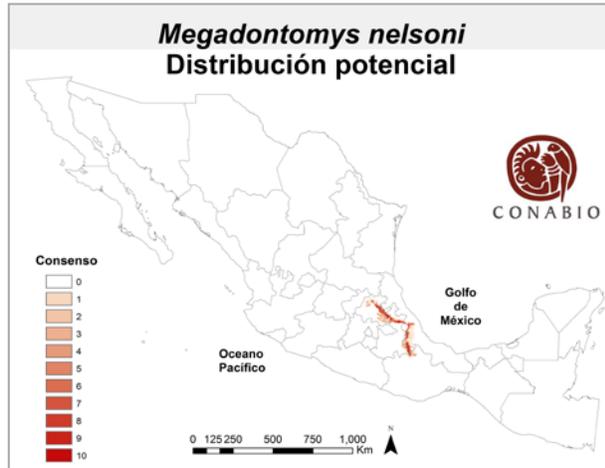


Figura 5. Mapa de distribución potencial de *Megadontomys nelsoni*.

Figura 6. Gráfica que muestra la curva ROC considerando un umbral de $E = 5$ correspondiente a 1-error de omisión para el modelo de distribución potencial de *Megadontomys nelsoni*.

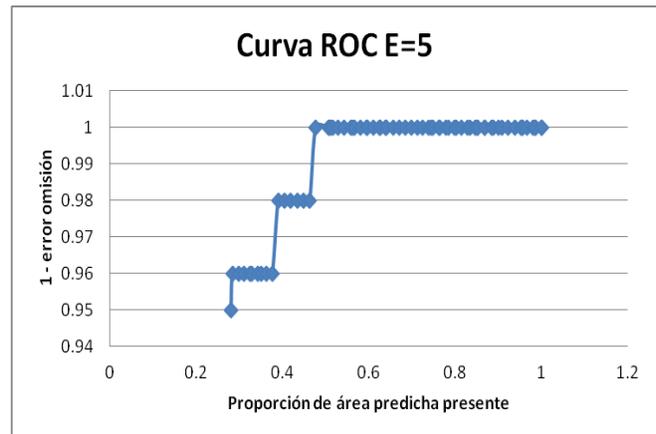


Tabla 7. Índices estadísticos de proporciones de AUC que describen la curva ROC bajo un valor de $E = 5$ para validar el desempeño GARP en la modelación de la distribución de *Megadontomys nelsoni*.

Máximo	1.674971
Mínimo	1.362086
Promedio	1.527340
Desviación Standard	0.055508
P	0.000000

Megadontomys thomasi

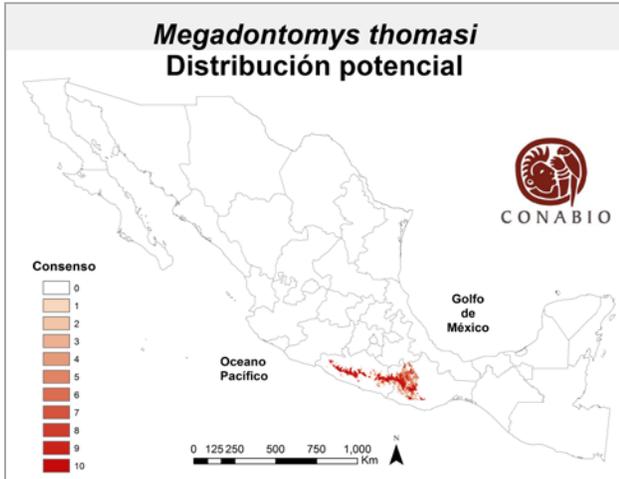


Figura 7. Mapa de distribución potencial de *Megadontomys thomasi*.

Figura 8. Gráfica que muestra la curva ROC considerando un umbral de $E = 5$ correspondiente a 1-error de omisión para el modelo de distribución potencial de *Megadontomys thomasi*.

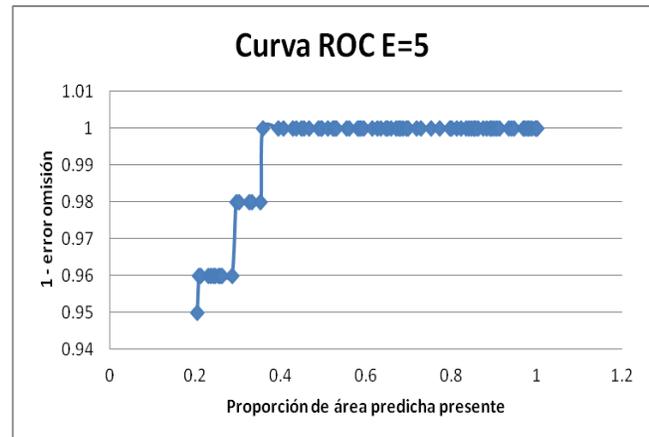


Tabla 8. Índices estadísticos de proporciones de AUC que describen la curva ROC bajo un valor de $E = 5$ para validar el desempeño GARP en la modelación de la distribución de *Megadontomys thomasi*.

Máximo	1.709527
Mínimo	1.308800
Promedio	1.554535
Desviación Standard	0.063282
P	0.000000

Reithrodontomys albilabris

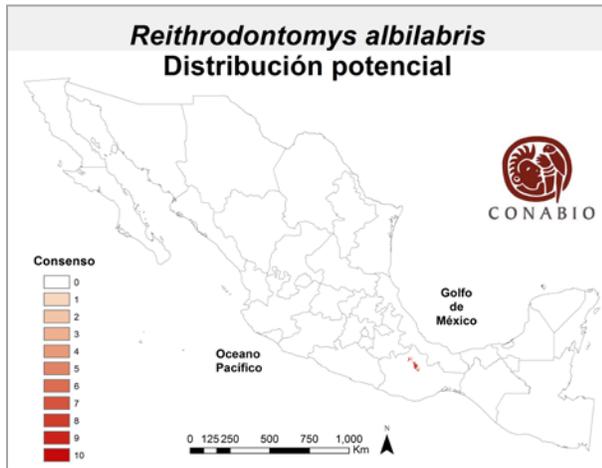


Figura 9. Mapa de distribución potencial de *Reithrodontomys albilabris*.

Figura 10. Gráfica que muestra la curva ROC considerando un umbral de $E = 5$ correspondiente a 1-error de omisión para el modelo de distribución potencial de *Reithrodontomys albilabris*.

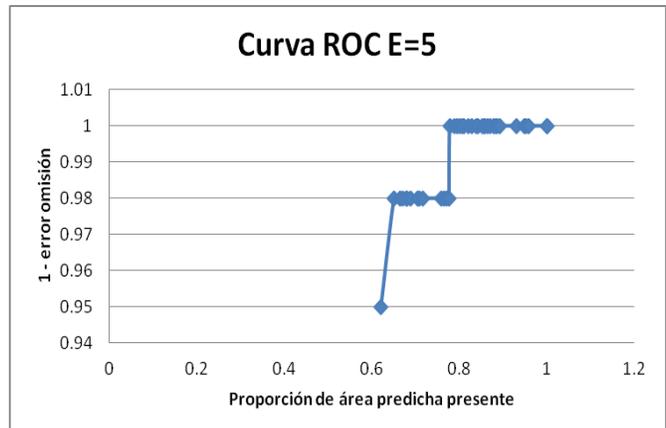


Tabla 9. Índices estadísticos de proporciones de AUC que describen la curva ROC bajo un valor de $E = 5$ para validar el desempeño GARP en la modelación de la distribución de *Reithrodontomys albilabris*.

Máximo	1.462979
Mínimo	1.077049
Promedio	1.246621
Desviación Standard	0.076438

Reithrodontomys microdon

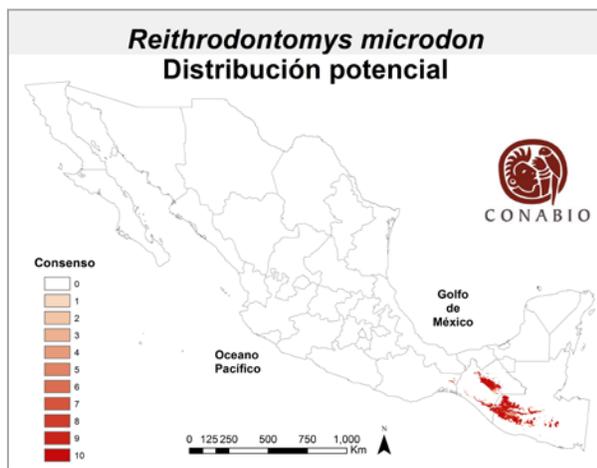


Figura 11. Mapa de distribución potencial de *Reithrodontomys microdon*.

Figura 12. Gráfica que muestra la curva ROC considerando un umbral de $E = 5$ correspondiente a 1-error de omisión para el modelo de distribución potencial de *Reithrodontomys microdon*.

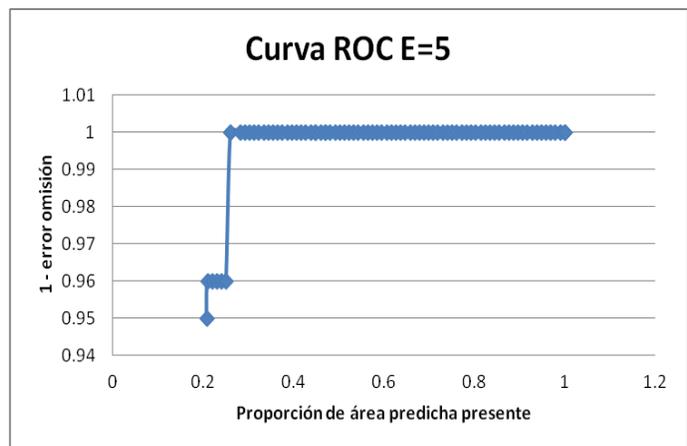


Tabla 10. Índices estadísticos de proporciones de AUC que describen la curva ROC bajo un valor de $E = 5$ para validar el desempeño GARP en la modelación de la distribución de *Reithrodontomys microdon*.

Máximo	1.726119
Mínimo	1.589267
Promedio	1.615018
Desviación Standard	0.031623
P	0.000000

Reithrodontomys wagneri

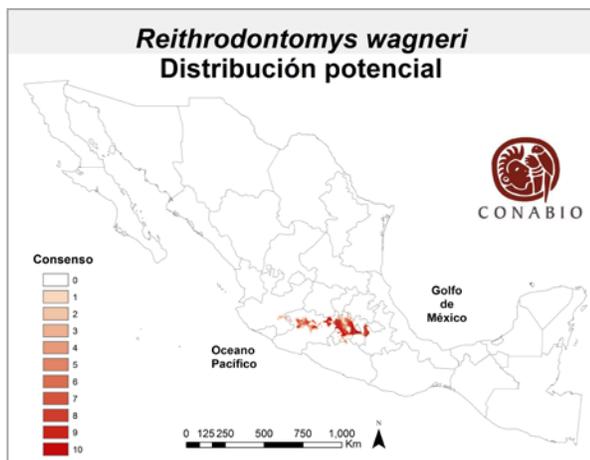


Figura 13. Mapa de distribución potencial de *Reithrodontomys wagneri*.

Figura 14. Gráfica que muestra la curva ROC considerando un umbral de $E = 5$ correspondiente a 1-error de omisión para el modelo de distribución potencial de *Reithrodontomys wagneri*.

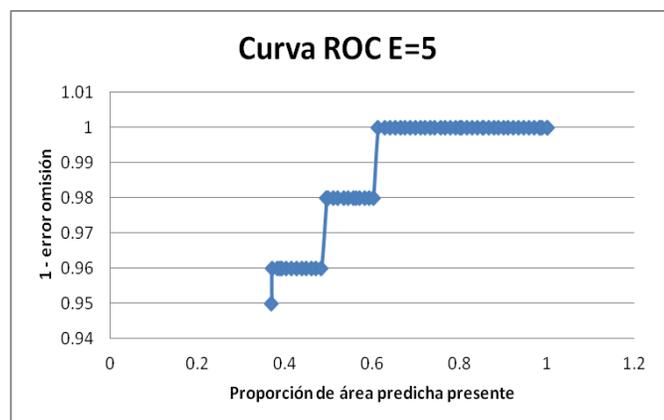


Tabla 11. Índices estadísticos de proporciones de AUC que describen la curva ROC bajo un valor de $E = 5$ para validar el desempeño GARP en la modelación de la distribución de *Reithrodontomys microdon*.

Máximo	1.464164
Mínimo	1.144936
Promedio	1.305636
Desviación Standard	0.055632
P	0.000000

Conclusiones y recomendaciones

Los modelos de distribución geográfica permitieron tener una estimación más real de las áreas de ocurrencia de las especies incluidas. En el caso de *Megadontomys thomasi* y *Reithrodontomys wagneri*, los modelos sugieren que la distribución de estas especies es más amplia de lo propuesto anteriormente. Sin embargo, para especies como *M. cryophilus* y *R. albilabris*, los modelos sugieren que su área de ocurrencia se restringen a zonas muy reducidas. Casos como el de estas especies (con áreas de distribución restringida) representan un reto importante, desde una perspectiva de conservación. En este sentido, es indudable que el conocer con más detalle las áreas de distribución de las especies es un elemento muy significativo para implementar acciones mejor fundamentadas para la conservación de estos grupos.

Aunque la generación de estos modelos es un paso importante en el conocimiento de la historia natural de las especies, es importante resaltar que la obtención de información sobre áreas de ocurrencia, deberá siempre tomarse con reservas, ya que esta depende de los datos de entrada, los cuales pueden tener limitaciones. Como en otros grupos biológicos, muchos de los registros de colecta de las especies incluidas en el proyecto fueron obtenidos de bases de datos “públicas”, los cuales, a pesar de pasar por un proceso de limpieza y depuración, siempre pueden contener errores en la información de georreferenciación. Por otro lado, es claro que en el caso de varios de los grupos incluidos, el número de localidades disponibles para el modelado fue limitado, particularmente en dos de ellos (*R. albilabris* y *R. wagneri* con 13 y 17 localidades, respectivamente). Sin duda, un incremento en el número de puntos para modelar la distribución de estas especies sería deseable para verificar que las áreas de ocurrencia obtenidas son correctas.

Similarmente, la selección de variables ambientales juega un papel importante en la generación de los modelos. Aunque en el caso de este proyecto se utilizaron aquellas variables que se consideraron como las que mejor representan el nicho las especies, es claro que un conocimiento más fino de las condiciones del medio en el que ocurren, podrían ayudar a mejorar los modelos de distribución.

Sin duda, conforme se avance en el conocimiento biológico de los grupos que integran nuestra biodiversidad y se refinen los métodos para generar modelos de distribución

geográfica, se contará con información más precisa, en relación a las áreas de ocurrencias de las entidades biológicas.

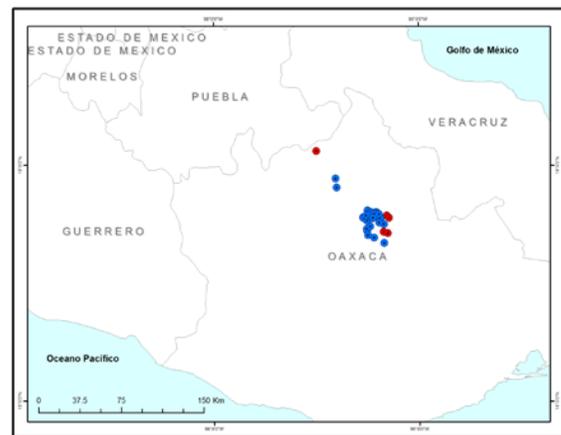
Literatura citada

- Arellano E., D. S. Rogers y F. Cervantes, 2003. Genic differentiation and phylogenetic relationships among tropical harvest mice (*Reithrodontomys*: subgenus *Aporodon*). *Journal of Mammalogy*, 84:129-143,
- Arellano E., F. X. González-Cózatl y D. S. Rogers. 2005. Molecular systematics of Middle American harvest mice *Reithrodontomys* (Muridae), estimated by mitochondrial cytochrome b gene sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 37:529-540.
- Barve, N., V. Barve, A. Jiménez-Valverde, A. Lira-Noriega, S. P. Maher, A. T. Peterson, J. Soberón and F. Villalobos. 2011. The crucial role of the accessible area in ecological niche modeling and species distribution modeling. *Ecological Modelling*, 222:1810-1819.
- Hijmans, R.J., S.E. Cameron, J.L. Parra, P.G. Jones and A. Jarvis, 2005. Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology* 25: 1965-1978.
- Hooper, E. 1952. A systematic review of the harvest mice (Genus *Reithrodontomys*) of Latin America. *Miscellaneous Publications, Museum of Zoology, University of Michigan*, No. 77. 255 p.
- Narayani Barve. 2008. Tool for Partial-ROC (Biodiversity Institute, Lawrence, KS), ver | 1.0.
- Soberón, J., 2010. Niche and area of distribution modeling: a population ecology perspective. *Ecography*, 33, 159–167.
- Vallejo, R. M. y F. X. González-Cózatl. 2012. Phylogenetic affinities and species limits within the genus *Megadontomys* (Rodentia: Cricetidae) based on mitochondrial sequence data. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 50:67-75.

ANEXO I: Proceso particular de control de calidad y limpieza de datos.

Megadontomys cryophilus

Figura 1. Proyección geográfica de localidades de *Megadontomys cryophilus* para verificar la calidad de los datos. Los puntos azules corresponden a sitios confirmados dentro del área de distribución. Los puntos rojos representan localidades dudosas o notoriamente fuera del área de distribución histórica.



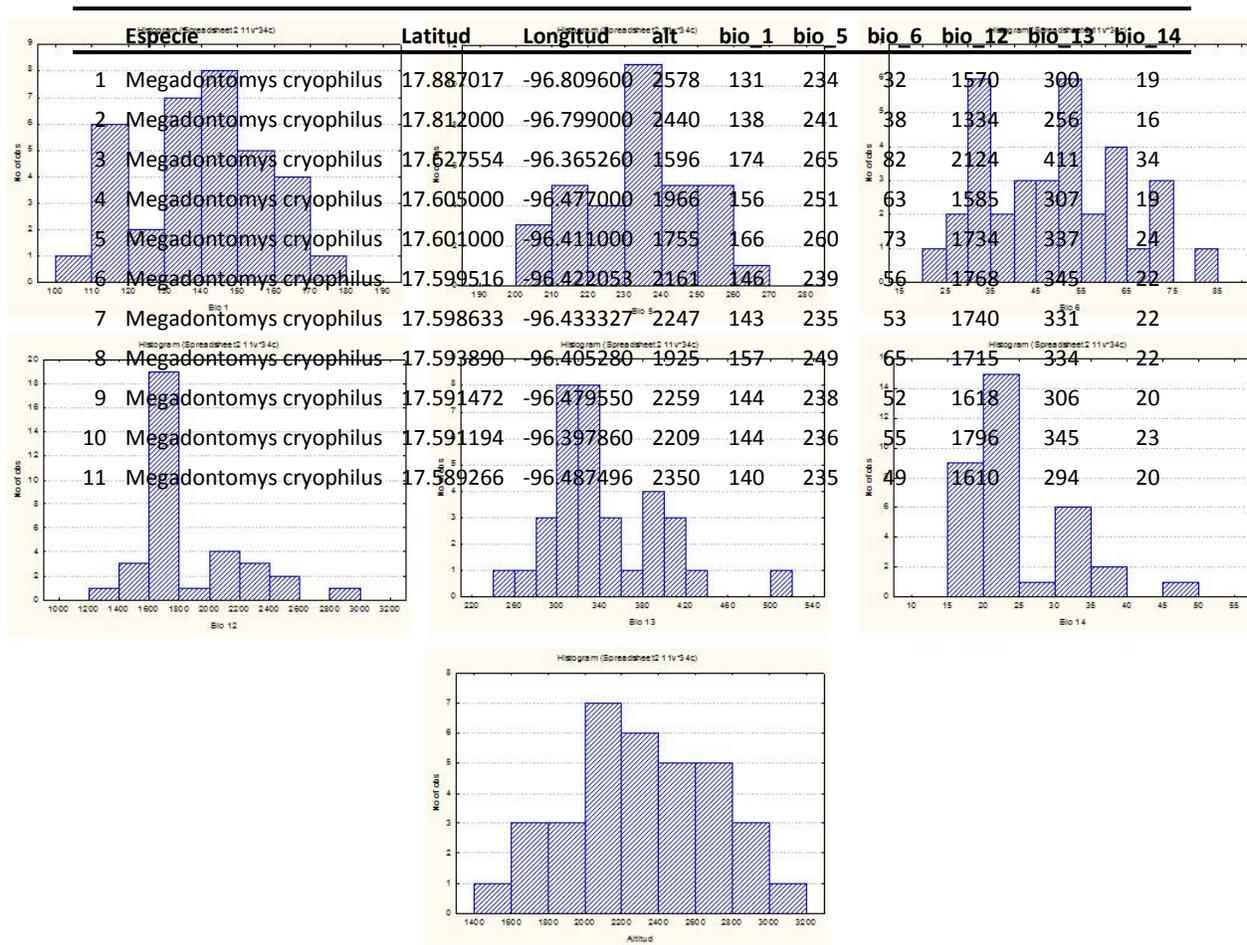


Figura 2. Distribución de frecuencia de los registros de colecta de *Megadontomys cryophilus* en función de las variables ambientales utilizadas en la modelación de la distribución.

Tabla 1. Matriz de datos utilizada para construir el perfil bioclimático de *Megadontomys cryophilus*.

12	Megadontomys cryophilus	17.588000	-96.496000	2529	133	228	43	1734	320	22
13	Megadontomys cryophilus	17.587749	-96.452030	2193	146	239	54	1682	326	21
14	Megadontomys cryophilus	17.586666	-96.390000	2187	145	236	55	1815	351	24
15	Megadontomys cryophilus	17.586275	-96.483433	2350	140	235	49	1610	294	20
16	Megadontomys cryophilus	17.585000	-96.438000	2065	151	244	60	1710	340	21
17	Megadontomys cryophilus	17.581944	-96.490555	2466	135	230	45	1672	306	21
18	Megadontomys cryophilus	17.578000	-96.421000	1853	161	255	68	1603	309	21
19	Megadontomys cryophilus	17.575807	-96.507149	2901	116	209	29	2476	425	39
20	Megadontomys cryophilus	17.574792	-96.505909	3035	109	202	23	2935	501	48
21	Megadontomys cryophilus	17.562714	-96.514637	2778	122	217	34	2100	377	30
22	Megadontomys cryophilus	17.557044	-96.543760	2352	142	238	49	1436	263	17
23	Megadontomys cryophilus	17.556000	-96.382000	2006	153	244	62	1694	331	23
24	Megadontomys cryophilus	17.556000	-96.448000	2800	120	213	33	2240	394	34
25	Megadontomys cryophilus	17.555834	-96.447500	2800	120	213	33	2240	394	34
26	Megadontomys cryophilus	17.550000	-96.470000	2886	116	210	30	2410	415	38
27	Megadontomys cryophilus	17.549000	-96.455000	2796	120	214	33	2201	390	33
28	Megadontomys cryophilus	17.549000	-96.533000	2539	134	230	43	1616	308	18
29	Megadontomys cryophilus	17.548000	-96.386000	2003	153	245	63	1648	321	22
30	Megadontomys cryophilus	17.531415	-96.506394	2636	129	224	40	1774	337	20
31	Megadontomys cryophilus	17.520000	-96.340000	1602	214	305	120	2388	420	45
32	Megadontomys cryophilus	17.515000	-96.386000	2188	145	237	55	1645	314	22
33	Megadontomys cryophilus	17.500000	-96.340000	1787	163	256	71	1645	314	25
34	Megadontomys cryophilus	17.481000	-96.475000	2848	119	212	33	2138	382	32

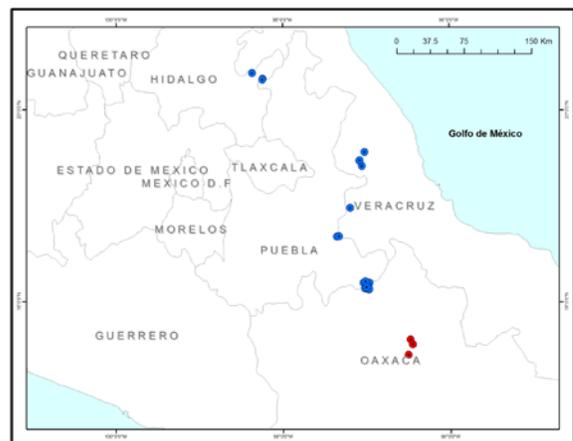
Tabla 2. Perfil bioclimático de *Megadontomys cryophilus*.

Variables ambientales	Número de localidades únicas	Media	Mínimo	Máximo	Desviación Estándar
Altitud	34	2306	1596	3035	394.85
Temperatura promedio anual	34	141	109	174	16.59
Temperatura máxima del mes más cálido	34	235	202	265	16.20
Temperatura mínima del mes más frío	34	50	23	82	15.14
Precipitación anual	34	1847	1334	2935	340.15
Precipitación del mes más lluvioso	34	344	256	501	51.64

Precipitación del mes más seco	34	25	16	48	7.52
--------------------------------	----	----	----	----	------

Megadontomys nelsoni

Figura 3. Proyección geográfica de localidades de *Megadontomys nelsoni* para verificar la calidad de los datos. Los puntos azules corresponden a sitios confirmados dentro del área de distribución. Los puntos rojos representan localidades dudosas o notoriamente fuera del área de distribución histórica.



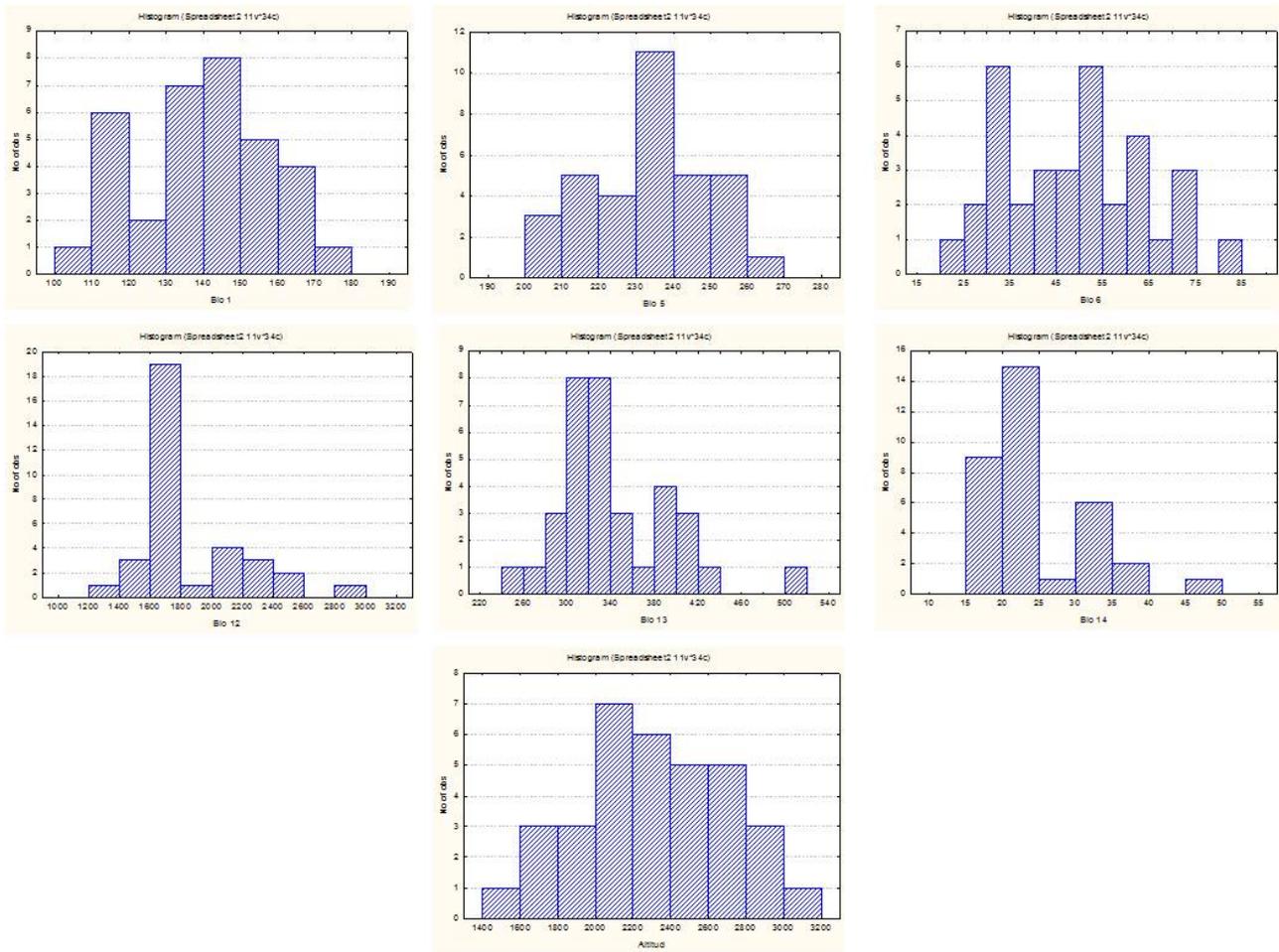


Figura 4. Distribución de frecuencia de los registros de colecta de *Megadontomys nelsoni* en función de las variables ambientales utilizadas en la modelación de la distribución.

Tabla 3. Matriz de datos utilizada para construir el perfil bioclimático de *Megadontomys nelsoni*.

Especie	Latitud	Longitud	alt	bio_1	bio_5	bio_6	bio_12	bio_13	bio_14
1 <i>Megadontomys nelsoni</i>	20.383400	-98.364733	1646	162	264	54	1418	268	33
2 <i>Megadontomys nelsoni</i>	20.323367	-98.236000	1995	150	248	50	1529	285	30
3 <i>Megadontomys nelsoni</i>	20.315217	-98.240283	2118	145	245	45	1328	267	25
4 <i>Megadontomys nelsoni</i>	19.559300	-97.018500	2048	146	237	55	1607	324	44
5 <i>Megadontomys nelsoni</i>	19.471883	-97.079100	2079	148	240	52	1570	308	40
6 <i>Megadontomys nelsoni</i>	19.415000	-97.050000	1638	171	257	82	2175	401	51
7 <i>Megadontomys nelsoni</i>	18.977750	-97.191083	2557	131	236	27	957	181	20
8 <i>Megadontomys nelsoni</i>	18.681433	-97.326883	2438	140	251	30	591	115	7
9 <i>Megadontomys nelsoni</i>	18.678055	-97.351110	2273	151	261	39	563	110	7
10 <i>Megadontomys nelsoni</i>	18.204170	-97.001430	2340	139	244	35	1439	307	15

11	Megadontomys nelsoni	18.197500	-96.962500	1880	162	261	64	1636	346	19
12	Megadontomys nelsoni	18.184723	-97.019720	2174	147	251	43	1333	288	14
13	Megadontomys nelsoni	18.170000	-96.998000	2379	138	242	34	1419	299	15
14	Megadontomys nelsoni	18.166000	-96.998000	2308	141	246	37	1412	303	15
15	Megadontomys nelsoni	18.166000	-96.992000	2308	141	246	37	1412	303	15
16	Megadontomys nelsoni	18.165556	-96.998340	2308	141	246	37	1412	303	15
17	Megadontomys nelsoni	18.165556	-96.978060	1937	159	260	59	1464	308	17
18	Megadontomys nelsoni	18.160555	-96.996390	2308	141	246	37	1412	303	15
19	Megadontomys nelsoni	18.158890	-96.991110	2022	155	256	53	1386	294	16
20	Megadontomys nelsoni	18.153055	-96.852776	1190	204	298	108	2961	606	52
21	Megadontomys nelsoni	18.151667	-96.998340	2530	132	236	28	1422	288	16
22	Megadontomys nelsoni	18.151667	-96.998333	2530	132	236	28	1422	288	16
23	Megadontomys nelsoni	18.137000	-97.018000	1953	159	262	56	1277	264	15
24	Megadontomys nelsoni	18.131390	-96.968610	2528	132	236	29	1462	296	17
25	Megadontomys nelsoni	18.128334	-96.972220	2528	132	236	29	1462	296	17

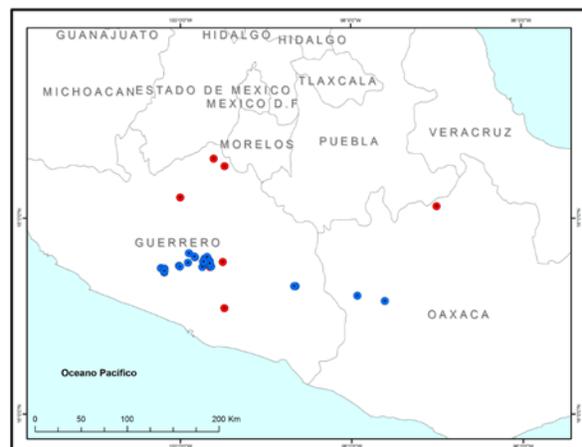
Tabla 4. Perfil bioclimático de *Megadontomys nelsoni*.

Variables ambientales	Número de localidades únicas	Media	Mínimo	Máximo	Desviación Estándar
Altitud	25	2176	1579	2557	293.42
Temperatura promedio anual	25	146	131	171	11.45
Temperatura máxima del mes más cálido	25	248	236	264	9.79
Temperatura mínima del mes más frío	25	44	27	82	13.82
Precipitación anual	25	1386	563	2175	312.80

Precipitación del mes más lluvioso	25	281	110	401	62.30
Precipitación del mes más seco	25	22	7	52	12.58

Megadontomys thomasi

Figura 5. Proyección geográfica de localidades de *Megadontomys thomasi* para verificar la calidad de los datos. Los puntos azules corresponden a sitios confirmados dentro del área de distribución. Los puntos rojos



representan localidades dudosas o notoriamente fuera del área de distribución histórica.

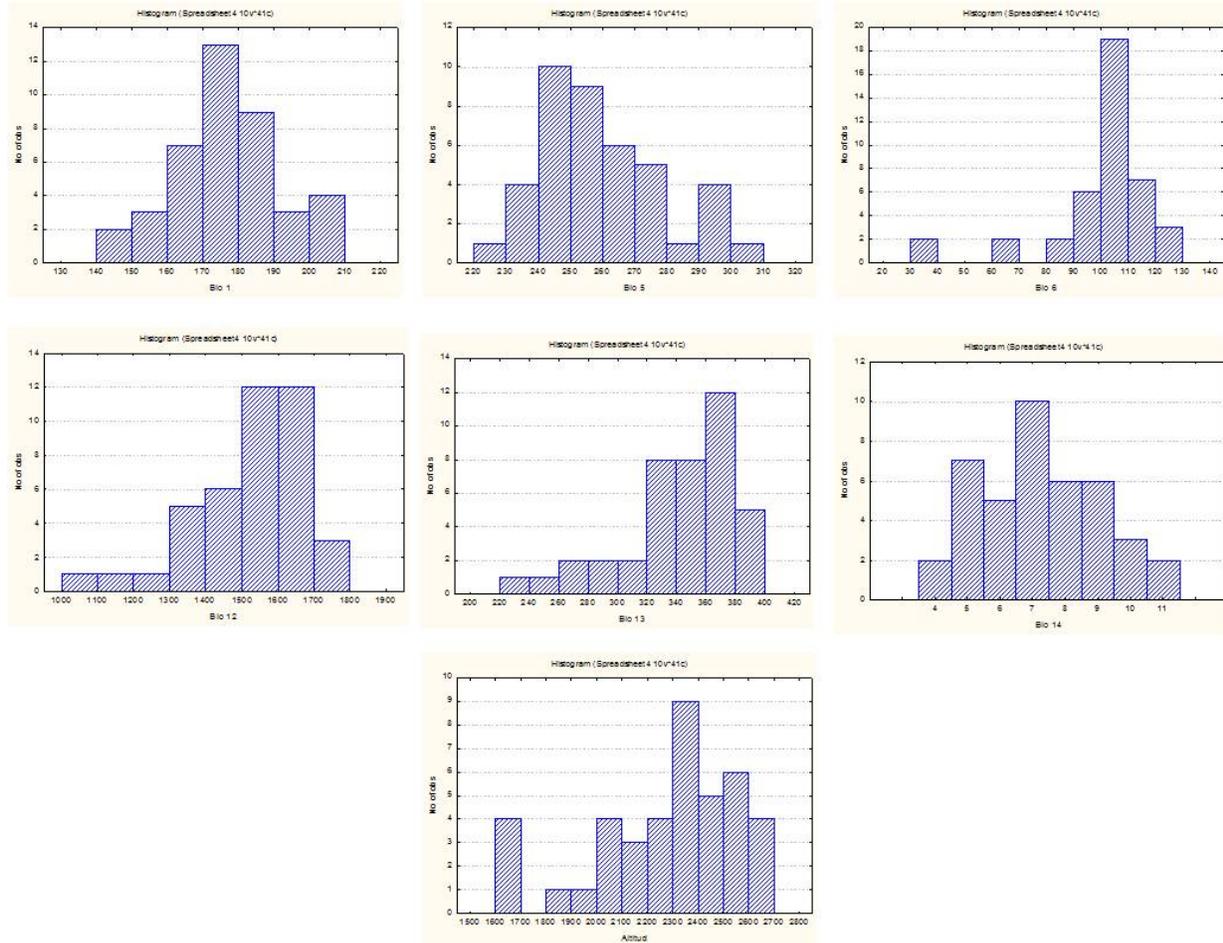


Figura 6. Distribución de frecuencia de los registros de colecta de *Megadontomys thomasi* en función de las variables ambientales utilizadas en la modelación de la distribución.

Tabla 5. Matriz de datos utilizada para construir el perfil bioclimático de *Megadontomys thomasi*.

Especie	Latitud	Longitud	alt	bio_1	bio_5	bio_6	bio_12	bio_13	bio_14
1 <i>Megadontomys thomasi</i>	17.642000	-99.897000	2532	164	241	94	1632	373	9
2 <i>Megadontomys thomasi</i>	17.606856	-99.832400	2498	167	243	97	1637	377	9
3 <i>Megadontomys thomasi</i>	17.604000	-99.686000	2239	183	265	107	1465	332	6
4 <i>Megadontomys thomasi</i>	17.600417	-99.826500	2498	167	243	97	1637	377	9
5 <i>Megadontomys thomasi</i>	17.585000	-99.714000	2578	162	237	93	1680	387	9
6 <i>Megadontomys thomasi</i>	17.574000	-99.667000	2371	175	254	104	1579	363	7
7 <i>Megadontomys thomasi</i>	17.566000	-99.686000	2322	179	258	106	1550	355	7
8 <i>Megadontomys thomasi</i>	17.566000	-99.718000	2404	173	250	104	1608	372	7

9	Megadontomys thomasi	17.562000	-99.667000	2315	179	259	106	1543	352	7
10	Megadontomys thomasi	17.562000	-99.655000	2064	193	280	111	1353	298	5
11	Megadontomys thomasi	17.560000	-99.689000	2322	179	258	106	1550	355	7
12	Megadontomys thomasi	17.557000	-99.706000	2411	173	250	103	1619	374	8
13	Megadontomys thomasi	17.557000	-99.726000	2400	173	250	104	1610	372	8
14	Megadontomys thomasi	17.557000	-99.705000	2411	173	250	103	1619	374	8
15	Megadontomys thomasi	17.556667	-99.685555	2245	182	265	108	1498	339	6
16	Megadontomys thomasi	17.556667	-99.731110	2400	173	250	104	1610	372	8
17	Megadontomys thomasi	17.555000	-99.667000	2115	190	276	110	1398	311	5
18	Megadontomys thomasi	17.551000	-99.669000	2115	190	276	110	1398	311	5
19	Megadontomys thomasi	17.550000	-99.680000	2285	180	261	108	1533	349	6
20	Megadontomys thomasi	17.549167	-99.721000	2345	176	255	106	1577	362	7
21	Megadontomys thomasi	17.547000	-99.714000	2168	186	270	109	1447	326	6
22	Megadontomys thomasi	17.547000	-99.719000	2345	176	255	106	1577	362	7
23	Megadontomys thomasi	17.544000	-99.908000	1934	196	287	115	1313	297	5
24	Megadontomys thomasi	17.541062	-99.713467	1896	200	292	115	1248	272	4
25	Megadontomys thomasi	17.538000	-99.686000	2537	166	239	98	1696	394	8
26	Megadontomys thomasi	17.536000	-99.651000	2598	162	236	94	1709	394	9
27	Megadontomys thomasi	17.513483	-100.012850	2602	158	234	90	1716	389	10
28	Megadontomys thomasi	17.505000	-100.005000	2308	175	255	105	1593	365	8
29	Megadontomys thomasi	17.505000	-99.637500	2240	183	265	108	1522	342	6
30	Megadontomys thomasi	17.500000	-99.740000	1687	209	304	119	1154	251	4
31	Megadontomys thomasi	17.488000	-100.225000	1640	208	300	128	1393	322	5
32	Megadontomys thomasi	17.485000	-100.216940	2018	189	275	113	1504	347	7
33	Megadontomys thomasi	17.484000	-100.184000	2675	152	228	85	1748	390	11
34	Megadontomys thomasi	17.482444	-100.201086	2100	185	269	111	1538	354	7
35	Megadontomys thomasi	17.460000	-100.184000	2034	188	274	113	1513	348	7
36	Megadontomys thomasi	17.448000	-100.185000	1682	206	297	126	1407	324	5
37	Megadontomys thomasi	17.445000	-100.187000	1682	206	297	126	1407	324	5
38	Megadontomys thomasi	17.305383	-98.667267	2549	161	252	66	1604	335	9
39	Megadontomys thomasi	17.304867	-98.651117	2663	154	244	61	1617	334	11
40	Megadontomys thomasi	17.207777	-97.929170	2692	144	247	37	1409	275	10
41	Megadontomys thomasi	17.154444	-97.608330	2595	148	256	36	1099	226	10

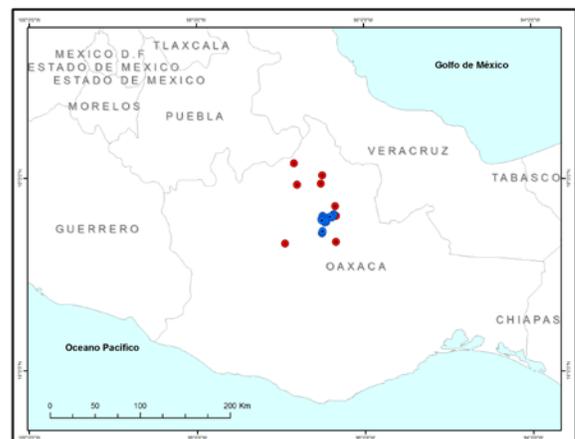
Tabla 6. Perfil bioclimático de *Megadontomys thomasi*.

Variables ambientales	Número de localidades únicas	Media	Mínimo	Máximo	Desviación Estándar
Altitud	41	2281	1640	2692	286.63
Temperatura promedio anual	41	178	144	209	16.12

Temperatura máxima del mes más cálido	41	261	228	304	19.3
Temperatura mínima del mes más frío	41	101	36	128	19.69
Precipitación anual	41	1520	1099	1748	145.74
Precipitación del mes más lluvioso	41	343	226	394	39.06
Precipitación del mes más seco	41	7	4	11	1.85

Reithrodontomys albilabris

Figura 7. Proyección geográfica de localidades de *Reithrodontomys albilabris* para verificar la calidad



de los datos. Los puntos azules corresponden a sitios confirmados dentro del área de distribución. Los puntos rojos representan localidades dudosas o notoriamente fuera del área de distribución histórica.

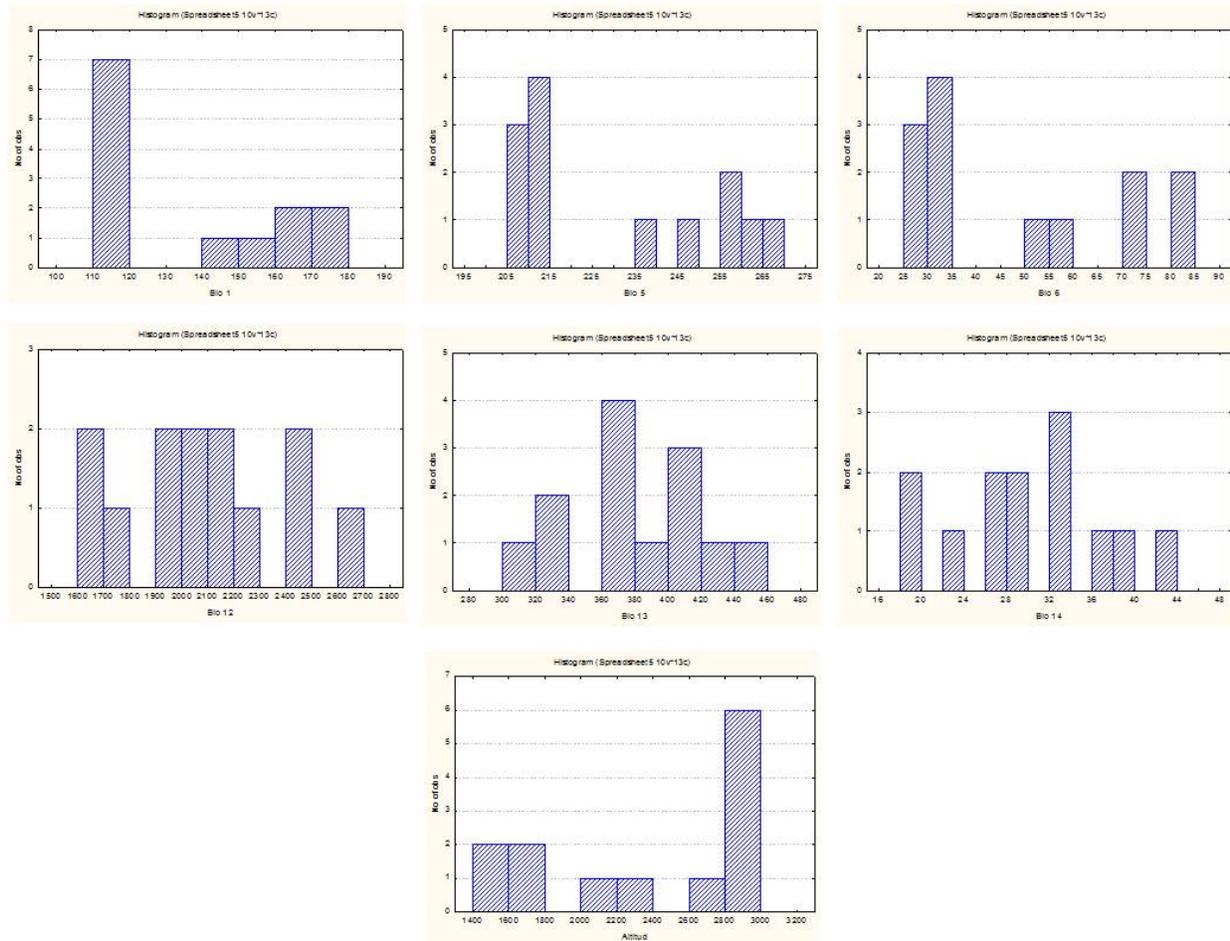


Figura 8. Distribución de frecuencia de los registros de colecta de *Reithrodontomys albilabris* en función de las variables ambientales utilizadas en la modelación de la distribución.

Tabla 7. Matriz de datos utilizada para construir el perfil bioclimático de *Reithrodontomys albilabris*.

Especie	Latitud	Longitud	alt	bio_1	bio_5	bio_6	bio_12	bio_13	bio_14
1 <i>Reithrodontomys albilabris</i>	17.562500	-96.504722	2976	112	206	26	2690	457	44
2 <i>Reithrodontomys albilabris</i>	17.444000	-96.500000	2860	120	214	33	2045	369	29
3 <i>Reithrodontomys albilabris</i>	17.543000	-96.473000	2886	116	210	30	2410	415	38
4 <i>Reithrodontomys albilabris</i>	17.549000	-96.455000	2796	120	214	33	2201	390	33
5 <i>Reithrodontomys albilabris</i>	17.628304	-96.367691	1553	176	268	84	2143	413	34

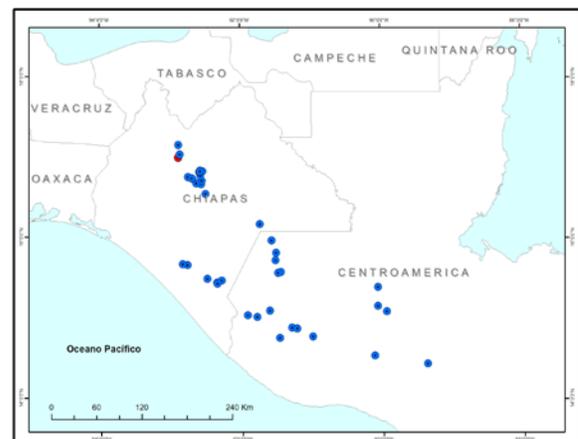
6	Reithrodontomys albilabris	17.429000	-96.507000	2852	120	213	33	1984	362	28
7	Reithrodontomys albilabris	17.450000	-96.500000	2860	120	214	33	2045	369	29
8	Reithrodontomys albilabris	17.627554	-96.365260	1596	174	265	82	2124	411	34
9	Reithrodontomys albilabris	17.613764	-96.369494	1735	166	258	75	1910	372	28
10	Reithrodontomys albilabris	17.599000	-96.479000	2299	142	237	51	1630	304	20
11	Reithrodontomys albilabris	17.575807	-96.507149	2901	116	209	29	2476	425	39
12	Reithrodontomys albilabris	17.601000	-96.411000	1755	166	260	73	1734	337	24
13	Reithrodontomys albilabris	17.610000	-96.500000	2094	151	246	57	1666	335	19

Tabla 8. Perfil bioclimático de *Reithrodontomys albilabris*.

Variables ambientales	Número de localidades únicas	Media	Mínimo	Máximo	Desviación Estándar
Altitud	13	2397	1553	2976	572.21
Temperatura promedio anual	13	138	112	176	24.88
Temperatura máxima del mes más cálido	13	232	206	268	24.3
Temperatura mínima del mes más frío	13	49	26	84	22.26
Precipitación anual	13	2081	1630	2690	315.24
Precipitación del mes más lluvioso	13	381	304	457	42.41
Precipitación del mes más seco	13	31	19	44	7.32

Reithrodontomys microdon

Figura 9. Proyección geográfica de localidades de *Reithrodontomys microdon* para verificar la calidad



de los datos. Los puntos azules corresponden a sitios confirmados dentro del área de distribución. Los puntos rojos representan localidades dudosas o notoriamente fuera del área de distribución histórica.

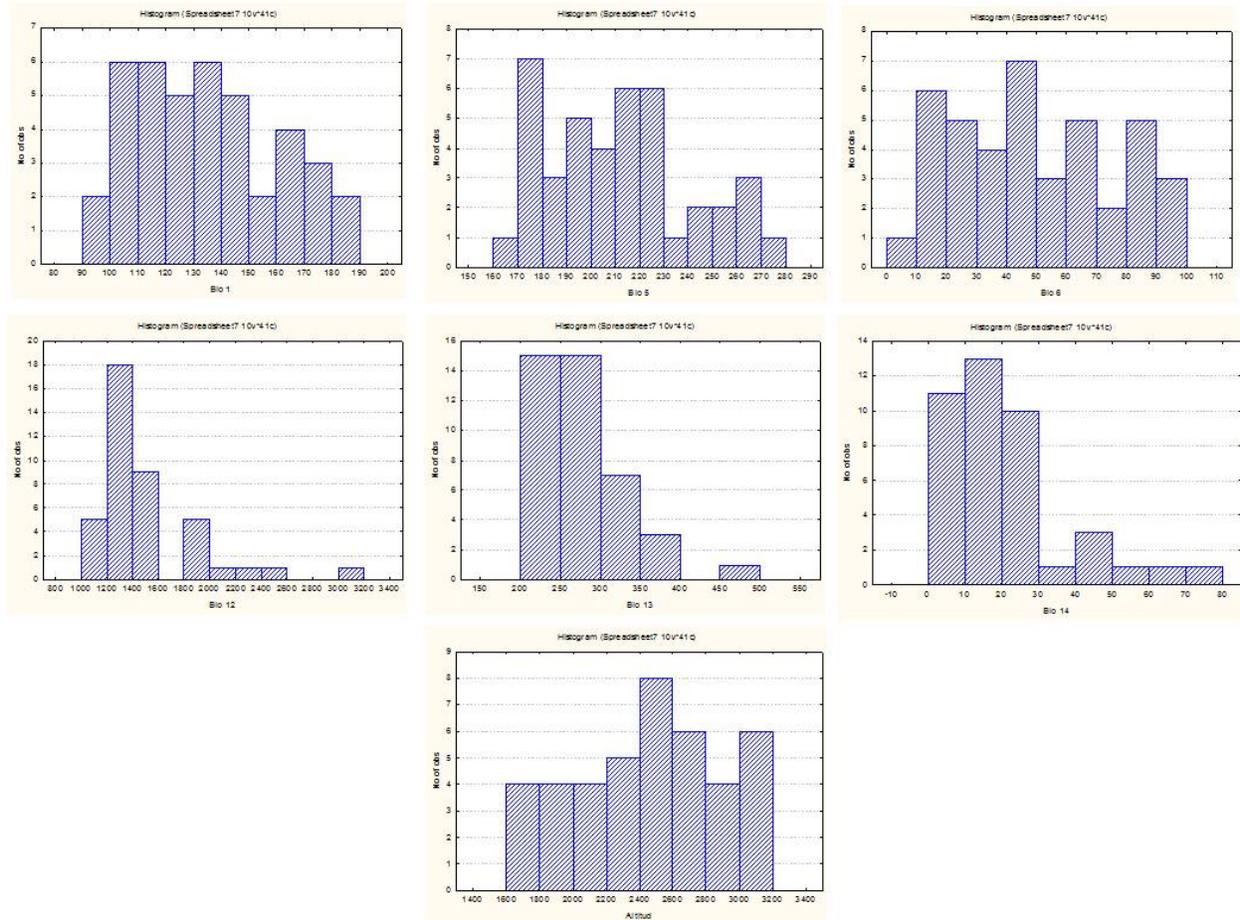


Figura 10. Distribución de frecuencia de los registros de colecta de *Reithrodontomys microdon* en función de las variables ambientales utilizadas en la modelación de la distribución.

Tabla 9. Matriz de datos utilizada para construir el perfil bioclimático de *Reithrodontomys microdon*.

Especie	Latitud	Longitud	alt	bio_1	bio_5	bio_6	bio_12	bio_13	bio_14
1 <i>Reithrodontomys microdon</i>	17.157000	-92.898000	1683	182	262	97	2201	320	62
2 <i>Reithrodontomys microdon</i>	17.030494	-92.866497	1902	167	246	81	1854	288	49
3 <i>Reithrodontomys microdon</i>	15.656389	-92.766945	1918	174	259	77	1377	269	5
4 <i>Reithrodontomys microdon</i>	16.750000	-92.750000	2038	158	240	67	1267	223	24
5 <i>Reithrodontomys microdon</i>	16.736000	-92.698000	2536	129	209	40	1247	232	16

6	Reithrodontomys microdon	16.730000	-92.690000	2409	136	217	44	1177	224	13
7	Reithrodontomys microdon	16.671000	-92.633000	2353	139	220	46	1120	210	11
8	Reithrodontomys microdon	16.814000	-92.588000	2706	120	198	34	1376	242	26
9	Reithrodontomys microdon	16.816250	-92.581972	2749	118	195	32	1397	245	27
10	Reithrodontomys microdon	16.822778	-92.578611	2775	116	194	30	1417	247	28
11	Reithrodontomys microdon	16.832500	-92.578611	2630	123	203	36	1352	238	26
12	Reithrodontomys microdon	16.763806	-92.573889	2423	135	216	45	1190	215	19
13	Reithrodontomys microdon	16.830000	-92.570000	2539	129	207	41	1309	231	25
14	Reithrodontomys microdon	16.661000	-92.563000	2325	141	223	48	1113	206	14
15	Reithrodontomys microdon	16.703056	-92.553610	2336	140	222	47	1130	204	16
16	Reithrodontomys microdon	16.820278	-92.545280	2272	143	224	52	1207	208	28
17	Reithrodontomys microdon	16.540000	-92.503000	1752	177	264	86	1361	274	12
18	Reithrodontomys microdon	16.539000	-92.501000	1752	177	264	86	1361	274	12
19	Reithrodontomys microdon	15.484000	-92.487000	2130	161	244	66	1251	249	4
20	Reithrodontomys microdon	15.438611	-92.347500	2490	138	218	46	1297	254	5
21	Reithrodontomys microdon	15.426333	-92.339944	2872	115	191	24	1395	263	7
22	Reithrodontomys microdon	15.463000	-92.283000	2900	114	190	23	1370	258	8
23	Reithrodontomys microdon	15.033330	-91.916670	2962	104	179	12	1557	304	8
24	Reithrodontomys microdon	15.010000	-91.780000	2929	105	180	12	1486	294	8
25	Reithrodontomys microdon	16.164782	-91.735629	1670	183	273	96	1862	299	33
26	Reithrodontomys microdon	15.089600	-91.602320	3018	102	177	13	1410	277	10
27	Reithrodontomys microdon	15.963730	-91.570300	2013	167	253	83	1840	313	43
28	Reithrodontomys microdon	15.717000	-91.517000	2493	145	227	63	1317	255	21
29	Reithrodontomys microdon	15.810056	-91.505450	3101	105	180	24	1499	261	25
30	Reithrodontomys microdon	15.810000	-91.505280	3101	105	180	24	1499	261	25
31	Reithrodontomys microdon	15.560000	-91.480000	3111	103	179	19	1443	256	19
32	Reithrodontomys microdon	14.751940	-91.463060	2714	114	190	15	1374	310	6
33	Reithrodontomys microdon	15.570000	-91.440000	2647	135	215	53	1267	246	17
34	Reithrodontomys microdon	14.880000	-91.290000	3019	100	174	12	1460	305	10
35	Reithrodontomys microdon	14.866670	-91.216670	3085	97	170	10	1524	314	12
36	Reithrodontomys microdon	14.766940	-90.994170	2345	148	221	66	1260	274	3
37	Reithrodontomys microdon	14.533330	-90.116670	2441	129	191	66	1960	360	20
38	Reithrodontomys microdon	15.148620	-90.067110	1944	151	211	88	2109	327	58
39	Reithrodontomys microdon	15.385830	-90.062220	2128	143	201	78	3050	496	73
40	Reithrodontomys microdon	15.081220	-89.942910	2458	125	184	60	2404	394	48
41	Reithrodontomys microdon	14.433000	-89.367000	1861	162	229	97	1973	396	12

Tabla 10. Perfil bioclimático de *Reithrodontomys microdon*.

Variables ambientales	Número de localidades únicas	Media	Mínimo	Máximo	Desviación Estándar
Altitud	41	2452	1670	3111	436.86
Temperatura promedio anual	41	135	97	183	25.11
Temperatura máxima del mes más cálido	41	213	170	273	28.7
Temperatura mínima del mes más frío	41	50	10	97	27.01
Precipitación anual	41	1514	1113	3050	392.8
Precipitación del mes más lluvioso	41	276	204	496	58.21
Precipitación del mes más seco	41	22	3	73	16.6

Reithrodontomys wagneri

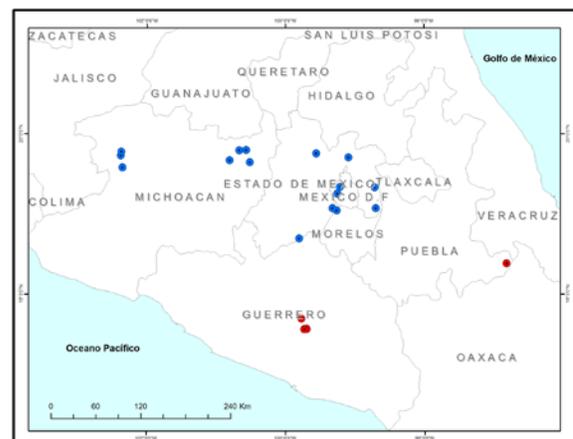


Figura 11. Proyección geográfica de localidades de *Reithrodontomys wagneri* para verificar la calidad de los datos. Los puntos azules corresponden a sitios confirmados dentro del área de distribución. Los puntos rojos representan localidades dudosas o notoriamente fuera del área de distribución histórica.

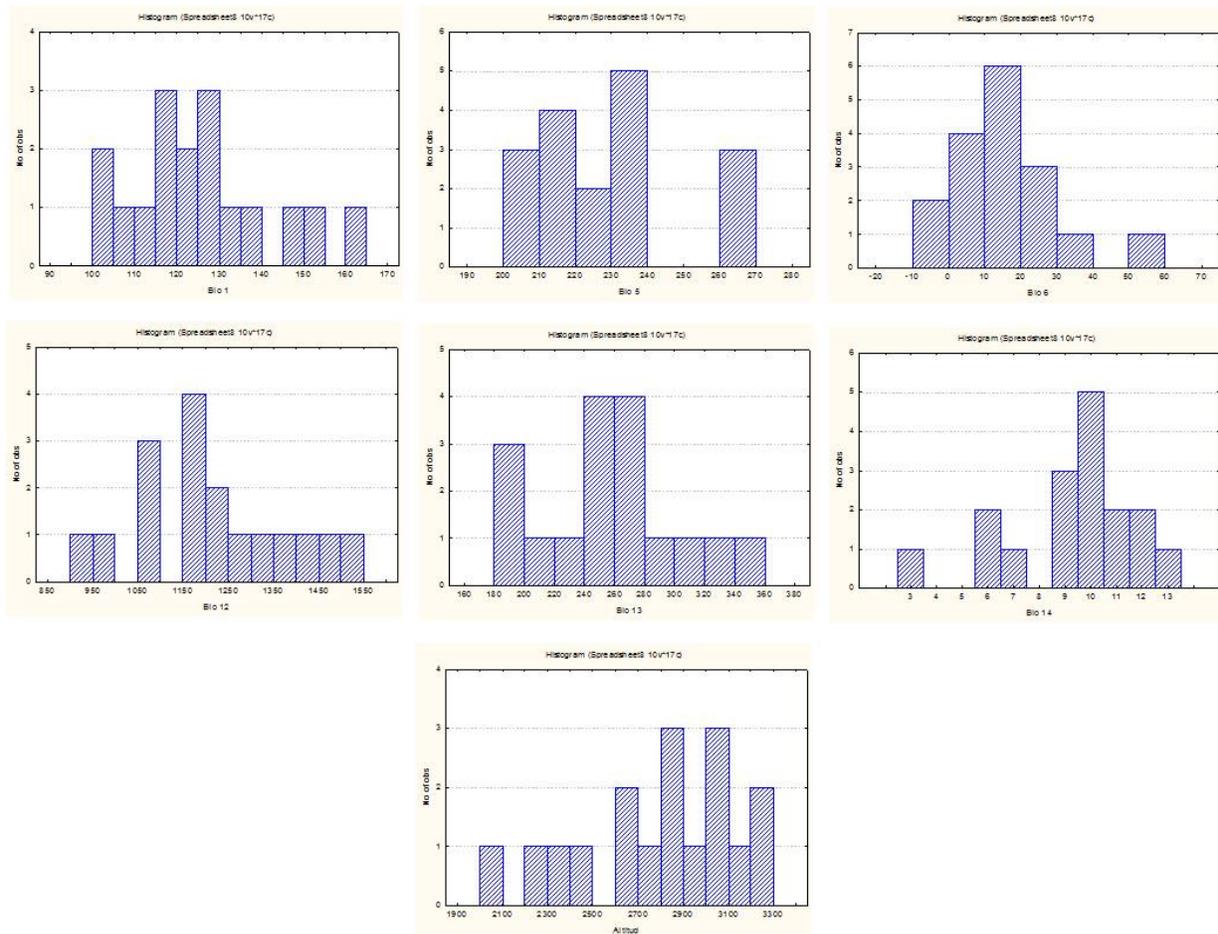


Figura 12. Distribución de frecuencia de los registros de colecta de *Reithrodontomys wagneri* en función de las variables ambientales utilizadas en la modelación de la distribución.

Tabla 11. Matriz de datos utilizada para construir el perfil bioclimático de *Reithrodontomys wagneri*.

Especie	Latitud	Longitud	alt	bio_1	bio_5	bio_6	bio_12	bio_13	bio_14
1 <i>Reithrodontomys wagneri</i>	18.691250	-99.800050	2360	162	263	60	1377	276	11

2	Reithrodontomys wagneri	19.042167	-99.259500	2769	130	233	13	1515	344	9
3	Reithrodontomys wagneri	19.068517	-98.696800	3014	114	216	3	1152	219	10
4	Reithrodontomys wagneri	19.071000	-99.322000	3037	117	216	8	1347	280	10
5	Reithrodontomys wagneri	19.195278	-98.711944	3199	104	205	-3	1059	200	10
6	Reithrodontomys wagneri	19.250000	-99.250000	3016	119	221	6	1223	253	10
7	Reithrodontomys wagneri	19.262543	-99.297825	3217	110	209	2	1273	268	9
8	Reithrodontomys wagneri	19.331000	-98.713000	3274	101	201	-6	989	183	10
9	Reithrodontomys wagneri	19.579663	-102.347737	2073	155	268	32	1084	244	3
10	Reithrodontomys wagneri	19.630061	-100.531835	2441	138	238	25	1192	266	9
11	Reithrodontomys wagneri	19.668167	-100.803000	2831	121	220	18	1464	321	12
12	Reithrodontomys wagneri	19.730000	-102.370000	2668	128	237	16	1156	251	6
13	Reithrodontomys wagneri	19.754000	-99.553000	2862	128	234	14	935	188	12
14	Reithrodontomys wagneri	19.775000	-102.362000	2823	121	228	12	1169	255	7
15	Reithrodontomys wagneri	19.793000	-102.297000	2221	150	265	25	1072	232	6
16	Reithrodontomys wagneri	19.794000	-100.663000	2910	118	217	16	1415	314	13
17	Reithrodontomys wagneri	19.797018	-100.566169	2644	131	232	22	1242	281	11

Tabla 12. Perfil bioclimático de *Reithrodontomys wagneri*.

Variables ambientales	Número de localidades únicas	Media	Mínimo	Máximo	Desviación Estándar
Altitud	17	2786	2073	3274	349.05
Temperatura promedio anual	17	126	101	162	17.06
Temperatura máxima del mes más cálido	17	230	201	268	20.23
Temperatura mínima del mes más frío	17	15	-6	60	15.4
Precipitación anual	17	1216	935	1515	166.08
Precipitación del mes más lluvioso	17	257	183	344	44.97
Precipitación del mes más seco	17	9	3	13	2.54

ANEXO II: Análisis de correlación de variables ambientales

Tabla 1. Matriz de correlación *Megadontomys cryophilus*

alt	bio1	bio5	bio6	bio12	bio13	bio14
-----	------	------	------	-------	-------	-------

alt	1.00000						
bio1	-1.29813	1.00000					
bio5	-1.23591	-1.00348	1.00000				
bio6	-1.58942	-1.04446	-1.07300	1.00000			
bio12	-1.81490	-1.23977	-1.27579	-1.16254	1.00000		
bio13	-1.80969	-1.22844	-1.26424	-1.15083	-1.00410	1.00000	
bio14	-3.90325	-2.33489	-2.45917	-1.97911	-1.38636	-1.41704	1.00000

Tabla 2. Matriz de correlación *Megadontomys thomasi*

	alt	bio1	bio5	bio6	bio12	bio13	bio14
alt	1.00000						
bio1	-0.96765	1.00000					
bio5	-0.89215	0.95031	1.00000				
bio6	-0.92279	0.94610	0.81083	1.00000			
bio12	-0.22766	0.14457	-0.00126	0.26900	1.00000		
bio13	-0.35797	0.27968	0.10341	0.41433	0.96649	1.00000	
bio14	0.10694	-0.23339	-0.28749	-0.16337	0.69075	0.54742	1.00000

Tabla 3. Matriz de correlación *Megadontomys nelsoni*

	alt	bio1	bio5	bio6	bio12	bio13	bio14
alt	1.00000						
bio1	-0.93342	1.00000					
bio5	-0.82668	0.96559	1.00000				
bio6	-0.95865	0.95992	0.86110	1.00000			
bio12	-0.48111	0.31163	0.15535	0.45417	1.00000		
bio13	-0.46326	0.31650	0.17621	0.44830	0.98283	1.00000	
bio14	-0.58161	0.33388	0.13941	0.49222	0.86217	0.79532	1.00000

Tabla 4. Matriz de correlación *Reithrodontomys albilabris*

	alt	bio1	bio5	bio6	bio12	bio13	bio14
alt	1.00000						

bio1	-1.29813	1.00000					
bio5	-1.23591	-1.00348	1.00000				
bio6	-1.58942	-1.04446	-1.07300	1.00000			
bio12	-1.81490	-1.23977	-1.27579	-1.16254	1.00000		
bio13	-1.80969	-1.22844	-1.26424	-1.15083	-1.00410	1.00000	
bio14	-3.90325	-2.33489	-2.45917	-1.97911	-1.38636	-1.41704	1.00000

Tabla 5. Matriz de correlación *Reithrodontomys wagneri*

	alt	bio1	bio5	bio6	bio12	bio13	bio14
alt	1.00000						
bio1	-0.98798	1.00000					
bio5	-0.96595	0.98463	1.00000				
bio6	-0.96821	0.98278	0.94520	1.00000			
bio12	0.04481	-0.05372	-0.09970	0.04889	1.00000		
bio13	-0.13027	0.10995	0.06730	0.19612	0.93728	1.00000	
bio14	0.83669	-0.82963	-0.82100	-0.80981	0.00107	-0.19443	1.00000

Tabla 6. Matriz de correlación *Reithrodontomys microdon*

	alt	bio1	bio5	bio6	bio12	bio13	bio14
alt	1.00000						
bio1	-0.98065	1.00000					
bio5	-0.91038	0.95340	1.00000				
bio6	-0.96316	0.95895	0.83998	1.00000			
bio12	-0.28635	0.26525	0.16957	0.33412	1.00000		
bio13	-0.25782	0.26891	0.20477	0.31113	0.92426	1.00000	
bio14	-0.19671	0.11252	-0.00880	0.21722	0.71314	0.48162	1.00000