

Informe final* del Proyecto JM053
Distribución potencial de las especies de mamíferos con distribución restringida presentes en México

Responsable: Dra. Claudia Ballesteros Barrera

Institución: Universidad Autónoma Metropolitana
Unidad Iztapalapa
División de Ciencias Biológicas y de la Salud
Departamento de Biología.

Dirección: San Rafael Atlixco # 186, Vicentina, Iztapalapa, de México, DF, 09340 , México

Correo electrónico: bbc7@xanum.uam.mx

Teléfono/Fax: 5804 4600 ext. 2690

Fecha de inicio: Julio 15, 2012.

Fecha de término: Noviembre 1, 2016.

Principales resultados: Base de datos, cartografía, informe final.

Forma de citar el informe final y otros resultados:** Ballesteros, B. C. 2016. Distribución potencial de las especies de mamíferos con distribución restringida presentes en México. Universidad Autónoma Metropolitana. Unidad Iztapalapa. **Informe final SNIB-CONABIO, proyecto No. JM053.** Ciudad de México.

Resumen:

Se realizarán los modelos de distribución potencial de poco de 85 especies de mamíferos de 36 géneros, pertenecientes a las familias Erethizontidae, Geomyidae, Heteromyidae, Muridae, Phyllostomidae, Soricidae, Sciuridae, Leporidae, Mustelidae, Vespertilionidae, Castoridae, y Cricetidae, cuyas distribuciones son consideradas restringidas y/o bien se encuentran en alguna categoría de riesgo de acuerdo a la NOM-059-SEMARNAT-2010 y/o son endémicas.

Los modelos serán generados con los algoritmos GARP y MaxEnt, con su correspondiente cartografía, además de un mapa de los sitios donde coincidan los resultados de ambos (mapa consenso). Para todas las especies los modelos se generarán a una resolución de 1 km², sin embargo para aquellas con distribución regional además se realizarán a 1 hectárea (1 ha) de resolución y para las especies de distribución muy restringida a 2500 m² (50 x 50 m), con el fin de mostrar las distintas escalas nacional, regional y local en las que se distribuyen las especies, y a que los modelos con mayor resolución capturan con mayor detalle la variación ambiental con la que está correlacionada la distribución y de manera simultánea, minimizan la sobreestimación en áreas donde la topografía es accidentada.

De forma conservadora se espera generar más de 450 mapas de distribución con sus metadatos. Así mismo se realizarán los perfiles bioclimáticos de cada localidad y de cada especie utilizando el programa BIOCLIM.

-
- * 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 del Proyecto JM053

DISTRIBUCIÓN POTENCIAL DE LAS ESPECIES DE MAMÍFEROS CON DISTRIBUCIÓN RESTRINGIDA PRESENTES EN MÉXICO.

Responsable:

Dra. Claudia Ballesteros Barrera.

Participantes:

Dr. Oswaldo Téllez Valdés

Biól. Osiris Aguilar Romero

M. en C. Judith López Jardines

Biól. Salvador Gaona Ramírez

Dra. Gloria Portales Betancourt

Dr. Miguel León Galván

Institución:

Universidad Autónoma Metropolitana. Unidad Iztapalapa

Dirección:

Departamento de Biología, División de Ciencias Biológicas de la Salud, Universidad
Autónoma Metropolitana-Iztapalapa. Av. San Rafael Atlixco No.186, Col. Vicentina, Del.
Iztapalapa, C.P.09340, México, D.F.

Correo electrónico:

bbc0711@gmail.com

Teléfono/Fax:

58044600 ext 3070

INDICE

Resumen Ejecutivo	1
Introducción	2
Desarrollo del proyecto	4
1.- Calidad de información	4
2.- Criterio de selección de la región de referencia (M) por especie.	16
3.- Variables utilizadas en la modelación	18
4.- Método de modelación	21
5.- Parámetros utilizados en la modelación	22
6.- Evaluación del modelo	24
7.- Conclusiones y recomendaciones	25
8.- Referencias	27
9.- Anexos	32
ANEXO I	
Literatura utilizada consultada por especie	
ANEXO II	
Control de calidad de datos por especie	
ANEXO III	
Perfiles bioclimático por especie	
ANEXO IV	
Regiones de referencia (M) por especie	
ANEXO V	
Listado de especies incluidas en el proyecto	

RESUMEN EJECUTIVO

Se realizaron modelos de distribución potencial de 81 de las 85 especies de mamíferos propuestas en este proyecto. Las especies comprenden 35 géneros y 12 familias: Erethizontidae, Geomyidae, Heteromyidae, Muridae, Phyllostomidae, Soricidae, Sciuridae, Leporidae, Musteliade, Vespertilionidae, Castoridae, y Cricetidae (Cuadro1). Estas especies tienen distribuciones que son consideradas restringidas y/o bien se encuentran en alguna categoría de riesgo de acuerdo a la NOM-059-SEMARNAT-2010 y/o son endémicas.

Los modelos fueron generados con los algoritmos GARP y MaxEnt, y se elaboró su correspondiente cartografía digital a una resolución de 1 km². Se obtuvieron 162 mapas de distribución potencial con sus respectivos metadatos. Asimismo se realizaron los perfiles bioclimáticos para cada especie utilizando el programa BIOCLIM. Para ello se emplearon las capas correspondientes a 19 parámetros bioclimáticos que fueron interpoladas para el periodo 1910-2009, con el programa BIOCLIM y que están disponibles en la red. Se utilizaron localidades georreferenciadas de los sitios donde las especies han sido registradas.

En términos generales, los objetivos propuestos en este proyecto fueron cumplidos. Cabría puntualizar que el número de modelos comprometidos eran 170, ya que el listado que se incluyó en los Términos de Referencia del Convenio consideraba 85 especies. Sin embargo se realizaron modelos para 81 especies, debido a que en dicho término se repitió el nombre de una de las especies (*Dipodomys deserti*), además no se realizaron modelos para *Pappogeomys alcorni*, que cambió su estatus taxonómico de especie a subespecie de *P. bulleri*, y de *Dipodomys margaritae* y *Habromys delicatulus*, ya que no se obtuvieron registros suficientes para realizar los modelos.

INTRODUCCIÓN

A pesar de que México es uno de los países biológicamente más diversos, con altos porcentajes de especies endémicas y en peligro de extinción, y con un extenso sistema de áreas protegidas, no se conoce con certeza el área de distribución de muchas de sus especies de fauna y flora. Ante el reto de establecer estrategias de conservación dirigidas a evitar o frenar la pérdida de la diversidad, surge la necesidad de conocer nuestra diversidad biológica, de saber cómo se distribuye geográficamente y entender cómo debemos conservarla. El primer paso para la conservación de cualquier grupo de organismos es conocerlo adecuadamente, ya que la falta de información oportuna sobre los procesos que mantienen a la biodiversidad ha sido un factor determinante en su desaparición.

México ocupa el segundo lugar en el ámbito mundial en cuanto a diversidad de mamíferos, siendo por lo tanto un país muy rico en mastofauna con un total de 535 especies, de las cuales 488 son terrestres. Ciento sesenta y nueve especies son endémicas al país (Ramírez-Pulido *et al.*, 2005, 2008; Llorente-Bousquets y Ocegueda, 2008), y el 49% están sujetas a algún tipo de protección: desde raras, amenazadas, en peligro de extinción, hasta probablemente extintas en vida silvestre. De acuerdo con Ramírez-Pulido y colaboradores, en México se distribuyen 12 órdenes de mamíferos terrestres, con 34 familias y 165 géneros, de los cuales 13 géneros son endémicos.

En los últimos años se han realizado diferentes investigaciones sobre la diversidad de los mamíferos mexicanos y su distribución actual y potencial, muchas enfocadas a especies que están amenazadas o que son vulnerables a los cambios de cobertura vegetal (Medellín, 1994, Arita *et al.*, 1997, Ceballos *et al.*, 1998, Cuarón, 2000). También se han generado publicaciones que recopilan toda la información existente a la fecha sobre los mamíferos de México (Villa y Cervantes, 2003; Ceballos y Oliva, 2005), así como listados de su clasificación (Ramírez-Pulido *et al.* 2005, 2008). Sin embargo sigue siendo muy importante ampliar y actualizar los estudios referentes a los mamíferos del país, especialmente de las especies que son endémicas, o que se encuentran en alguna categoría de riesgo de acuerdo con la NOM-059-SEMARNAT-2010, o bien que son restringidas. De acuerdo con Arita *et al.*, (1997), se pueden considerar especies de distribución restringida a aquellas cuyas áreas de distribución tengan una extensión menor a la media de todos los mamíferos.

Una especie de distribución restringida es vulnerable a las perturbaciones de su ambiente, sobre todo a aquellas relacionadas con las actividades humanas. Algunas especies, aunque tienen un área de distribución muy restringida y son cuasiendémicas a México, no están consideradas en alguna categoría de riesgo, de acuerdo a la NOM-059. Ejemplo de esta situación es la tuza *Geomys arenarius*, que se encuentra únicamente en unas cuantas localidades con determinadas condiciones ambientales en el norte de nuestro país. Por este hecho, el estatus de la tuza podría reconsiderarse e incluirse como una especie sujeta a protección especial.

Recientemente se ha desarrollado el uso de modelos bioclimáticos predictivos para modelar el nicho ecológico de las especies y proyectarlo a un paisaje geográfico para identificar áreas potenciales de su distribución. Los modelos predictivos usan los registros de colecta de las especies y la información ambiental para generar sus perfiles bioclimáticos y determinar las condiciones ambientales más adecuadas para su distribución. Por esta razón, su uso representa un elemento muy útil para proponer medidas y estrategias eficientes para su conservación.

En el caso de esta investigación enfocada en especies de mamíferos mexicanos con áreas de distribución restringida o en alguna categoría de riesgo, se generaron los modelos de nicho ecológico para tener un panorama de su distribución potencial, que pueda ser la base para analizar los estatus de conservación de dichas especies y que permita tener argumentos científicos para proponer, en caso de ameritarlo, su inclusión dentro de la NOM 059 para su protección. La posibilidad de generar mapas de distribución potencial de especies en aquellos lugares donde no hay información es relevante, considerando que el conocimiento de la distribución total de la diversidad biológica es aún incompleto y fragmentario. En consecuencia, el uso de elementos no-biológicos, tales como los parámetros climáticos, puede ayudar a explicar los patrones biológicos con un alto grado de confiabilidad, incluso sin conocer los patrones de distribución de la mayoría de plantas y animales (Téllez-Valdés y Dávila-Aranda, 2003; Téllez *et al.*, 2006).

DESARROLLO DEL PROYECTO

1. Calidad de Información

En términos generales los objetivos propuestos en este proyecto fueron cumplidos, sin embargo cabría puntualizar que el número de modelos comprometidos eran 170, ya que se estaban considerando 85 especies según el listado que se incluyó en los Términos de Referencia del Convenio establecido. Sin embargo se realizaron modelos para 81 especies debido a que:

1) Hubo un error en una de las especies listadas, ya que se repitió un nombre, por lo que en realidad el número de especies que debieron haberse comprometido eran 84.

2) Para la especie *Dipodomys margaritae* sólo se pudieron recabar 3 localidades de colecta y para *Habromys delicatulus* una sola localidad, por lo cual no se pudieron realizar los modelos de distribución potencial (Cuadro 1).

3) El estatus de la especie *Pappogeomys alcorni*, incluida en la lista de especies a modelar, en el año de 2003 fue cambiado de especie a una subespecie (de *Pappogeomys bulleri* a *Pappogeomys bulleri* subsp. *alconi* Desmastes *et al.*, 2003; ver Ramírez-Pulido *et al.*, 2005), por lo que se eliminó como especie a modelar. Sin embargo los registros de colecta se incluyeron en la base en la especie *P. bulleri* (Anexo V)

ANEXO 3

TÉRMINOS DE REFERENCIA

1. El desarrollo del proyecto deberá apegarse a los aspectos metodológicos establecidos por la CONABIO en el punto 1 g del *Instructivo para presentar proyectos para la convocatoria dirigida a modelar la distribución geográfica de especies presentes en México* de 2011.

En el proyecto se modelará la distribución potencial de 85 especies de mamíferos de distribución restringida utilizando MaxEnt y GARP, por lo que se generarán 170 modelos.

Categoría taxonómica	Taxón			
clase	Mammalia			
orden	Carnivora, Chiroptera, Erinaceomorpha, Lagomorpha, Rodentia, Soricomorpha			
familia	Erethizontidae, Geomyidae, Heteromyidae, Muridae, Phyllostomidae, Soricidae, Sciuridae, Leporidae, Mustelidae, Vespertilionidae, Castoridae, y Cricetidae			
géneros	<i>Artibeus, Castor, Conepatus, Chaetodipus, Cratogeomys, Cryptotis, Cynomys, Dipodomys, Erethizon, Euderma, Geomys, Glaucomys, Habromys, Leptonycteris, Lepus, Liomys, Lontra, Megadonthomys, Megasorex, Microtus, Musonycteris, Myotis, Nelsonia, Notiosorex, Pappogeomys, Peromyscus, Reithrodontomys, Rhogeessa, Sciurus, Sorex, Spermophilus, Spilogale, Tamias, Xenomys</i>			
especies	1	<i>Artibeus hirsutus</i>	44	<i>Microtus umbrosus</i>
	2	<i>Castor canadensis</i>	45	<i>Musonycteris harrisoni</i>
	3	<i>Conepatus semistriatus</i>	46	<i>Myotis carteri</i>
	4	<i>Chaetodipus arenarius</i>	47	<i>Myotis peninsularis</i>
	5	<i>Chaetodipus baileyi</i>	48	<i>Myotis vivesi</i>
	6	<i>Chaetodipus fallax</i>	49	<i>Nelsonia neotomodon</i>
	7	<i>Chaetodipus goldmani</i>	50	<i>Neotoma palatina</i>
	8	<i>Chaetodipus lineatus</i>	51	<i>Notiosorex crawfordi</i>
	9	<i>Cratogeomys fumosus</i>	52	<i>Pappogeomys alcorni</i>
	10	<i>Cratogeomys gymnurus</i>	53	<i>Pappogeomys bulleri</i>
	11	<i>Cratogeomys merriami</i>	54	<i>Peromyscus bullatus</i>
	12	<i>Cratogeomys tylorhinus</i>	55	<i>Peromyscus beatae</i>
	13	<i>Cryptotis goldmani</i>	56	<i>Peromyscus ferveus</i>
	14	<i>Cryptotis magna</i>	57	<i>Peromyscus ochraverter</i>
	15	<i>Cryptotis mexicana</i>	58	<i>Peromyscus polius</i>
	16	<i>Cynomys ludovicianus</i>	59	<i>Peromyscus zarhynchus</i>
	17	<i>Dipodomys deserti</i>	60	<i>Reithrodontomys chrysopsis</i>
	18	<i>Cynomys mexicanus</i>	61	<i>Reithrodontomys hirsutus</i>
	19	<i>Dipodomys deserti</i>	62	<i>Reithrodontomys microdon</i>
	20	<i>Dipodomys gravipes</i>	63	<i>Reithrodontomys spectabilis</i>



Handwritten signatures and initials, including 'New' and 'Spec'.

Figura 1.- Listado de especies comprometidas en los Términos de referencia del Convenio Núm. FB1620/JM053/12, en el que se repite el nombre de la especie *Dipodomys deserti* en los números 17 y 19.

Se solicitó información a la Dirección Técnica de Análisis y Prioridades de la CONABIO, quién dio respuesta enviando una base de datos provistos por el SNIB-CONABIO en formato de Access constituida por alrededor de 20, 661 registros para alrededor de 83 nombres de especies. Así mismo, para completar la información de algunas especies faltantes, se consultaron las siguientes bases de datos electrónicas The Global Biodiversity Information Facility (GBIF) (www.gbif.org), Vertnet (<http://vertnet.org/about/about.php>), la Base de datos de los mamíferos de México depositados en colecciones de Estados Unidos y Canadá (<http://www.izt.uam.mx/mamiferos/>) y la base de datos de la Unidad de Informática de la Biodiversidad (UNIBIO) del Instituto de Biología, UNAM, tanto utilizando su portal en internet (<http://unibio.unam.mx/>) como solicitándolos directamente a personal encargado de la UNIBIO.

También se obtuvo información de colecciones biológicas cuyos registros aún no estén dentro de bases de datos electrónicas. Se solicitó a los curadores de las siguientes colecciones la información que aún no estuviera capturada en una base de datos:

- Colección Nacional de Mamíferos, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México (CNMA)
- Colección de Mamíferos, Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa (UAM-I)
- Colección Regional Mastozoológica de Oaxaca, Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional, Unidad Oaxaca, Instituto Politécnico Nacional (CIIDIR-OAXACA)
- Colección Mastozoológica, Museo de Zoología Alfonso L. Herrera, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México (FC-UNAM)

Además se asistió personalmente a la Colección Mastozoológica de la Escuela Nacional de Ciencias Biológicas (ENCB) del Instituto Politécnico Nacional, donde se ingresó la información proveniente de las etiquetas de cerca de 200 ejemplares.

La base de datos (BDs) fue revisada minuciosamente desde la perspectiva del control de la calidad de los datos solicitada por CONABIO. En primera instancia se revisaron los nombres los registros contenidos por la BDs. Se cotejaron las diversas sinonimias (en caso de que existieran), así como el nombre aceptado actualmente siguiendo a Ramírez-Pulido *et al.* (2005 y 2008), con el fin de hacer búsquedas de los diferentes nombres con los que se han nombrado las especies y

también evitar errores en caso de que se hubieran propuesto nuevas especies a partir de subespecies. Con base en ello se corrigieron algunos registros asignando el nombre correcto. No fue posible asignar un nombre correcto o aceptado a algunos registros, dado que no se tuvo acceso a los especímenes. La revisión de la BDs, permitió filtrar y corregir numerosos nombres mal escritos y numerosas sinonimias en géneros y especies.

Se realizaron los siguientes cambios:

Cuando en las bases de datos se encontró *Pappogeomys gymnurus* se actualizó su nombre a *Cratogeomys gymnurus*; de *Pappogeomys merriami* a *Cratogeomys merriami*; de *Pappogeomys tylorhinus* a *Cratogeomys tylorhinus*; de *Perognathus fallax* a *Chaetodipus fallax*; de *Tamias obscurus* a *Neotamias obscurus*; de *Tamias durangae* a *Neotamias durangae* y de *Neotamias dorsalis* a *Tamias bulleri*.

Se realizó una búsqueda exhaustiva en la literatura (Anexo I Literatura en archivo .zip). Con la información que se consiguió de los artículos y libros consultados se obtuvieron más localidades de algunas especies, además de que se completó o corroboró la información proveniente de las otras fuentes consultadas.

Después de consultar todas estas fuentes se generó una base de datos de 52, 760 registros provenientes de 52 colecciones nacionales y del extranjero (Cuadro 2). Sin embargo la base carecía de mucha información, por ejemplo: 8,697 registros no contaban con coordenadas, y 13,970 registros no indicaban el municipio, otros datos que omitían numerosos registros fueron el nombre del colector, la fecha de colecta etc.

Cuadro 1.- Colecciones consultadas, número de registros y número de especies obtenidas por colección

INSTITUCIÓN	SIGLAS DE LA COLECCIÓN	COLECCIÓN	NO DE REGISTROS	NO. DE ESPECIES
IBUNAM	CNMA	Colección Nacional de mamíferos del Instituto de Biología, UNAM	8720	84
KUNHM	KU	Collection of Mammalogy, Kansas University Natural History Museum, University of Kansas	5971	85
MVZ-UCB	MVZ	Mammal Collection, Museum of Vertebrate Zoology, University of California, Berkeley	4254	79
ENCB-IPN	ENCB	Colección Mastozoológica, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional	2869	87
ECOSUR	ECO-SC-M	Colección Mastozoológica, El Colegio de la Frontera Sur	2017	11
FC-UNAM	MZFC	Colección Mastozoológica, Museo de Zoología Alfonso L. Herrera, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México	1289	36
NHM	LACM	Mammalogy Collection, Natural History Museum, Los Angeles County	1123	64
CIB	CIB	Inventario de la mastofauna en las reservas de la biosfera Desierto del Vizcaíno y Valle de los Cirios	1063	11
MSB-UNM	MSB	Mammal Collection, Museum of Southwestern Biology, University of New Mexico	1041	35
FMNH	FMNH	Mammal Collection, Field Museum of Natural History	990	63
AMNH	AMNH	Mammalogy Collection, American Museum of Natural History	864	79
MSU	MSU	Mammal Collection, Midwestern State University	677	45
FCB-UANL	UANL	Colección de Mamíferos, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León	590	7
CAS	CAS	Mammalogy Collection, California Academy of Sciences	438	45
CIIDIR-IPN	CRD	Colección Regional Durango (Mammalia), Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional, Unidad Durango, Instituto Politécnico Nacional	428	34
MCZ-HU	MCZ	Mammal Collection, Museum of Comparative Zoology, Harvard University	398	21
LSUMNS	LSUMNS	Collection of Mastozoology, Louisiana State University,	395	27

		Museum of Natural Science, Louisiana State University		
CIIDIR-IPN	OAXMA	Colección Regional Mastozoológica de Oaxaca, Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional, Unidad Oaxaca, Instituto Politécnico Nacional	190	20
BM-UW	UWBM	Mammal Collection, Burke Museum of Natural History and Culture, University of Washington	110	9
CSU	CSUN	Mammalogy Collection, Colorado State University	93	18
LITERATURA	LITERATURA	LITERATURA	66	16
IHNE	CZRIHN	Colección Zoológica Regional, Instituto de Historia Natural y Ecología	41	8
MADUG-UGTO	MADUG-MA	Colección de Mamíferos, Museo de Historia Natural Alfredo Dugés, Universidad de Guanajuato	20	10
CMNH	CMNH	Actualización y enriquecimiento de las bases de datos del proyecto de evaluación y análisis geográfico de la diversidad faunística de Chiapas	20	7
EB-BUAP	EB-BUAP	Colección Herpetológica, Escuela de Biología, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla	18	2
BUAP	EB-BUAP	Colección de Mamíferos, Escuela de Biología, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla	18	2
CIMNH	CIMNH	Mammal Collection, Orma J. Smith Museum of Natural History, The College of Idaho	16	5
BYU	BYU	Mammals Collections, Brigham Young University	16	7
CUMV	CUMV	Mammals Collection, Cornell University Museum of Vertebrates	15	7
HNHM	HNHM	Hungarian Natural History Museum	12	3
FSM- UF	FSM	University of Florida, Florida Museum of Natural History	12	7
ASNHC	ASNHC	Birds Collections, Angelo State Natural History Collections, Angelo State University	12	2
MZTG	MZTG	Actualización y enriquecimiento de las bases de datos del proyecto de evaluación y análisis geográfico de la diversidad faunística de Chiapas	9	4
FCA-UAEM	UAEM	Análisis de la heterogeneidad ambiental y conectividad de las Áreas naturales del sur del Valle de México_2	7	1
MWSU	ND	Colección de Mamíferos de Nuevo León, México (UANL)	6	1
ISM	ISM	Illinois State Museum	5	2
FB-UMSNH	CM-UMSNH	Inventario florístico y faunístico del Parque Nacional Barranca del	5	4

		Cupatitzio, Michoacán		
EBD_CSIC	EBD_MAM	Estación Biológica Donana - CSIC, Mammal Collection	4	3
MU	MU	Collection of Mammals, Miami University	3	2
FMVZ-UADY	UADY	Anfibios, reptiles y mamíferos del corredor biológico del norte de Yucatán depositados en las colecciones de la Escuela Nacional de Ciencias Biológicas	3	1
FHSU	MHP	Collection of Mammals, Sternberg Museum of Natural History	3	2
ISU	IOWA	Collection of Mammals, Iowa State University	2	1
CRCM-WSU	CRCM	Mammal Collection, Charles R. Conner Museum, Washington State University	2	2
MVNH-SOSC	SOSC-MVNH	Mammal Collection, Museum of Vertebrate Natural History, Southern Oregon State College	1	1
MMMN	MMMN	Mastozoology Collection, Manitoba Museum of Man and Nature	1	1
DMNS	DMNS	Mammal Collection, Delaware Museum of Natural History	1	1
CMN	CMNMA	Mammal Collection, Canadian Museum of Nature	1	1
BSU	BSCVC	Vertebrate Collections, Bemidji State University	1	1
ASU	UAZ	Collection of Mammals, Angelo State Natural History Collections, Angelo State University	1	1
IAvH-M	IAvH-M	Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt	1	1

Se eliminaron todos aquellos registros que carecían de información que nos permitiera obtener una georreferencia precisa y los registros duplicados. También se completó información en algunas columnas, se homogeneizó la nomenclatura de todos los campos y se quitaron caracteres extraños. Por ejemplo, algunas bases del extranjero no admiten acentos, por lo que algunas palabras aparecían de la siguiente manera:

El LimÃ³n, Veracruz (que se corrigió como El Limón, Veracruz)

Xalapa-Enríquez (que se corrigió como Xalapa-Enríquez)

Un primer paso para darnos cuenta de la calidad de la información que tienen las bases de datos de acceso libre consistió en realizar modelos de distribución potencial preliminares sin hacer limpieza a la base de datos. Esto permitió revisar visualmente la distribución geográfica de los registros de cada especie y revisar el modelo resultante (figs. 2 y 3).

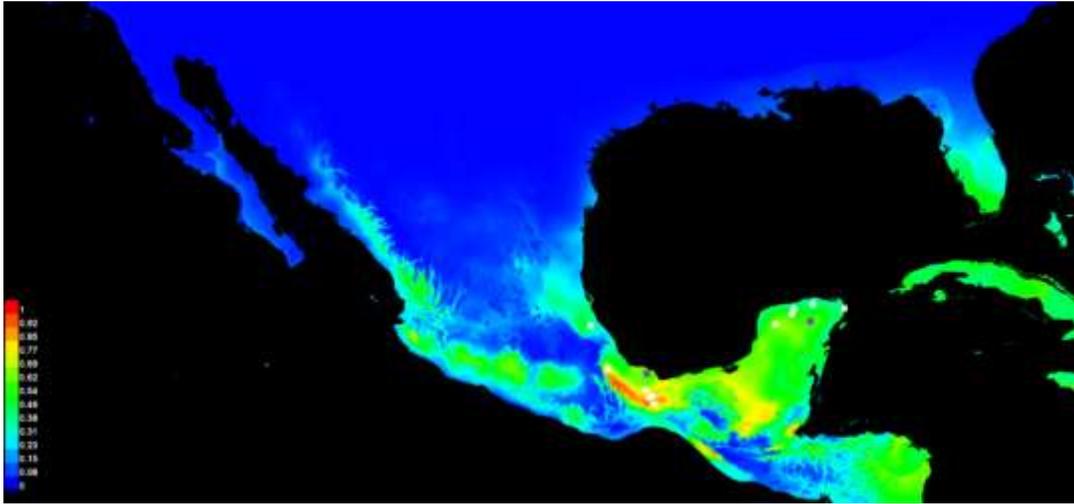


Figura 2.- Modelo preliminar de *Conepatus semiestratus*.

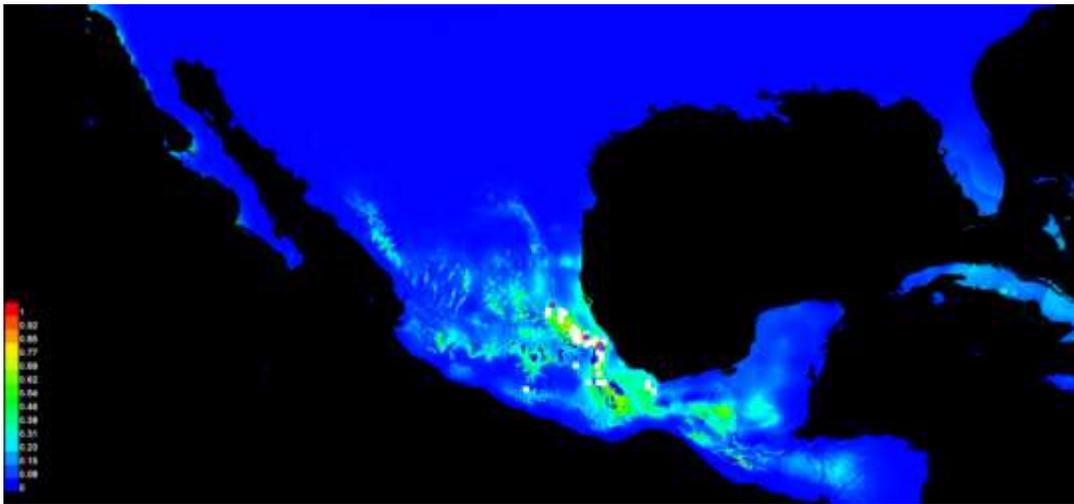


Figura 3.- Modelo preliminar de *Microtus quasiater*, con registros anómalos en Michoacán.

Siguiendo este procedimiento se detectaron de manera preliminar varios errores, que fueron la base para centrarnos en varios aspectos relevantes:

1) la distribución geográfica consistente de cada especie, ya que muchas especies tenían registros con coordenadas fuera del país, que se situaban en medio del mar o bien en casos menos extremos, en otros estados que los referidos en el campo 'localidad'.

2) la poca cantidad de datos de registro para algunas de las especies que generaban malos modelos.

3) Varias especies han cambiado de situación taxonómica a lo largo de los años, por ejemplo elevando su categoría de subespecie a especie, sin embargo muchas colecciones no han actualizado esta información.

Debido a estos problemas en la base de datos, falta de información acerca de las coordenadas geográficas de las localidades y localidades mal georreferenciadas, se procedió a ubicar geográficamente las localidades que no contaban con esta información, y a corroborar las coordenadas proporcionadas en las bases de datos.

Para corroborar que las localidades estuvieran dentro de la distribución conocida, o al menos que tuvieran coherencia con la geografía y ecología de la especie, se realizó una búsqueda de los mapas de distribución que han propuesto autores como Hall (1981), Ceballos y Oliva. (2005), Villa y Cervantes (2003) y Ramírez-Pulido *et al.* (2008), así como de una gran cantidad de artículos científicos (esto se incluye en el Anexo II.- Control de calidad de datos para proyectos de modelado de distribución de especies). Los mapas se utilizaron para comparar las localidades contenidas en las BDs. Cuando se tuvieron dudas se acudió a mastozoólogos expertos, y si se trataba de localidades que estuvieran fuera de su distribución geográfica natural los registros fueron eliminados (Fig. 4 y 5). Esto permitió revisar y corregir los posibles problemas relacionados con la distribución geográfica dudosa, y revisar aquellos problemas de índole nomenclatural relacionados con la taxonomía de las especies que los tuvieran.

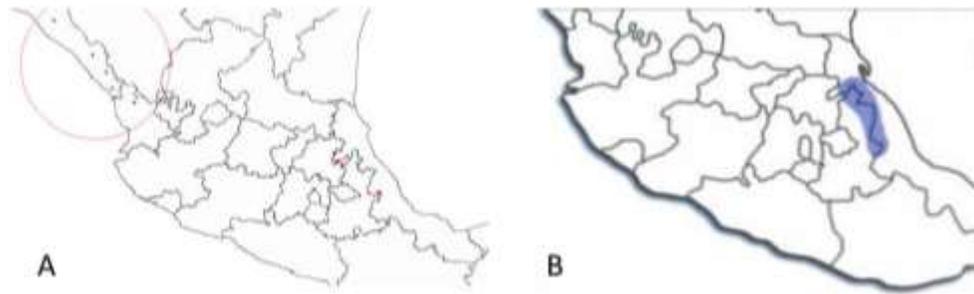


Figura 4.- A.- Localidades de colecta del ratón *Habromys simulatus* obtenidas de bases de datos electrónicas (puntos rojos). El círculo rojo muestra las localidades que están fuera de la distribución conocida. B Mapa de distribución conocida de *H. simulatus* según (León-Paniagua y Romo, 2005)

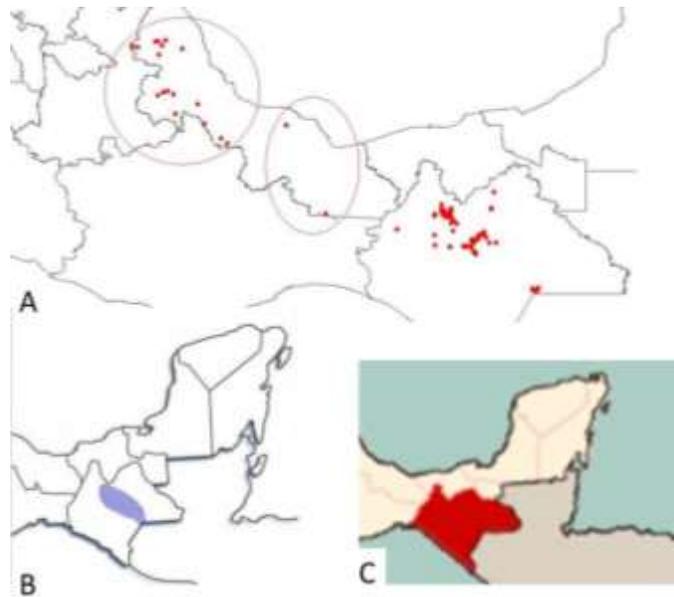


Figura 5.- A.- Localidades de colecta del ratón *Peromyscus zarinchus* obtenidas de bases de datos electrónicas (puntos rojos). El círculo rojo muestra las localidades que están fuera de la distribución conocida. B y C Mapa de distribución conocida de *H. simulatus* según León-Paniagua y Romo (2005)

No obstante, hubo casos en que diversos autores reportan distribuciones distintas para una misma especie, como es el caso de *Peromyscus beatae* (Fig. 6). En estos casos seguimos lo reportado por Ramírez-Pulido *et al.*, 2008, ya que era en ese momento la cita más reciente y publicado por la misma Conabio.

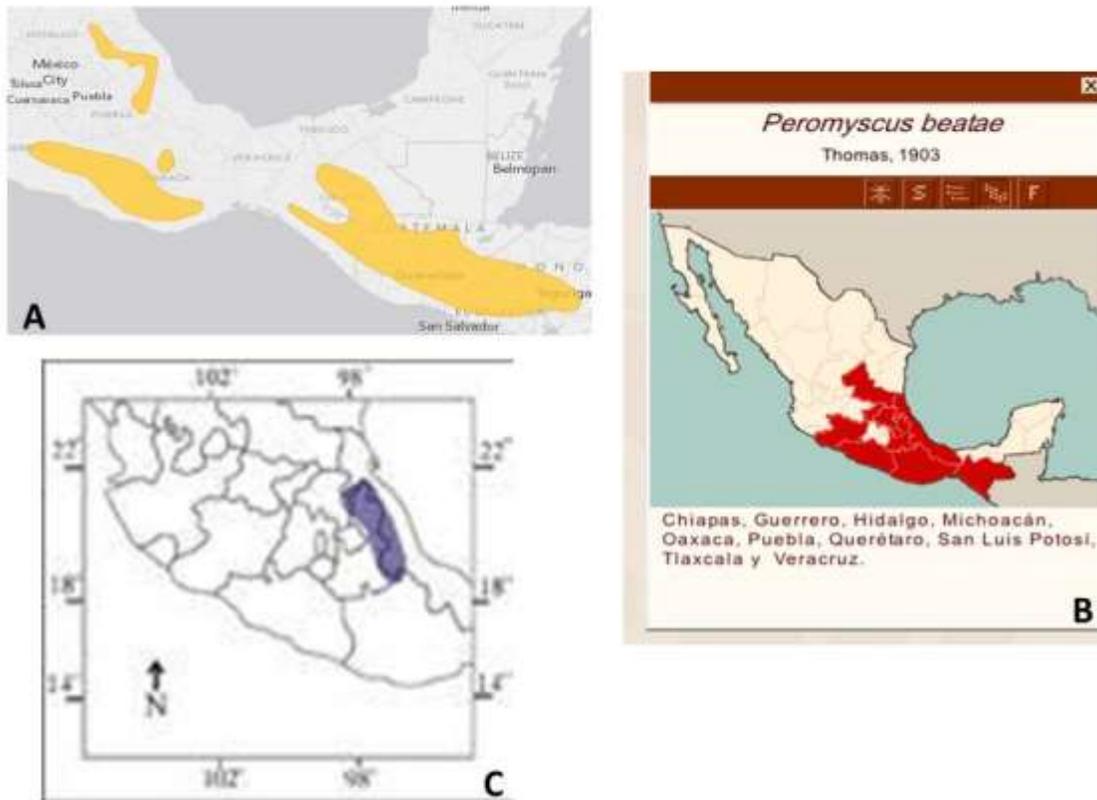


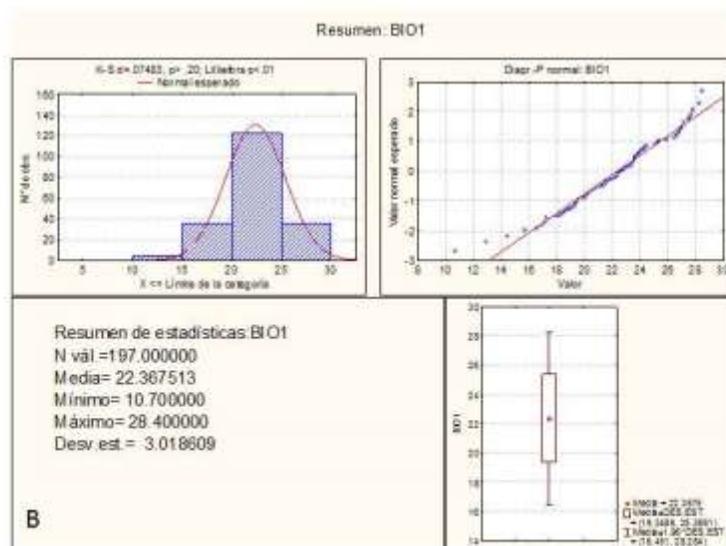
Figura 6.- Mapa de distribución potencial de *Peromyscus beatae* de acuerdo a A) La Lista Roja de la IUCN (maps.iucnredlist.org/map.html?id=136323), B) Ramírez-Pulido, *et al.*, 2008 y C) Ceballos y Oliva (2005)

Asimismo, se revisó el intervalo ambiental en el que se localizan los registros, de acuerdo con el conocimiento que se tiene de la biología, geografía, ecología y fisiología de la especie. Para ello se elaboraron los perfiles bioclimáticos para cada especie, correlacionando las coordenadas de registro de cada una de las especies con las 19 variables ambientales (Anexo III). Con esta información se realizaron análisis exploratorios de datos por medio de los estadísticos básicos, así como graficando la distribución de frecuencias de los registros en distintos intervalos que toma cada variable y con diagramas de caja con bigotes (ejemplo en la Fig. 7). Los resultados

del análisis de calidad de información para todas las especies se presentan por especie en el Anexo II.

Estadísticas descriptivas (ART_HIRS_VARI)					
Variable	N vál.	Meda	Mínimo	Máximo	Desv.est.
BIO1	197	22.3675	10.7000	28.4000	3.0186
BIO2	197	14.8756	9.3000	20.0000	2.1074
BIO3	197	0.6196	0.5000	0.6900	0.0428
BIO4	197	0.8499	0.3700	1.9700	0.4135
BIO5	197	34.4315	23.5000	41.7000	3.4617
BIO6	197	10.2152	-3.8000	18.1000	3.7561
BIO7	197	24.2066	14.5000	33.5000	4.2423
BIO8	197	24.2269	14.1000	30.6000	3.5409
BIO9	197	22.0782	9.2000	29.6000	3.3066
BIO10	197	25.3685	14.7000	31.2000	3.3896
BIO11	197	19.1274	5.2000	26.1000	3.4731
BIO12	197	896.0102	305.0000	1624.0000	236.7656
BIO13	197	55.4670	21.0000	95.0000	14.5032
BIO14	197	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
BIO15	197	110.4061	81.0000	122.0000	7.1441
BIO16	197	586.1624	228.0000	975.0000	153.3940
BIO17	197	3.5127	0.0000	55.0000	10.7222
BIO18	197	279.8629	64.0000	782.0000	165.7042
BIO19	197	41.5787	10.0000	131.0000	31.5261

A



B

Figura 7.- A) Cuadro con los estadísticos descriptivos de las 19 variables ambientales utilizadas para construir el perfil bioclimático de *Artibeus hirsutus*. B) Gráficas de la distribución de frecuencias de los registros de *Artibeus hirsutus* y diagrama de caja con bigotes

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

Es muy complicado determinar cuáles son las posibles regiones M para cada una de las especie, ya que para la mayoría se desconoce cuál es “el conjunto de sitios que la especie ha tenido tiempo de visitar o explorar desde una fecha dada”. Por ello se siguieron diferentes criterios para definir sus límites: 1) la distribución conocida de las especies, y 2) una relación general con distintas regionalizaciones de país, y que han sido propuestas bajo una combinación de criterios biológicos, geomorfológicos, fisiográficos y climáticos, entre otros.

La primera idea fue utilizar una regionalización biótica que estuviera relacionada con la distribución de los mamíferos de México. Para ello se utilizó la cobertura obtenida del portal de la Conabio (Ramírez-Pulido y Castro-Campillo, 1990). Sin embargo, además de que para muchas de las especies este criterio no fue funcional porque las localidades de presencia no tenían mucho sentido con las regiones propuestas, nos enfrentamos a un problema mayor. Las coberturas digitales disponibles en el portal “Metadatos y cartografía” de la Conabio presentan un desfase importante (hasta 15 km) con respecto a las coberturas climáticas que se usaron para realizar los modelos (Fig. 8). Esta inconsistencia se detectó con las coberturas: “Regiones y Provincias Mastogeográficas” antes mencionadas, con las coberturas de “Provincias biogeográficas” (Conabio, 1997) y con las de “Regiones naturales de México”. Según especialistas en SIG de la UAM-Iztapalapa que analizaron este problema, este desfase no tiene que ver con la proyección de las coberturas, sino con la forma en que como fueron creadas de origen.

Debido a que no hubo manera de resolver el problema del desfase, se utilizaron las coberturas de “Cuencas hidrológicas” (CNA, 1998) y las “Ecorregiones terrestres” (INEGI, 2008), que se descargaron del portal de Metadatos de la Conabio (<http://www.conabio.gob.mx/informacion/metadatos/gis>). Utilizar las ecorregiones y las cuencas como base para definir las regiones M tiene sentido biológico, ya que una ecorregión es un ensamblaje geográficamente definido, constituido por comunidades naturales que: a) comparten la gran mayoría de sus especies y dinámica ecológica; b) tienen condiciones ambientales similares; y c) sus interacciones ecológicas son críticas para su persistencia a largo plazo (Neyra-González y Durand 1998). Mientras que los grados de complejidad en el arreglo fisiográfico en las cuencas hidrológicas se conciben como sinónimo de heterogeneidad de paisajes, con una diversidad de escenarios y ambientes que pueden albergar distinta biodiversidad.

Una vez descargadas las coberturas se procedió a seleccionar los polígonos que incluyeran los registros de colecta de cada especie (Fig.8). A la tabla de atributos de cada cobertura se le agregó una columna para utilizar valores en común y poder disolver los polígonos que conforman el área seleccionada a fin de tener un solo polígono. Esto se realizó en ArcView 3.3 utilizando la extensión GeoProcessing wizard. Finalmente, el polígono único se convirtió a formato Grid (Fig. 9) para poder realizar un corte Grid con Grid con respecto a las coberturas climáticas y así evitar tener un desfase entre coberturas al coincidir pixel con pixel. Las coberturas se cortaron utilizando la extensión Grid Machine y la herramienta Cutting Machine. Las regiones M de cada especie se incluyen en el Anexo IV en formato Ascii.



Fig. 8.- Desfasamiento entre la cobertura climática Bio1 Temperatura promedio anual (color negro) generada por Cuervo *et al.*, 2013 y en color verde las regiones y provincias mastogeográficas (Ramírez-Pulido y Castro, 1990) en color rosa las provincias biogeográficas (Conabio, 1997).

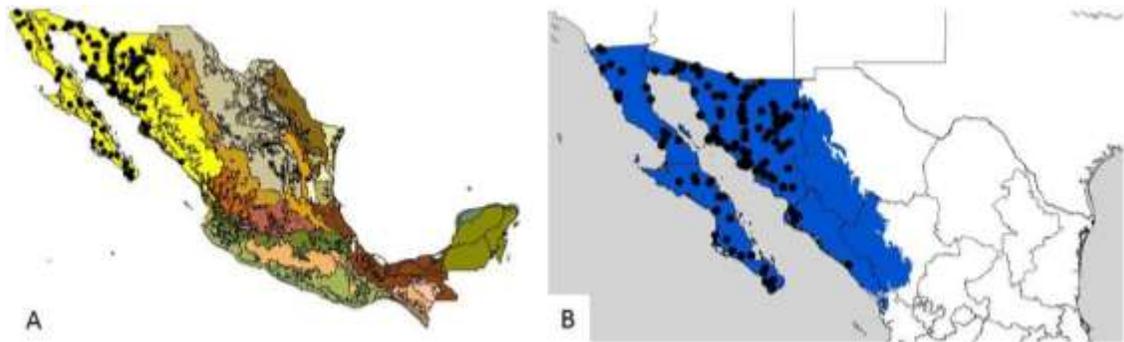


Fig.9.- A) Cobertura de ecorregiones terrestres (INEGI, 2008); en amarillo ecorregiones seleccionadas para crear la región M de la especie *Chaetodipus baileyi*. Los puntos negros son las localidades de presencia de la especie. B) Área en azul: Región M generada a partir de los polígonos seleccionados en A y convertidos a formato Grid.

3.- Variables utilizadas en la modelación

Las variables empleadas en este proyecto son las generadas por Cuervo- Robayo *et al.*, (2013), las cuales están disponibles en la red (<http://idrisi.uaemex.mx/index.php/ligas/geodatos/306-superficies-climaticas-para-mexico>). A grandes rasgos, estas variables fueron interpoladas a partir de valores promedio mensuales del periodo 1910 a 2009 de las temperaturas máxima y mínima, así como de precipitación, de la red de estaciones meteorológicas estándar del sur de Estados Unidos, todo México y del norte de Centroamérica (Cuervo-Robayo *et al.*, 2013). Se trata de coberturas de 19 parámetros climáticos (Cuadro 2) a una resolución espacial de celdas de 1 km²

1. Temperatura media anual (°C).
2. Intervalo medio diurno (media mensual) (t°máx.- t° min.) (°C).
3. Isotermalidad (°C).
4. Temperatura Estacional (C of V) (%).
5. Temperatura máxima del mes más cálido (°C).
6. Temperatura mínima del mes más frío (°C).
7. Rango de Temperatura Anual (°C).
8. Temperatura media del trimestre más húmedo (°C).
9. Temperatura media del trimestre más seco (°C).
10. Temperatura media del trimestre más cálido (°C).
11. Temperatura media del trimestre más frío (°C).
12. Precipitación anual (mm).
13. Precipitación del mes más húmedo (mm).
14. Precipitación del mes más seco (mm).
15. Precipitación estacional (C of V) (%).
16. Precipitación del trimestre más húmedo (mm).
17. Precipitación del trimestre más seco (mm).
18. Precipitación del trimestre más cálido (mm).
19. Precipitación del trimestre más frío (mm).

Cuadro 2. Parámetros bioclimáticos usados para generar los modelos de distribución potencial.

Estas variables se ordenaron en una matriz en la que las hileras son las localidades de cada especie y las columnas los valores de los 19 parámetros. Esta matriz fue procesada con ayuda del paquete Statistica versión 10 (StatSoft, Inc., 2010), con el fin de elaborar un resumen de los perfiles de las localidades de cada especie. Los perfiles bioclimáticos de las localidades de cada especie fueron revisados estadísticamente y se calcularon los parámetros básicos como la media, la desviación estándar, el valor máximo y el mínimo (Fig. 7, se incluyen en el Anexo II)

Considerando la posibilidad de que se presentara colinealidad entre las variables, se realizó un análisis de componentes principales (PCA) utilizando para ello el programa estadístico

NCSS 2001 (Hintze, 2001). El PCA está diseñado para reducir el universo de variables explicatorias, definir cuáles de ellas tienen mayor peso y ordenarlas por importancia. Así, se realizaron PCA por cada especie y se determinaron cuáles de las 19 variables se incluirían dentro del modelado de cada especie. La mayor parte de las variables seleccionadas coinciden entre las especies, sin embargo, para cada género hay diferencias en las variables críticas que diferencian a cada grupo.

Ejemplo de lo anterior tenemos al murciélago *Artibeus hirsutus* cuyos resultados del PCA mostraron que los dos primeros componentes explicaron el 91 % de la varianza, siendo las variables más importantes las siguientes relacionadas con la temperatura:

- 1.- Temperatura media anual (°C).
- 5.- Temperatura máxima del mes más cálido (°C).
- 6.- Temperatura mínima del mes más frío (°C).
- 7.- Intervalo de la temperatura anual (°C).
- 8.- Temperatura promedio del trimestre más húmedo (°C).
- 9.- Temperatura promedio del trimestre más seco (°C).
- 10.- Temperatura promedio del trimestre más cálido (°C).
- 11.- Temperatura promedio del trimestre más frío (°C).

Mientras que para el ratón *Reithrodontomys spectabilis* los primeros componentes explicaron el 94.73 % de la varianza, siendo las variables más importantes las relacionadas tanto con la temperatura como con la precipitación:

- 1.- Temperatura media anual (°C).
- 2.- Rango medio diurno (media mensual) (°C).
- 5.- Temperatura máxima del mes más cálido (°C).
- 6.- Temperatura mínima del mes más frío (°C).
- 7.- Intervalo de la temperatura anual (°C).
- 8.- Temperatura promedio del trimestre más húmedo (°C).
- 12.- Precipitación promedio anual (mm).
16. Precipitación del trimestre más húmedo (mm).
18. Precipitación del trimestre más cálido (mm)

Una vez definidas las variables climáticas se adecuaron las capas de acuerdo a la región M definida para cada especie. Estas fueron convertidas a formato ASCII para ser empleadas conjuntamente con los datos geográficos (coordenadas) de las especies en el programa MaxEnt 3.3.3k con el que, se generaron los modelos de distribución, y también fueron convertidas a formato RAW por medio del Garp Dataset Manager para incluirlas en el programa Desktop GARP.

4.- Método de modelación

Se realizaron modelos de distribución potencial para las especies que tuvieran al menos 5 localidades georreferenciadas (81 especies). Los modelos se generaron utilizando dos tipos de algoritmos: 1) Genetic Algorithm for Rule-set Prediction (GARP, Stockwell y Noble, 1992; Stockwell y Peters, 1999,) implementado como un software para PC (<http://www.lifemapper.org/desktopgarp/>) y el de 2) Máxima entropía o MaxEnt 3.3.3k (Phillips *et al.*, 2006). Se seleccionó el método de GARP debido a que se ha demostrado su capacidad predictiva y robustez para modelar la distribución de especies aún con tamaño de muestra pequeña (Peterson y Cohoon, 1999; Stockwelly Peterson, 2002; Raxworthy *et al.*, 2003), lo que es importante para realizar los modelos de las especies que han sido poco colectadas.

GARP es un algoritmo genético que produce de manera iterativa una serie de reglas que definen las condiciones ecológicas en las cuales se encuentra la especie, las evalúa, prueba e incorpora o rechaza. Los detalles del método se han descrito con detalle en Stockwell y Noble (1991) y Stockwell y Peters (1999). El algoritmo funciona de la siguiente manera: a partir de los datos de colecta GARP genera al azar 1250 puntos de presencia de la especie y 1250 puntos de pseudoausencia. Estos 2500 puntos los remuestrea y divide a la mitad, con el fin de tener 1250 puntos para realizar los modelos y 1250 puntos para probarlos. Después desarrolla reglas o condicionantes que se refieren a la relación que tienen las localidades de colecta con las variables ambientales. Cada modelo o regla es evaluado estadísticamente por medio de una prueba de Chi cuadrada (χ^2) al sobreponer los puntos de prueba. Una vez que se tiene una serie de reglas, GARP al azar modifica de una manera genética (a través de mutaciones y translocaciones de las reglas), y el funcionamiento de la regla es re-evaluada. Si una regla transformada muestra mejoría en su

funcionamiento, entonces reemplaza a la regla de origen; de otra forma se descarta, y las reglas son acomodadas de acuerdo con nuevos puntajes. El algoritmo desarrolla 1000 iteraciones o hasta que las reglas no incrementan la precisión predictiva. El modelo generado en espacio ecológico es proyectado a un escenario geográfico y finalmente se obtienen un mapa binario de presencia/ausencia de la especie. Cabe mencionar que los modelos que genera GARP se basan en factores ambientales y no toman en cuenta los factores bióticos ni históricos, los cuales pueden ser la causa de la ausencia de especies en zonas habitables, por lo que se habla de modelos de nicho ecológico o de distribución potencial (Peterson *et al.*, 1999; Sánchez-Cordero *et al.*, 2005a).

El programa Máxima Entropía, implementado en el programa MaxEnt ver 3.3.3 (Phillips *et al.*, 2006), ha sido reconocido como uno de los algoritmos más robustos para generar modelos de nicho ecológico (Elith *et al.*, 2006). MaxEnt, que pertenece a los algoritmos denominados de “inteligencia artificial”, es un programa que detecta relaciones no aleatorias entre la presencia de las especies y las condiciones ambientales, así maximiza una distribución uniforme en el espacio ambiental. Una vez obtenido el modelo, éste es proyectado en el espacio geográfico, produciendo un mapa probabilístico de la distribución potencial de las especies (Phillips *et al.*, 2006).

Los modelos dan como resultado los valores de idoneidad del hábitat para determinada especie en función de las variables ambientales, para las cuales genera curvas de respuesta y estima la importancia de cada variable en la distribución de la especie (Benito de Pando y Peñas de Giles, 2007, Margules y Sarkar, 2009). Entonces, si se determina cuál es el ambiente propicio para que las especies mantengan sus poblaciones (i. e., su nicho ecológico) es posible predecir los sitios en los que una especie puede establecerse.

5.- Parámetros utilizados en la modelación

Los parámetros utilizados tanto para Maxent como para Garp en cuestión de número de iteraciones y nivel de convergencia fueron los mismos. Se utilizaron 1,000 iteraciones como máximo y un nivel de convergencia de 0.001. Las especies muestran una gran diferencia en cuanto a número de localidades, variando desde una localidad para *Habromys delicatulus* hasta 528 para *Leptonycteris curasoae*. Con respecto al análisis de validación extrínseca, se optó por realizarlo para aquellas especies que tuvieran más de 40 registros, con el fin de destinar el mayor

número de puntos posibles para la generación del modelo. Es decir, tanto para Garp como para Maxent los porcentajes de validación intrínseca fueron del 100% para aquellas especies que contaron con menos de 40 localidades. En cuanto a la validación extrínseca, ésta se realizó con los siguientes porcentajes de registros: para GARP: 5-19 registros, 100% para entrenamiento; de 20-197 registros, 70% para entrenamiento y 30% para prueba, y de 198-520 registros, el 50% respectivamente. Mientras que para MaxEnt los porcentajes fueron: 5-19 registros, 0% de prueba; 20-197, 30% para prueba y 70% para entrenamiento, 198-520, el 50% respectivamente. La selección de puntos que se utilizaron para realizar la verificación extrínseca fue realizado al azar, por medio del software libre QGIS 2.0 Dufour y utilizando la herramienta: "Selección aleatoria", disponible en los análisis para formatos vectoriales.

En el caso de MaxEnt los modelos generados tuvieron como umbral de corte el percentil 10 de cada modelo (10 percentile training presence). Mientras que para GARP se generaron 100 modelos eligiendo los 10 mejores. Estos mejores modelos se sumaron y los valores de presencia fueron considerados donde coincidieran al menos ocho de los diez modelos (Olguín-Monroy *et al.*, 2013).

Finalmente, los mapas obtenidos tanto en Garp como en MaxEnt fueron convertidos a mapas binarios de presencia-ausencia en formato ASCII para su entrega a CONABIO (Fig. 10). Los valores umbrales para los mapas binarios fueron de 8 a 10 en GARP y del percentil 10 fueron convertidos a 1 (presencia) y los valores diferentes a estos parámetros fueron 0 (ausencia).

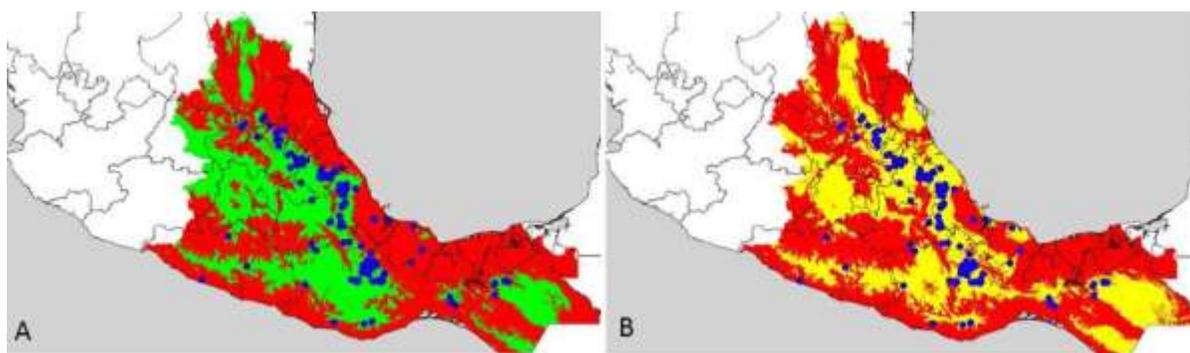


Figura 10.- Mapas binarios de distribución potencial de *Cryptotis mexicana*. En rojo, región M, puntos en azul, localidades de registro de la especie. A) Área en color verde modelo generado a partir del algoritmo GARP y B) Área en amarillo modelo generado por medio del programa MaxEnt.

Es importante mencionar que los modelos generados reciben el nombre de la especie de acuerdo al parámetro “Accepted Name Usage” de acuerdo a la BDs con formato DarwinCore.

6.- Evaluación del modelo

Debido a los problemas que se manifestaron en el taller que impartieron el Dr. Soberón y el Dr. Peterson acerca del estadístico de las curvas ROC, se decidió utilizar como método de evaluación extrínseca del modelo, el análisis de la curva de Receiver Operating Characteristic Curve (ROC) Parcial (Peterson *et al.*, 2008). En la ROC parcial cuando el valor I de la razón de AUC (Área Bajo la Curva) se aleja de 1, el modelo mejora con respecto a un modelo aleatorio. El cálculo de las ROC parciales por especie se realizó mediante el software Partial ROC (Barve, 2008). Las curvas ROC son la representación gráfica de la capacidad discriminativa de un determinado modelo a partir de todos sus puntos de corte posibles. En el eje de abscisas se representan los valores de $(1 - \text{especificidad})$ y en el de ordenadas los valores de la sensibilidad. La curva ROC explica que un aumento de la sensibilidad va en detrimento de la especificidad y viceversa, por lo que la selección del umbral, si es necesaria, exige un compromiso entre estos dos valores. El principal índice descriptivo de la curva ROC es el área por debajo de la misma o AUC (area under the ROC curve) cuyos valores están en el rango 0,5-1. Un valor de 0,5 significa que el modelo no tiene valor discriminante (es equivalente a una clasificación al azar).

Un problema con la evaluación de las ROC parciales es que se necesitan datos de validación externa, lo cual para especies con muy pocos registros (como en el caso de muchas especies de este proyecto), haría que tanto la generación de los modelos como la validación misma se realizaran con un número de datos muy pequeño. Por ello (y consultándolo con el Dr. Soberón y la Dra. Munguía) se optó por evaluar los modelos de especies con menos de 40 registros utilizando: las curvas ROC para los modelos de MaxEnt y la prueba de Chi cuadrada para los modelos de GARP.

7.- Conclusiones y recomendaciones

Las principales conclusiones y recomendaciones de este proyecto tienen que ver con la calidad y cantidad de información relacionada con los registros de las especies. Por una parte, falta aún mucho trabajo por parte de las colecciones científicas para tener los registros de las especies que

albergan integradas en bases de datos, o bien tener esta información actualizada con las colectas recientes. También falta tener disponible esta información en formato digital y que sean de acceso libre; este último punto es importante ya que llegamos a tener el contratiempo de ir a las colecciones, solicitar la información y sernos negada. Otra cuestión es la de actualizar la nomenclatura y verificar la identidad de los ejemplares, ya que en algunos casos nos parece que hay problemas de determinación de los ejemplares. Sería interesante proponer un proyecto en el cual se acuda a las colecciones y coteje si es la especie que indica la etiqueta, en el caso de las especies que detectamos problemas como sería el caso de *Peromyscus beatae* y *Sorex saussurei*, entre otras.

Otro problema, además de tener registros correctos desde el punto de vista taxonómico, es verificar la información desde el punto de vista geográfico, ya que detectamos numerosos errores de georreferenciación o en la manera en que está citada la localidad de colecta.

Al revisar los mapas que presentan algunas publicaciones (ej. Ceballos y Arroyo-Cabrales, 2012) y contrastarlas con los registros que obtuvimos en algunas especies encontramos discrepancias, como en el caso de *Peromyscus beatae*. Sin embargo existen tesis actuales y los registros de las colecciones parecen ser los suficientemente robustas como para pensar en realizar mapas nuevos para varias especies.

Asimismo, podemos referir problemas tanto de falta de representación de sitios de colecta de algunas especies, o bien de falta de representatividad en los registros para muchos estados de la república (centro norte y norte de México), o bien de sobre-representación de registros de colecta en algunos sitios o regiones, con el consiguiente problema de no saber si es un sesgo en la colecta o si hay sitios más favorables para las especies. Con problemas de sobre-representación, los modelos podrían sobreestimar algunos sitios y tener problemas de omisión en otros.

Con respecto a utilizar la región M para muchas especies no es fácil el determinarla, ya que no encontramos una regionalización que se ajuste a la distribución de los registros de colecta, nos parece un poco subjetivo el determinar dicha región. Si bien es cierto que en algunos mapas modelar usando la región M dio mejores resultados, en otros casos los modelos salían mejor usando las coberturas para todo México. Lo mismo ocurrió con las variables que obtuvimos de realizar el PCA en algunos casos fueron mejores los mapas utilizando menos variables, pero en

otros casos eran mejores con las 19 variables. Todos estos puntos son de gran interés para seguir realizando análisis al respecto con mayor detalle.

En general notamos que los modelos generados con MaxEnt presentan mejor desempeño que GARP de acuerdo con la distribución conocida, sin embargo ambos podrían ser tomados como referencia para incrementar el conocimiento de las especies y/o empleados en otras investigaciones.

No obstante estos problemas, consideramos que para la mayoría de las especies los modelos de las especies reflejan de una manera razonable, las posibles distribuciones potenciales en sus áreas reconocidas de distribución y fuera de estas dentro de su posible nicho fundamental.

8.- Referencias

- Arita, H., F. Figueroa, A. Frisch, P. Rodríguez y K. Santos del Prado. 1997. Geographical range size and the conservation of mexican mammals. *Conservation Biology*. 11(1): 92-100.
- Benito de Pando, B. y Peñas de Giles, J. 2007. Aplicación de modelos de distribución de especies a la conservación de la biodiversidad en el sureste de la Península Ibérica. *GeoFocus Artículos*7: 100-119.
- Ceballos y G. Oliva (comps.). 2005. Los mamíferos silvestres de México. CONABIO y Fondo de Cultura Económica. México.
- Ceballos, G. P. Rodríguez y R. Medellín. 1998. Assessing Conservation Priorities in Megadiverse Mexico: Mammalian Diversity, Endemicity and Endangerment. *Ecological Applications*. 8(1):8-17
- CONABIO. 1997. 'Provincias biogeográficas de México'. Escala 1:4 000 000. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad, México, D. F.
- CNA. Comisión Nacional del Agua., 1998. 'Cuencas Hidrológicas'. Escala 1:250000. México. Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática (INEGI) -Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO) - Instituto Nacional de Ecología (INE). (2008). 'Ecorregiones Terrestres de México'. Escala 1:1000000. México. De forma abreviada puede citarse así: INEGI, CONABIO e INE. 2008. 'Ecorregiones terrestres de México'. Escala 1:1000000. México
- Cuarón, A. 2000. Effects of Land-cover changes on mammals in a neotropical región: a modeling approach. *ConservationBiology*. 14(4):1676-1692.
- Cuervo-Robayo A. P., O. Téllez-Valdés, M. Gómez, C. Venegas-Barrera, J. Manjarrez y E. Martínez-Meyer. 2013. An update of high-resolution monthly climate surfaces for Mexico. *International Journal of Climatology* 34: 2427–2437
- Demastes, J. W., A. L. Butt, M. S. Hafner y J. E. Light. 2003. Systematics of a rare species of pocket gopher, *Pappogeomys alcorni*. *Journal of Mammalogy*, 84:753-761
- Hall, E. R. 1981. *The Mammals of North America*. New York, John Wiley and Sons.
- Hutchinson, M.F. 2004. ANUSPLIN version 4.3 user guide. Centre for Resource and Environmental Studies, the Australian National University, Canberra, 54 p.

- Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática (INEGI) -Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO) - Instituto Nacional de Ecología (INE). 2008. 'Ecorregiones Terrestres de México'. Escala 1:1000000. México. De forma abreviada puede citarse así: INEGI, CONABIO e INE. 2008. 'Ecorregiones terrestres de México'. Escala 1:1000000. México.
- 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. y N. E. Zimmermann. 2006. Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. *Ecography* 29: 129-151.
- León-Paniagua, L. y E. Romo. 2005. *Habromys simulatus*. Pp.675 in Los mamíferos silvestres de México (Ceballos, G., y G. Oliva, eds.). Fondo de Cultura Económica-Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad, Ciudad de México, México.
- Lindenmayer, D. B., Nix, H. A., McMahon, J. P., Hutchinson, M. F. y M. T. Tanton. 1991. The conservation of Leadbeater's possum, *Gymnobelideus leadbeateri* (McCoy): a case study of the use of bioclimatic modelling. - *Journal of Biogeography* 18: 371--383.
- Lira, R., O. Téllez y P. Dávila 2009. The effects of climate change on the geographic distribution of Mexican wild relatives of domesticated Cucurbitaceae. *Genetic Resource and Crop Evolution* 56: 691–703.
- Llorente-Bousquets, J. y S. Ocegueda. 2008. Estado del conocimiento de la biota. En: Capital Natural de México (J. Soberón, G. Halfter y J. Llorente-Bousquets Comps.). Vol 1. Conocimiento Actual de la Biodiversidad. Conabio, México D.F. p. 283-322.
- Londoño-Murcia, M.C., O. Téllez-Valdés y V. Sánchez-Cordero. 2010. Environmental heterogeneity of World Wildlife Fund for Nature ecoregions and implications for conservation in Neotropical biodiversity hotspots. *Environmental Conservation* 37 (2): 116–127.
- Margules, C. R. y S. Sarkar. 2009. Planeación Sistemática de la Conservación. (Trad. V. Sánchez-Cordero y F. Figueroa). Universidad Nacional Autónoma de México, Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas y Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. 304 pp. México D.F. (Original en inglés, 2007).

- Margules C.R. y R.L. Pressey 2000. Systematic conservation planning *Nature* 405: 243-253.
- Medellín, R. 1994. Mammal Diversity and Conservation in the Selva Lacandona, Chiapas, México. *Conservation Biology*. 8 (3): 780-799.
- 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. y N. E. Zimmermann. 2006. Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. *Ecography* 29: 129-151.
- Neyra-González, L. y L Durand-Smith. 1998. Biodiversidad, La diversidad biológica de México: Estudio País, Cap. 3, Parte II. CONABIO, México: 82-92.
- Olguín-Monroy, H. C., Gutiérrez-Blando, C., Ríos-Muñoz, C. A., León-Paniagua, L. y A. G. Navarro-Sigüenza. 2013. Patrones biogeográficos de las selvas altas mesoamericanas con base en su mastofauna. *Revista de Biología Tropical (International Journal of Tropical Biology and Conservation)* 61: 937-969.
- Peterson, A. T. y K. P. Cohoon. 1999. Sensitivity of distributional prediction algorithms to geographic data completeness. *Ecological Modeling* 117: 159–164.
- Peterson, A. T., Soberón, J. y V. Sánchez-Cordero. 1999. Conservatism of ecological niches in evolutionary time. *Science* 285: 1265-1267.
- Phillips S.J., R.P. Anderson y R.E. Schapire 2006. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modeling* 190: 231–259.
- Portales-Betancourt, G.L. y Téllez-Valdés, O. 2010. Regionalización ambiental y biológica para la conservación del Desierto Chihuahuense. *Trabajos In Extenso: Memorias del VII Simposio Internacional sobre la Flora Silvestre en Zonas Áridas*. Hermosillo, Sonora, México. ISBN-978-607-7782-37-7
- Ramírez-Pulido, J y Castro-Campillo, A. 1990. 'Regiones y Provincias Mastogeográficas'. Escala 1:4 000 000. Extraído de *Regionalización Mastofaunística, IV.8.8. Atlas Nacional de México*. Vol. III. Instituto de Geografía, UNAM. México.
- Ramírez Pulido, J., J. Arroyo-Cabrales, y A. Castro-Campillo. 2005. Estado actual y relación nomenclatural de los mamíferos terrestres de México. *Acta Zoológica Mexicana(n.s.)* 21(1): 21-82

- Ramírez Pulido, J., J. Arroyo y N. González. 2008. Mamíferos, en S. Ocegueda y J. Llorente-Bousquets (coords.), Catálogo taxonómico de especies de México, en Capital natural de México, vol. I: Conocimiento actual de la biodiversidad. CONABIO. México, CD1.
- Raxworthy, C. J., E. Martínez-Meyer, N. Horning, R. A. Nussbaum, G. E. Schneider, M. A. Ortega-Huerta y A. T. Peterson. 2003. Predicting distributions of known and unknown reptile species in Madagascar. *Nature* 426:837–841
- Stockwell, D. R. B. y I. R. Noble. 1991. Induction of sets of rules from animal distribution data: a robust and informative method of data analysis. *Mathematics and Computers in Simulation* 32: 249-254.
- Sánchez-Cordero, V., V. Cirelli, M. Murguía y S. Sarkar. 2005. Place prioritization for biodiversity representation using Species' ecological niche modeling. *Biodiversity Informatics* 2: 11-23.
- Sánchez-Cordero, V., P. Iloldi-Rangel, M. Linaje. S. Sarkar y A. T. Peterson. 2005. Deforestation and extant distributions of Mexican endemic mammals. *Biological Conservation*. 126 (2005) 465–473
- Stockwell, D. R. B. y D. Peters. 1999. The GARP modeling system: problems and solutions to automated spatial prediction. *International Journal of Geographic Information Science* 13: 143-158.
- Soberón, J. y A. T. Peterson. 2005. Interpretation of models of fundamental ecological niches and species' distributional areas. *Biodiversity Informatics* 2:1-10.
- Téllez, V.O. y P. Dávila A. 2003. Protected Areas and Climate change: A case study of the cacti of the Tehuacán-Cuicatlán Biosphere Reserve, México. *Conservation Biology* 17(3): 846-853.
- Téllez, V.O., Y.M. Chávez H., A. Gómez-Tagle CH. y M.V. Gutiérrez G. 2004. Modelaje bioclimático, una herramienta para desarrollar estrategias de manejo forestal: estudio de caso en cuatro especies mexicanas de *Pinus* (Pinaceae). *Ciencia Forestal* 29: 61-82.
- Téllez-Valdés, O., M. A. Hutchinson, H. A., Nix y P. Jones. 2011. Desarrollo de coberturas climáticas para México. en G. Sánchez-Rojas, C. Ballesteros-Barrera y N. Pavón. (eds.) Cambio climático. Aproximaciones para el estudio de su efecto en la biodiversidad. Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Pachuca, Hidalgo. Pp 15.23.
- Téllez, V.O., V. Farías G., P. Dávila A., J.L. Stein, R. Lira S. y F. Botello 2010. Mammalian Diversity in Climatic Domains for Tehuacán-Cuicatlán Biosphere Reserve, México. *Revista Mexicana de Biodiversidad* 81: 863 - 874.

- Thuiller, W., Lavorel, S., y Araújo, M.B. 2005. Niche properties and geographic extent as predictors of species sensitivity to climate change. *Global Ecology and Biogeography* 14: 347-357.
- Villa, B, R. y F. A. Cervantes, 2003. *Los Mamíferos de México*. Instituto de Biología y Grupo Editorial Iberoamérica. México
- Villaseñor, J. L. y O. Téllez V. 2004. Distribución geográfica potencial de las especies del género *Jefea* en México. *Anales del Instituto de Biología UNAM* 75: 205-220

9.- Anexos:

Se incluyen por separado los siguientes archivos

1.- Archivo "Documentación del material entregado", en formato Excel.

2.- Carpeta ANEXOS que incluye:

ANEXO I.- Literatura utilizada consultada por especie (en archivo zip)

ANEXO II.- Control de calidad de datos por especie

ANEXO III.- Perfiles bioclimático por especie (archivo en formato de Excel)

ANEXO IV.- Regiones de referencia (M) por especie (en formato Ascii)

ANEXO V.- Listado de especies incluidas en el proyecto