

Informe final* del Proyecto RE003
Modelado de la distribución potencial de las hormigas de México*

Responsable:	Alejandro Córdoba Aguilar
Institución:	Instituto de Ecología, UNAM
Correo electrónico:	acordoba@iecologia.unam.mx
Fecha de inicio:	31 de octubre de 2019
Fecha de término:	14 de abril de 2026
Principales resultados:	1) Base de datos. 2) Cartografía. 3) Informe final.
Forma de citar** el informe final y otros resultados:	Córdoba Aguilar A y M. Rocha Ortega. 2026. Modelado de la distribución potencial de las hormigas de México. Universidad Nacional Autónoma de México. Instituto de Ecología. Informe SNIB-CONABIO, Proyecto No. RE003. Ciudad de México.
Resumen:	Este proyecto tuvo como meta principal modelar la distribución potencial en Norteamérica y Centroamérica de 638 de las 1025 especies de hormigas reportadas para México, utilizando como punto de partida una base de registros que cuenta con 215,575 registros provenientes de distintas fuentes. Como resultado se obtendrán modelos de distribución potencial para cada especie, su respectivo metadato y una base de datos de registros actualizada en el formato DarwinCore. El proyecto contará con la participación de investigadores de distintas instituciones, Instituto de Ecología de la UNAM, el Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, de la Universidad de Guadalajara y del Departamento de Ecoetología del Instituto de Ecología A.C. Palabras Clave: Nicho ecológico, distribución potencial, modelado, Formicidae, endemismo

-
- * 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 proyecto RE003 " Modelado de la distribución potencial de las hormigas de México"

Datos generales

Responsable:

Dr. Alejandro Córdoba Aguilar. Instituto de Ecología, UNAM.
acordoba@iecologia.unam.mx

Participantes:

Dra. Maya Rocha Ortega. Instituto de Ecología, UNAM.
acordoba@iecologia.unam.mx

Índice

Resumen Ejecutivo

I. Introducción

II. Desarrollo del proyecto

1. Calidad de información
2. Criterio de selección de la región de referencia (M)
3. Variables utilizadas en la modelación
4. Método de modelación
5. Parámetros utilizados en la modelación
6. Evaluación del modelo

III. Conclusiones y recomendaciones

IV. Referencias

Resumen Ejecutivo

Este proyecto tuvo como objetivo generar los modelos de distribución potencial de 563 especies de hormigas de México en América. Para lograr este objetivo se recopiló y depuró la base de datos espacial de hormigas de México. Junto con los mapas de distribución se proporcionaron los datos para que la Conabio generara los metadatos correspondientes a cada uno de los mapas. La base de datos DarwinCore quedó conformada con información para 707 especies, lo que representa un buen inicio para que se continúe con la búsqueda de información, de tal forma que, eventualmente, se puedan generar modelos de distribución de más especies.

I. Introducción

Se estima que existen alrededor de 15, 489 especies de hormigas en el mundo, y en México se distribuyen 1025 de ellas, lo que representa el 6.6 % de las especies del mundo. Del total de las especies registradas en el país, 19.4 % tienen registros exclusivos para el país, lo que probablemente signifique que son endémicas (www.antweb.org, www.antwiki.org).

Desde el punto de vista cultural, las hormigas son muy importantes para los mexicanos, porque desde tiempos prehispánicos representan una fuente de alimento rico en proteínas. Asimismo, representan una fuente de ingresos económicos para varias poblaciones humanas mediante la venta de las hormigas como alimento (ej. chichatanas, escamoles y hormigas de miel) o mediante su uso como control biológico lo que ayuda a la certificación de diferentes cultivos como orgánicos (ej. café) lo que incrementa las ganancias para los agricultores (García-Barrios et al. 2017; Schowalter et al. 2018). Biológicamente, las hormigas son uno de los grupos de insectos más importantes en la mayoría de los ecosistemas, debido a su alto número de interacciones evolutivas y ecológicas con otras especies (Moreau et al. 2006). De este modo, brindan un número importante de servicios ecológicos y participan de manera directa e indirecta en diferentes procesos del ecosistema (Del Toro et al. 2012). Por ejemplo, sirven de alimento para diferentes grupos de vertebrados e invertebrados (ej. mamíferos, aves, reptiles, neurópteros, etc.) (Zich 2001); ayudan al control de plagas en sistemas naturales y agrícolas (Philpott et al. 2004; Philpott y Perfecto 2008); participan en la polinización, dispersión secundaria de semillas y protegen de la herbívora a un alto número de plantas angiospermas (Moreau et al. 2006). Finalmente, contribuyen a la fertilización y aeración de los suelos (Del Toro et al. 2012).

En diferentes partes del mundo se han usado a las hormigas como especies indicadoras de disturbio humano porque responden rápidamente a los cambios ambientales y porque son consideradas ingenieros del ecosistema, es decir, tienen un gran impacto en su entorno local (Hölldobler y Wilson 1990; Wielgoss et al. 2014). Sin embargo, en México, comparado con otros países, aún falta mucho

que conocer sobre la distribución de las hormigas. El conocimiento de la distribución de las especies de hormiga nos permitiría aprovechar mejor los servicios que brindan.

De las especies registradas en México, sólo cuatro se encuentran en la categoría de vulnerables (VU) por la IUCN (www.iucn.org) y ninguna por la NORMA Oficial Mexicana NOM-059-SEMARNAT-2010. Sin embargo, esto no significa que las hormigas gocen de un buen estado de conservación. Las presiones más importantes para las hormigas en México son el cambio de uso de suelo, la deforestación y la fragmentación del hábitat (Perfecto et al. 2003; Ríos-Casanova y Bestelmeyer 2008). En la actualidad, debido a la alta degradación de los ecosistemas por acciones humanas en el país (Challenger y Dirzo 2009; Sánchez et al. 2009) es altamente probable que muchas especies de hormigas estén perdiendo sus poblaciones o estén quedando aisladas lo que puede llevar a su extinción.

A nivel mundial existe una base de registros de hormigas muy completa y detallada (www.antweb.org, www.antwiki.org y www.gbif.org). En México se han desarrollado esfuerzos por integrar una base de datos, la cual tiene un grado de avance importante ya que recopila información de 60%. Sin embargo, no existen estudios que recopilen la información existente y que determinen la distribución, estatus de conservación o endemismos de las especies de hormigas en México. Por lo anterior se plantea este proyecto para integrar la información acerca de la distribución de las hormigas (es decir, registros de colecta) que se encuentran dispersas y

II. Desarrollo del proyecto

1. Calidad de la información

Para conformar la base de datos de hormigas obtuvimos 10,282 registros extraídos de la base de datos depurada para México (Dáttilo et al. 2019) y para el resto de América, obtuvimos 32,859 registros del portal AntWeb (<https://www.antweb.org>). Durante el proceso de depuración se eliminaron los registros duplicados, no georreferenciados, con georreferencias con menos de 2 decimales y con coordenadas (0,0). Para evitar la autocorrelación espacial eliminamos los registros que están a menos de 1 km de distancia empleando la función `thin_data` en el entorno R (Cuadro 1).

<u>Base de datos</u>	Registros
Registros totales	43,141
Registros georreferenciados	43,141
Países	40
Localidades georreferenciadas	1,755
Especies	707
Especies con las que se generaron modelos	563

Cuadro 1. Datos generales sobre la información entregada a la Conabio

Una vez depurada la base de datos, realizamos la validación geográfica del total de los registros. Se revisó cada uno de los registros con la finalidad de identificar, corregir y clasificar aquellos con inconsistencias (e.g. nomenclatura de colección, autores, fechas, información incompleta), etiquetando y corrigiendo registros que pudieran ser una fuente de incertidumbre para la base de datos.

2. Criterio de selección de la región de referencia (M)

Definimos una región de referencia M para cada una de las 563 especies cortando las eco-regiones de la WWF (Olson et al. 2004) dentro del polígono convexo mínimo que rodea todo el territorio ocupado por cada especie.

3. Variables utilizadas en la modelación

Para la generación de los modelos se utilizaron las 15 variables ambientales obtenidas de WorldClim (<http://www.worldclim.org>) (Fick y Hijmans 2017) a una resolución de aproximadamente 0.5 °, excluimos bio8, bio9, bio18 y bio19 por recomendación del Dr. Cobos. También incluimos la variable de elevación (<https://cgiarcsi.community/data/srtm-90m-digital-elevation-database-v4-1>), producción primaria bruta promedio entre 2001-2018 (<http://globalecology.unh.edu/data/GOSIF-GPP.html>), tipo de suelo y pH del suelo (<https://daac.ornl.gov/SOILS/guides/HWSD.html>). Las principales razones por las que se eligieron estas variables son: a) la cobertura es mundial; b) es un recurso libre y gratuito; c) tienen un sentido biológico, es decir, pueden utilizarse como factores limitantes a la hora de explicar las distribuciones de los organismos; d) son variables que tienen una influencia directa sobre la distribución de las hormigas (Rocha-Ortega and García-Martínez 2018).

Las variables de elevación, tipo de suelo y pH del suelo fueron re-escaladas a 0.5°. Todas las variables fueron recortadas al tamaño de la M de cada una de las especies, posteriormente se hizo un análisis de correlación para emplear en el modelo únicamente las variables no correlacionadas dentro de la M de cada especie, las variables correlacionadas fueron consideradas con una $r > 0.8$, utilizando las funciones "vifcor" en el paquete usdm v 1.1-18 (Naimi, 2017).

4. Método y parámetros de modelación

Antes del modelado y para mitigar los efectos del sesgo de muestreo y el sesgo de la autocorrelación espacialmente las ocurrencias de cada especie (Veloz, 2009). De las 707 especies que forman la base de datos hicimos una segunda depuración por especie; eliminando los registros que están a menos de 30, 50, 80 ó 100 km de distancia. De las especies que fueron modeladas, en 64 especies eliminamos los registros que estuvieran a menos de 30 km de distancia (Apéndice A), 142 especies con registros a menos de 50 km (Apéndice B), 217 especies con registros a menos de 80 km (Apéndice C) y 184 especies con registros a menos de 100 km (Apéndice D). Esto lo elaboramos utilizando el paquete spThin (Aiello-Lammens et al., 2015). En general, la mayoría de los estados de México tienen una baja eficiencia de muestreo (Dattilo et al. 2019, ver Cuadro 2). Por lo tanto, procesamos nuestras ocurrencias para abordar el sesgo de muestreo, primero incluimos registros de cada especie a lo largo de América para hacer modelos más robustos a lo largo de la distribución potencial de cada especie. Además, definimos una extensión de estudio M antes mencionada., seleccionando la extensión total de las regiones con registros observados, incluyendo áreas potencialmente no muestreadas y excluía grandes regiones más allá de las limitaciones de dispersión de la especie (Peterson y Soberón, 2012). Dentro de esta extensión, muestreamos aleatoriamente 10,000 puntos de fondo para modelar y extrajimos sus valores ambientales de las variables no correlacionadas por especie. Para modelar la distribución de cada especie, empleamos el algoritmo de presencia-fondo Maxent v3.4.4 (Phillips et al., 2017), que sigue siendo uno de los modelos con mejor rendimiento para ajustar SDM con datos de fondo (Valavi et al., 2021).

La ejecución de un modelo comienza utilizando uno de los siete métodos de partición de datos para calcular las estadísticas de rendimiento del modelo. Nosotros usamos el método de muestreo con reemplazo, con un 25 % de registros que se dejarán fuera durante cada ejecución del modelo y 10 réplicas.

La próxima ejecución seleccionará aleatoriamente otro 25 % de registros, y eso podría dejar fuera repetidamente algunos de los registros que se dejaron fuera anteriormente. Generamos los modelos y evaluamos mediante la función `sdm`, con el paquete del mismo nombre en el entorno R. La evaluación del rendimiento de los modelos mediante verdadera estadística de habilidad (TSS, por sus siglas en inglés), los modelos, así como su evaluación fueron elaborados en el paquete `sdm` (Naimi y Araújo 2016).

Para las especies que no tuvieron un buen ajuste utilizamos el paquete R `ENMeval` (Muscarrella et al. 2014), para los primeros usamos el método de 'bloque' que divide los datos según la latitud y la longitud (Ahmadi et al. 2022). Mientras que para las especies con menos de 20 registros usamos el método de “dejar uno afuera” (conocida como “jackknife”), mediante la cual se retiene un registro de ocurrencia de cada modelo durante la validación cruzada ($k = n$, o el número de ocurrencias). Esta técnica de validación cruzada es la más apropiada para tamaños de muestra pequeños, ya que permite los conjuntos de datos de entrenamiento más grandes posibles para la construcción de modelos durante la validación cruzada (Pearson et al., 2006; Shcheglovitova y Anderson, 2013). Todos los modelos finales se ajustaron a los conjuntos de datos completos. Como los modelos Maxent pueden conducir a resultados muy diferentes cuando se cambian los ajustes de complejidad (Radosavljevic y Anderson, 2014; Warren y Seifert, 2011). Las clases de entidades determinan la forma del ajuste del modelo, mientras que los multiplicadores de regularización controlan cuánta complejidad se penaliza: los multiplicadores de regularización altos pueden hacer que los coeficientes de las variables predictoras se reduzcan a cero y, por lo tanto, se eliminen del modelo (Phillips et al., 2017). El ajuste del modelo consiste en variar los ajustes de complejidad, ejecutar modelos con combinaciones de estos ajustes y seleccionar los ajustes óptimos en función de las métricas de rendimiento. Para el ajuste, elegimos un modelo simple con una sola clase de entidad lineal (L) y un modelo complejo con una combinación de clases de entidad lineal, cuadrática y de bisagra (LQH). Las características de bisagra proporcionan ajustes lineales flexibles

que pueden cambiar de dirección y pueden inflar considerablemente la cantidad de parámetros del modelo cuando se incluyen (Phillips y Dudík, 2008). Para permitir flexibilidad en el crecimiento de la complejidad del modelo y simplificar las comparaciones entre modelos, establecemos el multiplicador de regularización en uno (el valor predeterminado del software Maxent) para cada modelo. Evaluamos los modelos utilizando promedios de métricas de desempeño de discriminación dependientes del umbral (tasa de omisión) e independientes del umbral (AUC) calculadas sobre datos de validación retenidos, pero también verificamos los resultados con el Criterio de información de Akaike con corrección para tamaños de muestra pequeños (AICc; calculado sobre el conjunto de datos completo) (Warren y Seifert, 2011). La tasa de omisión mide la proporción de localidades de ocurrencia retenidas (es decir, aquellas en el conjunto de datos de validación) que quedan fuera de un umbral de predicción de modelo designado. Evaluamos la tasa de omisión de la presencia mínima de entrenamiento, este umbral encuentra el valor de idoneidad previsto más bajo para un punto de ocurrencia. Básicamente, supone que el hábitat menos adecuado en el que se sabe que ocurre la especie es el valor de idoneidad mínimo para la especie. El umbral MTP garantiza que todos los puntos de ocurrencia se encuentren dentro del área del modelo binario (Kass et al., 2021; Radosavljevic y Anderson, 2014). El AUC de validación es una medida de precisión de discriminación que se puede utilizar para hacer comparaciones relativas entre modelos con diferentes configuraciones que se ajustan a los mismos datos (Radosavljevic y Anderson, 2014). La bondad de ajuste de cada modelo se evaluó utilizando el valor promedio del área bajo la curva característica operativa del receptor (AUC). Los valores de AUC menores a 0,7 indican un desempeño deficiente del modelo, los valores de AUC entre 0,7 y 0,9 indican un desempeño moderado del modelo, y los valores de AUC mayores a 0,9 indican un desempeño excelente del modelo.

5. Evaluación del modelo binario

Los modelos continuos se convirtieron en binarios utilizando el método de Minimum Training Presence que postula fundamentalmente que el valor mínimo de idoneidad para la especie corresponde al hábitat menos favorable en el que se ha documentado su existencia.

III. Conclusiones y recomendaciones

Determinamos la distribución potencial en América de 563 especies de hormigas registradas en México. No entregamos los mapas para las especies *Cephalotes varians* ni *Camponotus punctulatus* porque, aunque están registradas para México no existe un registro georreferenciado, entonces los mapas de distribución dejan fuera a México. Generamos datos tanto para 20 especies exóticas en México (*Cardiocondyla emeryi*, *Cardiocondyla mauritanica*, *Cardiocondyla minutior*, *Cardiocondyla obscurior*, *Cardiocondyla venustula*, *Cardiocondyla wroughtonii*, *Hypoponera opaciceps*, *Hypoponera punctatissima*, *Lasius niger*, *Linepithema iniquum*, *Monomorium florícola*, *Monomorium pharaonis*, *Odontomachus haematodus*, *Paratrechina longicornis*, *Strumigenys emmae*, *Tapinoma melanocephalum*, *Tetramorium bicarinatum*, *Tetramorium caldarium*, *Tetramorium lanuginosum*, *Tetramorium simillimum*), también determinamos la distribución potencial de cinco especies invasoras y exóticas en México (*Anoplolepis gracilipes*, *Linepithema humile*, *Nylanderia fulva*, *Solenopsis invicta*, *Wasmannia auropunctata*).

Por otra parte, determinamos la distribución potencial de ocho especies de distribución restringida (*Camponotus maccooki*, *Eurhopalothrix hunhau*, *Myrmelachista mexicana*, *Neivamyrmex asper*, *Nesomyrmex wilda*, *Pheidole barbata*, *Pheidole vorax*, *Platythyrea prizo*) y dos de las cuatro especies nombradas por la UICN como especies en peligro de extinción, ambas en categoría de vulnerables (*Dorymyrmex insanus* y *Lasius latipes*). Para futuros

trabajos con hormigas recomienda enfocar los esfuerzos en especies con pocos registros (*Acanthostichus davisii*, *Acropyga panamensis*, *Aphaenogaster boulderensis*, *Aphaenogaster honduriana*, *Azteca tonduzi*, *Camponotus microps*, *Camponotus nidulans*, *Crematogaster wardi*, *Leptogenys cordoba*, *Monomorium ergatogyna*, *Mycetomoellerius turrifex*, *Pheidole cerebrosior*, *Pheidole chalca*, *Pheidole christopherseni*, *Pheidole clementensis*, *Pheidole glomericeps*, *Pheidole prattorum*, *Pheidole tetroides*, *Pheidole tisiphone*, *Pheidole yucatana*, *Pogonomyrmex apache*, *Pogonomyrmex guatemaltecus*, *Pogonomyrmex laevinodis*, *Pogonomyrmex magnacanthus*, *Pogonomyrmex montanus*, *Pogonomyrmex occidentalis*, *Pogonomyrmex subnitidus*, *Pogonomyrmex wheeleri*, *Probolomyrmex petiolatus*, *Proceratium tio*, *Pseudomyrmex fervidus*, *Pseudomyrmex janzeni*, *Pseudomyrmex mixtecus*, *Pseudomyrmex oki*, *Pseudomyrmex spiculus*, *Solenopsis carolinensis*, *Stenamma hojarasca*, *Stenamma leptospinum*, *Stenamma llama*, *Strumigenys manis*, *Strumigenys oconitrilloae*, *Temnothorax emmae*, *Temnothorax mexicanus*, *Temnothorax punctaticeps*, *Temnothorax schmittii*, *Trachymyrmex saussurei*, *Trachymyrmex smithi*) que tuvieron menos de 10 registros. Con base en los objetivos prometidos hemos cumplido a cabalidad con todos ellos. Entregamos la base de datos depurada para más especies de las originalmente propuestas en el formato DarwinCore que contó con los 32 campos básicos establecidos por la Conabio y 10 extras., Asimismo entregamos los metadatos y los mapas continuos y binarios para 563 especies con las especificaciones técnicas establecidas por la CONABIO en la Convocatoria y en el instructivo *Lineamientos para la entrega de cartografía digital de los mapas de distribución geográfica de especies 2011* y en el *Manual de Metadatos 2010*

IV. Referencias

Dáttilo W, Vásquez-Bolaños M, Ahuatzin DA, et al (2019) Mexico ants: incidence and abundance along the Nearctic–Neotropical interface. *Ecology* 0:1–2.
<https://doi.org/10.1002/ecy.2944>

- Del Toro I, Ribbons RR, Pelini SL (2012) The little things that run the world revisited: A review of ant-mediated ecosystem services and disservices (Hymenoptera: Formicidae). *Myrmecological News* 17:133–146
- Fick SE, Hijmans RJ (2017) Worldclim 2: New 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas. In: *Int. J. Climatol.*
- Garcia-Barrios L, Cruz-Morales J, Vandermeer J, Perfecto I (2017) The Azteca Chess Experience: Learning how to share concepts of ecological complexity with small coffee farmers. *Ecol Soc* 22:37
- Hölldobler B, Wilson EO (1990) *The ants*. Belknap (Harvard University Press)
- Moreau CS, Bell CD, Vila R, et al (2006) Phylogeny of the ants: diversification in the age of angiosperms. *Science* (80-) 312:101–4.
<https://doi.org/10.1126/science.1124891>
- Muscarella, R., Galante, P.J., Soley-Guardia, M., Boria, R.A., Kass, J.M., Uriarte, M. & Anderson, R.P. (2014) ENMeval: an R package for conducting spatially independent evaluations and estimating optimal model complexity for Maxent ecological niche models. *Methods in Ecology and Evolution*, 5, 1198–1205
- Naimi, B., & Araújo, M. B. (2016). Sdm: A reproducible and extensible R platform for species distribution modelling. *Ecography*, 39(4), 368–375.
<https://doi.org/10.1111/ecog.01881>
- Philpott SM, Greenberg R, Bichier P (2004) Impacts of major predators on tropical agroforest arthropods : comparisons within and across taxa. *Oecologia* 140–149. <https://doi.org/10.1007/s00442-004-1561-z>
- Philpott SM, Perfecto I (2008) Behavioral Diversity of Predatory Arboreal Ants in Coffee Agroecosystems. *Environ Entomol* 37:181–191
- Pearson, R.G.; Raxworthy, C.J.; Nakamura, M.; Peterson, A.T. Predicting species distributions from small numbers of occurrence records: A test case using

cryptic geckos in Madagascar. *J. Biogeogr.* **2007**, 34, 102–117.

Rocha-Ortega M, García-Martínez MÁ (2018) Importance of Nesting Resources and Soil Conditions for the Recovery of Ant Diversity During Secondary Succession in a Tropical Rainforest. *Trop Conserv Sci* 11:1–14.
<https://doi.org/10.1177/1940082918787063>

Schowalter TD, Noriega JA, Tschamntke T (2018) Insect effects on ecosystem services—Introduction. *Basic Appl Ecol* 26:1–7.
<https://doi.org/10.1016/j.baae.2017.09.011>

Wielgoss A, Tschamntke T, Rumedé A, et al (2014) Interaction complexity matters: disentangling services and disservices of ant communities driving yield in tropical agroecosystems. *Proc R Soc B Biol Sci* 281:20132144.
<https://doi.org/10.1098/rspb.2013.2144>

Zich K (2001) Using Phylogenies to Study Convergence: The Case of the Ant-Eating Mammals. *Am Zool* 41:507–525

Apéndice A. Especies con
registros a una distancia mayor de
30 km

Adelomyrmex betoi

Adelomyrmex dentivagans

Adelomyrmex dora

Adelomyrmex marginodus

Aphaenogaster patruelis

Camponotus tonduzi

Cephalotes porrasi

Crematogaster abstinens

Dolichoderus debilis

Gnamptogenys interrupta

Gnamptogenys mordax

Lasius niger

Mayaponera pergandei

Myrmelachista mexicana

Myrmica mexicana

Neivamyrmex harrisii

Neivamyrmex impudens

Neoponera obscuricornis

Octostruma rugiferoides

Perissomyrmex snyderi

Pheidole clydei

Pheidole cockerelli

Pheidole fallax

Pheidole purpurea

Pheidole sciophila

Pheidole tetra

Pheidole tolteca

Platythyrea pilosula

Procryptocerus hylaeus

Pseudomyrmex euryblemma

Pseudomyrmex filiformis

Pseudomyrmex kuenckeli

Pseudomyrmex nigropilosus

Pseudomyrmex sericeus

Pseudomyrmex tenuissimus

Pseudomyrmex unicolor

Pseudoponera gilloglyi

Rasopone ferruginea

Rhopalothrix triumphalis

Rogeria leptonana

Solenopsis bicolor

Stenamma diversum

Stenamma ignotum

Stenamma nonotch

Stenamma saenzae

Strumigenys azteca

Strumigenys cordovensis

Strumigenys denticulata

Strumigenys lanuginosa

Strumigenys margaritae

Strumigenys smithii

Syscia augustae

Trachymyrmex arizonensis

Typhlomyrmex rogenhoferi

Xenomymex stollii

Apéndice B. Especies con
registros a una distancia mayor
de 50 km

Acropyga smithii

Adelomyrmex metzabok

Adelomyrmex micans

Adelomyrmex robustus

Anochetus bispinosus

Anoplolepis gracilipes

Aphaenogaster megommata

Aphaenogaster mexicana

Camponotus albicoxis

Camponotus anthrax

Camponotus blandus

Camponotus championi

Camponotus clarithorax

Camponotus coloratus

Camponotus coruscus

Camponotus curviscapus

Camponotus fasciatellus

Camponotus fastigatus

Camponotus formiciformis

Camponotus melanoticus

Camponotus picipes

Camponotus pudorosus

Camponotus raphaelis

Camponotus salvini

Camponotus sayi

Camponotus senex

Camponotus substitutus

Camponotus textor

Camponotus vafer

Cardiocondyla mauritanica

Cephalotes cristatus

Cephalotes curvistriatus

Cephalotes grandinosus

Cephalotes pallens

Cephalotes texanus

Cephalotes umbraculatus

Colobopsis etiolata

Crematogaster acuta

Crematogaster bryophilia

Crematogaster dentinodis

Crematogaster distans

Crematogaster erecta

Crematogaster formosa

Crematogaster montezumia

Crematogaster vermiculata

Cylindromyrmex brevitarsus

Cyphomyrmex cornutus

Cyphomyrmex major

Cyphomyrmex wheeleri

Discothyrea denticulata

Discothyrea horni

Dolichoderus lamellosus

Forelius damiani

Forelius mccoeki

Formica gnava

Fulakora orizabana

Gnamptogenys bisulca

Gnamptogenys hartmani

Gnamptogenys regularis

Hylomyrma dentiloba

Hypoponera distinguenda

Hypoponera inexorata

Leptanilloides gracilis

Leptogenys gagates

Leptogenys pusilla

Linepithema dispertitum

Mayaponera arhuaca

Megalomyrmex incisus

Mycetomoellerius opulentus

Mycetomoellerius squamulifer

Myrmecocystus depilis

Myrmecocystus kennedyi

Myrmecocystus navajo

Myrmecocystus placodops

Myrmecocystus semirufus

Myrmecocystus testaceus

Myrmelachista skwarrae

Myrmica striolagaster

Myrmica tahoensis

Neivamyrmex adneps

Neivamyrmex asper

Neivamyrmex cornutus

Neivamyrmex fumosus

Neivamyrmex fuscipennis

Neivamyrmex rugulosus

Nesomyrmex wilda

Nomamyrmex hartigii

Nylanderia bruesii

Nylanderia terricola

Octostruma trithrix

Odontomachus erythrocephalus

Pachycondyla purpurascens

Paratrachymyrmex bugnioni

Paratrachymyrmex cornetzi

Pheidole barbata

Pheidole biconstricta

Pheidole dossena

Pheidole gouldi

Pheidole insipida

Pheidole oaxacana

Pheidole psilogaster

Pheidole rhea

Pheidole rugulosa

Pheidole senex

Pheidole striaticeps

Pheidole tuxtlasana

Pheidole tysoni

Pheidole vorax

Pheidole xyston

Platythyrea prizo

Pogonomyrmex bicolor

Pogonomyrmex tenuispinus

Proceratium convexiceps

Proceratium mexicanum

Procryptocerus belti

Pseudomyrmex caeciliae

Pseudomyrmex distinctus

Pseudomyrmex elongatulus

Pseudomyrmex flavicornis

Pseudomyrmex peperi

Pseudomyrmex seminole

Solenopsis azteca

Solenopsis brevicornis

Stenamma diecki

Stenamma lobinodus

Stenamma pelophilum

Stenamma vexator

Strumigenys boneti

Strumigenys brevicornis

Strumigenys eggersi

Strumigenys elongata

Strumigenys gundlachi

Strumigenys pariensis

Strumigenys subdentata

Temnothorax neomexicanus

Temnothorax obliquicanthus

Temnothorax striatulus

Tetramorium hispidum

Tetramorium lanuginosum

Apéndice C. Especies con
registros a una distancia mayor
de 80 km

Acanthoponera minor

Acromyrmex echinator

Acromyrmex versicolor

Adelomyrmex longinói

Adelomyrmex myops

Adelomyrmex paratrístani

Adelomyrmex trístani

Aphaenogaster phalangium

Aphaenogaster texana

Apterostigma collare

Apterostigma goniodes

Atta texana

Azteca coeruleipennis

Azteca constructor

Azteca forelii

Azteca nigra

Azteca pittieri

Azteca velox

Brachymyrmex cavernicola

Brachymyrmex coactus

Brachymyrmex heeri

Brachymyrmex minutus

Brachymyrmex musculus

Camponotus abscisus

Camponotus andrei

Camponotus brettisi

Camponotus brevis

Camponotus claviscapus

Camponotus dumetorum

Camponotus essigi

Camponotus excisus

Camponotus fumidus

Camponotus hyatti

Camponotus maccooki

Camponotus mucronatus

Camponotus mus

Camponotus nitidior

Camponotus quercicola

Camponotus rectangularis

Camponotus rubrithorax

Camponotus sanctaefidei

Camponotus semitestaceus

Cardiocondyla emeryi

Cardiocondyla venustula

Cardiocondyla wroughtonii

Carebara brevipilosa

Carebara intermedia

Cephalotes basalis

Cephalotes maculatus

Cephalotes minutus

Cephalotes multispinosus

Cephalotes scutulatus

Cephalotes setulifer

Cheliomyrmex morosus

Colobopsis abdita

Crematogaster carinata

Crematogaster cerasi

Crematogaster emeryana

Crematogaster laeviuscula

Crematogaster lineolata

Crematogaster nigropilosa

Crematogaster opaca

Crematogaster rochai

Cryptopone gilva

Cyphomyrmex costatus

Dolichoderus bispinosus

Dolichoderus diversus

Dorymyrmex bicolor

Dorymyrmex flavopectus

Dorymyrmex flavus

Dorymyrmex smithi

Eciton hamatum

Eciton mexicanum

Eciton vagans

Ectatomma ruidum

Eurhopalothrix gravis

Eurhopalothrix hunhau

Eurhopalothrix xibalba

Formica integroides

Formica lasioides

Formica moki

Formica pallidefulva

Formica perpilosa

Formica subpolita

Gnamptogenys simulans

Gnamptogenys sulcata

Hypoponera punctatissima

Lasius sitiens

Leptogenys elongata

Linepithema humile

Linepithema iniquum

Linepithema piliferum

Liometopum apiculatum

Liometopum luctuosum

Megalomyrmex drifti

Megalomyrmex megadrifti

Megalomyrmex silvestrii

Monomorium ebeninum

Mycetosoritis hartmanni

Mycocepurus smithii

Myrmecocystus flaviceps

Myrmecocystus mendax

Myrmecocystus mexicanus

Myrmelachista zeledoni

Neivamyrmex halidai

Neivamyrmex melanocephalus

Neivamyrmex minor

Neivamyrmex nigrescens

Neivamyrmex pilosus

Neivamyrmex swainsonii

Neivamyrmex texanus

Neoponera curvinodis

Neoponera lineaticeps

Nesomyrmex echinatinodis

Nesomyrmex pittieri

Nesomyrmex pleuriticus

Novomessor albisetosus

Nylanderia austroccidua

Nylanderia fulva

Nylanderia parvula

Nylanderia steinheili

Octostruma wheeleri

Odontomachus clarus

Odontomachus haematodus

Odontomachus insularis

Odontomachus opaciventris

Pheidole absurda

Pheidole acamata

Pheidole albipes

Pheidole bicarinata

Pheidole branstetteri

Pheidole carapuna

Pheidole celaena

Pheidole ceres

Pheidole desertorum

Pheidole flavens

Pheidole floridana

Pheidole hirtula

Pheidole hyatti

Pheidole nebulosa

Pheidole protensa

Pheidole rectispina

Pheidole rectitrudis

Pheidole roushae

Pheidole simonsi

Pheidole soritis

Pheidole synanthropica

Pheidole tepicana

Pheidole titanis

Pheidole ursus

Pheidole vistana

Pheidole walkeri

Pheidole wardi

Pheidole xerophila

Pheidole yaqui

Pogonomyrmex desertorum

Pogonomyrmex imberbicus

Pogonomyrmex maricopa

Prionopelta amabilis

Prionopelta antillana

Proceratium mancum

Proceratium micrommatum

Proceratium silaceum

Procryptocerus mayri

Procryptocerus scabriusculus

Pseudomyrmex brunneus

Pseudomyrmex elongatus

Pseudomyrmex ita

Pseudomyrmex spinicola

Pseudomyrmex subater

Pseudomyrmex veneficus

Pseudomyrmex viduus

Pseudoponera cognata

Rogeria cornuta

Rogeria tonduzi

Sericomyrmex amabilis

Sericomyrmex opacus

Solenopsis aurea

Solenopsis invicta

Solenopsis picea

Solenopsis pygmaea

Solenopsis zeteki

Stenamma crypticum

Stenamma felixi

Stenamma huachucanum

Stenamma maximon
Stenamma megamanni
Stenamma ochrocnemis
Stenamma schmidtii
Strumigenys crementata
Strumigenys emeryi
Strumigenys excisa
Strumigenys louisianae
Strumigenys micretes
Strumigenys microthrix
Strumigenys probatrix
Tapinoma ramulorum
Tatuidris tatusia
Temnothorax andrei
Temnothorax aztecus
Temnothorax caguatan
Temnothorax pergandei
Temnothorax salvini
Temnothorax subditivus
Temnothorax texanus
Tetramorium bicarinatum

Tetramorium caldarium

Trachymyrmex intermedius

Tranopelta gilva

Typhlomymex pusillus

Veromessor andrei

Veromessor julianus

Veromessor pergandei

Wasmannia auropunctata

Apéndice D. Especies con
registros a una distancia
mayor de 100 km

Acanthognathus ocellatus

Acromyrmex coronatus

Acromyrmex octospinosus

Acropyga exsanguis

Acropyga fuhrmanni

Adelomyrmex silvestrii

Anochetus mayri

Aphaenogaster rudis

Apterostigma pilosum

Atta cephalotes

Atta mexicana

Azteca alfari

Azteca instabilis

Azteca xanthochroa

Belonopelta deletrix

Brachymyrmex depilis

Brachymyrmex obscurior

Brachymyrmex_cavernicola
Camponotus ager
Camponotus atriceps
Camponotus caryae
Camponotus decipiens
Camponotus festinatus
Camponotus fragilis
Camponotus integellus
Camponotus laevisimus
Camponotus linnaei
Camponotus mina
Camponotus modoc
Camponotus novogranadensis
Camponotus ocreatus
Camponotus planatus
Camponotus sansabeanus
Camponotus vicinus
Camponotus_conspicuus
Camponotus_sericeiventris
Camponotus_striatus
Camponotus_vicinus

Cardiocondyla_minutior

Cardiocondyla_obscurior

Carebara urichi

Cephalotes_maculatus

Crematogaster ashmeadi

Crematogaster brasiliensis

Crematogaster coarctata

Crematogaster crinosa

Crematogaster curvispinosa

Crematogaster depilis

Crematogaster limata

Crematogaster minutissima

Crematogaster sumichrasti

Crematogaster torosa

Cyphomyrmex rimosus

Cyphomyrmex salvini

Dolichoderus lutosus

Dorymyrmex bureni

Dorymyrmex pyramicus

Dorymyrmex_insanus

Eciton burchellii

Ectatomma gibbum

Ectatomma tuberculatum

Forelius pruinus

Formica argentea

Formica fusca

Formica neogagates

Gnamptogenys minuta

Gnamptogenys porcata

Gnamptogenys striatula

Gnamptogenys strigata

Hylomyrma versuta

Hypoponera nitidula

Hypoponera opaciceps

Hypoponera opacior

Hypoponera parva

Hypoponera trigona

Labidus coecus

Labidus praedator

Lachnomyrmex scrobiculatus

Lasius alienus

Lasius latipes

Lasius pallitarsis

Liometopum occidentale

Monomorium floricola

Monomorium minimum

Monomorium pharaonis

Monomorium viridum

Myrmecocystus melliger

Myrmecocystus mimicus

Neivamyrmex opacithorax

Neivamyrmex sumichrasti

Neoponera apicalis

Neoponera carinulata

Neoponera crenata

Neoponera unidentata

Neoponera verenae

Neoponera villosa

Nomamyrmex esenbeckii

Novomessor cockerelli

Nylanderia arenivaga

Nylanderia guatemalensis

Octostruma balzani

Octostruma excertirugis

Octostruma iheringi

Odontomachus bauri

Odontomachus brunneus

Odontomachus chelifer

Odontomachus laticeps

Odontomachus meinerti

Odontomachus ruginodis

Odontomachus yucatecus

Pachycondyla harpax

Pachycondyla impressa

Paratrechina longicornis

Pheidole anastasii

Pheidole bilimeki

Pheidole browni

Pheidole californica

Pheidole citrina

Pheidole colobopsis

Pheidole dentata

Pheidole harrisonfordi

Pheidole megacephala

Pheidole metallescens

Pheidole nubicola

Pheidole obtusospinosa

Pheidole pallidula

Pheidole punctatissima

Pheidole rectisentis

Pheidole rugiceps

Pheidole specularis

Pheidole subarmata

Pheidole susannae

Pheidole tschinkeli

Platythyrea punctata

Pogonomyrmex barbatus

Pogonomyrmex californicus

Pogonomyrmex rugosus

Ponera exotica

Ponera pennsylvanica

Prenolepis imparis

Prionopelta modesta

Pseudomyrmex apache

Pseudomyrmex boopis

Pseudomyrmex championi

Pseudomyrmex cubaensis

Pseudomyrmex ejectus

Pseudomyrmex ferrugineus

Pseudomyrmex flavidulus

Pseudomyrmex gracilis

Pseudomyrmex major

Pseudomyrmex oculatus

Pseudomyrmex pallidus

Pseudomyrmex salvini

Pseudomyrmex simplex

Pseudoponera stigma

Rogeria belti

Rogeria cuneola

Rogeria inermis

Rogeria innotabilis

Solenopsis geminata

Solenopsis globularia

Solenopsis molesta

Solenopsis picta

Solenopsis striata

Solenopsis xyloni
Stenamma manni
Strumigenys alberti
Strumigenys biolleyi
Strumigenys emmae
Strumigenys ludia
Strumigenys nigrescens
Strumigenys rogata
Tapinoma litorale
Tapinoma melanocephalum
Tapinoma sessile
Temnothorax nevadensis
Temnothorax nitens
Temnothorax rugatulus
Tetramorium simillimum
Tetramorium spinosum
Trachymyrmex septentrionalis
Xenomyrmex floridanus