



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

Instituto de Ecología

**Filogeografía y genética de
poblaciones de *Tadarida brasiliensis*
(Chiroptera: Molossidae) en México**

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL GRADO ACADÉMICO DE

**MAESTRA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS
(BIOLOGÍA AMBIENTAL)**

P R E S E N T A

Ariadna Esthela Morales García

TUTOR PRINCIPAL DE TESIS: Dr. Daniel Ignacio Piñero Dalmau

COMITÉ TUTOR: Dr. Joaquín Arroyo Cabrales
Dra. Ella Gloria Vázquez Domínguez

MÉXICO, D.F.

Enero de 2012



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

Instituto de Ecología

**Filogeografía y genética de
poblaciones de *Tadarida brasiliensis*
(Chiroptera: Molossidae) en México**

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL GRADO ACADÉMICO DE

**MAESTRA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS
(BIOLOGÍA AMBIENTAL)**

P R E S E N T A

Ariadna Esthela Morales García

TUTOR PRINCIPAL DE TESIS: Dr. Daniel Ignacio Piñero Dalmau

COMITÉ TUTOR: Dr. Joaquín Arroyo Cabrales
Dra. Ella Gloria Vázquez Domínguez

MÉXICO, D.F.

Enero de 2012



Dr. Isidro Ávila Martínez
Director General de Administración Escolar, UNAM
Presente

Me permito informar a usted que en la reunión ordinaria del Comité Académico del Posgrado en Ciencias Biológicas, celebrada el día 30 de mayo de 2011, se aprobó el siguiente jurado para el examen de grado de **MAESTRA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS (BIOLOGÍA AMBIENTAL)** de la alumna **MORALES GARCIA ARIADNA ESTHELA** con número de cuenta **510007960** con la tesis titulada **"FILOGEOGRAFÍA Y GENÉTICA DE POBLACIONES DE TADARIDA BRASILIENSIS (CHIROPTERA: MOLOSSIDAE) EN MÉXICO"**, realizada bajo la dirección del **DR. DANIEL IGNACIO PIÑERO DALMAU**:

Presidente: DRA. GABRIELA PARRA OLEA
Vocal: DR. RODRIGO A. MEDELLÍN LEGORRETA
Secretario: DR. JOAQUÍN ARROYO CABRALES
Suplente: DR. JUAN PABLO JARAMILLO CORREA
Suplente: DRA. LIVIA LEÓN PANIAGÜA

Sin otro particular, me es grato enviarle un cordial saludo.

ATENTAMENTE
"POR MI RAZA HABLARA EL ESPIRITU"
Cd. Universitaria, D.F., a 13 de enero de 2012.

M. del Coro Arizmendi
DRA. MARÍA DEL CORO ARIZMENDI ARRIAGA
COORDINADORA DEL PROGRAMA

c.c.p. Expediente de la interesada.

Este trabajo fue realizado gracias al programa de maestría del Posgrado en Ciencias Biológicas de la UNAM.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) y el Programa Nacional de Posgrados de Calidad (PNPC) que me otorgaron una beca durante dos años (CONACyT 231160). El Programa de Becas Mixtas en el Extranjero, del CONACyT, me otorgó una beca durante tres meses para realizar una estancia de investigación en el "*American Museum of Natural History*". El programa de becas de la Dirección General de Estudios de Posgrado de la UNAM (DGEP) me otorgaron apoyos complementarios para la asistencia a una estancia y congresos nacionales e internacionales.

A las siguientes instituciones donaron muestras de tejido para hacer los análisis moleculares y me prestaron ejemplares para los análisis morfométricos.

- a) Museo de Zoología "Alfonso L. Herrera" de la Facultad de Ciencias (MZFC) de la UNAM, en especial la Dra. Livia León Paniagua.
- b) Colección Regional de Mamíferos del Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional (CIIDIR), unidad Durango, en especial la Dra. Celia López Gonzáles.
- c) Colección de Mamíferos del Centro de Investigaciones Biológicas del Noreste S.C. (CIBNOR), en especial el Dr. Sergio Ticul Álvarez Castañeda.
- d) Colección de Mamíferos de la Universidad Autónoma de Baja California (UABC), en especial el M. En C. Aldo Antonio Guevara Carrizales.
- e) Laboratorio de Ecología y Conservación de Vertebrados, del Instituto de Ecología de la UNAM, en especial el Dr. Rodrigo Medellín y el Dr. Rafael Avila Flores.
- f) Al "Department of Mammalogy" del "American Museum of Natural History" de la Ciudad de Nueva York, en especial la Dra. Nancy B. Simmons, el Dr. Paul Velazco y la Biol. Eileen Westwing.

El comité tutorial quedó integrado por los siguientes miembros:

Dr. Daniel Ignacio Piñero Dalmau

Dr. Joaquín Arroyo Cabrales

Dra. Ella Gloria Vázquez Domínguez

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo no hubiera sido posible sin el apoyo y el esfuerzo de muchas personas que amablemente me ayudaron en diferentes fases de la investigación. Por lo que quiero compartir mi profundo agradecimiento a:

Al Dr. π , por la confianza y la libertad para hacer lo que he querido, siempre con consejos importantes en momentos decisivos de mi proyecto de tesis y de vida.

A mi comité tutorial y revisores que contribuyeron a mejorar este trabajo: Dr. Juan Pablo Jaramillo Correa, Dra. Livia León Paniagüa, Dra. Ella Gloria Vázquez Domínguez, Dr. Rodrigo Medellín y Dr. Joaquín Arroyo Cabrales.

A las instituciones (antes mencionadas) que me donaron muestras de tejido para hacer los análisis moleculares y me prestaron ejemplares para los análisis morfométricos. Pero en especial a las personas que siempre estuvieron en la disposición de ayudar a que éste trabajo creciera y fueran aumentando mis preguntas filogeográficas gracias a las muestras que me proporcionaron: Dra. Livia León Paniagüa, Dra. Celia López Gonzáles, Dr. Sergio Ticul Álvarez Castañeda, M. En C. Aldo Antonio Guevara Carrizales, Dr. Rodrigo Medellín, Dr. Rafael Avila Flores, Dra. Nancy B. Simmons, Dr. Paul Velazco y Biol. Eileen Westwing.

Por el apoyo con equipo de cómputo para realizar diversos análisis bioinformáticos, al laboratorio de Origen de la Vida, de la Facultad de Ciencias de la UNAM, es especial al Dr. Arturo Becerra, al Biol. Daniel Ortiz y al Biol. Mario Rivas. A mi papá y a mis compañeros de laboratorio, ya que en determinados momentos acapare sus computadoras durante semanas (o meses) para hacer diversos análisis de Inferencia Bayesiana.

A todos los miembros del ex Laboratorio de Genética y Evolución, y del nuevo Laboratorio de Genética y Ecología, ha sido un placer compartir experiencias académicas y no tan académicas, que van desde asesorías, sugerencias y tutoriales para el mejoramiento de nuestros proyectos, pasando por severas de crisis de contaminación, pánico y desorden en el laboratorio, hasta fervientes pláticas de diversos temas y agradables convivencias.

A mis papás por el apoyo y cariño que siempre me han brindado para alcanzar mis metas. A Dánae que celebro cada uno de sus triunfos. A mis hermanos, ni modo... compartimos el 50% de la información genética y a unos padres ejemplares. A mi Tío Luis y mi Tía Alicia que siempre me envían buenos deseos y piden por mi bienestar. A Daniel por estar para mí siempre que lo necesito y a su familia, que me han tratado como un miembro más de la suya.

ÍNDICE GENERAL

Resumen	1
Abstract	2
I. INTRODUCCIÓN	
1.1. Filogeografía: genes, tiempo y espacio	3
1.2. Migración y filogeografía de vertebrados voladores	4
1.3. Distribución de murciélagos en las zonas Neártica y Neotropical de Norteamérica	5
1.4. <i>Tadarida brasiliensis</i>	5
II. OBJETIVOS	8
III. HIPÓTESIS	9
IV. MATERIAL Y MÉTODO	
ANÁLISIS MOLECULARES	
4.1. Obtención de muestras	9
4.2. Extracción de DNA	9
4.3. Marcadores moleculares	
4.3.1. Microsatélites: amplificación y caracterización genética	10
4.3.2. D-loop: amplificación y secuenciación	10
4.3.3. Cromosoma Y: amplificación y secuenciación	11
4.4. Definición de grupos genéticos	12
4.4.1. Microsatélites	
4.4.1.1. Geneland	13
4.4.1.2. Structure	15
4.4.2. D-loop	
4.4.2.1. Structure	15
4.4.2.1. SAMOVA	16
4.5. Relaciones filogenéticas	16
4.6. Diversidad genética	
4.6.1. Microsatélites	17
4.6.2. D-loop	18
4.7. Estructura genética	
4.7.1. Microsatélites	18
4.7.2. D-loop	19
4.8. Migración y aislamiento por distancia	
4.8.1. Microsatélites	19
4.8.2. D-loop	21

4.9. Demografía histórica	
4.9.1. Microsatélites	22
4.9.2. D-loop	22
ANÁLISIS MORFOLÓGICOS	
4.10. Especímenes y caracteres examinados	24
4.11. Análisis de Componentes Principales	24
V. RESULTADOS	
ANÁLISIS MOLECULARES	
5.1. Definición de grupos genéticos	
5.1.1. Microsatélites: Geneland y Structure	27
5.1.2. D-loop: SAMOVA y Structure	29
5.2. Relaciones filogenéticas	29
5.3. Diversidad genética	
5.3.1. Microsatélites	32
5.3.2. D-loop	33
5.4. Estructura genética	
5.4.1. Microsatélites	33
5.4.2. D-loop	36
5.5. Migración y aislamiento por distancia	
5.5.1. Microsatélites	36
5.5.2. D-loop	40
5.6. Demografía histórica	
5.6.1. Microsatélites	40
5.6.2. D-loop	41
ANÁLISIS MORFOLOGICOS	
5.7. Subespecies y grupos morfológicos	44
VI. DISCUSIÓN	
6.1. Filogeografía, estructura genética y morfometría	46
6.2. Migración y demografía histórica	50
6.3. Diversidad genética y morfometría	51
6.4. Estatus de las subespecies de <i>Tadarida brasiliensis</i> en Norteamérica	51
VII. CONCLUSIONES	54
VIII. BIBLIOGRAFIA	55
ANEXOS	64

ÍNDICE DE ANEXOS

Anexo 1. Geología de Norteamérica	64
Anexo 2. Información sobre localidades, especímenes y muestras	
2a. Localidades de donde se obtuvieron muestras para análisis moleculares	66
2b. Ubicación de las localidades para análisis moleculares, número de muestras y tipo de caracterización genética	71
2c. Especímenes examinados para análisis morfométricos.	72
Anexo 3. Métodos de Laboratorio	
3a. Condiciones para clasificar muestras según la calidad del DNA extraído y definir las diluciones de los productos de PCR	75
3b. Características de los microsatélites y los oligonucleótidos diseñados en <i>Tadarida brasiliensis</i>	76
3c. Condiciones para las lecturas multiplex y ejemplo de un electroferograma con microsatélites diploides	77
3d. Condiciones de amplificación y localización de los oligonucleótidos utilizados para amplificar la región D-loop del mtDNA en <i>Tadarida brasiliensis</i>	78
3e. Regiones de Cromosoma Y y secuencias de los oligonucleótidos utilizados para amplificar intrones de <i>Tadarida brasiliensis</i>	79
Anexo 4. Métodos y Resultados sobre análisis de datos de microsatélites	
4a. Mapa que indica la incertidumbre asociada a las coordenadas en los análisis en Geneland	80
4b. Comparación del número estimado de grupos genéticos con los datos de microsatélites a partir de los análisis de Geneland y Structure	81
4c. Escenarios de migración entre los grupos genéticos con datos de microsatélites	82
4d. Número total de alelos y número de alelos privados por locus y por grupo genético con los datos de microsatélites	85
4e. Diversidad genética promedio de todos los grupos genéticos por cada locus para los datos de microsatélites	85
4f. Frecuencias de loci con alelos nulos y valores de F_{ST} corregidos para los datos de microsatélites	86
4g. Valores de F_{IS} , equilibrio de Hardy-Weinberg y exceso de heterocigotos por locus y por grupo genético con los datos de microsatélites	86
4h. Desequilibrio de ligamiento para cada par de loci (Prueba de Fisher) con los datos de microsatélites	87

4i. Correlación entre los índices de diferenciación calculados a partir de los datos de microsatélites	87
4j. Índices de diferenciación genética promedio de todos los grupos genéticos por cada locus	88
4k. Distribución de las frecuencias de los loci de microsatélites	89
Anexo 5. Métodos y Resultados sobre análisis de datos de D-loop	
5a. Árbol consenso de mayoría del 50% producto del análisis filogenético Bayesiano	90
5b. Modelos de migración entre los grupos genéticos con datos de D-loop	91
5c. Comparación del número estimado de grupos genéticos con los datos de D-loop a partir de los análisis de Structure y SAMOVA	95
5d. Distribución Mismatch para los grupos SAMOVA basada en un modelo de crecimiento exponencial de población	96
Anexo 6. Resultados sobre análisis morfológicos	
6a. Diferencias morfométricas entre subespecies de <i>Tadarida brasiliensis</i> que habitan en Norteamérica (<i>T. b. cynocephala</i> , <i>T. b. mexicana</i> y <i>T. b. intermedia</i>)	97
6b. Diferencias morfométricas entre todos los ejemplares de <i>T. b. mexicana</i> y <i>T. b. intermedia</i>	98
6c. Diferencias morfométricas entre los ejemplares de <i>T. b. mexicana</i> y <i>T. b. intermedia</i> colectados en México	99
6d. Gráfica de diferencias morfométricas entre sexos de las tres subespecies	100
6e. Medidas registradas para ejemplares de <i>T. b. cynocephali</i>	101
6f. Medidas registradas para ejemplares de <i>T. b. mexicana</i> del grupo Norte que fueron colectados en USA	102
6g. Medidas registradas para ejemplares de <i>T. b. mexicana</i> del grupo Norte que fueron colectados en México	103
6h. Medidas registradas para ejemplares de <i>T. b. mexicana</i> de los grupos BNC y BCS colectados en México	104
6i. Medidas registradas para ejemplares de <i>T. b. mexicana</i> del grupo Centro que fueron colectados en México	105
6j. Medidas registradas para ejemplares de <i>T. b. mexicana</i> del grupo CentroSur que fueron colectados en México	106
6k. Medidas registradas para ejemplares de <i>T. b. intermedia</i> colectados en México (grupo Sur) y Centroamérica	107

Anexo 7. Frecuencias alélicas y haplotípicas (disponibles sólo en la versión electrónica)	108
7a. Frecuencias de cada alelo por locus y por grupo genético con los datos de microsatélites	
7b. Haplotipos y sus frecuencias por haplogrupo y localidad con los datos de D-loop	129

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro 1. Condiciones de amplificación para intrones de cromosoma Y en <i>Tadarida brasiliensis</i>	12
Cuadro 2. Diversidad genética y equilibrio de Hardy-Weinberg por grupo genético	32
Cuadro 3. Diferenciación genética entre grupos genéticos con datos de microsatélites	34
Cuadro 4. Índices de Fijación y porcentaje de variación del Análisis molecular de varianza dentro y entre grupos	35
Cuadro 5. Diferenciación genética entre grupos genéticos con datos de D-loop	36
Cuadro 6. Número efectivo de inmigrantes por generación (N_m) para los datos de microsatélites	37
Cuadro 7. Modelos de migración entre los grupos genéticos de <i>Tadarida brasiliensis</i> y su probabilidad	39
Cuadro 8. Número efectivo de inmigrantes por generación (N_m) para los datos de D-loop	40
Cuadro 9. Estimados del tiempo al ancestro común más reciente, tiempo desde la expansión y pruebas de neutralidad de cada grupo SAMOVA con los datos de D-loop	42

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Caracteres craneodentales utilizados en análisis morfológicos para <i>Tadarida brasiliensis</i>	26
Figura 2. Delimitación geográfica y probabilidad de asignación de cada individuo de <i>Tadarida brasiliensis</i> a K grupos genéticos en México, estimados con los datos de microsatélites a partir de los análisis de Geneland y Structure	28
Figura 3. Grupos SAMOVA de <i>Tadarida brasiliensis</i> inferidos con datos de D-loop	30
Figura 4. Red de haplotipos D-loop	31
Figura 5. Gráfica en de los tres primeros ejes del Análisis Factorial de Correspondencia con los datos de microsatélites	35
Figura 6. Conexión genética corta/extensa entre localidades estimada con datos de microsatélites	38
Figura 7. Bayesian Skyline Plot (BSP) para los grupos SAMOVA	43

Resumen

Tadarida brasiliensis (Chiroptera: Molossidae) es una de las especies de mamíferos más abundantes del continente americano y con los rangos migratorios más grandes entre los murciélagos. El objetivo de este trabajo fue hacer una reconstrucción de la historia filogeográfica y demográfica de las poblaciones de *T. brasiliensis* en Norteamérica. Se analizó un amplio muestreo que comprendió las regiones Nearctica y Neotropical e incluyó a las tres subespecies de esta región: *T.b. mexicana*, *T.b. intermedia* y *T.b. cynocephala*. Se caracterizaron genéticamente 239 individuos de 53 localidades y se compararon morfométricamente 256 individuos de 62 localidades. Se analizaron nueve microsatélites nucleares, un gen mitocondrial (D-loop), siete intrones de cromosoma-Y y 25 caracteres craneodentales. Se encontró una elevada diversidad genética y morfométrica ($Hd= 0.99$ y 229 haplotipos para D-loop; $H_o= 0.84$, $H_e= 0.93$ y 567 alelos para microsatélites). El cromosoma-Y mostró poco polimorfismo y no reveló una estructura genética definida. Con los microsatélites se identificaron nueve grupos genéticos delimitados por barreras geográficas y con estructura genética intermedia ($F_{ST}=0.028$, $R_{ST}=0.25$, $D_{est}=0.43$). Con D-loop se identificaron tres grupos ligeramente estructurados ($\Phi_{ST}= 0.073$). Los microsatélites, el gen mitocondrial, y los análisis morfométricos identificaron un grupo en el centro-sur de México diferenciado de los demás ($F_{ST}>0.05$, $R_{ST}>0.4$, $D_{est}>0.4$, $\Phi_{ST}>0.08$). La principal barrera entre este y los demás grupos es el área de transición de las dos regiones biogeográficas. El mismo grupo tuvo una firma demográfica diferente a la de los demás, con un tamaño efectivo de población (N_e) constante a través del tiempo, mientras los demás indicaron varias expansiones demográficas. Los elevados valores del N_e ancestral y actual sugieren que *T. brasiliensis* es una especie con una gran resistencia a los cambios climáticos. En este trabajo sólo se detectó un grupo migratorio (estacional) entre el norte de México y el sur de Estados Unidos de América. Los demás grupos identificados en la península de Baja California, la costa del Pacífico y el centro de México no son migratorios. Sin embargo, a lo largo del tiempo (varios miles de años) ha existido suficiente flujo génico entre todos los grupos para homogeneizar la estructuración genética. Respecto al estatus de las subespecies, no se encontraron diferencias genéticas ni morfométricas entre las poblaciones de *T.b. mexicana* y *T.b. intermedia*, mientras que *T.b. cynocephala* fue morfométricamente más grande que el resto de las subespecies.

Palabras clave: *Tadarida brasiliensis*, murciélagos, D-loop, microsatélites, estructura genética, diversidad genética, filogeografía, morfometría, Faja Volcánica Trans-Mexicana.



Universidad Nacional
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

Biblioteca Central



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

Abstract

Tadarida brasiliensis (Chiroptera: Molossidae) is one of the most abundant mammal species in America and one of the bat species with the widest migratory ranges in the world. The main goal of this study was to reconstruct the phylogeographic and demographic history of *T. brasiliensis* in North America. The sampling comprised the Nearctic and Neotropical biogeographic regions and included all three northern subspecies: *T.b. mexicana*, *T.b. intermedia*, and *T.b. cynocephala*. A total of 239 individuals from 53 localities were genotyped, and the morphometric differences between 256 individuals from 62 localities were evaluated. Nine nuclear microsatellite loci, one mitochondrial gene (D-loop), seven Y-chromosome introns and 25 craniodental characters were used. High levels of genetic and morphometric diversity were found. The Y-chromosome showed no significant polymorphism, thus hampering the estimation of male's genetic structure. Microsatellite variation helped identify nine geographically isolated groups with intermediate genetic structure, while variation within D-loop allowed the definition two slightly structured groups. Every analyzed feature identified a differentiated group from the rest. This group was located in the central-south Mexico region. The main barrier between the central-south group and the others was the transition area between the two biogeographic regions. This group shows a characteristic demographic signature different to other groups' signature. While most groups showed signs of several demographic expansions, this group shows a constant effective population size (N_e) through time. The high values of both the ancestral and actual N_e suggest that this species is highly resilient to climate change. In this study only one (stationary) migratory group between northern Mexico and the south of the US was found. The remaining groups (Baja California peninsula, the Pacific coast and the central-south region of Mexico) were all non-migrants. However, there is enough genetic flow through time that has homogenized their genetic structure. Therefore, the taxonomic subspecies status of *T. brasiliensis* should be reevaluated, since neither genetic nor morphometric differences between *T.b. mexicana* and *T.b. intermedia* were found. However, *T.b. cynocephala* is morphometrically larger than any other subspecies.

Key words: *Tadarida brasiliensis*, bats, D-loop, microsatellites, genetic structure, genetic diversity, phylogeography, morphometrics, Trans-Mexican Volcanic Belt.

I. INTRODUCCIÓN

1.1. Filogeografía: genes, tiempo y espacio

La Filogeografía estudia las relaciones entre genealogías de genes y su distribución geográfica a través del tiempo (Avice *et al.* 1987; Avice 2000). Dependiendo de los marcadores moleculares utilizados varía la resolución cronológica de un estudio. Entre más rápida sea la tasa mutación de un marcador más recientes serán los eventos que se pueden estudiar. La mayoría de los estudios filogeográficos se han hecho con marcadores uniparentales que sólo reflejan una parte de la historia evolutiva de una especie (materna o paterna). Los marcadores más utilizados han sido el DNA mitocondrial (mtDNA) y DNA de cloroplasto (cpDNA; Avice 2000). Estos marcadores con frecuencia tienen una tasa de sustitución lenta, con respecto a otros marcadores nucleares como los microsatélites, y por lo tanto, el tiempo de resolución corresponde a varios miles o millones de años (Godinho *et al.* 2008). Utilizar sólo un marcador uniparental para investigar la historia evolutiva de una especie puede llevar a conclusiones erróneas (Godinho *et al.* 2008). Lo más apropiado para estudios filogeográficos es utilizar marcadores con diferente tipo de herencia y tasa de mutación. Los microsatélites son marcadores codominantes sujetos a recombinación y poco influenciados por la dispersión sexual (Goldstein y Pollock 1997; Koskinen *et al.* 2002; Heuertz *et al.* 2004). Dada la elevada tasa de mutación de los microsatélites, el tiempo de resolución de las estimaciones es de cientos a pocos miles de años. En la actualidad se han utilizado para hacer propuestas filogeográficas (e.g. Koskinen *et al.* 2002; Heuertz *et al.* 2004; Rossiter *et al.* 2007), ya que reflejan un escenario evolutivo más reciente (Rossiter *et al.* 2007). Una de las desventajas de los microsatélites es la homoplasia, debido a la elevada tasa de mutación y el modelo de mutación por pasos (SMM, por sus siglas en inglés) al que con frecuencia se ajustan (Slatkin 1995; Shriver *et al.* 1993; Valdés *et al.* 1993). La homoplasia se refiere a que dos alelos sean iguales en estado pero no por origen. Lo que puede llevar a subestimar la estructura genética o sobreestimar el flujo génico. Sin embargo, la elevada diversidad alélica de los microsatélites y el uso de varios loci independientes compensan los problemas de evolución por homoplasia (Estoup *et al.* 2002).

En muchas especies de vertebrados la dispersión está sesgada hacia uno de los sexos, casi siempre los machos (Greenwood 1980; Lawson y Perrin 2007), lo que ocasiona patrones de fuerte estructuración genética en hembras y poca en los machos. Son pocos los estudios que han comparado datos de mtDNA con datos de marcadores nucleares y casi todos encontraron diferentes patrones de estructuración genética (e.g. Petit *et al.* 2001; Ruedi y Castella 2003; Weyandt *et al.* 2005; Chen *et al.* 2008; Ngamprasertwong *et al.* 2008; Yoshino *et*

al. 2008). Los patrones anteriores han sido explicados por la dispersión de los machos y las tendencias filopátricas de las hembras.

1.2. Migración y filogeografía de vertebrados voladores

La migración es una fuerza que contribuye a aumentar la variabilidad genética de una población. Sin embargo, sus efectos en poblaciones naturales han sido difíciles de evaluar y hay quienes han sugerido que el flujo génico entre poblaciones puede ser poco significativo (Ehrlich y Raven 1969). En las estimaciones de estructuración genética el principal supuesto es la deriva génica. La migración y la deriva génica son fuerzas evolutivas opuestas, mientras la migración diluye la estructura genética y borra la huella ancestral de divergencia, la deriva génica las acentúa. En el caso de especies con gran capacidad de dispersión, la migración (y no la deriva genética) es la principal fuerza evolutiva. Lo que complica las reconstrucciones de su historia evolutiva a lo largo del tiempo.

Los eventos geológico-climáticos tienen una gran relevancia en las propuestas de hipótesis filogeográficas (ver **Anexo 1** y Moreno-Letelier 2009 para una descripción sobre los eventos geológicos y paleoclimas de Norteamérica). Es de esperarse que estos eventos hayan influido en la distribución de la variación genética y promovido la estructura genética de las poblaciones actuales. En especies sésiles o con poca capacidad de dispersión se han encontrado relaciones entre su estructura genética, el área de distribución y los eventos geológico-climáticos que han ocurrido (e.g. Moreno-Letelier y Piñero 2009). No obstante, con frecuencia los vertebrados voladores no se ajustan a los patrones filogeográficos de los vertebrados no voladores u otras especies sésiles (Ditchfield 2000). Ya que la capacidad de volar les confiere más opciones para dispersarse y en ocasiones las barreras geográficas no son un obstáculo para el flujo génico. Por ejemplo, en varias especies de murciélagos de América se han encontrado valores bajos de estructuración genética, bajas tasas de divergencia entre secuencias y haplotipos ampliamente distribuidos en todo el continente (Ditchfield 2000; Guevara-Chumacero *et al.* 2010; Turmelle *et al.* 2010). Mientras que en casi todos los mamíferos pequeños no voladores se han encontrado elevados valores de estructuración genética y altas tasas de divergencia entre localidades no muy alejadas (Mustrangi y Patton 1997; Patton y Da Silva 1997; Ditchfield 2000; Vega 2006).

1.3. Distribución de murciélagos en las zonas Neártica y Neotropical de Norteamérica

El área de distribución de las especies y su ocurrencia en los ecosistemas no son aleatorias, ya que responden de diferentes maneras a los factores ambientales. La delimitación de las zonas biogeográficas se basa en los patrones de distribución de las especies, aunque las barreras entre dichas zonas no son las mismas para todos los taxa (Proches 2005). En América se han delimitado dos zonas biogeográficas, la Neártica y la Neotropical, y se han descrito linajes exclusivos para cada zona (Cox 2001, Kreft y Jetz 2010). Los límites entre las dos regiones varían según los taxa que se consideren. Al estudiar los patrones de ocurrencia de géneros y familias de mamíferos no voladores, la zona de transición entre las regiones se ha ubicado al norte de Faja Volcánica Transmexicana (FVTM; por encima de la latitud 22° N; Kreft y Jetz 2010). Al comparar la distribución de especies de murciélagos, que tienen una mayor capacidad de dispersión, se ha observado que el área de transición entre las dos zonas es mayor y abarca desde la parte central hasta casi el sur de México (Ortega y Arita 1998, Proches 2005, Kreft y Jetz 2010).

Los murciélagos se encuentran en todo el mundo, pero cerca del 80% de la diversidad de especies está en regiones tropicales y subtropicales. El centro y sur de América son las zonas más ricas en especies de murciélagos (Altringham 1999). Son pocas las especies que se distribuyen en ambas regiones biogeográficas. En Norteamérica, las especies que destacan por distribuirse en las dos regiones son de las familias Vespertilidae (murciélagos vespertinos) y Molossidae (murciélagos de cola libre; Stevens 2004, Patten 2004). Otras familias como la Phyllostomidae (murciélagos con hoja nasal), Desmodontidae (murciélagos vampiros), Emballonuridae (murciélagos con bolsas alares), Furipteridae (murciélagos ahumados), Natalidae (murciélagos con orejas de embudo), Noctilionidae (murciélagos bulldog), y Thyropteridae (murciélagos con discos adhesivos) son casi exclusivamente Neotropicales. Resulta interesante estudiar la historia evolutiva y los patrones de estructuración genética en taxa que se distribuyen en las dos regiones biogeográficas, donde la transición entre ecosistemas no ha sido una barrera para su dispersión, como es el caso de *Tadarida brasiliensis*.

1.4. *Tadarida brasiliensis*

Tadarida brasiliensis pertenece a la familia Molossidae. Esta familia de murciélagos insectívoros se caracteriza por tener la "cola libre", las vértebras caudales se extienden más allá del borde del uropatagio (Medellín *et al.* 2008). Se ha propuesto que su origen y su

diversificación ocurrieron en Laurasia durante el Terciario hace 50-52 mda (Teelling *et al.* 2005). El origen del género *Tadarida* es incierto, a partir de filogenias moleculares calibradas con fósiles se ha estimado que fue hace aproximadamente 17-27 mda (Teeling *et al.* 2005; Miller-Butterworth *et al.* 2007). El fósil más antiguo se encontró en África y data del Mioceno temprano (~17.5 – 18 mda; Arroyo-Cabrales *et al.* 2002), mientras que en América el fósil más antiguo de *Tadarida sp.* se encontró en Florida y data del Plioceno tardío (~2.6 mda; Morgan y Ridgway 1987). *Tadarida brasiliensis* es la única especie moderna del género que se encuentra en América (Simmons 2005) y su fósil más antiguo también se encontró en Florida y data del Pleistoceno tardío (~1.8 mda; Morgan 1985). Las relaciones filogenéticas de los molosidos no han sido estudiadas a detalle, en especial la de este género. Sin embargo, se ha estimado que *T. brasiliensis* es la especie más divergente de las demás especies del género (Jones *et al.* 2002) y, filogenéticamente, la menos emparentada con los demás molosidos americanos (Agnarsson *et al.* 2011).

Los murciélagos de la familia Molossidae habitan regiones tropicales y templadas de todo el mundo, aunque tienen una mayor afinidad hacia zonas subtropicales (Stevens 2004, Proches 2005). En América, éstos murciélagos son principalmente Neotropicales (Stevens 2004, Patten 2005). Sin embargo, se ha reportado que en Norteamérica la ocurrencia de especies de esta familia está altamente relacionada con la variación de la temperatura durante el invierno, por lo que es común que se distribuyan en zonas templadas (Patten 2005). *T. brasiliensis* es una de las especies de mamíferos más abundantes del continente americano (McCracken 2003). Se distribuye en casi todo el continente, aunque se ha sugerido una preferencia hacia zonas templadas, el área de distribución reportada va desde la parte sur de Oregon en EUA hasta el sur de Temuco en Chile y el norte del Golfo de San Matías en Argentina, incluyendo las Antillas mayores y menores (entre la latitud 40° N y 40° S; Wilkins 1989). Hasta el momento se han reconocido nueve subespecies (Schwartz 1955). Esta clasificación se ha basado en características morfológicas y conductas migratorias (Schwartz 1955; Villa-R 1956; Hall 1981; Owen *et al.* 1990). Cinco subespecies se ubican en islas de las Antillas mayores y menores: *T. b. antillalarum* (Dominica; Miller 1902), *T. b. bahamanensis* (Bahamas; Rehn 1902), *T. b. constanzae* (República Dominicana; Shamel 1931), *T. b. murina* (Jamaica; Gray 1827) y *T. b. muscula* (Cuba; Hall 1981). Tres subespecies se encuentran en Norteamérica: *T. b. cynocephala* (sureste de EUA; Le Conte 1831), *T. b. mexicana* (todo EUA excepto en el este y todo México excepto la península de Yucatán; Saussure 1860) y *T. b. intermedia* (sur de México y parte de Centroamérica; Shamel 1931). En Sudamérica sólo se encuentra la subespecie *T. b. brasiliensis* (Geoffroy Saint-Hilaire 1824). La mayoría de los estudios ecológicos, demográficos y genéticos han sido con las subespecies de

Norteamérica (e.g. Lee y McCracken 2001, Russell *et al.* 2005, Betke *et al.* 2008). Se desconoce gran parte de los hábitos para las demás subespecies.

Tadarida brasiliensis es una de las especies con los rangos migratorios más grandes entre los murciélagos (Russ *et al.* 1998; Cryan 2003; McGuire y Ratcliffe 2011). Todos los movimientos migratorios descritos hasta el momento se han basado en observaciones de marcaje y pocas recapturas (Villa-R 1956; Villa-R y Cockrum 1962; Cockrum 1969; LaVal 1973). Aún así, se ha estimado que la capacidad migratoria de esta especie es muy amplia. Por ejemplo, en un estudio de bandeo realizado por Glass (1982) la máxima distancia de migración registrada de un murciélago desde el sitio de nacimiento hasta otro refugio fue de 1840 km. Se ha sugerido que en *T. brasiliensis* las hembras migran grandes distancias y los machos solo se dispersan distancias cortas (McCracken *et al.* 1994). Las colonias de *T. b. cynocephala* no migran mas allá de Texas (Owen *et al.* 1990). Cockrum (1969) propuso que la migración de las colonias de *T. b. mexicana* sigue ciertos patrones geográficos y delimitó cuatro grupos migratorios. Dos de los grupos se ubican en el oeste de EUA (Arizona, Nevada, California y Oregon), y los otros dos grupos, que presentan mayor movimiento migratorio, se encuentran desde el sur de EUA hasta el centro de México. De estos últimos grupos, uno migra por la Sierra Madre Oriental y el otro por la Sierra Madre Occidental. Los apareamientos y nacimientos de esta subespecie ocurren durante la primavera y el verano en el sur de EUA. Después, las hembras migran hacia el centro de México para pasar el invierno. Sin embargo, estudios posteriores indican que los grupos migratorios propuestos por Cockrum (1969) no siguen un patrón geográfico, ya que no existe estructura genética entre ellos (Svoboda *et al.* 1985; McCracken *et al.* 1994; McCracken y Gassel 1997; Russell *et al.* 2005a). Algunos de estos estudios tienen poca representatividad geográfica en cuanto al número de las localidades estudiadas y casi todas pertenecen al sur de EUA y el norte de México. Además sólo se han utilizado marcadores moleculares no específicos o que sólo reflejan la herencia materna.

El tamaño de las colonias de *T. brasiliensis* puede ser desde unos cuantos individuos hasta 4 millones (Betke *et al.* 2008). Muchas de las colonias se encuentran asociadas a grandes cultivos agrícolas (Lee *et al.* 2005; McWilliams 2005). Se ha reportado que el principal componente de la dieta de *T. brasiliensis* es la larva de *Helicoverpa zea*, la principal plaga del maíz y otros productos de interés comercial (Lee y McCracken 2002; Lee *et al.* 2005; Cleveland *et al.* 2006; De la Peña 2006; López 2009). Lo que llevó a sugerir que el crecimiento demográfico de esta especie fue ocasionado por el desarrollo de la agricultura extensiva (Russell *et al.* 2005a). Esta hipótesis ha sido cuestionada por estudios más detallados con

herramientas moleculares, en donde se sugiere que el elevado crecimiento demográfico de *T. b. mexicana* precede al arribo de los humanos a Norteamérica (Russell *et al.* 2011).

T. brasiliensis está adaptada para volar a altas velocidades y a altitudes superiores a los 3000 m (Williams 1973). Sin embargo, se ha sugerido que el sistema de orientación y olfato pudiera no ser eficiente a una altitud superior a los 3300m (Twente 1955, Williams 1973). Por otro lado, se ha registrado que la mayor actividad alimenticia ocurre entre los 400 y 500 m (McCracken *et al.* 2008). Esta especie puede volar en una noche más de 50 km para alimentarse (Best *et al.* 2003) y, según Davis (1966) el área mínima del ámbito hogareño es de 525km². Su alta demanda energética y las grandes poblaciones que conforman convierten a esta especie en un eficiente depredador de insectos y en uno de los agentes principales en el control de plagas de cultivos de interés comercial (McCracken 1996, Whitaker *et al.* 1996, Lee 1999, Cleveland *et al.* 2006).

T. brasiliensis es una especie con una historia demográfica y evolutiva poco común. Su amplia distribución geográfica, sus elevados niveles de migración sexo-específicos y su gran abundancia, la convierten en un modelo de estudio interesante. A lo cual se añade la motivación de su conservación por los valiosos servicios ecológicos que proveen al controlar las poblaciones de plagas de algunos cultivos de interés comercial. En este trabajo se utilizó un amplio muestreo a través de Norteamérica, que incluye las regiones biogeográficas Nearctica y Neotropical, así como el área de transición geográfica entre ellas. Se combinaron datos morfométricos y marcadores moleculares con diferente tasa de mutación y herencia (biparental y materna) para hacer inferencias filogeográficas y demográficas a través de análisis de inferencia bayesiana. Esto nos permitió hacer comparaciones entre los patrones de dispersión sexual y estimaciones demográficas a diferentes escalas de tiempo.

II. OBJETIVOS

- Hacer una reconstrucción filogeográfica de las poblaciones de *Tadarida brasiliensis* en Norteamérica, utilizando microsatélites y mtDNA.
- Inferir si existen grupos genéticos diferentes a lo largo de la distribución en Norteamérica e identificar los grupos entre los que existe flujo génico, las rutas de dispersión y los procesos demográficos a lo largo del tiempo.
- Revisar el estatus de las tres subespecies de *T. brasiliensis* que habitan en Norteamérica, utilizando datos morfométricos y moleculares.

III. HIPÓTESIS

Dado que *Tadarida brasiliensis* una de las pocas especies de la familia Molossidae que se distribuye en las dos regiones biogeográficas de América, Nearctica y Neotropical, esperamos que las poblaciones de esta especie en Norteamérica sigan un patrón de diferenciación morfométrica y estructuración genética, con dos marcadores moleculares de diferente tasa de mutación y herencia, como resultado del cambio de ecosistemas y características climáticas las áreas Neártica y Neotropical.

IV. MATERIAL Y MÉTODO

ANÁLISIS MOLECULARES

4.1. Obtención de muestras

En todos los análisis moleculares se utilizaron muestras de individuos de las subespecies *T.b. mexicana* y *T.b. intermedia*. Se solicitaron muestras de ejemplares de *T. brasiliensis* a colecciones científicas y a investigadores (**Anexo 2a y b**). Las muestras se clasificaron en: Tejido fresco y tejido antiguo. Las primeras fueron las muestras que se tomaron de músculos, órganos o tejido del parapatagio, que fueron colectadas del año 2000 a la fecha y que se almacenaron en etanol al 70%. Las segundas fueron aquellas muestras de piel u órganos colectados antes del año 2000 y que no fueron almacenadas en etanol al 70%.

4.2. Extracción de DNA

Para la extracción de DNA se utilizaron dos kits según el tipo de muestra. El tejido fresco fue procesado con el "DNeasy Blood & Tissue kit" (QIAGEN) y el tejido antiguo con el "QIAamp DNA Investigator kit" (QIAGEN) con los protocolos de "Nail clippings and hair" y "Tissues". En todos los protocolos se siguieron las instrucciones de los proveedores. El DNA de las muestras que fueron almacenadas durante mucho tiempo y en malas condiciones tiende a degradarse. La calidad del DNA puede interferir en el éxito de amplificación (Pääbo *et al.* 2004). Por lo tanto y para comprobar la calidad del DNA obtenido, 5 µL de cada producto de extracción fueron corridos en geles de agarosa al 1% y fueron teñidos con bromuro de etidio. Los productos de extracción fueron clasificados como: Productos degradados y no degradados (**Anexo 3a**).

4.3. Marcadores moleculares

4.3.1. Microsatélites: amplificación y caracterización genética

Nueve loci de microsatélites nucleares fueron amplificados utilizando los oligonucleótidos y las condiciones descritas por Russell *et al.* (2005b; **Anexo 3b**). Un oligonucleótido de cada par fue marcado con un tinte fluorescente para poder estimar el tamaño de los fragmentos en un secuenciador automático. Los productos de PCR fueron mezclados para hacer lecturas multiplex (**Anexo 3a, b y c**) y se enviaron al servicio de análisis de fragmentos del Roy. J. Carver Biotechnology Center de la Universidad de Illinois en Urbana-Champaign, USA, donde se analizaron en un secuenciador automático ABI Prism 3730xl (Applied Biosystems), con un marcador de pares de bases ROX1000. Los archivos resultantes se analizaron con el programa Peak Scanner versión 1.0 (Applied Biosystems) para determinar el tamaño de los alelos de cada individuo y cada locus.

4.3.2. D-loop: amplificación y secuenciación

Las mismas muestras que fueron utilizadas para amplificar microsatélites fueron utilizadas para amplificar la región D-loop del mtDNA de ~500pb. Sin embargo, se siguieron protocolos diferentes según la calidad del DNA de las muestras. Para los productos de extracción no degradados se utilizaron los oligonucleótidos P y F descritos por Wilkinson y Chapman (1991; **Anexo 3d**) y se siguió el protocolo de amplificación sugerido por los autores. Por otro lado, las muestras con productos de extracción degradados fueron amplificados en dos fragmentos de ~250pb cada uno. Se diseñaron dos oligonucleótidos internos TbR220 5'-GCC CAT TAA TAT AAG CAA GTA C-3' y TbF221 5'-GTA CTT GCT TAT ATT AAT GGG C-3'. Estos oligonucleótidos fueron utilizados con los ya diseñados por Wilkinson y Chapman (1991) en los pares P – F221 y F – R220 (**Anexo 3d**). Se emplearon las siguientes condiciones generales de amplificación: 1x de buffer para PCR, 1.0 mM (P-F221) o 1.5 mM (F-R220) de MgCl₂, 0.1 mM de dNTPs, 0.1 mM de cada oligonucleótido, 1U de Taq polimerasa Platinum® (Invitrogen) y 10-100 ng de DNA, con un volumen total de reacción de 25 µL. El programa de PCR fue: un ciclo de desnaturalización de 15 min. a 95° C, seguido de 20 ciclos de 1 min. de desnaturalización a 95° C, 1.5 min. de alineación desde 55 hasta 50° C, disminuyendo 0.5° C cada ciclo y 2 min. de extensión a 72° C. Después, 20 ciclos de 1 min. de desnaturalización a 95° C, 1.5 min. de alineación a 50° C y 2 min. de extensión a 72° C. Finalmente, un ciclo de extensión de 10 min. a 72° C. Los productos de PCR se enviaron al servicio de secuenciación del High-Throughput Genomics Unit en Seattle, Washington, USA, donde se analizaron con un secuenciador automático ABI Prism 3730xl (Applied Biosystems). Las secuencias se alinearon con ayuda de

los programas BioEdit versión 7.0.9 (Hall 2007) y ClustalW versión 1.4 (Thompson *et al.* 1994). Los alineamientos finales se refinaron manualmente.

En los análisis posteriores se incluyeron 94 secuencias depositadas en la base de datos GeneBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) e incluidas en los análisis de Russell. *et al.* (2005a; AY345976, AY347966, AY347976 y AY347993-AY348101; **Anexo 2a y b**). Se eliminaron 44pb para poder alinear con las secuencias obtenidas en este estudio.

4.3.3. Cromosoma Y: amplificación y secuenciación

Se amplificaron siete intrones de cromosoma Y: DBY7, DBY8, DBY14, SMCY11, SMCY16, SMCY17 y UTY11. Los oligonucleótidos empleados fueron los reportados por Hellborg y Ellegren (2003; **Anexo 3e**). Los protocolos de amplificación fueron optimizados para las muestras de *T. brasiliensis*, utilizando una muestra de una hembra como control negativo.

Se emplearon las siguientes condiciones generales de amplificación: 1x de buffer para PCR, 1.5 – 2.0mM de MgCl₂ (**Cuadro 1**), 0.2 mM de dNTPs, 0.5 mM de cada oligonucleótido, 1U de Taq polimerasa Platinum® (Invitrogen) y 10-100 ng de DNA, con un volumen total de reacción de 25 µL.

El programa de PCR para los loci DBY7, DBY8, SMCY11, SMCY17 y UTY11 fue: un ciclo de desnaturalización de 15 min. a 95° C, seguido de 20 ciclos de 1 min. de desnaturalización a 95° C, 1.5 min. de "touchdown" con temperatura de alineación disminuyendo 0.5° C cada ciclo (**Cuadro 1**), y 2 min. de extensión a 72° C. Después, 20 ciclos de 1 min. de desnaturalización a 95° C, 1.5 min. de alineación (**Cuadro 1**), y 2 min. de extensión a 72° C. Finalmente, 1 ciclo de extensión de 10 min. a 72° C. El programa de PCR para los loci DBY14 y SMCY16 fue: un ciclo de desnaturalización de 15 min. a 95° C, seguido de 35 ciclos de 1 min. de desnaturalización a 95° C, 1.5 min. de alineación a una temperatura determinada según el locus (**Cuadro 1**), y 2 min. de extensión a 72° C. Finalmente, 1 ciclo de extensión de 10 min. a 72° C.

Para facilitar la búsqueda de polimorfismos en los intrones de cromosoma Y, fueron secuenciados cuatro individuos machos de tres localidades alejadas entre sí. Las localidades elegidas fueron: Xochimilco (localidad 13), presa "La Amistad" (Localidad 31) y cueva "La Trinitaria" (Localidad 45; **Anexo 2a y b**). Después, todos los individuos machos de las demás localidades fueron secuenciados para los loci DBY7 y UTY11, ya que son los loci donde se han reportado más polimorfismos para otras especies de mamíferos (Hellborg y Ellegren 2003). Los productos de PCR se enviaron al mismo servicio de secuenciación que las muestras de D-

loop. Sólo el Locus UTY11 se encontró polimórfico pero con poca variación nucleotídica. Por lo tanto, estos datos fueron excluidos de los análisis de estructura y diversidad genética.

Cuadro 1. Condiciones de amplificación para intrones de cromosoma Y en *Tadarida brasiliensis*.

Locus	Tamaño esperado (pb)	Ta (° C)	Mg₂Cl (mM)
DBY7	400	65 – 55 ^{TD} , 55 ^C	1.5
DBY8	200	60 – 50 ^{TD} , 50 ^C	2.0
DBY14	500	55	2.0
SMCY11	550 *	55 – 45 ^{TD} , 45 ^C	2.0
SMCY16	450 *	60	1.5
SMCY17	200	55 – 45 ^{TD} , 45 ^C	1.5
UTY11	550	55 – 45 ^{TD} , 45 ^C	2.0

^{TD}, Touchdown con temperatura de alineación inicial y final disminuyendo 0.5°C cada ciclo, más 20 ciclos a una temperatura constante (°C). * Locus cuyas amplificaciones siempre fueron inespecíficas.

4.4. Definición de grupos genéticos

Existen varios algoritmos que con base en el genotipo infieren grupos de individuos que están más relacionados entre sí y podrían ser considerados como una población. Uno de los programas más utilizados para detectar grupos de individuos es Structure. Este programa asigna individuos a un determinado número de poblaciones (*K*), detecta zona de híbridos, identifica migrantes, individuos con genotipos mezclados y estima las frecuencias alélicas en situaciones donde muchos individuos son migrantes o mezclados (Pritchard *et al.* 2000). Geneland es otro programa que infiere grupos de individuos relacionados entre sí. Para la caracterización de grupos genéticos considera el genotipo de cada individuo, su ubicación geográfica y un margen de incertidumbre para la localización de los individuos (Guillot *et al.* 2005a). Tanto con Structure como con Geneland se pueden hacer inferencias a partir de datos de microsatélites, SNP's, AFLP's y secuencias. SAMOVA es un programa que implementa un algoritmo para identificar barreras geográficas y definir grupos de poblaciones geográficamente homogéneas y diferenciadas al máximo (Dupanloup *et al.* 2002). Con SAMOVA sólo se pueden analizar datos de secuencias. Dado que *T. brasiliensis* es una especie cosmopolita y de amplia distribución se utilizaron los tres programas mencionados para detectar poblaciones o grupos genéticos distintos.

4.4.1. Microsatélites

4.4.1.1. Geneland

Geneland implementa un estadístico que infiere y localiza discontinuidades genéticas entre poblaciones de un espacio determinado (Guillot *et al.* 2005a). Utiliza inferencia Bayesiana a través de simulaciones de cadenas de Markov de Monte Carlo (MCMC, por sus siglas en inglés) con datos multilocus. El principal supuesto es que existe dependencia espacial entre los individuos del presente, por lo que es necesario conocer *a priori* como están distribuidos espacialmente. Además de detectar las discontinuidades genéticas entre las poblaciones, el algoritmo se enfoca en: 1) Minimizar la incertidumbre asociada a las coordenadas geográficas de cada individuo, 2) Estimar el número de grupos genéticos en el área de estudio, 3) Cuantificar la cantidad de la dependencia espacial de los datos, 4) Asignar individuos a los grupos probables de origen, y 5) Detectar migrantes entre poblaciones.

La incertidumbre en la ubicación de los individuos muestreados incrementa significativamente el error al detectar las barreras y delimitar grupos genéticos (Guillot *et al.* 2005b). Esto resulta un problema en el caso de especies migratorias o con ámbitos hogareños que abarcan grandes distancias. No obstante, Geneland permite contemplar un valor de incertidumbre asociado a las coordenadas; este parámetro utiliza las mismas unidades que las coordenadas espaciales. Dado que *T. brasiliensis* es una especie migratoria y con un ámbito hogareño que abarca varios kilómetros, todos los análisis (desde la estimación de K hasta los análisis de consenso) se realizaron de manera independiente considerando tres valores en la incertidumbre asociada a las coordenadas geográficas. Estos datos fueron elegidos con base en los hábitos migratorios reportados para *T. brasiliensis*. Los valores considerados fueron: 56km que es el área mínima de forrajeo según Best *et al.* (2003), 525km que es el área mínima del ámbito hogareño según Davis (1966) y 1840km que es la máxima distancia registrada de migración de un murciélago desde el sitio de nacimiento hasta otro refugio según Glass (1982; **Anexo 4a**).

Por razones discutidas en Guillot *et al.* (2005b) es mejor inferir primero el valor modal de K (\hat{K}) explorando entre diferentes valores y después correr otra vez el algoritmo fijando el valor de \hat{K} . En ocasiones, ningún individuo es asignado a determinados grupos de un dominio especial, lo que se conoce como un grupo "fantasma". Lo anterior se debe a que el algoritmo de MCMC para modelos mixtos llega a muestrear estados que difieren de \hat{K} . Se recomienda ignorar estos grupos fantasma y reducir el valor de \hat{K} (Guillot *et al.* 2005b).

Para definir el valor de \hat{K} grupos genéticos de las 45 localidades caracterizadas genéticamente se utilizó el programa Geneland versión 3.2.4 (Guillot *et al.* 2005a). Se realizaron veinte corridas independientes con los siguientes parámetros: 1.0×10^6 de iteraciones MCMC, con un número mínimo de $K=1$ y máximo de $K=25$, considerando alelos nulos y un valor de incertidumbre asociado a las coordenadas (descrito anteriormente). Se utilizó un modelo espacial verdadero y el modelo de Dirichlet con frecuencias alélicas correlacionadas, ya que ha demostrado hacer estimaciones más acertadas del valor \hat{K} (Guillot *et al.* 2005b). Una vez estimado el valor \hat{K} , se realizaron 50 corridas independientes con los parámetros antes mencionados y el valor fijo de \hat{K} . Se calculó la media del logaritmo de la probabilidad posterior de cada corrida independiente y se eligieron aquellas diez que presentaron los valores más altos.

Al asignar individuos a determinados grupos genéticos, Geneland calcula la probabilidad posterior de pertenencia de cada grupo genético a cada celda de un dominio espacial. El territorio que abarca las 45 localidades estudiadas se dividió en 184 celdas de norte a sur y 245 celdas de este a oeste, donde cada celda equivale a 10km^2 . Para obtener la probabilidad posterior de que cada individuo perteneciese a determinado grupo genético, las diez corridas independientes que se seleccionaron fueron post-procesadas (se quemaron 1000 iteraciones) y se asignaron a los dominios espaciales antes mencionados. Con el programa CLUMPP versión 1.1.2 (Jakobsson y Rosenberg 2007) se realizó un consenso de la asignación de cada individuo a determinado grupo genético. El método utilizado fue "Greedy" con una matriz pareada de similitud estadística tipo G' . El resultado del consenso fue una matriz donde se indica la probabilidad de que cada individuo pertenezca a K grupo. Con base en estos resultados se delimitaron los grupos genéticos con los datos de microsatélites. Los individuos fueron asignados a un grupo determinado si su probabilidad de asignación era mayor a 0.6. Si la probabilidad de pertenecer a un grupo era menor a 0.6, se asignaron al grupo en el cual presentaron la mayor probabilidad. Los resultados fueron graficados con Distruct versión 1.1 (Rosenberg 2004). En la asignación de individuos se consideraron las recomendaciones de Coulon *et al.* (2008a) para analizar resultados de un consenso hecho con CLUMPP utilizando datos obtenidos con Geneland, ya que pueden empalmarse grupos e identificar falsos migrantes al agrupar individuos muy distantes entre sí e ignorar individuos intermedios.

4.4.1.2. Structure

Structure utiliza un algoritmo que identifica grupos genéticamente distintos (Pritchard *et al.* 2000). Supone un modelo con K poblaciones donde cada una es caracterizada por las frecuencias alélicas de todos los loci, los individuos son asignados probabilísticamente a una población e identifica migrantes e individuos con genotipos mezclados. El modelo supone equilibrio de Hardy-Weinberg (H-W) en los loci, equilibrio de ligamiento y no considera algún proceso particular de mutación. Los análisis se realizaron en el programa Structure versión 2.3.3 (Falush *et al.* 2007). Se realizaron diez corridas independientes de 25 estimados probabilísticos, desde $K=1$ hasta $K=25$. Se utilizó un modelo de admixión con frecuencias alélicas correlacionadas entre poblaciones. Los parámetros fueron: longitud del periodo de calentamiento= 100,000 y número iteraciones de MCMC después del calentamiento= 1.0×10^6

Evanno *et al.* (2005) propuso un predictor del número real de grupos genéticos (ΔK) que es más acertado en comparación con el valor máximo de la media de la probabilidad logarítmica posterior ($L P(x|K)$) porque es muy sensible a la varianza de los estimados del $L P(x|K)$ de cada corrida independiente (la varianza aumenta con el valor de K). Se calcula como $\Delta K = \frac{m}{s} \left[\frac{L P(x|K)}{L P(x|K-1)} \right]$. Se calculó el ΔK para los estimados probabilísticos de este estudio y se realizaron 50 corridas independientes con los parámetros antes mencionados y el valor fijo de ΔK . Se calculó el $L P(x|K)$ de cada corrida independiente y se eligieron aquellas diez que presentaron los valores más altos. Con el programa CLUMPP versión 1.1.2 se realizó un consenso de la asignación de los individuos a los grupos genéticos. Se utilizaron los parámetros antes mencionados (Ver sección 4.4.1.1). Los resultados fueron graficados en Distruct versión 1.1 (Rosenberg 2004).

Para reconstruir las relaciones entre poblaciones y distinguir entre procesos históricos que pudieron influir en los procesos de estructuración se exploraron diferentes valores de ΔK (cercaos al valor calculado) según Rosenberg *et al.* (2005) y Wang *et al.* (2007).

4.4.2. D-loop

4.4.2.1. Structure

Se realizaron diez corridas independientes de diez estimados probabilísticos, desde $K=1$ hasta $K=10$. Se utilizaron los mismos modelos, parámetros y criterios que con los análisis de datos de microsatélites, tanto para la estimación de ΔK como para los análisis de consenso y la asignación de cada individuo a un grupo genético (Ver sección 4.4.1.2).

4.4.2.1. SAMOVA

SAMOVA simula K grupos de n localidades, identifica barreras genéticas y calcula el valor de F_{CT} , que es la proporción total de variación genética debida a las diferencias entre los grupos. El valor más alto de F_{CT} en K grupos genéticos indica la máxima diferencia entre grupos y la mayor similitud dentro de las localidades de cada grupo (Dupanloup *et al.* 2002). La prueba se realizó con el programa SAMOVA versión 1.0 (Dupanloup *et al.* 2002), se usaron 100 condiciones iniciales, se exploraron valores desde $K=2$ hasta $K=10$ y se eligió el caso que reportó el valor más alto de F_{CT} .

4.5. Relaciones filogenéticas

Para determinar el modelo de mutación que mejor se ajusta a las secuencias de D-loop de *T. brasiliensis*, se utilizó el programa jModelTest versión 0.1.1 (Posada 2008) con base en la corrección de Akaike (AIC). Se determinó que el modelo de Hasegawa-Kishino-Yano 85 (Hasegawa *et al.* 1985) se ajusta en un 99.94%, con una tasa mayor de transiciones que de transversiones entre purinas que entre pirimidinas (HKY85+G).

Se realizaron análisis utilizando inferencia Bayesiana para evaluar alguna señal filogenética entre los grupos. Se utilizó el programa MrBayes versión 3.1.2 (Ronquist y Huelsenbeck 2003). Como grupo externo se incluyeron tres secuencias de individuos de *T. brasiliensis* de poblaciones de Sudamérica (números de acceso a GeneBank: 33638293, 33638294, 33638282). Se corrieron 2 cadenas independientes, cada una con 1.0×10^7 de generaciones, muestreadas cada 100 iteraciones. Se usaron cuatro cadenas calientes con un factor escalar $T=0.18$. El modelo de mutación utilizado fue HKY85+G con cuatro categorías gamma. Se descartaron el 10% de los árboles y con los 180,000 árboles restantes se construyó un árbol de consenso de mayoría del 50%. El árbol que resultó se editó con FigTree versión 1.3.1.

En muchas ocasiones las relaciones intraespecíficas no pueden ser representadas con un árbol filogenético. Varios haplotipos pueden estar relacionados y solo diferir en un sitio polimórfico, lo que resulta en una politomía. Por ello, una red de haplotipos puede representar mejor la relación entre haplotipos permitiendo múltiples alternativas para relacionarlos y así detectar posibles eventos de recombinación, homoplasia y/o mutaciones reversas. El método de parsimonia de varianza molecular utiliza criterios estadísticos para elegir cuál es la mejor red. Dentro de los criterios de selección se encuentran: las frecuencias haplotípicas y la subdivisión geográfica (Posada y Crandall 2001). Se construyó una red de haplotipos utilizando el programa Arlequin versión 3.5.1.2 (Excoffier *et al.* 2010), que utiliza el

método de parsimonia de varianza molecular para reconstruir redes de haplotipos. Este método es sensible a los espacios faltantes (gaps), por lo que en el alineamiento solo se consideraron 392 pb.

4.6. Diversidad genética

4.6.1. Microsatélites

Con el programa GenAlEx versión 6.41 (Peakall y Smouse 2006) se estimaron las frecuencias de los alelos de cada locus y de cada grupo genético (**Anexo 7a**). Se identificaron el número total de alelos de cada grupo genético y los alelos privados.

Con el programa FreeNA versión 1.0 (Chapuis y Estoup 2007) se determinó la existencia de alelos nulos y sus frecuencias para cada grupo y para cada locus. El análisis fue efectuado con 1000 repeticiones. Las frecuencias fueron calculadas utilizando el algoritmo EM propuesto por Dempster *et al.* (1977). Se calcularon los valores de F_{ST} según Weir y Crockerham (1984) y después fueron recalculados utilizando la corrección de ENA descrita en Chapuis y Estoup (2007; F_{ST-ENA}). Se realizó una prueba t-student para inferir si existían diferencias significativas entre los valores de F_{ST} calculados con y sin la corrección de ENA.

Para determinar si algún par de loci se encontraba en desequilibrio de ligamiento se usó una prueba exacta de Fisher. Se utilizó el programa Genepop versión 4.0.7 (Rousset 2008) que aplica el método de MCMC. Los parámetros fueron: 10,000 dememorizaciones, 200 batches, 1,000 iteraciones, con una significancia de $q < 0.001$. Para determinar la significancia de cada prueba con comparaciones múltiples, se utilizó la prueba FDR (False Discovery Rate, por sus siglas en inglés). Se ha demostrado que esta prueba es más efectiva al rechazar errores tipo I en comparación con la corrección secuencial de Bonferroni (Verhoeven *et al.* 2005). El valor de q corresponde al valor de p recalculado con la prueba FDR. Se utilizó el programa QVALUE versión 1.0 (Storey 2002) para calcular los valores de q .

Se estimó la desviación del equilibrio de H-W en los 9 loci de cada grupo. Se utilizó el programa Genepop versión 4.0.7 (Rousset 2008) y la prueba de probabilidad propuesta por Guo y Thompson (1992), que es adecuada para el caso de múltiples alelos y pocas categorías de genotipos (Weir 1996). Si los grupos genéticos no se encontraban en equilibrio de H-W, con la prueba de Raymond y Rousset (1995) se infirió si la hipótesis nula fue rechazada por un exceso o deficiencia de heterocigotos. Para estos análisis se utilizaron los coeficientes de endogamia (F_{IS} ; Weir y Crockerham 1984) y pruebas de probabilidad con MCMC. Los parámetros para el análisis fueron: 10,000 dememorizaciones, 200 batches y 1,000 iteraciones, con una significancia de $q < 0.001$.

Con el programa Arlequin versión 3.5.1.2. (Excoffier *et al.* 2010) se calculó la heterocigosis observada (H_o) y esperada (H_e) según Levene (1949). Con el programa SMOGD versión 1.2.5 (Crawford 2010) se utilizaron 1000 réplicas Bootstrap para calcular la heterocigosis total de los grupos genéticos o diversidad genética de Nei (H_{T_est}), que aplica una corrección para tamaños de muestra pequeños (Nei 1978). Con el programa FSTAT versión 3.9.3 (Goudet 1995) se estimó la riqueza alélica (A) con base en el número mínimo de individuos muestreados en un grupo genético (BCS= 7 individuos).

4.6.2. D-loop

Con el programa DNAsp versión 5.10.01 (Librado y Rozas 2009) se calculó el número de haplotipos (N_h), la diversidad haplotípica (H_d), la diversidad nucleotídica (π), el número promedio de diferencias nucleotídicas (k), la tasa de mutación por gen (u) y por sitio (μ), el número de mutaciones (η), el número de sitios variables (S), los singletons y los sitios parsimoniosamente informativos.

4.7. Estructura genética

4.7.1. Microsatélites

Los valores de diferenciación genética pueden variar dependiendo del método de estimación y del modelo de mutación supuesto. Por lo que no es posible fijar un valor de estructuración para todos los métodos. El índice de F_{ST} propuesto por Wright (1951) supone un modelo de alelos infinitos y se calcula con base en el número de diferencias pareadas. El estimado de R_{ST} propuesto por Slatkin (1995) se ajusta al modelo generalizado de mutación por pasos (SMM), contempla la memoria en el proceso de mutación de los alelos y se calculan con base en la proporción de diferencias, haciéndolo adecuado para estimaciones con datos de microsatélites. Hedrick (2005) y Jost (2008) propusieron otro índice de diferenciación (D_{est}) para casos con una elevada diversidad genética ($H_o > 0.9$), donde las mutaciones pueden tener el mismo o mayor orden de magnitud que el flujo génico. Este valor se calcula a partir de los alelos privados de cada grupo y es adecuado para estimaciones con loci muy variables. Los índices F_{ST} y R_{ST} entre pares de grupos genéticos se calcularon utilizando el programa Arlequin versión 3.5.1.2 (Excoffier *et al.* 2010) con 10,000 permutaciones y una significancia de $p < 0.05$. El índice de D_{est} se calculó con el programa SMOGD versión 1.2.5 (Crawford 2010) con 1000 réplicas Bootstrap.

Para determinar cuáles serían los valores de estructuración baja, media y alta en cada índice de diferenciación, se calcularon los coeficientes de correlación entre los valores

de F_{ST} contra D_{est} y de R_{ST} contra D_{est} . Si la correlación era significativa, los criterios propuestos por Wright (1951) de diferenciación baja ($F_{ST}<0.05$), media ($0.05<F_{ST}<0.1$) y alta ($F_{ST}>0.1$) se extrapolaron hacia los valores de los demás estimados.

El Análisis molecular de varianza (AMOVA) evalúa la cantidad de estructura genética en un grupo y determina si la fuente de variación está dentro o entre los grupos. Se basa en hacer particiones de la varianza total en componentes de covarianza dados por las diferencias entre poblaciones y entre individuos dentro de los grupos. A partir de los componentes de varianza se calculan los índices de estructuración (F_{ST} o R_{ST}) y la significancia se obtiene con una prueba paramétrica de permutación de genotipos entre poblaciones (Excoffier *et al.* 1992). Comparar los estimados de R_{ST} y F_{ST} puede ser útil para determinar los cambios en la diferenciación genética entre poblaciones a diferentes escalas de tiempo (Slatkin 1995). Con el programa Arlequin 3.5.1.2 (Excoffier *et al.* 2010) se llevo a cabo un AMOVA utilizando los índices de fijación R_{ST} y F_{ST} , con 50,000 permutaciones y una significancia de $p<0.05$.

Para describir el patrón de estructuración genética de todos los individuos se realizó un Análisis Factorial de Correspondencia (AFC). Este análisis permite sintetizar de modo gráfico la similitud genética de todos los individuos entre sí en un espacio multidimensional. En la gráfica, cada eje es derivado de manera independiente de los demás e indica cuánta variación de la total es representada por dicho eje. Para esta prueba se utilizó el programa Genetix versión 4.05 (Belkhir *et al.* 2004).

4.7.2. D-loop

Con el programa Arlequin 3.5.1.2 (Excoffier *et al.* 2010) se realizó una prueba de AMOVA y se calcularon los índices de fijación Φ_{ST} . La prueba se realizó con 50,000 permutaciones y una significancia de $p<0.05$. También se calcularon los índices de Φ_{ST} entre pares de grupos genéticos, se utilizaron 10,000 permutaciones y una significancia de $p<0.05$.

4.8. Migración y aislamiento por distancia

4.8.1. Microsatélites

Para determinar si existe aislamiento por distancia o eventos de dispersión a corta o larga distancia se utilizaron Gráficas de Poblaciones (basadas en "Graph Theory"; Dyer y Nason 2004). Esta prueba analiza cómo está distribuida la variación genética a través del paisaje. En las gráficas, las poblaciones son representadas como nodos y la covarianza

genética entre poblaciones determina la topología. El patrón de conexiones entre poblaciones se estima como función de los datos y puede ser utilizado para probar aislamiento por distancia. También se puede hacer una prueba de aislamiento por distancia considerando los valores de covarianza genética de todas las poblaciones estimada simultáneamente (IBGD; por sus siglas en inglés). La prueba IBDG es parecida a la prueba de Mantel (que correlaciona la distancia geográfica con los valores pareados de F_{ST}). En la prueba IBDG la correlación es entre la distancia geográfica y la distancia topológica mínima entre dos poblaciones calculada a partir de los valores de covarianza genética (distancia *graph*). El supuesto principal de esta prueba es que la covarianza genética está espacialmente estructurada. Los valores que están fuera del intervalo de confianza del 95% corresponden a nodos cortos o extensos. Los nodos cortos son poblaciones cuya distancia física es menor de la esperada por su covarianza genética e indican posibles barreras para el flujo génico o migración asimétrica. Los nodos extensos son los que espacialmente están más distantes de lo esperado e indican eventos de dispersión a larga distancia. Las gráficas de poblaciones y el análisis de IBDG se realizaron con los datos de cada localidad en el programa GeneticStudio versión 0.1 (Dyer 2009).

La conexión genética entre poblaciones depende del flujo génico. La medida más empleada es el número efectivo de migrantes por generación (Nm) que se estima en función de F_{ST} (Wright (1943). Beerli y Felsenstein (1999, 2001) propusieron un modelo que se basa en la teoría de la coalescencia para calcular tasas de migración asimétricas en poblaciones con diferentes tamaños efectivos de población (N_e). El método utiliza MCMC y las frecuencias alélicas para analizar genealogías probables con diferentes longitudes de rama y estimar eventos de migración. Los estimados del N_e están escalados a la tasa de mutación (θ) y la tasa de inmigración está escalada a la tasa mutación (M). Los valores de M son calculados entre pares de grupos suponiendo que la migración es asimétrica. M es una medida que indica que tan importante es la migración sobre la mutación para traer nuevas variantes a cada grupo. Si $M > 1$ indica que la migración contribuye más que la mutación en el aporte de variación genética dentro de las poblaciones.

Para inferir la tasa de migración entre los grupos genéticos de *T. brasiliensis* se utilizó el programa Migrate-N versión 3.2.6 (Beerli y Felsenstein 1999, 2001; Beerli 2006) con los siguientes parámetros: un modelo de mutación browniana para microsatélites, estrategia de análisis con inferencia bayesiana, periodo de calentamiento de 10,000 iteraciones y una cadena de 1.0×10^7 iteraciones muestreada cada 1000. Se utilizaron cuatro cadenas calientes con temperaturas $T_1=1.0$, $T_2=1.5$, $T_3=3.0$ y $T_4=1.0 \times 10^6$. Los demás parámetros fueron los establecidos automáticamente por el programa.

Considerando que la Faja Volcánica Transmexicana (FVTM) ha sido identificada como la zona de transición entre las zonas Neártica y Neotropical. Se pusieron a prueba cinco hipótesis de migración entre los grupos: 1). Migración desde y hacia todos los grupos, 2). Migración sólo entre grupos vecinos, 3). Migración sólo entre grupos vecinos pero suponiendo que los murciélagos no atraviesan la FVTM, 4). Migración sólo entre grupos vecinos con migración desde el Norte hacia el Sur atravesando la FVTM, sin migración en sentido opuesto, 5). Migración sólo entre grupos vecinos con migración desde el Sur hacia el Norte atravesando la FVTM, sin migración en sentido opuesto, y 6). Todos los grupos son parte de una población panmíctica (**Anexo 4c**). Se utilizaron los mismos parámetros para todos los modelos. Para comparar los modelos y elegir el más probable se usó el logaritmo del Factor Bayes (*LBF*). El Factor Bayes es proporción de la verosimilitud marginal (*mL*). Éste permite la comparación de modelos con o sin anidar, sin asumir normalidad o un muestreo muy amplio. En comparación con máxima verosimilitud, la *mL* es la integral de la función de verosimilitud sobre un rango completo de parámetros (Beerli y Palczewski 2010).

Los cálculos del Factor Bayes se realizaron con los valores aproximados de Bezier que son adecuados para análisis con pocas cadenas calientes. El *LBF* se calculó como:

$$LBF = 2 \ln (mL (\text{modelo}_1)) - \ln (mL(\text{modelo}_2)).$$

La probabilidad de cada modelo se calculó como:

$$Prob(\text{modelo } i) = \frac{mL_{\text{modelo } i}}{\sum_j^n mL_{\text{modelo } j}}.$$

Se eligió un modelo de migración basado en la mayor probabilidad y el criterio de Kass y Raftery (1995): los valores menores a -2 del *LBF* sugieren una preferencia por el modelo *j*.

4.8.2. D-loop

Con estos datos también se consideró la hipótesis de que la FVTM es una barrera para la migración, por lo que los modelos entre grupos puestos a prueba fueron: 1). Migración desde y hacia todos los grupos, 2). Migración sólo entre grupos vecinos, 3). Migración sólo entre grupos del NORTE y el Sur, 4). Migración desde los grupos CentroSur y Sur hacia el NORTE pero no en sentido opuesto, 5). Migración desde los grupos Sur y CentroSur hacia el NORTE, y desde el NORTE hacia el Sur, 6). Sin migración del NORTE al CentroSur, y 7). Todos los grupos son parte de una población panmíctica (**Anexo 5b**).

Para inferir la tasa de migración entre los grupos genéticos con datos de D-loop se utilizó el programa Migrate-N versión 3.2.6 (Beerli y Felsenstein 1999, 2001; Beerli 2006). Los parámetros de búsqueda fueron los mismos que en los análisis de microsatélites (ver sección

4.8.1) pero con un modelo de secuencias de DNA. Se usaron los valores de t_i/t_v y las frecuencias nucleotídicas calculadas en jModelTest (ver sección 4.5). La selección del modelo de migración más probable, el cálculo del LBF y la probabilidad de cada modelo se realizó con los mismos criterios empleados en los análisis de microsatélites (ver sección 4.8.1).

4.9. Demografía histórica

4.9.1. Microsatélites

Storz y Beaumont (2002) propusieron un modelo basado en la teoría de la coalescencia que utiliza la variación de datos de microsatélites para estimar parámetros genealógicos y demográficos. Está basado en cálculos jerárquicos Bayesianos con MCMC para estimar la distribución posterior de los parámetros. El modelo asume incrementos o decrementos exponenciales de un tamaño de población inicial (N_1) a un tamaño de población actual (N_0), en un intervalo de tiempo (x_a), con loci que evolucionan de acuerdo a un modelo estricto de SMM con una tasa de mutación μ . Se utilizan las frecuencias alélicas para calcular los parámetros $\Phi = \{N_0, N_1, \mu, x_a\}$. El modelo asume que los parámetros Φ de cada locus tienen una distribución log-normal, con una media $M = \{M_{N_0}, M_{N_1}, M_\mu, M_{x_a}\}$ y una desviación estándar $V = \{V_{N_0}, V_{N_1}, V_\mu, V_{x_a}\}$. Se asume una distribución normal para cada parámetro inicial, con medias $\alpha_{N_0}, \alpha_{N_1}, \alpha_\mu, \alpha_{x_a}$ y desviaciones estándar $\sigma_{N_0}, \sigma_{N_1}, \sigma_\mu, \sigma_{x_a}$. A su vez, se asume que la desviación estándar tiene una distribución normal con medias $\beta_{N_0}, \beta_{N_1}, \beta_\mu, \beta_{x_a}$ y desviaciones estándar $\tau_{N_0}, \tau_{N_1}, \tau_\mu, \tau_{x_a}$. Estas distribuciones se utilizan para calcular $p(\Phi | V, M)$.

Para inferir si hubo expansiones o cuellos de botella en el N_e de los grupos genéticos de *T. brasiliensis* se realizaron simulaciones con el programa MSVAR versión 1.3 (Storz y Beaumont 2002). Los parámetros iniciales utilizados para todos los loci fueron: tiempo de generación de dos años, $N_0 = 1.0 \times 10^6$, $N_1 = 1.0 \times 10^5$, $\mu = 1.0 \times 10^{-5}$ y $x_a = 100,000$. Los valores de media y desviación estándar fueron: $M_{N_0} = 5$, $V_{N_0} = 1$, $\alpha_{N_0} = 6$, $\tau_{N_0} = 2$, $\beta_{N_0} = 0$, $\sigma_{N_0} = 0.5$, $M_{N_1} = 5$, $V_{N_1} = 1$, $\alpha_{N_1} = 6$, $\tau_{N_1} = 2$, $\beta_{N_1} = 0$, $\sigma_{N_1} = 0.5$, $M_\mu = -3.5$, $V_\mu = 1$, $\alpha_\mu = -3.5$, $\tau_\mu = 0.25$, $\beta_\mu = 0$, $\sigma_\mu = 0.5$, $M_{x_a} = 4$, $V_{x_a} = 1$, $\alpha_{x_a} = 4$, $\tau_{x_a} = 2$, $\beta_{x_a} = 0$ y $\sigma_{x_a} = 0.5$. Se realizaron 3 simulaciones independientes, cada una con 5.0×10^8 generaciones muestreadas cada 1000 iteraciones.

4.9.2. D-loop

Las inferencias clásicas de demografía histórica con datos de secuencias se basan en coeficientes de expansión, comparaciones pareadas del número de diferencias y pruebas de neutralidad. Los resultados de estas pruebas indican si hubo o no un incremento en el N_e .

Si el valor del coeficiente de expansión es elevado, la distribución en la prueba de Mismatch es unimodal y/o el coeficiente de F_s es significativo, mientras los coeficientes de F^* y D^* no lo son, hubo un crecimiento en el N_e .

Para detectar señales de expansión en el N_e de los grupos genéticos de *T. brasiliensis* se calcularon los coeficientes de expansión S/k (Peck y Congdon 2004) y se realizaron pruebas de neutralidad que utilizan comparaciones pareadas: F^* y D^* de Fu y Li (1993), F_s de Fu (1997) y D de Tajima (1989). También se utilizó la prueba de neutralidad R_2 (Ramos-Onsins y Rozas 2002) que utiliza un método independiente de las comparaciones pareadas y se basa en las diferencias en el número de singletons y la media del número de diferencias nucleotídicas dentro de la población. Cuando se encontraron señales de expansión se utilizó una prueba Mismatch para calcular el tiempo desde la expansión escalada en unidades de mutación (τ). Se hizo la conversión del tiempo en años AP con la fórmula: $\tau = 2ut$ (Rogers 1995). Donde t es el tiempo en generaciones y $u = \mu k$, donde μ es la tasa de mutación por sitio por millón de años (2.0×10^{-8} ; Russel *et al.* 2005) y k es la longitud de la secuencia (430 pb). Todas las pruebas se realizaron para cada grupo genético con 1000 réplicas de coalescencia. Se utilizó el programa DNAsp versión 5.10.01 (Librado y Rozas 2009).

Enfoques modernos basados en la inferencia Bayesiana consideran la estocasticidad de los procesos que reflejan las genealogías actuales y permiten hacer estimaciones más puntuales de la variación del N_e a través del tiempo y calculan el tiempo al ancestro común más reciente (TMRCA, por sus siglas en inglés). BEAST utiliza un modelo Bayesiano con el método MCMC para estimar una distribución posterior de los parámetros mencionados a partir de secuencias de DNA con un determinado modelo de sustitución nucleotídica y un reloj molecular estricto o relajado (Drummond y Rambaut 2007). El Bayesian Skyline Plot (BPS) implementado en BEAST, es un método para estimar dinámicas poblacionales del pasado a través del tiempo y es independiente de un modelo demográfico predefinido. Es más sensible en la estimación de parámetros demográficos en comparación con métodos paramétricos y métodos demográficos basados en coalescencia porque calcula el N_e en diferentes eventos de coalescencia y calcula un intervalo de credibilidad que provee escenarios más realistas de las fluctuaciones del N_e a través del tiempo (Drummond *et al.* 2005).

El N_e y el TMRCA se calcularon utilizando el programa BEAST versión 1.6.1 (Drummond y Rambaut 2007). Se utilizó un modelo de sustitución HKY85+G con cuatro categorías gamma, con una tasa de sustitución por sitio por millón de años de 2.0×10^{-8} (Russell *et al.* 2011).

Para tener un estimado del N_e actual y el TMRCA, primero se utilizó un modelo de coalescencia con crecimiento exponencial constante y un reloj molecular estricto. Después

se realizó un análisis BPS para inferir cambios en el N_e a través del tiempo y el TMRCA considerando que el crecimiento/decremento no fue constante en el tiempo. Para el BPS se utilizó un reloj molecular relajado con distribución log-normal no correlacionado, con diez grupos (m) y un árbol inicial generado aleatoriamente. En el tamaño de la población se empleó una distribución uniforme con valor inicial de 1000, con un mínimo de 100 y un máximo de 1.0×10^{12} . Los demás parámetros fueron los establecidos automáticamente en el programa. Se realizaron varias corridas independientes, cada una de 20×10^7 iteraciones muestreada cada 1000. Todas las corridas independientes se combinaron en LogCombiner versión 1.6.1 (Drummond y Rambaut 2007) hasta que los valores del tamaño efectivo de muestreo (ESS, por sus siglas en inglés) fuesen mayores a 200.

Las reconstrucciones demográficas de crecimiento exponencial y de los BPS se hicieron con el programa Tracer versión 1.5 (Rambaut y Drummond 2007). En todos los análisis fueron descartadas el 10% de las iteraciones muestreadas. Los análisis se realizaron para todas las muestras (grupo Norteamérica) y para cada grupo.

ANÁLISIS MORFOMÉTRICOS

4.10. Especímenes y caracteres examinados

Estos son los únicos análisis donde se incluyeron datos de la subespecie *T.b. cynocephala* (que también se encuentra en Norteamérica). Se revisaron especímenes de *T. brasiliensis* preservados en colecciones científicas (**Anexo 2c**). De cada ejemplar se tomaron medidas morfométricas de 25 caracteres craniodentales (**Fig. 1**) y dos caracteres osteológicos externos (longitud máxima del antebrazo y longitud de la segunda falange del cuarto metacarpo). Estos caracteres fueron elegidos porque son los más variables en los molósididos dentro del nivel de familia (Freeman 1981). En todas las mediciones se utilizó un vernier digital y se registraron las medidas más cercanas al 0.01 mm.

4.11. Análisis de Componentes Principales

El Análisis de Componentes Principales (PCA) permite reducir un gran número de variables a un número menor de nuevas variables derivadas de las iniciales, que resumen apropiadamente la información original. Además ayuda a identificar patrones de similitud entre individuos o grupos, ya que la distancia multiespacial entre objetos representa diferencias biológicas (Quinn y Keough 2003). Con las medidas de los 25 caracteres craniodentales examinados, se estimó si existen diferencias morfológicas entre subespecies (*T.b. cynocephala*, *T.b. mexicana* y *T.b. intermedia*), entre sexos y entre localidades que

corresponden a los grupos genéticos identificados (sólo para ejemplares colectados en México). Para estimar los caracteres que más variación aportan para diferenciar a las subespecies, se realizaron tres análisis: PCA-1) Con todos los individuos de Norteamérica que representan a las tres subespecies, PCA-2) Con los individuos de *T.b. mexicana* y *T.b. intermedia* muestreados en EUA, México y Centroamérica, y PCA-3) Sólo con los individuos colectados en localidades que corresponden a los grupos genéticos, es decir, ejemplares de *T.b. mexicana* muestreados en México y ejemplares de *T.b. intermedia* muestreados en el sur de México y Guatemala. Dado que los ejemplares medidos y caracterizados genéticamente no fueron los mismos, las agrupaciones para el PCA-3 se realizaron según la proximidad geográfica a las localidades de los grupos genéticos (delimitados con los datos de microsatélites).

En los PCA se utilizó una matriz de correlación y se retuvieron los componentes con eigenvalores mayores a 1. Los valores de Componentes Principales (PC) fueron graficados para mostrar en el morfoespacio la relación entre los sexos, subespecies o grupos genéticos. Todos los análisis se realizaron en R commander versión 1.6-3. Antes de realizar los PCA, en todas las medidas se calculó el logaritmo base 10 para normalizar los datos.

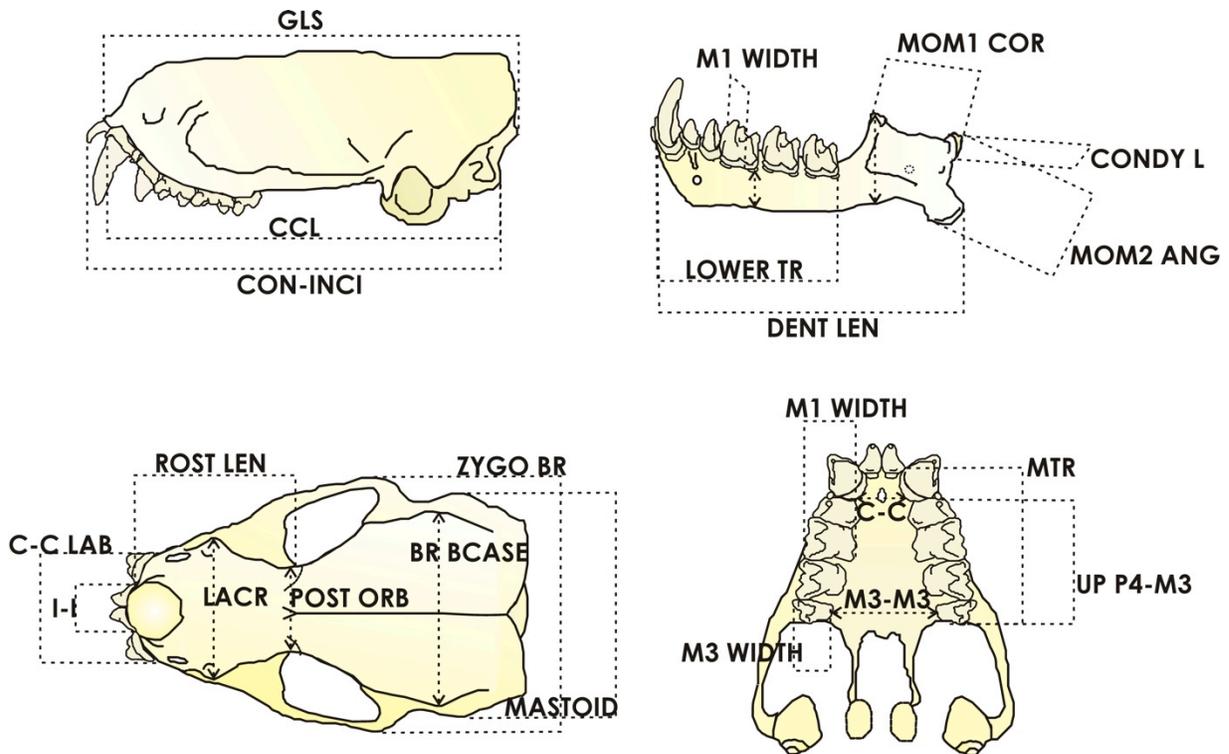


Fig. 1. Caracteres craniodentales utilizados en análisis morfológicos para *Tadarida brasiliensis*.

Longitud máxima del cráneo (GLS), Longitud desde el cóndilo hasta el primer incisivo (CON-INCI), Longitud desde el cóndilo hasta el canino (CCL), Distancia labial entre los caninos superiores (C-C LAB), Distancia labial entre los incisivos superiores (I-I), Longitud del rostro (ROST LEN), Longitud de la dentadura maxilar (MTR), Longitud desde el premolar cuatro hasta el molar tres de la dentadura maxilar (UP P4-M3), Anchura lacrimal (LAC), Anchura postorbital (POST ORB), Anchura entre los arcos zigomáticos (ZYGO BR), Máxima anchura del proceso mastoideo (MASTOID), Anchura de la bóveda craneal (BR BCASE), Distancia palatal entre los caninos superiores (C-C), Distancia palatal entre los terceros molares superiores (M3-M3), Anchura del primer molar superior (M1 WIDTH), Anchura del tercer molar superior (M3 WIDTH), Longitud de la mandíbula (DENT LEN), Longitud desde el canino hasta el molar tres de la mandíbula (LOWER TR), Longitud desde la mitad del cóndilo hasta el final del proceso coronoideas (MOM1-COR), Longitud desde la mitad del cóndilo hasta el final del proceso angular (MOM2-ANG), Altura del coronoideas (CORO HT), Anchura de la mandíbula (DENT THIC), Anchura del primer molar inferior (m1 WIDTH), Longitud del cóndilo (CONDY L). Imagen modificada de Freeman (1981).

V. RESULTADOS

5.1. Definición de grupos genéticos

5.1.1. Microsatélites: Geneland y Structure

Fueron caracterizados genéticamente 239 individuos de *T. brasiliensis* de 45 localidades de México con nueve loci de microsatélites (**Anexo 2a y 7a**).

La delimitación de grupos genéticos se basó en los resultados de Geneland considerando 56 km en la incertidumbre asociada a las coordenadas. Este valor se eligió porque presentó el mismo patrón que al utilizar 525 km pero con mayor probabilidad en la asignación de cada individuo. El valor de \hat{K} fue siete (en el 50% de las corridas); el segundo valor de \hat{K} fue nueve (en el 20% de las corridas; **Anexo 4b**). Los resultados de asignación de individuos a determinados grupos basados en $\hat{K} = 7$, asociaron a individuos del grupo CentroSur con los del grupo Baja California Norte (BCN) y a los del grupo Sur con los del grupo Norte. Lo anterior no es congruente ya que son grupos geográficamente muy alejados y no se encuentran dentro del radio máximo de migración (1840 km). Por otro lado, los resultados de la asignación de individuos de $\hat{K} = 9$ asociaron a individuos de localidades cercanas y los grupos están delimitados por barreras geográficas. Estos resultados tienen mayor congruencia biológica y por lo tanto se utilizó el valor $\hat{K} = 9$ para delimitar los grupos genéticos: BCN, Baja California Sur (BCS), Sinaloa, Norte, NorOeste, SurOeste, Centro, CentroSur y Sur (**Fig. 2a y b**).

La estimación de ΔK con base en los resultados de Structure fue de $\Delta K = 3$ y $\Delta K = 5$. Al hacer la asignación de los individuos a los grupos considerando diferentes valores de ΔK , los resultados con mayor congruencia geográfica fueron aquellos con valores $\Delta K = 4$ y $\Delta K = 5$. Al considerar $\Delta K = 4$ se delimitaron los grupos BCN, CentroSur, Sur (conformado por los mismos individuos que con los resultados de Geneland) y un grupo que incluye a los grupos BCS-Sinaloa-Norte-NorOeste-SurOeste-Centro (**Fig. 2a y b**). Al considerar $\Delta K = 5$, el último grupo estimado con $\Delta K = 4$ se dividió en dos grupos: BCS-Sinaloa-Norte y NorOeste-SurOeste-Centro (**Fig. 2a y b**). Entre estos dos últimos grupos se identificaron muchos migrantes e individuos con genotipos mezclados.

Tanto en las estimaciones de Geneland como de Structure, muchos individuos del grupo Sur resultaron más asociados con los individuos del grupo Norte que con los del CentroSur. Sin embargo, el grupo Sur siempre se considero como un grupo independiente

porque corresponde a una población de la subespecie *T.b. intermedia*. Los demás grupos pertenecen a poblaciones de la subespecie *T.b. mexicana*.

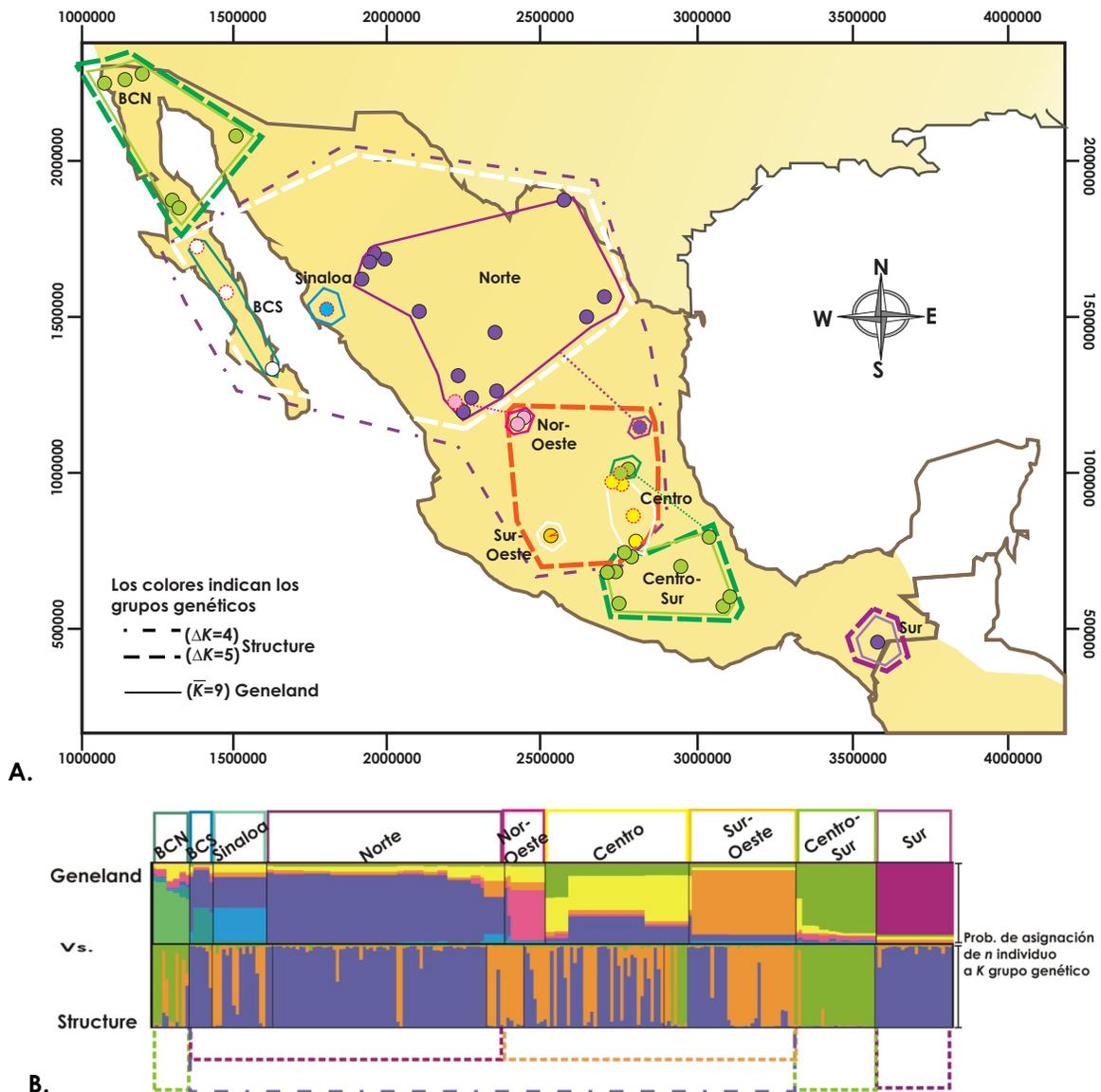


Fig. 2. Delimitación geográfica y probabilidad de asignación de cada individuo de *Tadarida brasiliensis* a K grupos genéticos en México, estimados con los datos de microsatélites a partir de los análisis de Geneland y Structure. A. Mapa que indica la distribución de *T. brasiliensis* en México parte de EUA, Guatemala y Belice. Los colores indican los grupos genéticos inferidos con Geneland (líneas continuas) y Structure (líneas punteadas). Las flechas con líneas punteadas señalan a los individuos que fueron asignados a un grupo genético fuera del delimitado geográficamente. B. Cada línea vertical representa un individuo y su probabilidad de asignación a K grupo genético según los análisis de Geneland ($\bar{K}=9$, líneas continuas) y Structure ($\Delta K=4$ y 5 , líneas punteadas).

5.1.2. D-loop: SAMOVA y Structure

En total se analizaron 264 secuencias de 430 pb de la región D-loop del mtDNA. En este trabajo se tuvo éxito de amplificación y secuenciación en 170 individuos de 38 localidades de México. (**Anexo 2a y 5a**).

La estimación de ΔK con base en los resultados de Structure fue de $\Delta K=4$ (**Anexo 5b**). Sin embargo, en la asignación de individuos a determinados grupos genéticos no se encontró algún patrón de estructuración. La asignación también se realizó con valores $\Delta K=2$ y $\Delta K=3$ y tampoco se observó estructuración. Cada grupo genético estuvo conformado por la misma proporción de individuos aunque el valor de ΔK cambiase.

El mayor valor de F_{CT} en los análisis con SAMOVA fue en $K=2$ ($F_{CT}=0.1547$; **Anexo 5b**). Una agrupación consistió en las mismas localidades del grupo CentroSur identificado con los datos de microsatélites. La otra agrupación consistió en las demás localidades de México y EUA. La población de Chiapas que corresponde a la subespecie *T.b. intermedia* se agrupó con las demás localidades del norte de México y sur de EUA. Considerando que se trata de otra subespecie y que dicha población no se asocia con el grupo más cercano (CentroSur), se considero como grupo independiente. Por lo que para los análisis de estructura genética se consideraron los grupos SAMOVA: NORTE (Mex y EUA), CentroSur y Sur (**Fig. 3**).

5.2. Relaciones filogenéticas

Los análisis Bayesianos para inferir relaciones filogenéticas no indican estructura genética ni entre las dos subespecies ni entre los grupos NORTE (Mex y EUA) y CentroSur. El árbol filogenético es una politomía con pequeños clados sin sentido geográfico. Estos resultados indican eventos de reciente expansión poblacional (**Anexo 5c**). Las redes de haplotipos con topologías de tipo estrella indican diferentes eventos de expansión. Esta red no muestra ningún patrón de estructuración ni entre los grupos genéticos ni entre las subespecies (**Fig. 4**). Para comparar la estructura entre los dos marcadores, los resultados de los análisis de grupos genéticos inferidos con microsatélites fueron combinados con la red de haplotipos de D-loop. No se encontró algún patrón de estructuración claro entre los grupos identificados con los dos marcadores, pero se observa cierta tendencia a que los haplotipos de los grupos SurOeste, Centro y CentroSur estén más relacionados entre sí (**Fig. 4**).

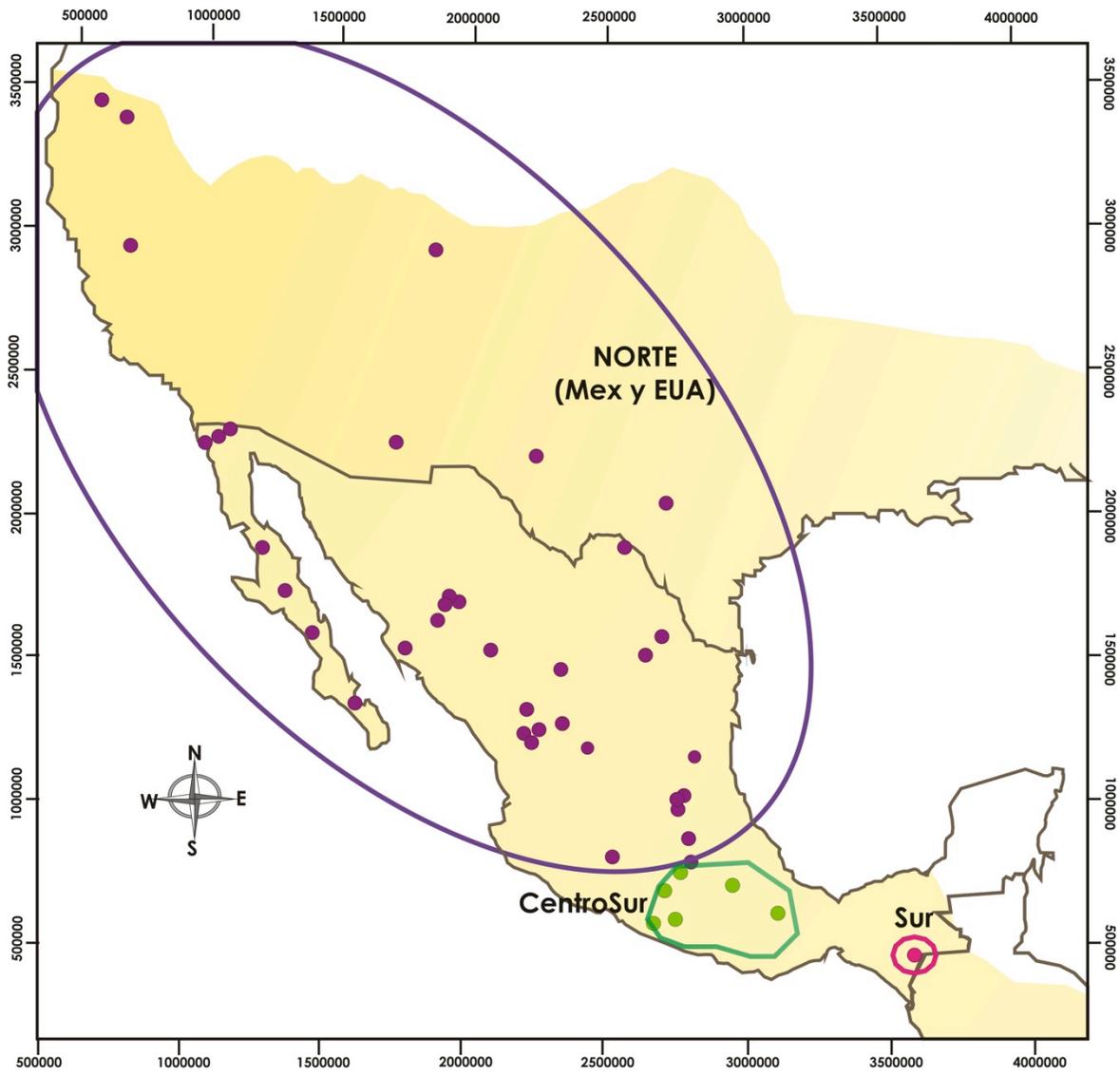


Fig. 3. Grupos SAMOVA de *Tadarida brasiliensis* inferidos con datos de D-loop. Mapa que representa la distribución de *T. brasiliensis* en Norteamérica. Los colores indican los grupos genéticos inferidos con SAMOVA.

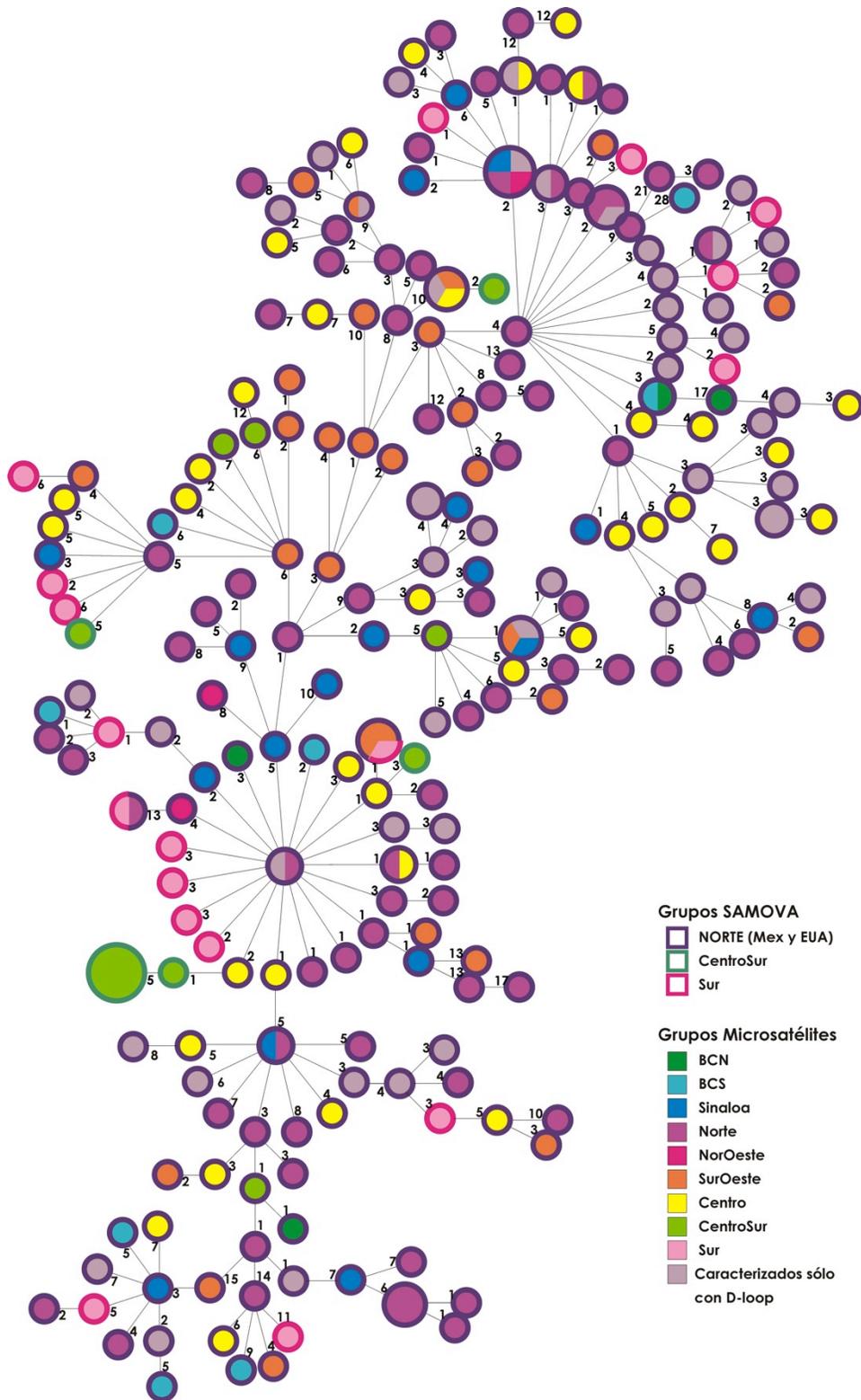


Fig. 4. Red de haplotipos D-loop. El número de mutaciones entre cada haplotipo se indica entre los nodos. El tamaño de los círculos representa la frecuencia de los haplotipos (**Anexo 7b**). Los colores corresponden a los grupos genéticos de microsatélites (relleno) y grupos SAMOVA (contorno).

5.3. Diversidad genética

5.3.1. Microsatélites

Se encontraron 567 alelos para los 9 loci de microsatélites (**Cuadro 2 y Anexo 4d**). Los grupos BCN (14%), NorOeste (15%) y SurOeste (15%) son los que presentaron el mayor porcentaje de alelos. En cada grupo genético se encontró un elevado porcentaje de alelos privados (192 alelos en total = 34%). Los grupos BCN (16%) y Centro (20%) son los que presentaron la mayor proporción de alelos privados. La riqueza alélica total por grupo fue 11.45 y por locus 10.56 (**Cuadro 2 y Anexo 4e**). Los valores totales de H_O y H_E fueron 0.84 y 0.93, respectivamente (**Cuadro 2 y Anexo 4e**).

Se detectaron alelos nulos en algunos loci de ciertos grupos ($A_{10}=0.06\%$, $A_{30}=0.01\%$, $D_{10}=0.05\%$, $D_{15}=0.01\%$, $E_9=0.04\%$, $H_2=0.03\%$, $H_3=0.01\%$, $H_6=0.05\%$, $H_{12}=0.03\%$; **Anexo 4f**). Los valores de F_{ST} calculados según Weir y Crockerham (1984) y los calculados con la corrección de ENA (F_{ST-ENA}) no difieren significativamente ($t\text{-student}=0.4125$, $d.f.=16$, $p=0.004$). Lo anterior indica que las frecuencias de los alelos nulos detectados no influyen en las estimaciones de la estructura genética. Los grupos BCN, BCS, Centro y Sur se encuentran en equilibrio de H-W según el promedio de todos los loci (**Cuadro 2 y Anexo 4g**). Los demás grupos no se encuentran en equilibrio debido a un exceso de heterocigotos. La mayoría de los pares de loci estuvieron en equilibrio de ligamiento (**Anexo 4h**).

Cuadro 2. Diversidad genética y equilibrio de Hardy-Weinberg por grupo genético. Para los datos de microsatélites se indica el promedio de los 9 loci y para los datos de D-loop se indican las estimaciones hechas a partir de 430 pb. ^{HW}: está en equilibrio de Hardy-Weinberg. ^{eHet}: exceso de heterocigotos.

	Microsatélites							mtDNA: D-loop						
	N	Na	pa	A	F_{IS}	H_O	H_E	N	Nh	Hd	π	k		
BCN	11	81	30	11.45	0.024	^{HW}	0.90	0.92						
BCS	7	62	22	10.88	0.088	^{HW}	0.84	0.92						
Sinaloa	16	30	13	6.74	0.129	^{eHet}	0.82	0.93						NORTE
Norte	71	44	15	9.46	0.074	^{eHet}	0.87	0.97	239	210	0.99	0.042	16.7	(México y
NorOeste	12	82	19	11.70	0.192	^{eHet}	0.77	0.94						EUA)
SurOeste	43	87	21	11.38	0.078	^{eHet}	0.88	0.95						
Centro	32	53	38	9.39	0.134	^{eHet}	0.81	0.94						
CentroSur	24	53	13	8.70	0.063	^{HW}	0.78	0.83	8	5	0.78	0.028	12.4	CentroSur
Sur	23	75	23	10.79	0.025	^{HW}	0.91	0.93	18	18	1.00	0.039	16.9	Sur
México	239	567	194	11.45	0.090		0.84	0.92	265	229	0.99	0.042	16.5	Norteamérica

5.3.2. D-loop

Con las secuencias de D-loop se encontraron 229 haplotipos para una región de 430 nucleótidos. Se identificaron 327 mutaciones en 201 sitios variables, 63 singletons y 138 sitios parsimoniosamente informativos. Del total de haplotipos, 205 (el 90%) se encontraron sólo en un individuo, dieciséis fueron compartidos por dos individuos, cinco fueron compartidos por tres individuos, dos fueron compartidos por cuatro individuos y sólo un haplotipo fue compartido por cinco individuos del grupo CentroSur. No se encontró ningún haplotipo compartido entre individuos de los grupos del NORTE (Mex y EUA) y CentroSur. Dos haplotipos fueron compartidos entre el grupo NORTE (Mex y EUA) y el Sur (**Anexo 7b**).

Las frecuencias nucleotídicas estimadas fueron: $\pi_A=0.4239$, $\pi_C=0.1942$, $\pi_G=0.0845$, $\pi_T=0.2974$. Con valor de $\kappa=26.0266$ ($t_i/t_v=9.7449$) y una distribución gamma bajo la curva=0.3190. La diversidad haplotípica fue $H_d=0.998$, la diversidad nucleotídica fue $\pi=0.042$, número promedio de diferencias nucleotídicas fue $k=16.5$, la tasa de mutación por gen fue $\mu=38.50492$ y la tasa de mutación por sitio fue $\mu=0.09823$ (**Cuadro 2**).

5.4. Estructura genética

5.4.1. Microsatélites

Entre todos los grupos se encontró una estructuración genética intermedia ($F_{ST}=0.028$, $R_{ST}=0.25$ y $D_{est}=0.43$). El número efectivo de grupos genéticamente distintos (ΔS) calculado para todos los loci fue de 2.4 (**Anexo 4j**).

Las correlaciones entre los valores de F_{ST} con D_{est} y R_{ST} con D_{est} fueron significativas ($r=0.9282$, $p<0.001$ y $r=0.7851$, $p<0.001$; **Anexo 4i**). Por lo tanto, se establecieron valores de estructuración genética baja ($F_{ST}<0.05$ y $D_{est}<0.4$), intermedia ($0.1>F_{ST}>0.05$, $R_{ST}<0.4$ y $D_{est}>0.4$) y alta ($F_{ST}>0.10$, $R_{ST}>0.4$ y $D_{est}>0.8$). Con base en estos valores se observó un patrón de diferenciación intermedia y alta entre el grupo CentroSur con respecto a todos los demás grupos (**Cuadro 3**). También se observa diferenciación intermedia y elevada entre BCS con respecto a BCN y Sinaloa. El grupo Sur no está diferenciado genéticamente de los demás grupos (con excepción del grupo CentroSur).

El AMOVA a partir de los valores de R_{ST} indicó un valor elevado en la variación genética entre grupos (24%) y entre los individuos dentro de cada grupo (34%; **Cuadro 4**). Los valores calculados a partir de F_{ST} indican que la mayor fuente de variación se encuentra entre todos los individuos (88%). Considerado que F_{ST} supone un modelo de alelos infinitos (IAM) y puede estimar eventos más antiguos que los inferidos con R_{ST} (que supone un modelo

paso a paso SMM), los resultados del AMOVA indican que con el paso del tiempo los elevados niveles de migración están borrando la huella de estructuración genética entre los grupos de *T. brasiliensis*.

En el AFC, los ejes uno, dos y tres explican el 57.71% de la variación genética (27.87%, 14.91% y 12.93% respectivamente). En la **Fig. 5** se observa que los grupos BCN, BCS y CentroSur están diferenciados de los demás grupos. El Grupo Sur no está diferenciado de los grupos Sinaloa, Norte y SurOeste. Los grupos Centro y NorOeste están ligeramente diferenciados de los grupos antes mencionados.

Cuadro 3. Diferenciación genética entre grupos genéticos con datos de microsatélites. Debajo de la diagonal R_{ST} y (F_{ST}), arriba de la diagonal D_{est} .

	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur
BCN		0.650	0.346	0.402	0.435	0.156	0.330	0.129	0.329
BCS	0.417 (0.063)		0.331	0.062	0.565	0.287	0.326	0.848	0.076
Sinaloa	0.252 (0.037)	0.437 (0.038)		0.104	0.143	0.106	0.098	0.470	0.116
Norte	0.329 (0.036)	0.270 (0.030)	0.156 (0.010)		0.261	0.096	0.128	0.595	0.020
NorOeste	0.297 (0.044)	0.274 (0.049)	0.039 (0.014)	0.145 (0.019)		0.193	0.204	0.639	0.275
SurOeste	0.132 (0.022)	0.241 (0.034)	0.061 (0.012)	0.072 (0.007)	0.114 (0.015)		0.148	0.454	0.048
Centro	0.324 (0.035)	0.399 (0.044)	0.025 (0.011)	0.131 (0.011)	0.008 (0.017)	0.105 (0.011)		0.545	0.156
CentroSur	0.277 (0.021)	0.442 (0.118)	0.454 (0.085)	0.513 (0.084)	0.433 (0.091)	0.342 (0.072)	0.466 (0.085)		0.666
Sur	0.326 (0.039)	0.368 (0.029)	0.091 (0.013)	0.034 (0.004)	0.100 (0.023)	0.062 (0.009)	0.084 (0.014)	0.482 (0.095)	

Todos los valores son significativos ($p < 0.05$), excepto los que están en negritas. Se resaltan los valores de diferenciación genética intermedia en gris claro ($F_{ST} > 0.05$ y $D_{est} > 0.4$) y los valores de diferenciación genética alta en gris oscuro ($F_{ST} > 0.05$, $R_{ST} > 0.4$ y $D_{est} > 0.8$).

Cuadro 4. Índices de Fijación y porcentaje de variación del Análisis molecular de varianza dentro y entre grupos. Para microsatélites se consideraron los grupos Geneland ($K=9$) y para D-loop se consideraron los grupos SAMOVA ($K=3$).

Fuente de Variación	Microsatélites			D-loop	
	g.l.	R_{ST}	F_{ST}	g.l.	Φ_{ST}
Entre grupos	8	24.04	2.83	2	5.31
Entre individuos dentro de los grupos	230	32.46	8.26	36	2.01
Todos los individuos entre si	239	43.50	88.90	226	92.68
F_{IS}		0.427	0.085		0.0212
F_{ST}		0.240	0.028		0.0732
F_{IT}		0.565	0.110		0.0531

Los valores fueron calculados a partir de R_{ST} y F_{ST} . Todos los valores son significativos ($p<0.01$).

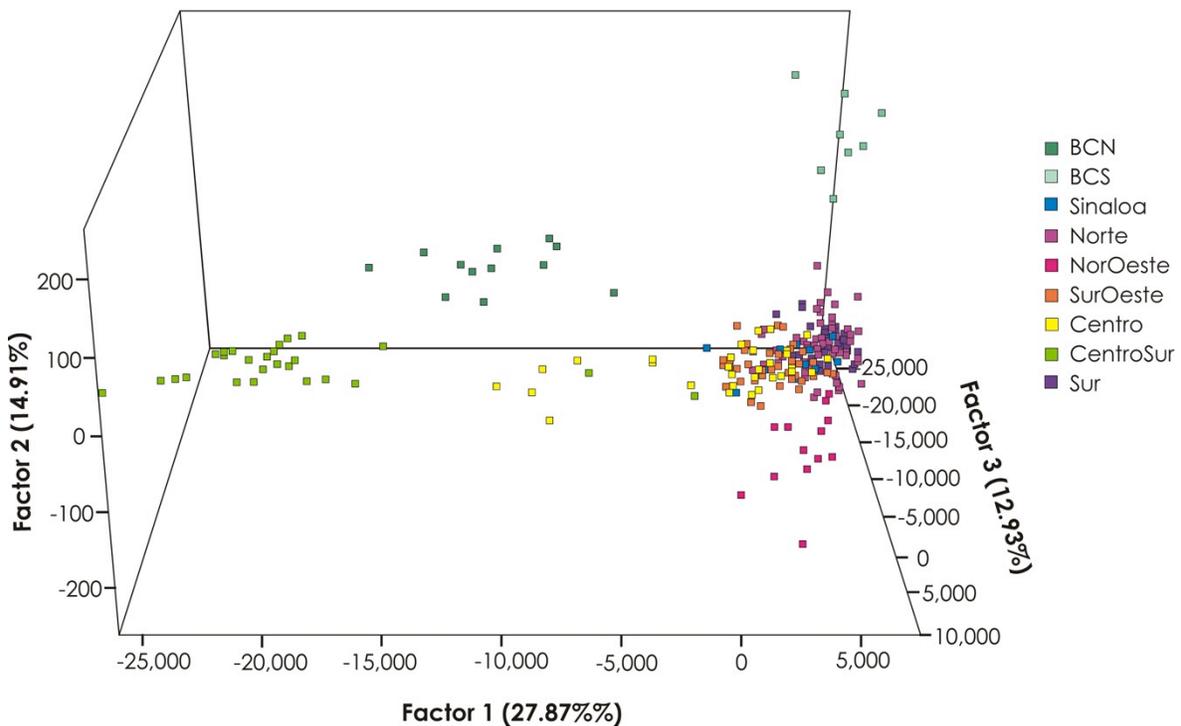


Fig. 5. Gráfica en de los tres primeros ejes del Análisis Factorial de Correspondencia con los datos de microsatélites. El porcentaje de variación representado por cada eje se indica entre paréntesis. Cada color representa un grupo genético.

5.4.2. D-loop

Existe una estructuración genética intermedia entre los grupos SAMOVA ($\phi_{ST}=0.073$). Aún así, no existe estructuración significativa entre el grupo NORTE (Mex y EUA) y el grupo Sur (**Cuadro 5**). El mayor porcentaje de la fuente de variación se encuentra entre todos los individuos (92%; **Cuadro 4**). Estos resultados refuerzan los estimados de R_{ST} y F_{ST} con datos de microsatélites que indican que los elevados niveles de migración están borrando la huella de estructuración genética entre los grupos de *T. brasiliensis* y que no existe diferenciación entre las dos subespecies que se encuentran en México, *T. brasiliensis mexicana* y *T. brasiliensis intermedia*.

Cuadro 5. Diferenciación genética entre grupos genéticos con datos de D-loop.

	NORTE (Mex y EUA)	CentroSur	Sur
NORTE (Mex y EUA)	-		
CentroSur	0.09586	-	
Sur	0.00004	0.08554	-

Todos los valores son significativos están en negritas ($p < 0.01$).

5.5. Migración y aislamiento por distancia

5.5.1. Microsatélites

No existe IBDG entre las localidades de *T. brasiliensis* (Mantel $Z = 27587.7395$, $p=0.132$, $\rho=0.0747$; **Fig. 6c**). Ningún nodo extenso se conecta con las localidades del grupo CentroSur y dentro del mismo grupo algunas localidades se conectan por nodos cortos (**Fig. 6a y b**). Esto indica que en grupo CentroSur no hay dispersión a larga distancia y que quizá no haya migración dentro de las localidades del mismo grupo. Los nodos del grupo BCS indican que es más frecuente la migración a larga distancia hacia los grupos Norte y Sinaloa que hacia el grupo BCN. Los nodos del grupo Sur indican migración hacia localidades de los grupos Centro y Norte. No indican migración hacia localidades del grupo CentroSur. Las conexiones entre nodos también indican que hay migración entre la mayoría de las localidades de los grupos Centro, SurOeste, NorOeste y Norte.

El modelo de migración que tuvo la mayor probabilidad de acuerdo a los estimados de Bezier fue el: 5). Migración sólo entre grupos vecinos con migración desde el Sur hacia el Norte, atravesando la FVTM, sin migración en sentido opuesto (**Cuadro 7 y Anexo 4c**).

Los estimados de Nm a partir del modelo más probable indican que la migración del grupo Norte hacia los demás no es significativa (**Cuadro 6**). Esto indica que no todas las

poblaciones de *T. brasiliensis* en México son migratorias. El grupo Norte es un gran grupo migratorio que se conforma de las poblaciones del Sur de EUA y el norte de México. Los demás grupos son residentes con flujo génico poco frecuente hacia los demás grupos. El modelo completo de migración indicó que no existe flujo génico significativo de algún grupo hacia el grupo CentroSur (**Cuadro 6**). Este modelo también indicó que sí hay flujo génico efectivo desde el grupo Sur hacia los demás (con excepción de los grupos CentroSur y NorOeste).

Tanto el modelo de migración completo como el modelo de migración más probable tuvieron valores de M mayores a uno. Esto indica que la migración (y no la mutación) es principal factor que contribuye a la variación genética en estos grupos.

Cuadro 6. Número efectivo de inmigrantes por generación (N_m) para los datos de microsatélites. Los valores se calcularon para el modelo de migración más probable.

		DESTINO								
		1	2	3	4	5	6	7	8	9
ORIGEN	1. BCN	0.098	0.25	0	0	0	0	0	0	0
	2. BCS	0.23	0.0386	1.28	0	0	0	0	0	0
	3. Sinaloa	0	0.25	0.0981	0.44	1.00	0	0	0	0
	4. Norte	0	0	0.28	0.0976	0.61	0	0.52	0	0
	5. NorOeste	0	0	1.02	0.64	0.0981	0.34	1.35	0	0
	6. SurOeste	0	0	0	0	0.40	0.0983	2.93	0	0
	7. Centro	0	0	0	0.46	0.67	2.04	0.0973	0	0
	8. CentroSur	0	0	0	0	0	0.22	0.22	0.0962	0.30
	9. Sur	0	0	0	0	0	0	0	0.59	0.0985

En negritas se señalan los grupos en los que hay N_m significativo ($N_m < 1$). En la diagonal se encuentran los valores del N_e escalados a la tasa de mutación (θ). Las celdas que se encuentran marcadas en gris son aquellas en las que no se encontró N_m significativo en el modelo de migración completo (valores no mostrados).

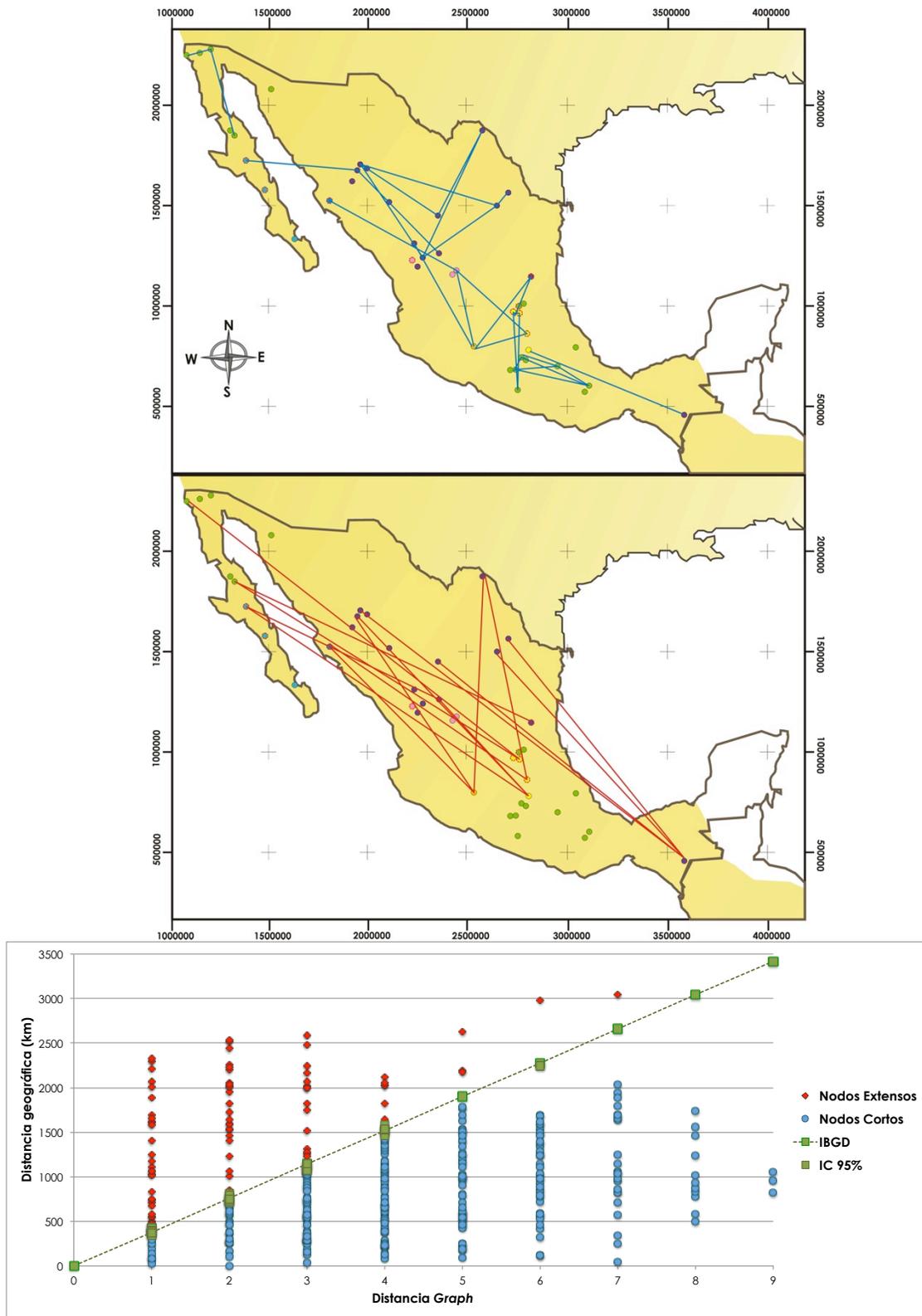


Fig. 6. Conexión genética corta/extensa entre localidades, estimada con datos de microsatélites. A. Nodos cortos. **B.** Nodos extensos. **C.** Gráfica de aislamiento por distancia Graph (IBGD).

Cuadro 7. Modelos de migración entre los grupos genéticos de *Tadarida brasiliensis* y su probabilidad.

Para microsatélites se consideraron los grupos Geneland (K=9) y para D-loop se consideraron los grupos SAMOVA (K=3). Ver en los **anexos 4c y 5b** la representación geográfica de cada modelo.

Modelo de Migración	Bezier ImL	Media armónica ImL	LBF (Bezier)	Probabilidad del modelo (Bezier)
Microsatélites				
1. Desde y hacia todos los grupos	-50121388	-210185255	-12.655	0.002
2. Sólo grupos vecinos	-48759666	-176838532	-11.737	0.003
3. Migración sólo entre grupos vecinos pero no atraviesan la FVTM	-56032083	-221105606	-13.822	0.001
4. Migración sólo entre grupos vecinos con migración desde el Norte hacia el Sur, atravesando la FVTM, sin migración en sentido opuesto	-48073993	-166331336	-9.215	0.010
5. Migración sólo entre grupos vecinos con migración desde el Sur hacia el Norte, atravesando la FVTM, sin migración en sentido opuesto	-48034225	-190633990	-0.016	0.984
6. Población panmíctica	-269808283	-1520963976	-16.708	0.000
D-loop				
1. Migración desde y hacia todos los grupos	-7929	-14586	-0.401	0.669
2. Migración sólo entre grupos vecinos	-8000	-14577	-4.102	0.105
3. Migración sólo entre grupos vecinos pero no atraviesan la FVTM	-8836	-14743	-6.317	0.035
4. Migración sólo entre grupos vecinos con migración desde el NORTE hacia el Sur, atravesando la FVTM, sin migración en sentido opuesto	-8051	-15223	-4.573	0.083
5. Migración sólo entre los grupos del Sur y NORTE sin detenerse en grupos del Centro	-8238	-14176	-5.382	0.055
6. Población panmíctica	-8289	-15353	-5.513	0.052

5.5.2. D-loop

El modelo de migración que tuvo la mayor probabilidad de acuerdo a los estimados de Bezier para los datos de D-loop fue el 1). Migración desde y hacia todos los grupos (**Cuadro 7 y Anexo 5b**). Todos los valores de Nm y M fueron significativos, lo que indica el flujo génico entre estos grupos ha sido constante y toma un papel importante en la contribución de la variación genética (**Cuadro 8**).

Cuadro 8. Número efectivo de inmigrantes por generación (Nm) para los datos de D-loop.

Los valores se calcularon para un modelo de migración completo.

		DESTINO		
		1	2	3
ORIGEN	1. NORTE (Mex y EUA)	0.065	7.75	22.66
	2. CentroSur	4.55	0.099	53.62
	3. Sur	3.58	27.35	0.092

Todos los valores de Nm son significativos ($Nm < 1$). En la diagonal se encuentran los valores del N_e escalados a la tasa de mutación (θ).

5.6. Demografía histórica

5.6.1. Microsatélites

Los resultados estimados con MSVAR sobre el cambio en el N_e en todos los grupos de *T. brasiliensis*, indican que hubo un cuello de botella hace aproximadamente 4000 años. La reducción del N_e , considerando una tasa de mutación de 3.0×10^{-4} , fue de 180,000 a 20,000. MSVAR asume un modelo estricto de SMM, por lo tanto, la distribución de las frecuencias de los alelos debe ser normal y ajustarse a una campana Gaussiana. Cuando se presentan múltiples eventos de expansión, es poco probable que la distribución de las frecuencias alélicas sea de tipo normal y es más probable que la distribución de las frecuencias sea de tipo multimodal. Estos datos podrían interpretarse como un cuello de botella. La distribución de las frecuencias alélicas de cada locus de los datos de *T. brasiliensis* es multimodal (**Anexo 4k**). Dado que la historia natural de esta especie indica múltiples eventos de expansión, estas estimaciones deben considerarse cuidadosamente.

5.6.2. D-loop

Los estimados F_s fueron negativos y significativos mientras los estimados de F^* y D^* no fueron significativos (**Cuadro 9**). Por lo tanto, las pruebas de neutralidad indicaron crecimiento poblacional para el grupo de Norteamérica, así como para los grupos NORTE (Mex y EUA) y Sur. El grupo CentroSur no indicó crecimiento poblacional. Todos los estimados para este grupo no fueron significativos y el valor de F_s fue positivo.

Los análisis mismatch para todas las muestras de Norteamérica y sólo para el grupo NORTE (Mex y EUA) tuvieron una distribución unimodal con una clara señal de expansión poblacional (**Cuadro 9 y Anexo 5d**). Los análisis para el grupo Sur tuvieron una distribución multimodal y la señal de expansión no es tan clara. El grupo CentroSur presentó una distribución multimodal sin señal de expansión poblacional. Los estimados del tiempo desde la expansión calculados a partir de τ y considerando un tiempo de generación de dos años fueron de más de 2800 años para Norteamérica y el grupo NORTE (Mex y EUA), de 2600 años para el grupo Sur y de 802 años para el grupo CentroSur (**Cuadro 9**).

Con los análisis Bayesianos y considerando un modelo de crecimiento exponencial constante con un reloj molecular estricto, se estimó que la media del TMRCA para el grupo de Norteamérica es de casi de 3 mda y para todo el grupo de América es de poco más de 5 mda (considerando las muestras del grupo externo). Bajo estos criterios se estimó un N_e actual de más de 245 millones de individuos (± 17370 , 95% HPD límite inferior=37 millones, 95% HPD límite superior=507 millones).

Ninguno de los tiempos desde la expansión calculados con las pruebas mismatch coinciden con los eventos de expansión calculados con los BPS (**Cuadro 9, Fig. 7**). Los análisis BPS para Norteamérica indican al menos dos eventos de expansión: el más reciente hace 500 mil años y el otro hace 2.2 – 3 mda (**Fig. 7a**). La parte inicial del BPS indica que el N_e de la actualidad empieza a estabilizarse. La misma tendencia de crecimiento y el tamaño del N_e se observa en el grupo NORTE (Mex y EUA), la diferencia es que la última expansión es más reciente (hace 400 mil años; **Fig. 7b**).

En el grupo CentroSur el N_e fue inferior al del grupo NORTE (Mex y EUA) y al de Norteamérica. El N_e se mantuvo constante con ligeras tendencias a aumentar desde hace 1.5 mda (**Fig. 7c**). Estos resultados indican que los cambios demográficos de este grupo han sido independientes de los del grupo NORTE (Mex y EUA).

El TMRCA del grupo Sur es al menos 1 mda más reciente que el grupo NORTE (Mex y EUA) y 2 mda más reciente que el grupo CentroSur (**Fig. 7d**). El grupo Sur presenta al menos dos eventos de expansión: uno ligero hace aproximadamente 2 mda y otro más pronunciado hace 350 mil años. La similitud en la historia demográfica, la baja diferenciación

genética y el TMRCA más reciente de este grupo con respecto al NORTE (Mex y EUA) indican un evento fundador de las poblaciones del norte de México hacia el sur, con flujo génico constante entre estos dos grupos.

Cuadro 9. Estimados del tiempo al ancestro común más reciente, tiempo desde la expansión y pruebas de neutralidad de cada grupo SAMOVA con los datos de D-loop.

	NORTE (Mex y EUA)	CentroSur	Sur	Norteamérica	
TMRCA_BSP	Media	2787800	2448600	2600200	2904200
	D.E.	18252	21309	22512	17638
	Mediana	2769000	2450700	2584700	2878700
	95% HPD límite inferior	2234600	1698500	2003400	2273300
	95% HPD límite superior	3377800	3207300	3219400	3542800
Mist.	Distribución Mismatch	U	M	M	U
	τ	12.319	3.448	11.181	12.101
	Tiempo desde la expansión	2,865	802	2,600	2,814
Neutralidad	D	-1.778 *	-1.778 *	-1.778 **	-1.778 **
	F*	-3.224 ns	-1.175 ns	-1.361 ns	-3.453 ns
	D*	-3.655 ns	-1.82008 ns	-1.269 ns	-4.0624 ns
	F_s	-315.538 *	2.946 ns	-6.938 *	-355.509 *
	rg	0.0014 **	0.0014 *	0.0014 *	0.0014 *
	R2	0.0396 **	0.0396 *	0.0396 *	0.0396 **
	Coefficiente de expansión	11.7612	3.2276	4.4339	12.1862

TMRCA_BPS: Tiempo al ancestro común más reciente con un reloj molecular relajado, estimado con loa análisis BPS.

Mist: Estimados del análisis Mismatch. U:distribución unimodal. M: Distribución unimodal.

Neutralidad: Se refiere a las pruebas de neutralidad. D: D de Tajima (1989). F* de Fu y Li (1993). D* de Fu y Li (1993). F_s de Fu (1997). rg: Raggedness (Harpending 1994). R2: test de neutralidad de Ramos- Onsins y Rozas (2002). Coeficiente de expansión (Peck y Congdon (2004).

Todas la unidades de tiempo se refieren a años antes del presente.

τ está escalado a la tasa de mutación por sitio por generación.

* Valores significativos $p < 0.01$. ** Valores significativos $p < 0.05$. ns: Valores no significativos $p > 0.01$.

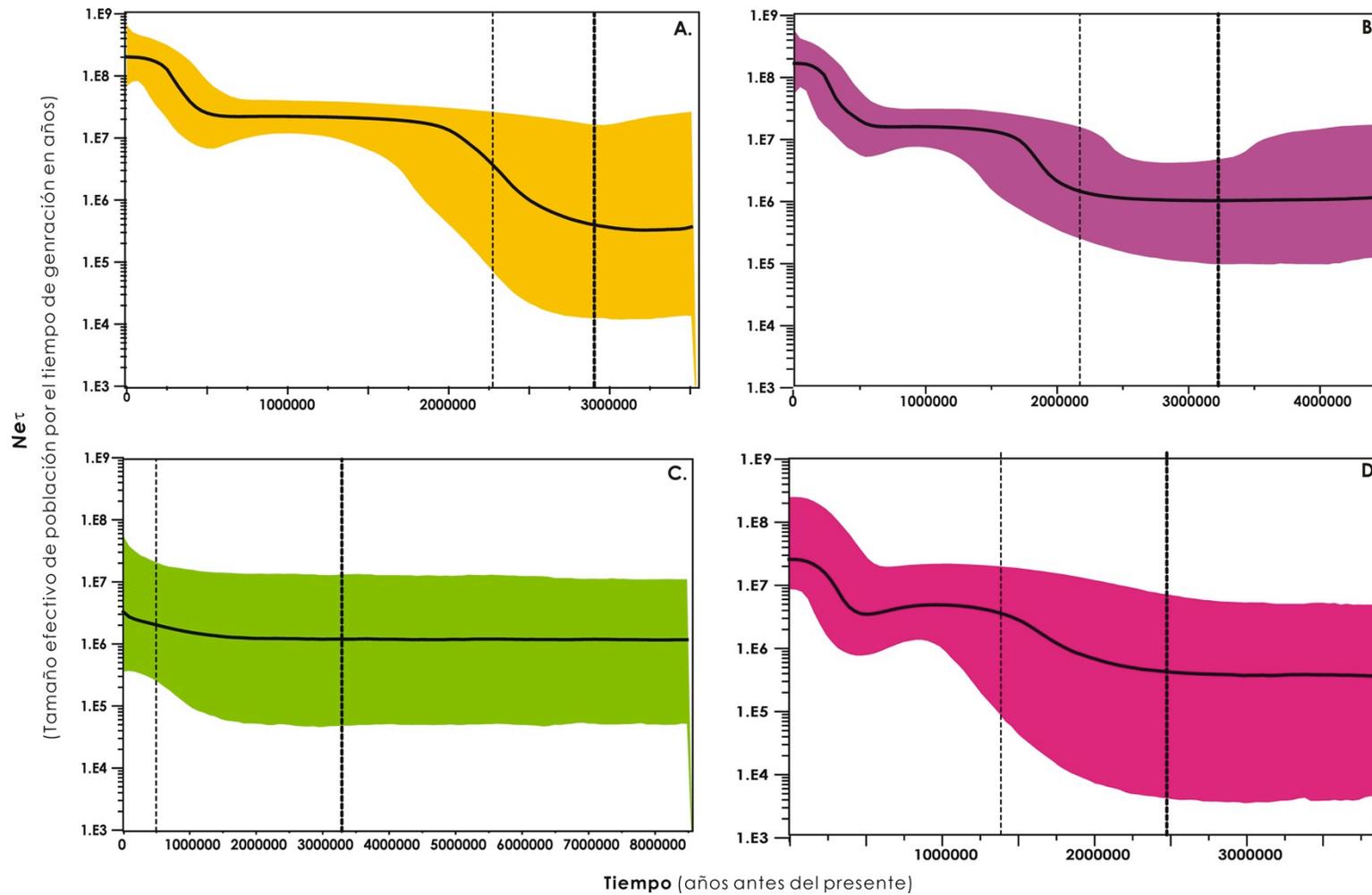


Fig. 7. Bayesian Skyline Plot (BSP) para los grupos SAMOVA. A. BPS para Norteamérica. B. BPS para el grupo NORTE (Mex y EUA). C. BPS para el grupo CentroSur. D. BPS para el grupo Sur. Los análisis BPS fueron basados en un modelo de población con crecimiento exponencial y un reloj molecular relajado sin correlacionar. La líneas punteadas indican la media (línea gruesa) y el 95% HPD límite inferior (líneas delgada) al TMRCA.

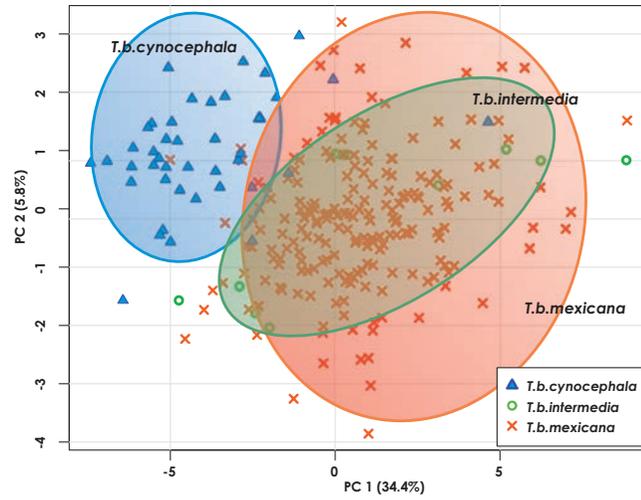
ANÁLISIS MORFOMÉTRICOS

5.7. Subespecies y grupos morfométricos

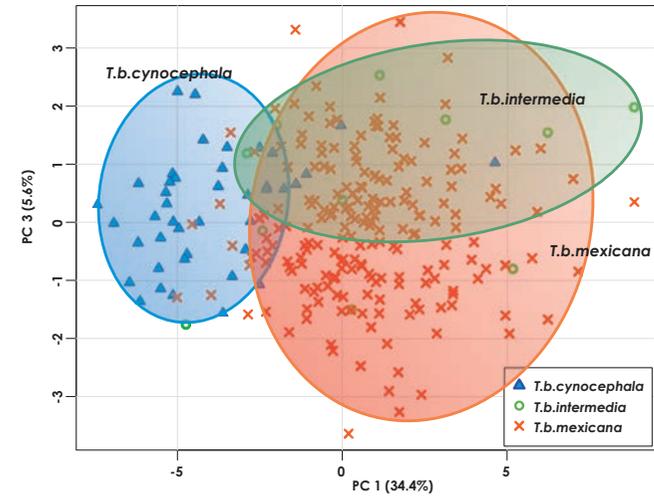
Fueron comparados morfométricamente 256 ejemplares colectados en 62 localidades de Norteamérica y parte de Centroamérica. Estos especímenes representaron todo el rango de distribución de las subespecies *T.b. cynocephala* (42 individuos), *T.b. mexicana* (206 individuos) y *T.b. intermedia* (8 individuos; Anexo 2c).

En todos los PCA los cinco primeros componentes sólo explicaron poco más del 50% de la variación total (todos los individuos de Norteamérica= 55.4%, todos los individuos de *T.b. mexicana* y *T.b. intermedia*= 48.7%, individuos de México= 50.1%; Anexos 6a, b y c). Esto indica que para el caso de *T. brasiliensis*, la herramientas morfométricas utilizadas no son suficientes para delimitar subespecies ni para identificar grupos dentro de cada subespecie. Pero sí fue útil para describir gran variación morfométrica de *T. brasiliensis*. Todos los caracteres examinados fueron muy variables y cada uno aportó un porcentaje representativo a la variación total. Los caracteres que más contribuyeron en los primeros cinco PC estuvieron relacionados con la anchura y longitud del rostro (MTR, ROST LEN, UP P4-M3, M3 WIDTH, M1 WIDTH, C-C, M3-M3, LOWER TR, m1 WIDTH; Fig. 1 y Anexos 6a, b y c).

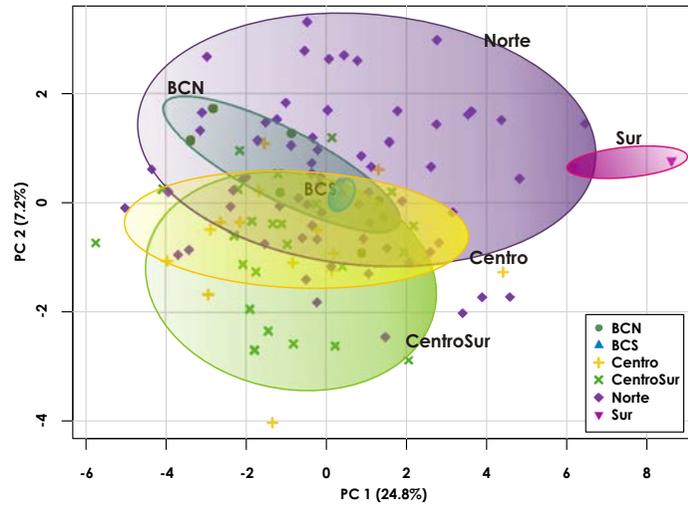
En las gráficas de los PC1 contra el PC2 y del PC1 contra el PC3, no se observó un patrón de diferenciación entre hembras y machos para ninguna de las tres subespecies (Anexo 6d). Por otro lado, se observa que la subespecie *T.b. cynocephala* es más grande que *T.b. mexicana* y *T.b. intermedia* (Fig. 8a y b; Anexos 6e-k). Los caracteres más representativos para diferenciar a esta subespecie de las demás fueron: una mayor distancia palatal entre los caninos y los molares (M3-M3 y C-C), una mayor anchura de los molares inferiores y superiores (M3 WIDTH, M1 WIDTH y m1 WIDTH) y una mayor longitud en la dentadura maxilar (UP P4-M3). A su vez, no existen diferencias morfométricas entre *T.b. mexicana* y *T.b. intermedia*, pero sí existen ligeras tendencias de diferenciación entre grupos geográficos. En el PCA-3, donde sólo se incluyeron las localidades de los grupos genéticos, se encontró un patrón de diferenciación entre grupos similar al que se observó con los datos moleculares (Fig. 2a, 3, 8c y d). La mayoría de los individuos de las localidades que corresponden a los grupos Norte y CentroSur son los más diferenciados. Los grupos BCN y BCS se agrupan dentro de grupo Norte. Los individuos que corresponden a localidades del grupo Centro se encuentran en la zona de transición entre los grupos Norte y CentroSur. El grupo Sur tuvo pocos representantes que son más parecidos a los de la región Norte que a los de la región CentroSur. Los caracteres que más contribuyen a la diferenciación de los grupos están relacionados con la anchura de los molares (M3 WIDTH, M1 WIDTH y m1 WIDTH), siendo más anchos en los grupos del Norte que en los del CentroSur.



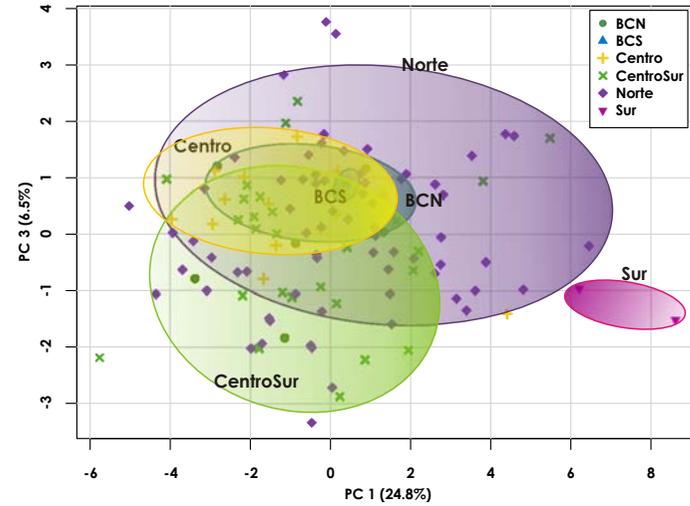
A.



B.



C.



D.

Fig. 8. Gráficas de dispersión de los valores de Componentes Principales con datos morfométricos de *Tadarida brasiliensis*. Para datos de las tres subespecies de *T. brasiliensis* en Norteamérica A. Componentes 1 y 2. B. Componentes 1 y 3. Para datos de individuos de México que corresponden a localidades de grupos genéticos C. Componentes 1 y 2. D. Componentes 1 y 3. Los ejes indican el porcentaje de variación de cada Componente.

VI. DISCUSIÓN

6.1. Filogeografía, estructura genética y morfometría

En este trabajo se utilizaron datos morfométricos y marcadores moleculares con diferente tasa de mutación y herencia para hacer una reconstrucción de la historia evolutiva de las poblaciones de *T. brasiliensis* en Norteamérica. Con los dos marcadores moleculares, se detectaron grupos de poblaciones con una ligera estructuración genética y que coinciden con el patrón de diferenciación morfométrica. La delimitación de los grupos concuerda con las barreras geográficas o ecológicas que han sido documentadas como promotores de especiación o divergencia en otros taxa (Marshall y Lieberr 2000).

El elevado N_e y la gran capacidad de dispersión de *T. brasiliensis* dificultan un estudio filogeográfico porque la huella de divergencia entre linajes es borrada por la migración. Con los datos de microsatélites se detectaron nueve grupos genéticos y con los datos de D-loop se detectaron dos (Fig. 2 y 3). Los dos marcadores moleculares coincidieron en que el grupo CentroSur está diferenciado genéticamente de los demás ($F_{ST} > 0.05$, $R_{ST} > 0.4$, $D_{est} > 0.4$, $\Phi_{ST} > 0.08$). Este grupo está delimitado por la FVTM y la Sierra del Sur. La estructuración genética entre los demás grupos se detectó sólo con los microsatélites y fue baja (Fig. 2; Cuadro 3 y 4). El marcador de mtDNA no reveló ninguna estructuración significativa entre los demás grupos (Fig. 3; Cuadro 4 y 5). Se debe considerar que la mitocondria refleja sólo los procesos evolutivos de las hembras que han ocurrido al menos medio millón de años antes del presente, mientras los microsatélites reflejan procesos evolutivos de ambos sexos que han ocurrido hace unos cuantos miles de años. Pero además del tipo de herencia de los marcadores y a la tasa de mutación, la discordancia entre los dos marcadores respecto a la delimitación de grupos y los estimados de flujo génico entre ellos podría ser explicado por 1). La saturación de la señal filogenética porque en esta especie se registra una elevada tasa de mutación en la región control del mtDNA que impide delimitar grupos genéticos, o por 2). Grupos genéticos estacionarios (sin migración estacional, con excepción del grupo de la altiplanicie mexicana) pero con suficiente flujo génico hacia otros grupos que a lo largo del tiempo diluye la estructuración genética. Los resultados de este trabajo favorecen la segunda propuesta. Ya que los dos marcadores moleculares revelaron el mismo grupo diferenciado (CentroSur). Además, los datos morfométricos coinciden con los resultados moleculares. La primera propuesta ya ha sido discutida y rechazada Russell et al. (2005a).

Para muchos trabajos filogeográficos, uno de los principales supuestos es que los individuos muestreados en una localidad o localidades cercanas pertenecen a la misma población. Se ha demostrado que esto no siempre es cierto, sobre todo en especies

migratorias o con un amplio ámbito hogareño (e.g. Reudink et al. 2011). Lo más común (y recomendado) para delimitar grupos es identificar individuos más relacionados entre sí y asignarlos al mismo cluster (grupo genético). La designación al mismo cluster sugiere una historia evolutiva común. Sin embargo, se recomienda analizar la congruencia biológica y no sólo basarse en el mejor estadístico. No siempre el valor más probable es el más acertado biológicamente (Rossiter et al. 2007; Coulon et al. 2008a y b). En este trabajo, los resultados para datos de microsatélites que tienen mayor congruencia biológica fueron los del algoritmo de Geneland. Se delimitaron nueve grupos genéticos cuya distribución coincide con las principales barreras geográficas de México.

Dos de los nueve grupos delimitados con datos de microsatélites corresponden a la región de la península de Baja California (Fig. 2). El grupo BCN se encuentra en la región de serranías, al norte de la península. El grupo BCS comprende desde el sur del desierto del Vizcaíno hasta el sur de la península. Los grupos BCN y BCS se encontraron diferenciados genéticamente y no se encontró flujo génico significativo entre ellos (Cuadro 3 y 6; Fig. 5 y 6). Varios estudios con otros vertebrados han encontrado linajes divergentes entre la región norte y sur de la península. Esto se ha atribuido al origen geológico diferente de estas regiones y al inicio de eventos de enfriamiento climático entre el Mioceno tardío y Plioceno temprano (-5.3 mda; Riddle et al. 2000b; Jeager et al. 2005; Crews y Headin 2006).

El grupo Sinaloa se encuentra en la región de la llanura costera y deltas de Sonora y Sinaloa, delimitado por el pie de la SMOc y el desierto de Sonora (Fig. 2). Este grupo se encontró con diferenciación genética baja e intermedia con respecto a los demás (Cuadro 3) y sin flujo génico significativo hacia otros grupos (Cuadro 6). La distancia entre esta región y la península de Baja California es de más de 200 km. Esta distancia se encuentra dentro del ámbito hogareño de *T. brasiliensis* y podría haber migración, pero los datos genéticos indican estructuración intermedia y ausencia de flujo génico hacia y desde la península (Cuadro 3 y 6). En especies no migratorias se ha encontrado una divergencia profunda entre linajes de esta zona y linajes de las regiones del norte de México y la península de Baja California (Riddle et al. 2000b; Riddle et al. 2000a). Aunque *T. brasiliensis* puede volar varios kilómetros no es seguro que pueda migrar sobre el mar. En las Antillas mayores y menores se han descrito cinco subespecies lo que sugiere poca dispersión a través del mar. Por otro lado, la distancia en línea recta entre el grupo Sinaloa y el de la altiplanicie mexicana (grupo Norte) es de poco más de 250 km, por lo que se esperarían resultados elevados de flujo génico. La migración hacia regiones del norte de México y el sur de EUA pudiera estar restringida por el desierto de Sonora y la SMOc.

El grupo Norte se encuentra en la parte superior de la altiplanicie mexicana (Fig. 2). Este grupo presentó la menor diferenciación genética para con los demás (Cuadro 3).

Los estimados de flujo génico indicaron que son las poblaciones con mayor dispersión a grandes distancias (Cuadro 6 y Fig. 6). Estos resultados son esperados ya que la mayoría de los estudios migratorios han descrito grandes movimientos entre poblaciones del sur de EUA y regiones del norte de México (Villa-R 1956; Villa-R y Cockrum 1962; Cockrum 1969; LaVal 1973). La ubicación del grupo NorOeste se sobrepone con la del grupo Norte (Fig. 2), pero se localiza en el área de endemismos que se diferencia de la SMOc y la altiplanicie mexicana (Marshall y Liebherr 2000). Ésta es una región controversial para los biogeógrafos porque ambiental y geológicamente es indistinguible de la SMOc, sin embargo es una zona donde habitan linajes divergentes con respecto a los demás de la región norte de la SMOc y la altiplanicie mexicana (Marshall y Liebherr 2000). En *T. brasiliensis* se encontró el mismo patrón, el grupo se encontró diferenciado de los demás y no se detectó flujo génico hacia los otros grupos (Cuadro 3 y 6). Los grupos SurOeste y Centro se encuentran en la región norte de la FVTM (Fig. 2) y corresponden al área de transición entre las dos zonas biogeográficas Nearctica y Neotropical. La estructuración genética y la probabilidad de asignación de individuos de este hacia los grupos Norte y CentroSur fue intermedia (Cuadro 3; Fig. 2b y 5).

Todos los grupos antes mencionados (BCN, BCS, Sinaloa, Norte, NorOeste, SurOeste y Centro) conformaron en grupo NORTE que se delimitó con el marcador de mtDNA (Fig. 3). Con los datos de D-loop no fue posible delimitar los mismos grupos que con microsatélites ni se encontró una señal filogenética entre ellos (Anexo 5a). La misma tendencia de agrupar a todos los individuos de esta región se observó con los resultados de morfometría (Fig. 8). Esto sigue apoyando la segunda propuesta sobre grupos genéticos no migratorios en las regiones costeras del pacífico y la península de Baja California, con suficiente flujo génico hacia grupos de la altiplanicie mexicana a lo largo de varios miles de años como para borrar la estructuración genética.

El grupo Sur es el único con datos de *T. b. intermedia*. Se localiza entre las regiones de la sierra Chiapaneca-Guatemalteca y la cordillera de Centroamérica (Fig. 2 y 3). Tanto con los resultados de microsatélites como con los de mtDNA, este grupo se encontró ligeramente diferenciado del grupo CentroSur y nada diferenciado del grupo Norte (y NORTE) (Cuadro 3 y 5). El flujo génico hacia y desde los grupos del norte de México y sur de EUA fue significativo. Lo que sugiere que la migración de este grupo hacia los del norte de México podría ocurrir por la planicie costera del Golfo, tal como se ha reportado para otras especies de vertebrados voladores (e.g. Navarro-Sigüenza et al. 2008). Dado el modelo de mutación de los microsatélites, la homoplasia puede sobreestimar la estructuración genética (Boto et al. 2011). Sin embargo, la falta de diferenciación entre el grupo Sur y los demás grupos del norte de México observada en este trabajo no se puede explicar por homoplasia, ya que los resultados del marcador mitocondrial y los morfométricos indican lo mismo.

El grupo CentroSur fue el único en el que concuerdan los resultados de microsatélites y mtDNA, siendo para los dos marcadores el grupo más diferenciado (Fig. 2 y 3 y Cuadros 3 y 5). El flujo génico hacia los grupos Norte y Sur se encontró limitado y asimétrico (Cuadros 6, 7 y 8; Fig. 6; Anexo 4c-5b). Este grupo se ubica desde la parte inferior la FVTM hacia la Sierra del Sur. Por su ubicación geográfica puede inferirse que existe estructuración debido al cambio de regiones biogeográficas. Los grupos Centro y SurOeste se encuentran en la zona de transición de las dos regiones biogeográficas y su diferenciación genética entre los grupos CentroSur y Norte fue intermedia. Todo lo anterior apoya las hipótesis de estructuración por las dos regiones biogeográficas y que la principal barrera es la zona de transición entre ellas (que corresponde a la FVTM). En muchos taxa ha sido documentada esta zona de transición. Existen linajes exclusivos para la región Neártica o Neotropical y muchos endemismos en la zona de transición (Ferrusquía-Villafranca 2007). Son pocos los linajes que se distribuyen en las dos regiones, pero siempre existe una tendencia a estructurarse debido al cambio de ecosistemas. Incluso *T. brasiliensis* que es una especie muy vágil y cosmopolita es susceptible a estos cambios ecológicos.

Aunque es novedosa la tendencia de los últimos años sobre usar microsatélites como marcadores para reconstrucciones filogeográficas, las interpretaciones deben hacerse con cuidado y no obligar la coincidencia entre nuestros datos con los eventos geológico-climáticos descritos. Hacer estimaciones del tiempo de divergencia entre grupos no es posible con datos de microsatélites. Dado el modelo de mutación de los microsatélites (no siempre predecible) pueden sub o sobreestimarse eventos de expansión o contracción en el N_e . Por otro lado, con secuencias de DNA existen aproximaciones más detalladas para tiempos de divergencia y coalescencia (Drummond et al. 2005; Drummond y Rambaut 2007; Hey 2010a; Hey 2010b). En el caso de *T. brasiliensis*, la ausencia de una señal filogenética entre grupos impide hacer estimaciones de divergencia. Todos los estudios sobre filogeografía intentan relacionar la divergencia entre linajes con eventos geológico-climáticos. Sin embargo, los eventos que reflejan los marcadores moleculares, que corresponden a pocos millones de años (cuando mucho), y los eventos de vicarianza atribuidos a la geología y el clima están desfasados en el tiempo. Los patrones actuales de biodiversidad son el reflejo de procesos históricos, pero la estructura genética no siempre está relacionada con la geografía (e.g. Schäfer et al. 2001; Seki et al. 2007; Lecomte et al. 2009). Además, la estructura genética no es algo constante en el tiempo y varias fuerzas evolutivas pueden acentuarla o borrarla con el paso del tiempo.

6.2. Migración y demografía histórica

Varios reportes indican que en *T. brasiliensis* sólo las hembras se dispersan a grandes distancias (McCracken et al. 1994). En este trabajo se confirmó esa aseveración pero no se pudo responder con certeza acerca de la estructura genética y la migración de los machos. Los marcadores nucleares reflejan la herencia biparental, pero si hay mucha dispersión de uno de los sexos los patrones de estructuración del marcador biparental están más influenciados por la estructura de quien se dispersa más (en este caso las hembras).

Los modelos de migración con los microsatélites indican que la zona de transición entre las regiones biogeográficas Neártica y Neotropical sí es una barrera para la dispersión (Cuadro 7; Anexo 4c). Lo anterior sugiere que la estructuración genética y la tendencia de los grupos hacia migrar o permanecer en el mismo sitio podría estar determinada por la variación climática entre las dos regiones. La migración en muchas especies, es promovida por la disponibilidad de alimento, la reproducción y la búsqueda de un refugio. Avila y Medellín (2004) reportaron que la temperatura es el factor más importante que influencia la selección de refugios en los murciélagos y que los murciélagos insectívoros pequeños (<10gr) constantemente ocupan refugios con temperaturas mayores a los 20° C. Considerando que en la región Neártica la oscilación climática durante el invierno es muy drástica y que *T. brasiliensis* es una especie que no hiberna, es de esperar que durante el invierno los grupos del norte de México y sur de EUA tengan la necesidad de migrar hacia el centro de México, por el descenso de temperatura y la poca disponibilidad de alimento. Por otro lado, el grupo CentroSur que se encuentra en la región Neotropical, donde la oscilación climática durante el invierno no es tan drástica, no migra en busca de refugio cálidos y alimento. A su vez, los modelos de migración con mtDNA indicaron que todos los grupos de *T. brasiliensis* tienen la misma probabilidad de migrar hacia cualquier otro grupo, sin importar las barreras geográficas (Cuadro 7; Anexo 5b). Esto sugiere que a lo largo del tiempo (varios miles de años) existe suficiente flujo génico entre los grupos como para homogeneizar la variación genética.

Los grupos NORTE y Sur tienen la misma firma demográfica (Fig. 7b y d). Pero en el grupo Sur se estimó un TMRCA menor al del grupo NORTE. Esto indica al menos un evento de colonización del grupo NORTE hacia el Sur. Por otro lado, el grupo CentroSur tiene una firma demográfica independiente a la de los otros grupos y un TMRCA más antiguo (Fig. 7c). Lo anterior, sugiere una historia evolutiva independiente a las poblaciones migratorias del norte de México y el sur de EUA. Las dos firmas demográficas pueden ser el reflejo de dos eventos de colonización de *T. brasiliensis* hacia Norteamérica.

T. brasiliensis es una de las especies de mamíferos con el mayor Ne estimado (Wilkinson y Fleming 1996; Walton et al. 2000; Russell y McCracken 2006; Hobolth et al.

2007; Mailud et al. 2011). Las aproximaciones de este trabajo indicaron que el elevado N_e se ha mantenido desde hace al menos 1 mda y descarta la hipótesis de otros trabajos sobre de la explosión demográfica por el desarrollo de la agricultura y la proliferación de insectos plaga (Russell et al. 2005a). Lo anterior sugiere que *T. brasiliensis* ha sido una especie con una gran capacidad de adaptación a cambios climáticos, ya que su N_e se ha mantenido a lo largo de muchos miles de años. Además al ser una especie benéfica para la agricultura (al ser el principal consumidor de insectos plaga), no se preveé la posibilidad de resultar afectada por las actividades antropogénicas.

6.3. Diversidad genética y morfométrica

Todos los grupos de *T. brasiliensis* fueron muy diversos genética y morfométricamente (Cuadro 2; Fig. 8; Anexos 6). Los valores se encuentran dentro los más altos tanto para especies de murciélagos de México y Norteamérica (Piaggio et al. 2008, Weyandt y Van Den Bussche 2008, Guevara-Chumacero et al. 2010, Turmelle et al. 2010), como para especies de molósididos a nivel mundial (Lamb et al. 2008, Morales 2009). Con respecto a estudios genéticos previos para otras poblaciones de *T. brasiliensis*, la diversidad alélica y haplotípica de todos los grupos fueron similares (Russell et al. 2005a y b). Sin embargo, el grupo CentroSur fue el menos diverso para los dos marcadores (Cuadro 2), lo que refuerza las aproximaciones de que es un grupo no migratorio y diferenciado, con una de historia evolutiva independiente a los grupos NORTE y Sur.

Los coeficientes F_{IS} fueron elevados y podrían sugerir altos niveles de endogamia dentro de los grupos (Cuadro 2). Lo cual resulta poco congruente por la gran capacidad de migración y el elevado N_e . Al estimar el equilibrio de H-W en cada locus y cada grupo, la mayoría se encuentran en equilibrio, pero de manera global no (Anexo 4g). Esto se puede explicar por el efecto Wahlund, es probable que alelos diferentes estén fijados o sean más frecuentes en un grupo y que en otro. Este efecto ya había sido reportado para colonias de *T. brasiliensis* del sur de EUA (Svoboda et al. 1985). Si en la actualidad hubiera mucha migración entre todos los grupos, se esperaría una variación genética similar entre ellos. Pero estos resultados indican que la homogeneización de la variación genética se da con el paso del tiempo (miles de generaciones) y que no todos los grupos son migratorios.

6.4. Estatus de las subespecies de *Tadarida brasiliensis* en Norteamérica

La definición de especie y subespecie hasta la fecha es polémica. Uno de los conceptos genéticos de especie más utilizado por mastozoólogos es el que propusieron Baker y Bradley (2006). Ellos indican que una especie es un grupo de individuos genéticamente compatibles que se reproducen en poblaciones naturales y están

genéticamente aislados de otros grupos. A su vez argumentan que dentro de una especie deberían estar los individuos de un mismo filogrupo, que contiene al holotipo, con un porcentaje de variación genética menor al 5 %. Tomando en cuenta la definición anterior, el concepto de subespecie utilizado para este trabajo se refiere a un grupo de individuos cuyo porcentaje de variación genética con respecto a otros grupos es menor al 5% de la variación total de la especie delimitada, donde la reproducción con organismos de otras regiones es limitada por el aislamiento geográfico.

Considerando la definición propuesta de subespecie, los resultados de marcadores moleculares sugieren que la subespecie *T.b. intermedia* no existe. Con los datos genéticos y morfométricos que se analizaron no se encontraron diferencias significativas entre las poblaciones reportadas para esta subespecie y las poblaciones de *T.b. mexicana* (Cuadro 3 y 5; Fig. 5, 7 y 8). La descripción de *T.b. intermedia* como subespecie hizo referencia a un cráneo más pequeño que el de *T.b. mexicana* (menor a 16.2 mm; Shamel 1931). No obstante, en este trabajo se no se encontraron diferencias morfométricas entre los grupos que incluyeron a estas dos subespecies. Además la diferenciación genética del grupo Sur con los grupos del norte de México fue baja y no significativa, lo que sugiere de flujo génico reciente y constante entre ellos. Asimismo, el área de distribución entre estas dos subespecies es continua y no se detectó una barrera geográfica que impida el flujo génico o la reproducción. Tampoco se encontró una señal filogenética entre las dos subespecies. Por lo tanto, las poblaciones del sur de México y Centroamérica podrían ser consideradas como *T.b. mexicana*. Aunque no debería descartarse la opción de incluir otro marcador de mtDNA con menor tasa de mutación y otro marcador nuclear.

Los resultados morfométricos indicaron que los individuos determinados como *T.b. cynocephala* son diferentes y en general más grandes que los individuos de *T.b. mexicana*. No se conoce un ejemplar tipo para esta subespecie, la descripción original sólo menciona que las principales características son: un antebrazo mayor a 17.0 mm y una tibia corta (no se indica medida; Le Conte 1831). En este trabajo las principales características craneodentales que diferenciaron a *T.b. cynocephala* de las otras subespecies fueron: la longitud del rostro y la dentadura maxilar, así como la anchura palatal y la de los molares; en todos los casos con medidas mayores a las de *T.b. mexicana* y *T.b. intermedia* (Anexos 6e-k). Por lo que, morfométricamente es la subespecie más grande de Norteamérica y tiene una distribución alopátrica con las otras, ya que sólo se distribuye hacia el este de EUA. No se conoce es estatus genético de las poblaciones de *T.b. cynocephala*. Sin embargo, Russell y McCracken (2006) caracterizaron genéticamente a algunos individuos de esta subespecie (utilizando D-loop) y no los encontraron filogenéticamente divergentes con respecto a individuos de *T.b. mexicana*. Es urgente caracterizar genéticamente a más individuos de esta

subespecie para definir su estatus taxonómico.

La descripción de las subespecies de *T. brasiliensis* se basó en caracteres morfológicos de pocos individuos (coloración, medidas del antebrazo, la tibia y la longitud del cráneo; Schwartz 1955). En la actualidad, el uso de marcadores moleculares para revisar el estatus taxonómico de varios taxa es cada vez más frecuente. En muchas ocasiones los resultados de las clasificaciones basadas en morfología clásica y basadas en datos moleculares han sido diferentes. Por ejemplo, en especies de murciélagos del género *Platyrrhinus*, una revisión exhaustiva de las características morfológicas y el uso de herramientas moleculares, permitió identificar y separar un complejo de especies en 15 especies diferentes (Velazco y Patterson 2008, Velazco y Gardner 2009). El género *Vampyroides* es otro ejemplo donde fueron determinadas dos especies diferentes al revisar características craneales y utilizar secuencias de mtDNA (Velazco y Simmons 2011). También se han realizado estudios morfológicos detallados y análisis de variabilidad genética para identificar grupos de poblaciones dentro de una misma especie, por ejemplo en un estudio con el roedor *Mastomys natalensis*, el uso de morfometría geométrica y microsaelites nucleares revelaron dos poblaciones estructuradas en lugar de una población panmictica (Lalis et al. 2009). Siendo *T. brasiliensis* una especie con una gran capacidad de dispersión, es necesaria la revisión del estatus taxonómico de las demás subespecies, haciendo una revisión morfométrica exhaustiva y utilizando marcadores moleculares .

VII. CONCLUSIONES

Tadarida brasiliensis es una especie muy diversa genética y morfométricamente. El cromosoma-Y mostró poco polimorfismo, y esto impidió la estimación de la estructuración genética de los machos.

Con los microsatélites se identificaron nueve grupos genéticos delimitados por barreras geográficas y con estructura genética intermedia. Dos de estos grupos se encontraron en la península de Baja California (BCN y BCS), otros dos hacia el norte de México (Norte y NorOeste), otro en la costa del Pacífico (Sinaloa), tres más se ubicaron en la región centro (Centro, CentroSur y SurOeste) y otro más hacia el sur (Sur). Con D-loop se identificaron tres grupos, uno comprendió desde el norte de México hasta el sur de EUA (NORTE) y los otros el centro-sur (CentroSur) y sur (Sur) de México.

Tanto los microsatélites, como el gen mitocondrial y los análisis morfométricos identificaron al grupo CentroSur como el más diferenciado y con una firma demográfica diferente a la de los otros grupos. Ya que mostró un N_e constante a través del tiempo, mientras que en los demás grupos se observó una firma con varias expansiones demográficas. No obstante, todos los grupos tuvieron elevados valores de N_e ancestral y actual, lo que sugiere que es una especie con una alta resistencia a los cambios climáticos.

Los grupos de la península de Baja California, la costa del Pacífico y el centro de México no se identificaron como migratorios estacionales. Sólo el grupo que abarca el norte de México y el sur de EUA se identificó como migratorio (estacional). No obstante, por la alta capacidad de dispersión de *T. brasiliensis*, existe suficiente flujo génico entre todos los grupos para homogeneizar la estructuración genética a lo largo del tiempo (varios miles de años).

La principal barrera que se identificó entre los grupos de *T. brasiliensis* fue el área de transición de las dos regiones biogeográficas de Norteamérica, probablemente por el efecto de la oscilación climática durante el invierno que repercute en los movimientos migratorios por la búsqueda de refugios cálidos y alimento.

Respecto al estatus de las subespecies, no se encontraron diferencias genéticas ni morfométricas entre las poblaciones de *T.b. mexicana* y *T.b. intermedia*. Por otro lado, *T.b. cynocephala* es morfométricamente más grande que el resto de las subespecies.

VIII. BIBLIOGRAFÍA

- Agnarsson I, Zambrana-Torrel CM, Flores-Saldana NP, May-Collado LJ (2011) A time-calibrated species-level phylogeny of bats (Chiroptera, Mammalia). *PLoS Currents*, 3, RRN1212.
- Altringham JD (1999) *Bats: Biology and Behavior*. Oxford University Press. Reino Unido.
- Amman BR, Bradley RD, Rickart EA (2004) Molecular evolution in *Baiomys* (Rodentia: Sigmodontinae): evidence for a genetic subdivision in *B. musculus*. *Journal of Mammalogy*, 85, 162–166.
- Arroyo-Cabrales J, Gregorin R, Schlitter DA, Walker A (2002) The oldest African molossid bat cranium (Chiroptera: Molossidae). *Journal of Vertebrate Paleontology*, 22, 380–387.
- Avila-Flores R, Medellín RA (2004) Ecological, taxonomical, and physiological correlates of cave use by Mexican bats. *Journal of Mammalogy*, 85, 675 - 687.
- Avise JC (2000) *Phylogeography: The History and Formation of Species*. Harvard University Press, Cambridge.
- Avise JC, Arnold J, Ball RM, Bermingham E, Lamb T, Neigel JE, Reeb, CA, Saunders NC (1987) Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 18, 489-522.
- Barry Cox (2001) The biogeographic regions reconsidered. *Journal of Biogeography*, 28, 511–523.
- Beerli P (2006) Comparison of Bayesian and maximum-likelihood inference of population genetic parameters. *Bioinformatics*, 22, 341-345.
- Beerli P, Felsenstein J (1999) Maximum-likelihood estimation of migration rates and effective population numbers in two populations using a coalescent approach. *Genetics*, 152, 763-773.
- Beerli P, Felsenstein J (2001) Maximum likelihood estimation of a migration matrix and effective population sizes in *n* subpopulations by using a coalescent approach. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 98, 4563-4568.
- Beerli P, Palczewski M (2010) Unified framework to evaluate panmixia and migration direction among multiple sampling locations. *Genetics*, 109, 112532 v1.
- Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F (1996-2004) GENETIX 4.05. Logiciel sous Windows™ pour la Génétique des Populations.
- Best TL, Geluso KN, Ammerman LK (2003) Summer foraging range of Mexican free-tailed bats (*Tadarida brasiliensis mexicana*) from Carlsbad Cavern, New Mexico. *The Southwestern Naturalist*, 48, 590–596.
- Boto L, Domínguez-Domínguez O, Doadrio I (2011) Exploring the effect of microsatellite size homoplasy on reconstruction of phylogenetic relationships of picote splitfin *Zoogoneticus quitzeoensis*. *Journal of Fish Biology*, 78, 673–679. doi: 10.1111/j.1095-8649.2010.02877.x
- Chapuis MP, Estoup A (2007) Microsatellite null alleles and estimation of population differentiation. *Molecular Biology and Evolution*, 24, 621-631.
- Chen SF, Jones G, Rossiter SJ (2008) Sex-biased gene flow and colonisation in the Formosan lesser horseshoe bat: inference from nuclear and mitochondrial markers. *Journal of Zoology*, 274, 207-215
- Cleveland CJ, Betke M, Federico P, Frank JD, Hallam TG, Horn J, López Jr JD, McCracken GF, Medellín RA, Moreno-Valdez A (2006) Economic value of the pest control service provided by Brazilian free-tailed bats in south-central Texas. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 4, 238–243.
- Cockrum EL (1969) Migration in the guano bat, *Tadarida brasiliensis*. *Miscellaneous Publications, The University of Kansas Museum of Natural History*, 51, 303–336.
- Coulon A, Fitzpatrick JW, Bowman R, Stith BM, Makarewicz CA, Stenzler LM, Lovette IJ (2008a) Congruent population structure inferred from dispersal behaviour and intensive genetic

- surveys of the threatened Florida scrub-jay (*Aphelocoma coerulescens*). *Molecular Ecology*, 17, 1685–1701.
- Coulon A, Morellet N, Goulard M, Cargnelutti B, Angibault JM, Hewison AJM (2008b) Inferring the effects of landscape structure on roe deer (*Capreolus capreolus*) movements using a step selection function. *Landscape Ecology*, 23, 603–614.
- Crawford NG (2010) SMOGD: software for the measurement of genetic diversity. *Molecular Ecology Resources*, 10, 556–557.
- Crews SC, Hedin M (2006) Studies of morphological and molecular phylogenetic divergence in spiders (Araneae: Homalonychus) from the American southwest, including divergence along the Baja California Peninsula. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 38, 470–487.
- Cryan PM, Wolf BO (2003) Sex differences in the thermoregulation and evaporative water loss of a heterothermic bat, *Lasiurus cinereus*, during its spring migration. *The Journal of Experimental Biology*, 206, 3381–3390.
- Davis R (1966) Homing performance and homing ability in bats. *Ecological Monographs*, 36, 201–237.
- De la Peña, El (2006) Determinación del Nicho Alimenticio (Insectos) Invernal del Murciélago Guanero (*Tadarida brasiliensis mexicana*, Saussure, 1860) en la Mina “La Guadalupana”, García, Nuevo León. Tesis de licenciatura. Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León. México.
- Dempster AP, Laird NM, Rubin DB (1977) Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. *Journal of the Royal Statistical Society Series B (Methodological)*, 1–38.
- Ditchfield AD (2000) The comparative phylogeography of Neotropical mammals: patterns of intraspecific mitochondrial DNA variation among bats contrasted to nonvolant small mammals. *Molecular Ecology*, 9, 1307–1318.
- Drummond AJ, Rambaut A (2007) BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees. *BMC Evolutionary Biology*, 7, 214.
- Drummond AJ, Rambaut A, Shapiro B, Pybus OG (2005) Bayesian coalescent inference of past population dynamics from molecular sequences. *Molecular Biology and Evolution*, 22, 1185–1192.
- Dupanloup I, Schneider S, Excoffier L (2002) A simulated annealing approach to define the genetic structure of populations. *Molecular Ecology*, 11, 2571–2581.
- Dyer RJ (2009) GeneticStudio: A suite of programs for the spatial analysis of genetic marker data. *Molecular Ecology Resources*, 9, 110–113.
- Dyer RJ, Nason JD (2004) Population graphs: the graph theoretic shape of genetic structure. *Molecular Ecology*, 13, 1713–1727.
- Ehrlich PR, Raven PH (1969) Differentiation of populations. *Science*, 165, 1228–1232.
- Escalante T, Rodríguez G, Cao N, Ebach MC, Morrone JJ (2007) Cladistic biogeographic analysis suggests an early Caribbean diversification in Mexico. *Die Naturwissenschaften*, 94, 561–565.
- Estoup A, Jarne P, Cornuet JM (2002) Homoplasy and mutation model at microsatellite loci and their consequences for population genetics analysis. *Molecular Ecology*, 11, 1591–1604.
- Evanno G, Regnaut S, Goudet J (2005) Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14, 2611–2620.
- Excoffier L, Lischer HEL (2010) Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10, 564–567.
- Excoffier L, Smouse PE, Quattro JM (1992) Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131, 479–491.
- Falush D, Stephens M, Pritchard JK (2007) Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. *Molecular Ecology Notes*, 7, 574–578.

- Ferrusquía-Villafranca I (2007) Ensayo sobre la caracterización y significación biológica. En: Biodiversidad de la Faja Volcánica Transmexicana (eds Luna I, Morrone JJ, Espinosa D), pp. 7-23. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad, México.
- Freeman PW (1981) A multivariate study of the family Molossidae (Mammalia, Chiroptera): morphology, ecology, evolution. *Fieldiana Zoology*, 7, 173 pp.
- Fu Y (1997) Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking, and background selection. *Genetics*, 147, 915–925.
- Fu Y, Li WH (1993) Statistical tests of neutrality of mutations. *Genetics*, 133, 693–709.
- Geoffroy Saint-Hilarie I (1824). *Memorie sur une Chauve-Souris americaine, formant une nouvelle spece dans le genre Nycttinome*. *Annales des Sciences Naturelles*, Paris, 1, 337-347.
- Glass BP (1982) Seasonal movements of Mexican freetail bats *Tadarida brasiliensis mexicana* banded in the Great Plains. *The Southwestern Naturalist*, 127–133.
- Godinho R, Crespo EG, Ferrand N (2008) The limits of mtDNA phylogeography: complex patterns of population history in a highly structured Iberian lizard are only revealed by the use of nuclear markers. *Molecular Ecology*, 17, 4670–4683.
- Goldstein DB, Pollock DD (1997) Launching microsatellites: a review of mutation processes and methods of phylogenetic inference. *Journal of Heredity*, 88, 335–342.
- Goudet J (1995) FSTAT (version 1.2): a computer program to calculate F-statistics. *Journal of Heredity*, 86, 485.
- Gray JE (1827) Synopsis of the species of the Class Mammalia, as arranged with reference to their organization, by Cuvier, and other naturalists, with specific characters, synonyma, etc. In: *The animal kingdom arranged in conformity with its organization, by the Baron Cuvier, with additional descriptions of all the species hitherto named, and of many not before noticed* (eds Griffith E, Smith CH, Pidgeon E), pp. 392, GB Whittaker, London, United Kingdom.
- Greenwood PJ (1980) Mating systems, philopatry and dispersal in birds and mammals. *Animal Behaviour*, 28, 1140–1162.
- Guevara-Chumacero LM, López-Wilchis R, Pedroche FF, Juste J, Ibáñez C, Barriga-Sosa IDLA (2010) Molecular Phylogeography of *Pteronotus davyi* (Chiroptera: Mormoopidae) in Mexico. *Journal of Mammalogy*, 91, 220–232.
- Guillot G, Estoup A, Mortier F, Cosson JF (2005a) A spatial statistical model for landscape genetics. *Genetics*, 170, 1261–1280.
- Guillot G, Mortier F, Estoup A (2005b) GENELAND: a computer package for landscape genetics. *Molecular Ecology Notes*, 5, 712–715.
- Guo SW, Thompson EA (1992) Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics*, 48, 361–372.
- Hall ER (1981) *The Mammals of North America*, pp. 1181. John Wiley and Sons, New York.
- Hall T (2007) BioEdit. <http://www.mbio.ncsu.edu/BioEdit/BioEdit.html>
- Harpending HC (1994) Signature of ancient population growth in a low-resolution mitochondrial DNA mismatch distribution. *Human biology*, 66, 591-600.
- Hasegawa M, Kishino H, Yano T (1985) Dating of the human-ape splitting by a molecular clock of mitochondrial DNA. *Journal of Molecular Evolution*, 22, 160–174.
- Hedrick PW (2005) A standardized genetic differentiation measure. *Evolution*, 59, 1633–1638.
- Hellborg L, Ellegren H (2003) Y chromosome conserved anchored tagged sequences (YCATS) for the analysis of mammalian male-specific DNA. *Molecular Ecology*, 12, 283–291.
- Heuertz M, Hausman JF, Hardy OJ, Vendramin GG, Frascaria-Lacoste N, Vekemans X (2004) Nuclear microsatellites reveal contrasting patterns of genetic structure between western and southeastern European populations of the common ash (*Fraxinus excelsior* L.). *Evolution*, 58, 976–988.

- Hey J (2010a) Isolation with migration models for more than two populations. *Molecular Biology and Evolution*, 27, 905.
- Hey J (2010b) The divergence of chimpanzee species and subspecies as revealed in multipopulation isolation-with-migration analyses. *Molecular Biology and Evolution*, 27, 921.
- Hobolth A, Christensen OF, Mailund T, Schierup MH (2007) Genomic relationships and speciation times of human, chimpanzee, and gorilla inferred from a coalescent hidden Markov model. *PLoS Genetics*, 3, e7.
- Hulseley CD, García de León FJ, Sanchez Johnson Y, Hendrickson DA, Near TJ (2004) Temporal diversification of Mesoamerican cichlid fishes across a major biogeographic boundary. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 31, 754–764.
- Jaeger JR, Riddle BR, Bradford DF (2005) Cryptic Neogene vicariance and Quaternary dispersal of the red-spotted toad (*Bufo punctatus*): insights on the evolution of North American warm desert biotas. *Molecular Ecology*, 14, 3033–3048.
- Jakobsson M, Rosenberg NA (2007) CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. *Bioinformatics*, 23, 1801.
- Jones KE, Purvis A, MacLarnon A, Bininda-Emonds OR, Simmons NB (2002) A phylogenetic supertree of the bats (Mammalia: Chiroptera). *Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society*, 77, 223–259.
- Jost L (2008) G_{ST} and its relatives do not measure differentiation. *Molecular Ecology*, 17, 4015–4026.
- Kass RE, Raftery AE (1995) Bayes factors. *Journal of the American Statistical Association*, 90, 773–795.
- Koskinen MT, Nilsson J, Veselov AJ, Potutkin AG, Ranta E, Primmer CR (2002) Microsatellite data resolve phylogeographic patterns in European grayling, *Thymallus thymallus*, Salmonidae. *Heredity*, 88, 391–401.
- Kreft H, Jetz W (2010) A framework for delineating biogeographical regions based on species distributions. *Journal of Biogeography*, 37, 2029–2053
- Lalis A, Baylac M, Cosson JF, Makundi RH, Machang'u RS, Denys C (2009) Cranial morphometric and fine scale genetic variability of two adjacent *Mastomys natalensis* (Rodentia: Muridae) populations. *Acta Theriologica*, 54, 171–181.
- Lamb JM, Ralph TMC, Goodman SM, Bogdanowicz W, Fahr J, Gajewska M, Bates PJJ, Eger J, Benda P, Taylor PJ (2008) Phylogeography and predicted distribution of African-Arabian and Malagasy populations of giant mastiff bats, *Otomops* spp. (Chiroptera: Molossidae). *Acta Chiropterologica*, 10, 21–40.
- LaVal RK (1973) Observations on the biology of *Tadarida brasiliensis cynocephala* in southeastern Louisiana. *American Midland Naturalist*, 89, 112–120.
- Lawson Handley LJ, Perrin N (2007) Advances in our understanding of mammalian sex-biased dispersal. *Molecular Ecology*, 16, 1559–1578.
- Le Conte JL (1831) Appendix. In: *Animal kingdom arranged in conformity with its organization with notes and additions by H. M' Murtrie* (eds Georges Cuvier), G. and C. and H. Carvill, 1, 1-448.
- Lecomte N, Gauthier G, Giroux J, Milot E, Bernatchez L (2009) Tug of war between continental gene flow and rearing site philopatry in a migratory bird: the sex-biased dispersal paradigm reconsidered. *Molecular Ecology*, 18, 593–602.
- Lee YF (1999) Resource Use and Foraging Activity of Mexican Free-tailed Bats, *Tadarida brasiliensis mexicana* (Molossidae). University of Tennessee, Knoxville.
- Lee YF, McCracken GF (2002) Foraging activity and food resource use of Brazilian free-tailed bats, *Tadarida brasiliensis* (Molossidae). *Ecoscience*, 9, 306–313.
- Lee YF, McCracken GF, Gannon WL (2005) Dietary variation of Brazilian free-tailed bats links to migratory populations of pest insects. *Journal of Mammalogy*, 86, 67–76.

- Levene H (1949) On a matching problem arising in genetics. *The Annals of Mathematical Statistics*, 20, 91-94
- Librado P, Rozas J (2009) DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25, 1451.
- López LJ (2009) Dieta de *Tadarida brasiliensis mexicana* en el noreste y sur de México en el contexto de la fenología del maíz (*Zea mays*). Tesis de maestría. Instituto de Ecología. Universidad Nacional Autónoma de México.
- Mailund T, Duthel JY, Hobolth A, Lunter G, Schierup MH (2011) Estimating divergence time and ancestral effective population size of bornean and sumatran orangutan subspecies using a coalescent hidden Markov model. *PLoS Genetics*, 7, e1001319.
- Marshall CJ, Liebherr JK (2000) Cladistic biogeography of the Mexican transition zone. *Journal of Biogeography*, 27, 203-216.
- McCracken GF (1996) Bats aloft: a study of high-altitude feeding. *Bats*, 14, 7-10.
- McCracken GF (2003) Estimates of Population Sizes in Summer Colonies of Brazilian Free-Tailed Bat (*Tadarida brasiliensis*). In: *Monitoring Trends in Bat Populations of the United States and Territories: Problems and Prospects* (eds O'Shea TJ and Bogan MA), pp. 21-30. U.S. Geological Survey, Biological Resources Discipline, Information and Technology Report, Virginia.
- McCracken GF, Gassel MF (1997) Genetic structure in migratory and nonmigratory populations of Brazilian free-tailed bats. *Journal of Mammalogy*, 78, 348-357.
- McCracken GF, McCracken MK, Vawter AT (1994) Genetic structure in migratory populations of the bat *Tadarida brasiliensis mexicana*. *Journal of Mammalogy*, 75, 500-514.
- McGuire LP, Ratcliffe JM (2011) Light enough to travel: migratory bats have smaller brains, but not larger hippocampi, than sedentary species. *Biology Letters*, 7, 233-236.
- McWilliams LA (2005) Variation in Diet of the Mexican Free-Tailed Bat (*Tadarida brasiliensis mexicana*), *Journal of Mammalogy*. 86, 599-605.
- Medellín RA, Arita H, Sánchez O (2008) Identificación de los murciélagos de México. Clave de campo. Instituto de Ecología, UNAM, México.
- Miller GS (1902) Twenty new American bats. *Proceedings of the Academy of Natural Sciences of Philadelphia*, 54, 389-412.
- Miller-Butterworth CM, Murphy WJ, O'Brien SJ, Jacobs DS, Springer MS, Teeling EC (2007) A family matter: conclusive resolution of the taxonomic position of the long-fingered bats, *Miniopterus*. *Molecular Biology and Evolution*, 24, 1553-1561.
- Morales AE (2009) Estructura y diversidad genética de *Nyctinomops laticaudatus* (Chiroptera: Molossidae) en el Estado de Yucatán, México. Tesis de licenciatura. Facultad de Ciencias. Universidad Autónoma del Estado de México.
- Moreno-Letelier A, Piñero D (2009) Phylogeographic structure of *Pinus strobiformis* Engelm. across the Chihuahuan Desert filter-barrier. *Journal of Biogeography*, 36, 121-131.
- Moreno-Letelier AC (2009) Estructura filogeográfica de *Pinus strobiformes* y su relación con los cambios climáticos durante el Pleistoceno. Tesis de Doctorado. Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México.
- Morgan GS (1985) Fossil bats (Mammalia: Chiroptera) from the late Pleistocene and Holocene Vero fauna, Indian River County, Florida. *Brimleyana*, 11, 97-117.
- Morgan GS, Ridgway RB (1987) Late Pliocene (late Blancan) vertebrates from the St. Petersburg Times site, Pinellas County, Florida, with a brief review of Florida Blancan faunas. *Papers in Florida Paleontology*, 1, 1-22.
- Morrone JJ (2010) Fundamental biogeographic patterns across the Mexican Transition Zone: an evolutionary approach, *Ecography*, 33, 355-361.

- Mulcahy DG, Mendelson JR (2000) Phylogeography and speciation of the morphologically variable, widespread species *Bufo valliceps*, based on molecular evidence from mtDNA. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 17, 173–189.
- Mustrangi MA, Patton JL (1997) Phylogeography and systematics of the Slender mouse opossum *Marmosops* (Marsupialia, Didelphidae). *University of California Publication in Zoology*, 130, 1-86.
- Navarro-Sigüenza AG, Townsend Peterson A, Nyari A, García-Deras GM, García-Moreno J (2008) Phylogeography of the Buarremon brush-finch complex (Aves, Emberizidae) in Mesoamerica. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 47, 21–35.
- Nei M (1978) Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89, 583–590.
- Nei M, Chesser RK (1983) Estimation of fixation indices and gene diversities. *Annals of Human Genetics*, 47, 253-259.
- Ngamprasertwong T, Mackie IJ, Racey PA, Pieltney SB (2008) Spatial distribution of mitochondrial and microsatellite DNA variation in Daubenton's bat within Scotland. *Molecular Ecology*, 17, 3243–3258.
- Ortega J, Arita HT (1998) Neotropical-Nearctic limits in Middle America as determined by distributions of bats. *Journal of Mammalogy*, 79, 772-783.
- Owen RD, Chesser RK, Carter DC (1990) The systematic status of *Tadarida brasiliensis cynocephala* and Antillean members of the *Tadarida brasiliensis* group, with comments on the generic name *Rhizomops* Legendre. *Occasional Papers, The Museum, Texas Tech University*, 133, 1-18.
- Pääbo S, Poinar H, Serre D, Jaenicke-Després V, Hebler J, Rohland N, Kuch M, Krause J, Vigilant L, Hofreiter M (2004) Genetic analyses from ancient DNA. *Annual Review of Genetics*, 38, 645–679.
- Patten MA (2004) Correlates of species richness in North American bat families. *Journal of Biogeography*, 31, 975–985.
- Patton JL, Da Silva MNF, Lara MC, Mustrangi MA (1997) Diversity, differentiation, and the historical biogeography of nonvolant small mammals of the Neotropical forests. In: *Tropical forest remnants: ecology, management, and conservation of fragmented communities* (eds Lawrence WF and Bierregaard RO Jr.), pp. 455–465. University of Chicago Press, Chicago.
- Peakall ROD, Smouse PE (2006) GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, 6, 288–295.
- Peck DR, Congdon BC (2004) Reconciling historical processes and population structure in the sooty tern *Sterna fuscata*. *Journal of Avian Biology*, 35, 327–335.
- Petit E, Balloux F, Goudet J (2001) Sex-biased dispersal in a migratory bat: a characterization using sex-specific demographic parameters. *Evolution*, 55, 635–640.
- Piaggio AJ, Navo KW, Stihler CW (2008) Intraspecific comparison of population structure, genetic diversity, and dispersal among three subspecies of Townsend's big-eared bats, *Corynorhinus townsendii townsendii*, *C. t. pallescens*, and the endangered *C. t. virginianus*. *Conservation Genetics*, Research Article.
- Posada D (2008) jModelTest: phylogenetic model averaging. *Molecular Biology and Evolution*, 25, 1253-1256.
- Posada D, Crandall KA (2001) Intraspecific gene genealogies: trees grafting into networks. *Trends in Ecology and Evolution*, 16, 37–45.
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155, 945–959.
- Proches S (2005) The world's biogeographical regions: cluster analyses based on bat distributions. *Journal of Biogeography*, 32, 607–614.
- Ramos-Onsins SE, Rozas J (2002) Statistical properties of new neutrality tests against population growth. *Molecular Biology and Evolution*, 19, 2092.

- Raymond M, Rousset F (1995) An exact test for population differentiation. *Evolution*, 49, 1280–1283.
- Rehn JAG (1902) Three new American bats. *Proceedings of the Academy of Natural Sciences of Philadelphia*, 54, 638–641.
- Reudink MW, Kyle CJ, Nocera JJ, Oomen RA, Green M, Somers CM (2011) Panmixia on a continental scale in a widely distributed colonial waterbird. *Biological Journal of the Linnean Society*, 102, 583–592.
- Riddle BR, Hafner DJ, Alexander LF (2000a) Evolution of Baileys' pocket mouse (*Chaetodipus baileyi*), comparative biogeography of *C. baileyi* and the *Peromyscus eremicus* species-group, and historical vicariance of peninsular and continental deserts in western North America. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 17, 161–172.
- Riddle BR, Hafner DJ, Alexander LF, Jaeger JR (2000b) Cryptic vicariance in the historical assembly of a Baja California peninsular desert biota. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 97, 14438–14443.
- Rogers AR (1995) Genetic evidence for a Pleistocene population explosion. *Evolution*, 49, 608–615.
- Rogers KL, Wang Y (2002) Stable isotopes in pocket gopher teeth as evidence of a late Matuyama climate shift in the southern Rocky Mountains. *Quaternary Research*, 57, 200–207.
- Ronquist F, Huelsenbeck JP (2003) MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics*, 19, 1572.
- Rosenberg NA (2004) DISTRUCT: a program for the graphical display of population structure. *Molecular Ecology Notes*, 4, 137–138.
- Rosenberg NA, Mahajan S, Ramachandran S, Zhao C, Pritchard JK, Feldman MW (2005) Clines, clusters, and the effect of study design on the inference of human population structure. *PLoS Genetics*, 1, e70.
- Rossiter SJ, Benda P, Dietz C, Zhang S, Jones G (2007) Rangewide phylogeography in the greater horseshoe bat inferred from microsatellites: implications for population history, taxonomy and conservation. *Molecular Ecology*, 16, 4699–4714.
- Rousset F (2008) Genepop'007: a complete re-implementation of the genepop software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources*, 8, 103–106.
- Ruedi M, Castella V (2003) Genetic consequences of the ice ages on nurseries of the bat *Myotis myotis*: a mitochondrial and nuclear survey. *Molecular Ecology*, 12, 1527–1540.
- Russ JM, Racey PA, Jones G (1998) Intraspecific responses to distress calls of the pipistrelle bat, *Pipistrellus pipistrellus*. *Animal Behavior*, 55, 705–713.
- Russell A, McCracken GF (2006) Population genetic structure of very large populations: the Brazilian free-tailed bat, *Tadarida brasiliensis*. In: *Functional and Evolutionary Ecology of Bats* (eds Zubaid A, McCracken GF, Kunz TH), pp. 227–247. Oxford University Press, New York.
- Russell AL, Cox MP, Brown VA, McCracken GF (2011) Population growth of Mexican free-tailed bats (*Tadarida brasiliensis mexicana*) predates human agricultural activity. *BMC Evolutionary Biology*, 11, 88.
- Russell AL, Medellin RA, McCracken GF (2005a) Genetic variation and migration in the Mexican free-tailed bat (*Tadarida brasiliensis mexicana*). *Molecular Ecology*, 14, 2207–2222.
- Russell AL, Turmelle AS, Brown VA, McCracken GF (2005b) Extremely variable di and tetranucleotide microsatellite loci in Brazilian free-tailed bats (*Tadarida brasiliensis*). *Molecular Ecology Notes*, 5, 669–671.
- Saussure MH (1860) Note sur quelques mammifères du Mexique. *Revue et Magasin de Zoologie*, 12, 241–293.
- Schäfer MA, Hille A, Uhi GB (2001) Geographical patterns of genetic subdivision in the cellar spider *Pholcus phalangoides* (Araneae). *Heredity*, 86, 94–102.
- Schwartz A (1955) The status of the species of the brasiliensis group of the genus *I.* *Journal of Mammalogy*, 36, 106–109.

- Seki SI, Sakanashi M, Kawaji N, Kotaka N (2007) Phylogeography of the Ryukyu robin (*Erithacus komadori*): population subdivision in land bridge islands in relation to the shift in migratory habit. *Molecular Ecology*, 16, 101–113.
- Shamel HH (1931) Notes on the American bats of the genus *Tadarida*. *Proceedings of the United States National Museum*, 78, 1-27. <http://si-pddr.si.edu/dspace/handle/10088/15992>
- Shriver MD, Jin L, Chakraborty R, Boerwinkle E (1993) VNTR allele frequency distributions under the stepwise mutation model: a computer simulation approach. *Genetics*, 134, 983–993.
- Simmons NB (2005) Order Chiroptera. In: *Mammal species of the World: a Taxonomic and Geographic Reference* (eds Wilson DE and Reeder DM), pp. 312-529. Johns Hopkins University Press, Maryland.
- Slatkin M (1995) A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies. *Genetics*, 139, 457–462.
- Stevens SD (2004) Untangling latitudinal richness gradients at higher taxonomic levels: familial perspectives on the diversity of New World bat communities. *Journal of Biogeography*, 31, 665-674.
- Storey JD (2002) A direct approach to false discovery rates. *Journal of the Royal Statistical Society Series B, Statistical Methodology*, 64, 479–498.
- Storz JF, Beaumont MA (2002) Testing for genetic evidence of population expansion and contraction: an empirical analysis of microsatellite DNA variation using a hierarchical Bayesian model. *Evolution*, 56, 154-166.
- Svoboda PL, Choate JR, Chesser RK (1985) Genetic relationships among southwestern populations of the Brazilian free-tailed bat. *Journal of Mammalogy*, 66, 444–450.
- Tajima F (1989) Statistical methods to test for nucleotide mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*, 123, 585-595.
- Teeling EC, Springer MS, Madsen O, Bates P, O'Brien SJ, Murphy WJ (2005) A Molecular Phylogeny for Bats Illuminates Biogeography and the Fossil Record, *Science*, 307, 580-584.
- Thompson JD, Higgins DG, Gibson TJ (1994) CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research*, 22, 4673–4680.
- Turmelle AS, Kunz TH, Sorenson MD (2010) A tale of two genomes: contrasting patterns of phylogeographic structure in a widely distributed bat. *Molecular Ecology*, 20, 357-375.
- Twente JW (1955) Aspects of a population study of cavern-dwelling bats. *Journal of Mammalogy*, 36, 379–390.
- Valdes AM, Slatkin M, Freimer NB (1993) Allele frequencies at microsatellite loci: the stepwise mutation model revisited. *Genetics*, 133, 737–749.
- Vega RB (2006) Estructura y diversidad genética de *Oryzomys palustris cazumelae* de la isla de Cozumel. Tesis de maestría. Instituto de Ecología. Universidad Nacional Autónoma de México.
- Velazco PLM, Simmons NB (2011) Systematics and Taxonomy of Great Striped-Faced Bats of the Genus *Vampyroides* Thomas, 1900 (Chiroptera: Phyllostomidae). *American Museum Novitates*, 3710, 1-35.
- Velazco PM, Gardner AL (2009) Description of a new species of *Platyrrhinus* (Chiroptera: Phyllostomidae) from western Colombia and Ecuador, with emended diagnoses of *Platyrrhinus aquilus* and *P. umbratus*. *Proceedings of the Biological Society of Washington*, 122, 249-281.
- Velazco PM, Patterson BD (2008). Phylogenetics and Biogeography of the Broad-nosed bats, Genus *Platyrrhinus* (Chiroptera: Phyllostomidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 49, 749-759.
- Verhoeven KJF, Simonsen KL, McIntyre LM (2005) Implementing False Discovery Rate control: increasing your power. *Oikos*, 108, 643–647.

- Villa-R B (1956) *Tadarida brasiliensis mexicana* (Saussure) el murciélago guanero es una subespecie migratoria. *Acta Zoologica Mexicana*, 1, 1–11.
- Villa-R B, Cockrum EL (1962) Migration in the guano bat *Tadarida brasiliensis mexicana* (Saussure). *Journal of Mammalogy*, 43, 43– 64.
- Walton C, Handley JM (2000) Population structure and population history of *Anopheles dirus* mosquitoes in Southeast Asia. *Molecular Biology and Evolution*, 17, 962.
- Wang S, Lewis Jr CM, Jakobsson M, Ramachandran S, Ray N, Bedoya G, Rojas W, Parra MV, Molina JA, Gallo C (2007) Genetic variation and population structure in Native Americans. *PLoS Genetics*, 3, e185.
- Weir BS (1996) *Genetic data analysis II: Methods for Discrete Population Genetic Data*. University of Washington, Washington.
- Weir BS, Cockerham CC (1984) Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38, 1358–1370.
- Weyandt SE, Van Den Bussche RA (2007) Phylogeographic structuring and volant mammals: the case of the pallid bat (*Antrozous pallidus*). *Journal of Biogeography*, 34, 1233–1245.
- Weyandt SE, Van Den Bussche RA, Hamilton MJ, Leslie Jr DM (2005) Unraveling the effects of sex and dispersal: Ozark big-eared bat (*Corynorhinus townsendii ingens*) conservation genetics. *Journal of mammalogy*, 86, 1136–1143.
- Whitaker Jr JO, Neefus C, Kunz TH (1996) Dietary variation in the Mexican free-tailed bat (*Tadarida brasiliensis mexicana*). *Journal of Mammalogy*, 77, 716–724.
- Wilkins KT (1989) *Tadarida brasiliensis*. *Mammalian species*, 331, 1–10.
- Wilkinson GS, Chapman AM (1991) Length and sequence variation in evening bat D-loop mtDNA. *Genetics*, 128, 607.
- Wilkinson GS, Fleming TH (1996) Migration and evolution of lesser long-nosed bats *Leptonycteris curasoae*, inferred from mitochondrial DNA. *Molecular Ecology*, 5, 329–339.
- Williams TC, Ireland LC y Williams JM (1973) High Altitude Flights of the free-tailed bat, *Tadarida brasiliensis*, observed with radar, *Journal of Mammalogy*, 54, 807-821.
- Wright S (1943) Isolation by distance. *Genetics*, 28, 114-138.
- Wright S (1951) The genetical structure of natural populations. *Annals of Eugenics*, 15, 323–354.
- Yoshino H, Armstrong KN, Izawa M, Yokoyama J, Kawata M (2008) Genetic and acoustic population structuring in the Okinawa least horseshoe bat: Are intercolony acoustic differences maintained by vertical maternal transmission? *Molecular Ecology*, 17, 4978–4991.
- Zaldivar-Riveron A, Leon-Regagnon V, Nieto-Montes de Oca A (2004) Phylogeny of the Mexican coastal leopard frogs of the *Rana berlandieri* group based on mtDNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 30, 38–49.
- Zink RM, Blackwell-Rago C (2000) Species Limits and Recent Population History in the Curve-billed Thrasher. *Condor*, 102, 881-886.
- Zink RM, Blackwell RC (1998) Molecular systematics of the Scaled Quail complex (genus *Callipepla*). *The Auk*, 115, 394–403.

Anexo 1. Geología de Norteamérica

En Norteamérica se han reconocido dos zonas biogeográficas, la Neártica y la Neotropical. A la zona Neártica corresponde Canadá, Estados Unidos de América (EUA) y poco más de la parte norte México. La región Neotropical va desde la parte centro-sur de México hasta Sudamérica. La zona de transición entre las dos zonas biogeográficas es la Faja Volcánica Transmexicana (FVTM), que se encuentra en la parte central de México desde Jalisco hasta Veracruz.

Dentro de la zona Neártica, las regiones que se incluyeron en este estudio van desde la mitad de EUA hasta el inicio de la FVTM. El sureste de Arizona incluye algunos rangos montañosos que quizá tuvieron origen en el Cretácico (~70-145 mda; Van Devender 1990). La región Sonorense comprende desde el sureste de California y el suroeste de Arizona hasta las llanuras costeras y deltas de Sonora y Sinaloa. El aspecto árido de esta zona, probablemente se debe a los elevamientos durante el Cretácico, a la actividad volcánica durante el Oligoceno y el Mioceno (~7-34 mda; Ferrusquía-Villafranca, 1993) y al inicio de la formación del Golfo de California al final de Terciario (~3-4 mda). Se ha sugerido que la separación entre el desierto de Sonora y el de Mojave fue durante el Jurásico Tardío (~145.5 mda; Anderson et al. 2005). Baja California ha sido considerada por algunos autores como parte del desierto de Sonora (Martin 1963; Van Devender 1990). La región sur de la península se encontraba unida a la región de Sinaloa y Nayarit. La propagación de la cordillera del Pacífico dentro del margen continental, permitió la transferencia de Baja California desde la placa de Norteamérica hasta la placa del Pacífico. Estos eventos geológicos ocurrieron desde el Plioceno hasta el Holoceno (~0.1-5 mda). Se han documentado periodos de enfriamiento climático en la península entre el Mioceno tardío y Plioceno temprano (~5.3 mda; Riddle et al. 2000; Jeager et al. 2005; Crews y Headin 2006).

La Sierra Madre Occidental (SMOc) es gran cadena montañosa que se extiende desde el Sur de Nuevo México hasta la parte central de México, donde empieza la FVTM. Dos eventos volcánicos, uno en el Cretácico (~70-145 mda) y otro en el Terciario tardío (~3-4 mda), dieron origen a la SMOc. Estos dos eventos se relacionan con la subducción de la placa del Pacífico por debajo de la placa Norteamericana (Ferrusquía-Villafranca 1993; Verma y Carrasn-Nunez 2003). Hacia el sur de Durango hay una zona que ambiental y geológicamente es igual a la SMOc. Sin embargo se diferencia de esta región por una elevada tasa de endemismos (Marshall y Liebherr 2000). La altiplanicie mexicana se encuentra entre la SMOc y la Sierra Madre Oriental (SMOr). Antes del Cretácico medio (~95-120 mda), gran parte de esta región se encontraba sumergida en mares epicontinentales.

Evidencia geológica sugiere la aparición temprana de al menos dos masas continentales: Coahuila (como una isla) y Tamaulipas (una península de la región central; Alfonso-Zwanziger 1978). Durante el Cretácico hubo elevamientos en esta región y los mares epicontinentales retrocedieron hacia el este. La SMOr es una de las regiones de México con la geología más compleja. Esta zona es paralela al Golfo de México, va desde las montañas de Nuevo León hasta donde inicia la FVTM. Se cree que esta región, con respecto a las anteriores, es la que más tiempo estuvo sumergida en mares epicontinentales. Al menos desde el Jurásico (~145-202 mda) hasta que se retiraron las aguas en el Cretácico tardío (~65-70 mda). El plegamiento de montañas que dieron origen a esta serranía fue provocado por la subducción de la placa del Pacífico bajo la placa Norteamericana (Ferrusquía-Villafranca 1993).

La FVTM es una de las formaciones geológicas más recientes en México y es una de las zonas con mayores endemismos. La región del oeste es muy parecida a la SMOc, por lo que esta sección pudo originarse en el Cretácico. Las demás regiones montañosas que se extienden transversalmente son más recientes y aún hay debates sobre el rango de tiempo en el que se formaron. Los rangos van desde mediados del Terciario (~20-30 mda) hasta finales del Plioceno e inicio del Cuaternario (~2-2-6 mda). La FVTM está aislada de la Sierra del Sur por la depresión del Balsas, pero hay una región hacia la parte sureste donde están muy cercanas y hay una gran asociación entre estas regiones (Ferrusquía-Villafranca 1993; Marshall y Liebherr 2000).

Dentro de la zona Neotropical, se incluyeron las regiones: la Sierra del Sur y la Sierra Chiapaneca-Guatemalteca. La Sierra del Sur se encuentra entre la depresión del Balsas y el Istmo de Tehuantepec e incluye las zonas montañosas de Guerrero y Oaxaca. El origen de esta sierra aún no es bien entendido debido a la complejidad de las formaciones geológicas. Sólo se sabe que antes y durante el Cretácico fue un hábitat terrestre, a finales de este la superficie terrestre aumentó. Las bajas elevaciones del Istmo de Tehuantepec siempre han sido motivo de debate. Desde antes del Mioceno (~7-23 mda) era una barrera marina. Después emergió y sigue siendo una barrera ecológica para muchos taxa. La Sierra Chiapaneca-Guatemalteca incluye el área sur del Istmo de Tehuantepec. La planicie de la península de Yucatán comparte la mayoría de la flora y fauna de esta región aunque tienen un origen geológico diferente. Existe controversia sobre si esta región fue terrestre o si estuvo sumergida durante el Cretácico. Si es que estuvo sumergida no es claro si fue hasta finales del Paleoceno (~2.4 mda; Stuart 1966; Ferrusquía-Villafranca 1993; Morán-Zenteno 1994). En esta zona se han reportado elevaciones y actividad volcánica durante el post-Plioceno (~3.6 mda; Raven & Axelrod 1974).

Anexo 2. Información sobre localidades, especímenes y muestras

Anexo 2a. Localidades de donde se obtuvieron muestras para análisis moleculares. Se indica el grupo genético estimado a partir de los datos de microsatélites, el Estado y localidad de colecta, la clave de localidad utilizada para otras tablas, las información geográfica en proyección Cónica Conforme Lambert, las coordenadas geográficas en grados decimales, el número de individuos caracterizados genéticamente para los nueve loci de microsatélites y para la región D-loop del mtDNA, y la colección (número de catálogo) y/o colector que donaron las muestras. RAM: Rodrigo A. Medellín, RAF: Rafael Ávila Flores, UABC: Colección de Mamíferos de la Universidad Autónoma de Baja California, CIBNOR: Colección de Mamíferos del Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, CIIDIR-Durango: Colección de Mamíferos del Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional, Unidad Durango, MZFC: Museo de Zoología de la Facultad de Ciencias de la Universidad Nacional Autónoma de México. GI: No. de acceso de las secuencias obtenidas del Genbank. En total se obtuvieron 523 muestras, pero esta lista sólo contiene la información de las muestras en las cuales hubo éxito de amplificación en todos los loci de microsatélites y/o se obtuvo la secuencia completa de D-loop.

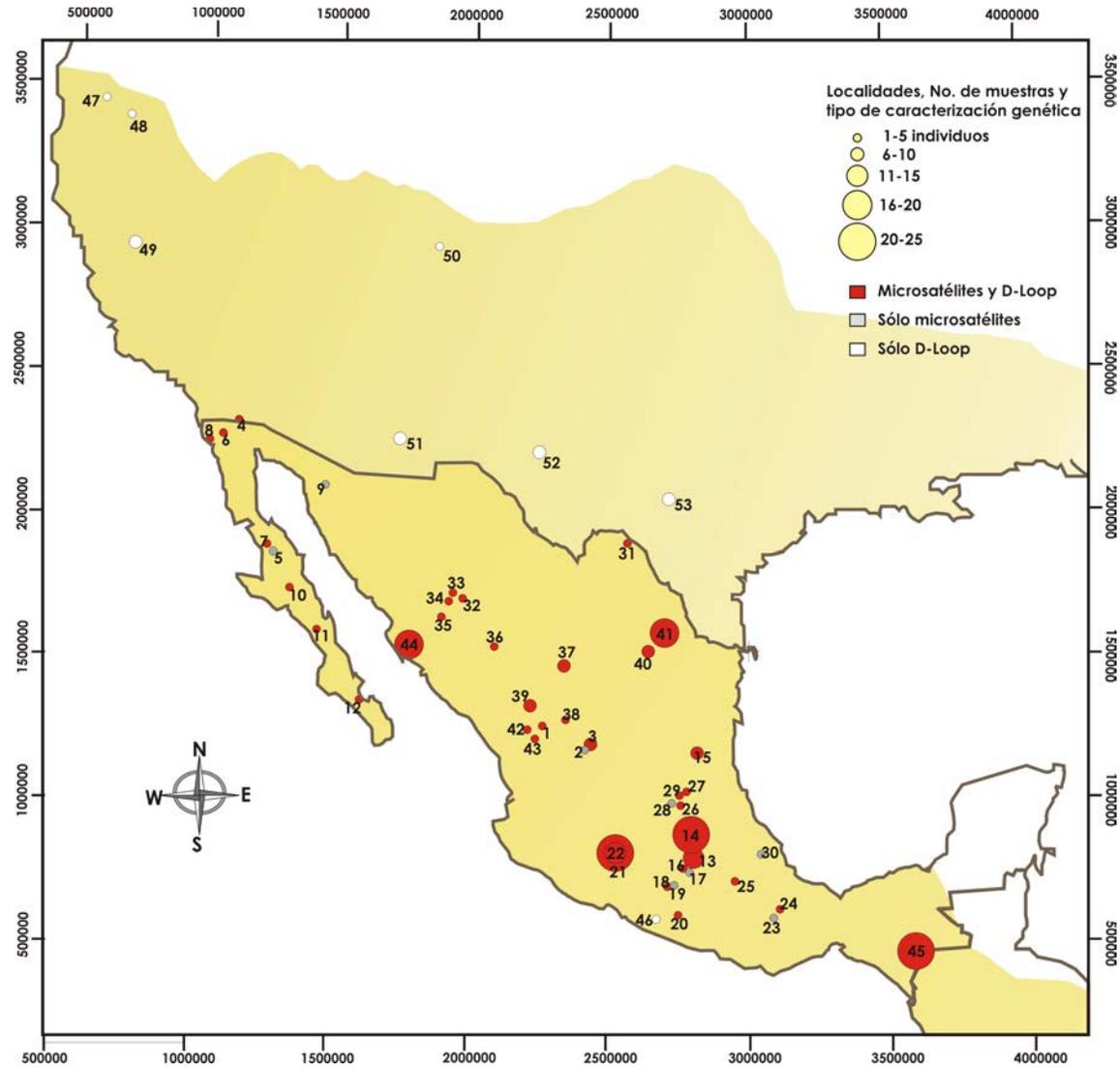
Grupo genético (microsatélites)	Estado	Clave de localidad	Localidad	Coordenadas geográficas		No. de individuos		Colector o Colección, tipo de tejido.
				Longitud	Latitud	Micros	D-loop	
BCN	Baja California	4	Puente San Felipe, Mexicali, Mex.	-115.39888	32.58221	2	1	UABC-342, UABC-347.
BCN	Baja California	5	Rancho San Miguel, Valle de los Sirios, Mex.	-113.80319	28.58653	2	0	UABC-411, UABC-432.
BCN	Baja California	6	Represo Forestal, Sierra Juárez, Mex.	-115.94639	32.00361	2	1	UABC-135, UABC-250.
BCN	Baja California	7	Valle de los Sirios, Ejido Nuevo Rosarito, Mex.	-114.01633	28.64289	1	1	UABC-418.
BCN	Baja California	8	Zona Urbana, Ensenada, Mex.	-116.6225	31.87472	3	1	UABC-423, UABC-424, UABC-587.
BCN	Sonora	9	Rancho la Inmaculada, Pitiquito, Mex.	-112.05488	30.6781	1	0	UABC-370
BCS	Baja California Sur	10	1 km S, 1 km W San Francisco de la Sierra, Mex.	-113.07639	27.56514	5	5	CIBNOR-8634, CIBNOR-8632, CIBNOR-8630, CIBNOR-8633, CIBNOR-8631.

Grupo genético (microsatélites)	Estado	Clave de localidad	Localidad	Coordenadas geográficas		No. de individuos		Colector o Colección, tipo de tejido.
				Longitud	Latitud	Micros	D-loop	
BCS	Baja California Sur	11	1.6 km S, La Purísima, Mex.	-112.08833	26.18425	1	1	CIBNOR-11737.
BCS	Baja California Sur	12	CIBNOR, La Paz	-110.42945	24.14443	1	1	CIBNOR-10926
Sinaloa	Sinaloa	44	El Maviri, Ahome, Mex.	-108.95795	25.7906	16	9	RAM
Norte	San Luis Potosí	1	La Joya, Mex.	-104.36701	23.46652	1	1	RAM
Norte	Tamaulipas	15	Grutas de Quintero, 1.5 km W Quintero, Mex.	-99.04149	22.64962	6	6	CIIDIR-3262, CIIDIR-3263, CIIDIR-3264, CIIDIR-3266, CIIDIR-3267, CIIDIR-3268.
Norte	Coahuila	31	Presa la Amistad, Mex.	-101.23266	29.12829	4	4	RAM
Norte	Chihuahua	32	15 km N, 8 km W Norogachi, Mex.	-107.21232	27.40552	2	2	CIIDIR-3342, CIIDIR-3343.
Norte	Chihuahua	33	Basihuare, Mex.	-107.48666	27.46536	5	5	CIIDIR-3339, CIIDIR-3341, CIIDIR-3337, CIIDIR-3336, CIIDIR-3335.
Norte	Chihuahua	34	Coraréachi, 3Km. W, Basihuare, Mex.	-107.51816	27.47153	3	3	CIIDIR-4551, CIIDIR-4552, CIIDIR-4553.
Norte	Chihuahua	35	San Miguel, Rio San Miguel, Mex.	-107.68749	26.77917	1	1	CIIDIR-4557
Norte	Durango	36	1.2 km N, 0.7 km E Coscomate, Mex.	-105.83051	25.91079	2	2	CIIDIR-3163, CIIDIR-3164.
Norte	Durango	37	Cueva del Guano, 8.5 Km WNW Nazareno Tres, Mex.	-103.53241	25.3761	8	8	CIIDIR-2442, CIIDIR-2443, CIIDIR-2445, CIIDIR-2447, CIIDIR-2448, CIIDIR-2452, CIIDIR-2453, CIIDIR-2454.
Norte	Durango	38	Chachacuaxtle, Mex.	-103.5277	33.26274	3	3	CIIDIR-6761, CIIDIR-6759, CIIDIR-6760.
Norte	Durango	39	Parque Ecológico Luis Donaldo Colosio, Mex.	-104.60981	24.02502	7	7	CIIDIR-6634, CIIDIR-6635, CIIDIR-6633, CIIDIR-6636, CIIDIR-6637, CIIDIR-6627, CIIDIR-6628.
Norte	Nuevo León	40	Cueva del Rincón de la Virgen, 6.8 km N Villa de García, Mex.	-100.5805	25.85396	9	9	CIIDIR-2469, CIIDIR-2470, CIIDIR-2472, CIIDIR-2473, CIIDIR-2474, CIIDIR-2475, CIIDIR-2476, CIIDIR-2477, CIIDIR-2478.
Norte	Nuevo León	41	La Boca, Municipio de Santiago, Mex.	-99.93441	26.36399	20	14	RAM

Grupo genético (microsatélites)	Estado	Clave de localidad	Localidad	Coordenadas geográficas		No. de individuos		Colector o Colección, tipo de tejido.
				Longitud	Latitud	Micros	D-loop	
Norte	Durango	43	Costado del balneario "La Joya", Mex.	-104.36701	23.46652	1	1	CIIDIR-4854.
NorOeste	Zacatecas	2	Capilla Guadalupe Garzarón, Mex.	-102.72293	22.92853	1	0	RAM
NorOeste	Zacatecas	3	Zacatecas, Mex.	-102.72293	22.92853	9	2	RAM
NorOeste	Durango	42	1 km N, 3.6 km E Platanitos, Mex.	-104.54401	23.1605	1	1	CIIDIR-6495.
Centro	DF	13	Xochimilco, Mex.	-99.10335	19.29615	13	12	RAF
Centro	Hidalgo	14	El Salitre, Municipio de Meztitlan, Mex.	-99.33368	20.06642	23	13	RAM
Centro	Querétaro	26	Ahuacatlán de Guadalupe, 2 Km S, Mex.	-99.543	21.194	4	3	MZFC-1833, MZFC-1836, MZFC-1840, MZFC-1887.
Centro	Querétaro	28	Camargo, Mex.	-99.742	21.106	3	0	MZFC-1844, MZFC-1837, MZFC-1834.
SurOeste	Michoacán	21	Isla de Janitzio, Michoacán, Mex.	-101.65244	19.5748	11	14	CIIDIR-3224, CIIDIR-3226, CIIDIR-3227, CIIDIR-3228, CIIDIR-3229, CIIDIR-3230, CIIDIR-3231, CIIDIR-3232, CIIDIR-3233, CIIDIR-3234, CIIDIR-3235.
SurOeste	Michoacán	22	Lago Pátzcuaro, Cueva de la Isla Janitzio, Mex.	-101.65215	19.57666	21	8	RAM
CentroSur	Estado De México	16	Carr. Ocuilan de Arteaga-Cuernavaca, Km 12.5, Mex.	-99.34	18.975	4	1	MZFC-5567, MZFC-5576, MZFC-5582, MZFC-5579.
CentroSur	Estado De México	17	Carr. Ocuilan de Arteaga-Cuernavaca, Km 14, Mex.	-99.339	18.97	1	0	MZFC-5597.
CentroSur	Guerrero	18	Ixcateopan, Mex.	-99.796	18.506	1	2	MZFC-4642.
CentroSur	Guerrero	19	Ixcateopan, 10 Km NW, Mex.	-99.851	18.573	3	0	MZFC-4117, MZFC-4119, MZFC-4643.
CentroSur	Guerrero	20	Omiltemi, Cañada La Perra, Mex.	-99.693	17.568	3	2	MZFC-971, MZFC-5636, MZFC-972.
CentroSur	Oaxaca	23	Carr. Tuxtepec-Oaxaca, Km 103.5, Brecha 60, Mex.	-96.514	17.457	1	0	MZFC-4851
CentroSur	Oaxaca	24	Carr. Tuxtepec-Oaxaca, Km 79.5, La Esperanza, Mex.	-96.376	17.639	2	1	MZFC-5015, MZFC-4991.
CentroSur	Oaxaca	25	Iglesia de Teotitlán del Camino, Mex.	-97.076	18.139	5	1	MZFC-1888, MZFC-1889, MZFC-3815, MZFC-1893, MZFC-3753.

Grupo genético (microsatélites)	Estado	Clave de localidad	Localidad	Coordenadas geográficas		No. de individuos		Colector o Colección, tipo de tejido.
				Longitud	Latitud	Micros	D-loop	
CentroSur	Querétaro	27	Ahuacatlán de Guadalupe, 2.8 Km SW, Mex.	-99.569	21.199	1	2	MZFC-1772.
CentroSur	Querétaro	29	Jalpan, 8 Km N, Mex.	-99.476	21.288	1	3	MZFC-1789.
CentroSur	Veracruz	30	Teocelo, Mex.	-96.974	19.389	2	0	MZFC-715, MZFC-714.
Sur	Chiapas	45	La Trinitaria, Mex.	-92.04079	16.12136	23	18	RAM
-	Guerrero	46	Puerto del Gallo, 1 Km E, Cerro Teotepec, Mex.	-100.164	17.484	0	1	MZFC-969
-	Oregon	47	Jackson Co, OR, USA	-122.699444	42.190278	0	5	GI: 33638395 -33638399.
-	N. California	48	Lava Bend National Monument, Siskiyou Co, CA, USA	-121.371111	41.888333	0	3	GI: 33638334 – 33638336.
-	C. California	49	Merced, Co, CA, USA	-120.498889	37.469722	0	10	GI: 33638324 – 33638333.
-	Colorado	50	Grand Juntion, Mesa Co. CO, USA	-108.55	39.066667	0	4	GI: 33638337 – 33638340.
-	Arizona	51	Eagle Creek Cave, GreenLee Co. CA, USA	-109.32944	33.05306	0	8	GI: 33638316 – 33638323.
-	Nuevo Mexico	52	Carlsband Caverns National Park, Eddy Co, NM, USA	104.376111	32.175556	0	10	GI: 33638385 – 33638394.
-	Texas	53	James River Cave, Mason Co, TX, USA	99.232222	30.749167	0	10	GI: 33638400 – 33638409.

Anexo 2b. Ubicación de las localidades para análisis moleculares, número de muestras y tipo de caracterización genética. El número indica la clave de localidad según el Anexo 2a.



Anexo 2c. Especímenes examinados para análisis morfométricos. Se indica la subespecie, la localidad de colecta, el número de catalogo y el museo donde se encuentra depositado el ejemplar. AMNH: American Museum of Natural History, Nueva York, EUA. MZFC: Museo de Zoología de la Facultad de Ciencias de la Universidad Nacional Autónoma de México, México. ROM: Royal Ontario Museum, Canadá. USNM: United States National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, Washington, D.C., EUA.

T. b. cynocephala (42 ejemplares en total)

Estados Unidos de América (42 ejemplares)

1. Florida, Alachua Co. (3 ejemplares) AMNH_M-143254, AMNH_M-143255, AMNH_M-143256.
2. Florida, Brevard Co. (23 ejemplares) AMNH_M-166097, AMNH_M-166098, AMNH_M-166099, AMNH_M-166100, AMNH_M-166102, AMNH_M-166103, AMNH_M-166104, AMNH_M-166105, AMNH_M-166106, AMNH_M-166107, AMNH_M-166108, AMNH_M-166109, AMNH_M-166110, AMNH_M-166111, AMNH_M-166112, AMNH_M-166113, AMNH_M-166114, AMNH_M-166115, AMNH_M-166116, AMNH_M-166117, AMNH_M-166118, AMNH_M-166429, AMNH_M-166430.
3. Florida, Hernando Co. (12 ejemplares) AMNH_M-219337, AMNH_M-219338, AMNH_M-219339, AMNH_M-219340, AMNH_M-219341, AMNH_M-219342, AMNH_M-219343, AMNH_M-219344, AMNH_M-219345, AMNH_M-219346, AMNH_M-219347, AMNH_M-219348.
4. Florida, Miami-Dade Co. (1 ejemplar) AMNH_M-179952.
5. Florida, Volusia Co. (3 ejemplares) AMNH_MS-11244, AMNH_MS-11245, AMNH_MS-11246.

T. b. intermedia (8 ejemplares en total)

Costa Rica (2 ejemplares)

6. San Jose, San Jose. (2 ejemplares) AMNH_MO-7938, NMNH_13810.

Guatemala (2 ejemplares)

7. Alta Verapaz, Coban. (1 ejemplar) AMNH_M-265130.
8. Jacaltenango. (1 ejemplar) NMNH_78517.

Mexico (2 ejemplares)

9. Chiapas, Valle de Comitan. (2 ejemplares) NMNH_78486, NMNH_78489.

Panama (2 ejemplares)

10. Chiriqui, Palo Santo, Rio Chiriqui Viejo. (1 ejemplar) NMNH_301293.
11. Chiriqui, El Volcan, 1mi W. (1 ejemplar) NMNH_331974.

T. b. mexicana (206 ejemplares en total)

Mexico (117 ejemplares)

12. Baja California, Ensenada. (6 ejemplares) AMNH_MS-6390, AMNH_MS-6393, AMNH_MS-6395, AMNH_MS-6396, AMNH_MS-6397, AMNH_MS-6398
13. Baja California Sur, Santiago, Arroyo San Jorge, 7 Km SW. (1 ejemplar) NMNH_528765
14. Chihuahua, 23 KM E de Santa Elena. (2 ejemplares) ROM_67140, ROM_67141
15. Coahuila, Sabinas. (2 ejemplares) NMNH_117125, NMNH_117126
16. Coahuila, Fronterriega. (1 ejemplar) ROM_67143
17. Coahuila, 5 KM NE de los Norias. (1 ejemplar) ROM_67144
18. Colima, Colima. (1 ejemplar) NMNH_52068
19. Distrito Federal, Tacubaya. (2 ejemplares) NMNH_50814, NMNH_50815
20. Durango, Rio Sestin. (1 ejemplar) AMNH_M-21210
21. Durango, Durango. (1 ejemplar) NMNH_132499
22. Estado de México, Carr. Ocuilan de Arteaga-Cuernavaca, Km 12.5. (3 ejemplares) MZFC_5567, MZFC_5576, MZFC_5579
23. Estado de México, Carr. Ocuilan de Arteaga-Cuernavaca, Km 14. (1 ejemplar) MZFC_5597
24. Guerrero, Ixcateopan. (1 ejemplar) MZFC_4642
25. Guerrero, Ixcateopan, 10 Km NW. (4 ejemplares) MZFC_4114, MZFC_4117, MZFC_4118, MZFC_4119
26. Guerrero, Omiltemi. (1 ejemplar) MZFC_5647
27. Guerrero, Omiltemi, Cañada La Perra. (2 ejemplares) MZFC_970, MZFC_971
28. Guerrero, Puerto del Gallo, 1 Km E, Cerro Teotepec. (1 ejemplar) MZFC_969
29. Hidalgo, El Chico. (1 ejemplar) NMNH_52052
30. Jalisco, chapala. (1 ejemplar) AMNH_M183172
31. Jalisco, Ciudad Guzman. (15 ejemplares) AMNH_M-26234, AMNH_M-26235, AMNH_M-26236, AMNH_M-26237, AMNH_M-26238, AMNH_M-26240, AMNH_M-26241, AMNH_M-26242, AMNH_M-26243, AMNH_M-26244, AMNH_M-26245, AMNH_M-26246, AMNH_M-26247, AMNH_M-26248, AMNH_M-26249

32. Jalisco, Guadalajara. (35 ejemplares) AMNH_MO-2136, AMNH_MO-2140, AMNH_MO-2162, AMNH_MO-2163, AMNH_MO-2164, AMNH_MO-2165, AMNH_MO-2166, AMNH_MO-2167, AMNH_MO-2168, AMNH_MO-2169, AMNH_MO-2170, AMNH_MO-2171, AMNH_MO-2172, AMNH_MO-2173, AMNH_MO-2174, AMNH_MO-2175, AMNH_MO-2176, AMNH_MO-2177, AMNH_MO-2178, AMNH_MO-2693, AMNH_MO-2695, AMNH_MO-2696, AMNH_MO-2699, AMNH_MO-2700, AMNH_MO-2701, AMNH_MO-2702, AMNH_MO-2703, AMNH_MO-2704, AMNH_MO-2705, AMNH_MO-2706, AMNH_MO-2707, AMNH_MO-2708, AMNH_MO-2709, AMNH_MO-2710, AMNH_MS-3434
33. Oaxaca, Carr. Tuxtepec-Oaxaca, Km 103.5, Brecha 60. (1 ejemplar) MZFC_4851
34. Oaxaca, Carr. Tuxtepec-Oaxaca, Km 79.5, La Esperanza. (2 ejemplares) MZFC_4991, MZFC_5015
35. Oaxaca, Centro. (1 ejemplar) AMNH_M-212379
36. Oaxaca, Iglesia de Teotitlán del Camino. (4 ejemplares) MZFC_1888, MZFC_1889, MZFC_1891, MZFC_3815
37. Oaxaca, Tehuantepec. (2 ejemplares) AMNH_MS-4119, AMNH_MS-4120
38. Puebla. (2 ejemplares) AMNH_M-203936, AMNH_M-203937
39. Querétaro, Ahuacatlán de Guadalupe, 2 Km S. (3 ejemplares) MZFC_1833, MZFC_1836, MZFC_1840
40. Querétaro, Camargo. (3 ejemplares) MZFC_1834, MZFC_1837, MZFC_1844
41. Querétaro, Jalpan, 8 Km N. (3 ejemplares) MZFC_1786, MZFC_1787, MZFC_1789
42. Sinaloa, Chirimollos, Santa Lucia, 2 Km E. (1 ejemplar) NMNH_559791
43. Sonora, Guaymas. (4 ejemplares) AMNH_M-170935, AMNH_M-170936, AMNH_M-180711, AMNH_M-239238
44. Sonora, Imuris. (2 ejemplares) AMNH_M-185299, AMNH_M-185300
45. Tamaulipas, El Mante. (1 ejemplar) AMNH_M-254686
46. Veracruz, Teocelo. (2 ejemplares) MZFC_714, MZFC_715
47. Veracruz, Las Minas, 1 Mi. NE. (2 ejemplares) NMNH_329613, NMNH_329614
48. Zacatecas, Hacienda San Juan Capistrano. (1 ejemplar) NMNH_90917

Estados Unidos de América (89 ejemplares)

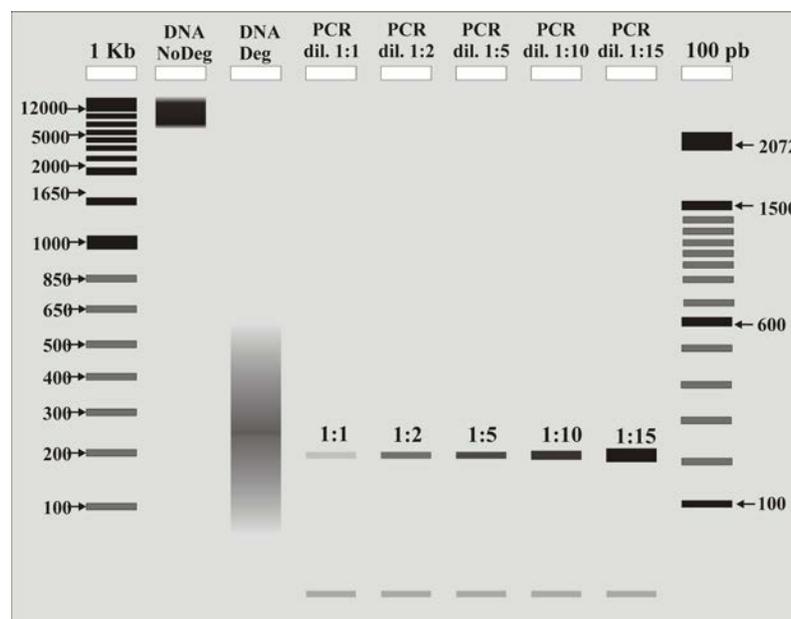
49. Arizona, Cochise Co. (15 ejemplares) AMNH_M-166918, AMNH_M-169544, AMNH_M-169545, AMNH_M-173651, AMNH_M-173652, AMNH_M-173653, AMNH_M-173654, AMNH_M-173655, AMNH_M-173656, AMNH_M-173657, AMNH_M-173658, AMNH_M-173659, AMNH_MS-9061, AMNH_MS-9062, AMNH_MS-9063
50. Arizona, Pima Co. (3 ejemplares) AMNH_M-136946, AMNH_M-170817, AMNH_M-170907
51. California, Los Angeles Co. (1 ejemplar) AMNH_M-243898
52. California, San Bernardino Co. (1 ejemplar) AMNH_M-42380

53. California, Tulare Co. (14 ejemplares) AMNH_M-138216, AMNH_M-138217, AMNH_M-138218, AMNH_M-138219, AMNH_M-138220, AMNH_M-138221, AMNH_M-138222, AMNH_M-138223, AMNH_M-138224, AMNH_M-138225, AMNH_M-138226, AMNH_M-138227, AMNH_M-138228, AMNH_M-138229
54. Nebraska, Lancaster Co. (1 ejemplar) AMNH_M-176105
55. New Mexico, Eddy Co. (1 ejemplar) AMNH_M-145485
56. Texas, Bexar Co. (11 ejemplar) AMNH_MS-10460, AMNH_MS-10462, AMNH_MS-10463, AMNH_MS-10464, AMNH_MS-10465, AMNH_MS-10466, AMNH_MS-10467, AMNH_MS-10468, AMNH_MS-10469, AMNH_MS-10473, AMNH_MS-10474
57. Texas, Brazos Co. (2 ejemplares) AMNH_M-252514, AMNH_M-252515
58. Texas, Brewster Co. (6 ejemplares) AMNH_M-136786, AMNH_M-136787, AMNH_M-136788, AMNH_M-136789, AMNH_M-136790, AMNH_M-136791
59. Texas, Comal Co. (12 ejemplares) AMNH_M-218952, AMNH_M-218953, AMNH_M-218954, AMNH_M-218955, AMNH_M-218956, AMNH_M-218957, AMNH_M-218958, AMNH_M-218959, AMNH_M-218960, AMNH_M-218961, AMNH_M-218962, AMNH_M-218963
60. Utah, Beaver Co. (10 ejemplares) AMNH_M-124770, AMNH_M-124771, AMNH_M-124772, AMNH_M-124773, AMNH_M-124774, AMNH_M-124775, AMNH_M-124776, AMNH_M-124777, AMNH_M-124778, AMNH_M-124779
61. Utah, Millard Co. (10 ejemplares) AMNH_M-124805, AMNH_M-124806, AMNH_M-124807, AMNH_M-124808, AMNH_M-124809, AMNH_M-124810, AMNH_M-124811, AMNH_M-124812, AMNH_M-124813, AMNH_M-124814
62. Washington, Walla Walla Co. (1 ejemplar) AMNH_M-176196

Anexo 3. Métodos de Laboratorio

Anexo 3a: Condiciones para clasificar muestras según la calidad del DNA extraído y definir las diluciones de los productos de PCR.

Para comprobar que hubo éxito en la extracción de DNA y la amplificación, 5 μ L de cada producto fueron corridos en geles de agarosa al 1% y teñidos con Bromuro de Etidio. Cada gel fue corrido a 100 V, 80 mA y 12 W, durante 20 min y visualizado bajo luz UV. En cada gel se destinó un carril para un marcador de peso molecular (1 Kb y/o 100 pb). La clasificación de las muestras según la calidad del DNA extraído se basó en el patrón de electromorfos observados en los geles de agarosa: DNA no degradado (electromorfos superiores a 2000 pb) y DNA degradado (electromorfos fragmentados y menores a 1000 pb). Para las lecturas multiplex de los loci de microsatélites en secuenciador automático, los productos de PCR fueron diluidos (en dH₂O u otro producto de PCR del mismo individuo pero amplificado con otro locus) con base en la intensidad de las bandas observadas en los geles de agarosa. El grado de dilución fue 1:1, 1:02, 1:05, 1:10, 1:15.



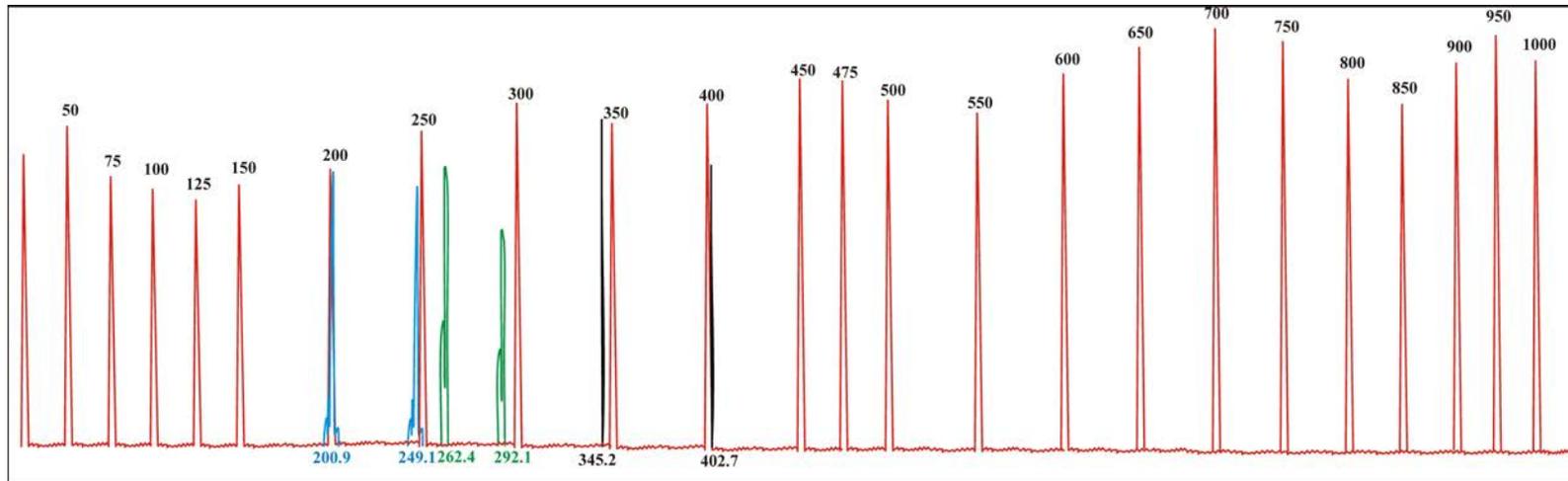
Anexo 3b: Características de los microsatélites y los oligonucleótidos diseñados en *Tadarida brasiliensis* (Russell et. al 2005b), se indican las condiciones generales de amplificación, el tinte fluorescente utilizado, la concentración de MgCl₂, la temperatura de alineación (T_a) y el rango esperado y encontrado (en este estudio) en el tamaño de los alelos (pb) para las poblaciones de *T. brasiliensis* en México.

Locus Numero de acceso de GeneBank	Repeticiones	MgCl ₂ (mM)	T _a (°C)	Rango del tamaño de los alelos (pb)		Secuencia de los oligonucleótidos (5' - 3') Tinte fluorescente
				Esperado	Encontrado	
TabrA10 AY954900	GA	1.5	64	226 - 268	105 - 399	F: AAG TGG TTG GGC GTT GTC ^{NED} R: GCG ATG CAC TGC CTT GAG A
TabrA30 AY954901	GA	1.5	57	193 - 281	111 - 451	F: AGT CGC GGG TTT GAT TCC AGT TA ^{HEX} R: ACC CCT TCC CTT TGT TCC TTC AG
TabrD10 AY945902	GATA	2.0	50	308 - 376	159 - 399	F: CCC CAC TCA TTT ATC CAT CCA CA ^{NED} R: ATC TCG AGC TAT TGA AGT A
TabrD15 AY954903	GATA	1.5	57	235 - 395	112 - 488	F: AGT CCT GGC TCC TAT TCT CAT TG ^{VIC} R: AGT CCT GGC TCC CTA TTC TCA TTG
TabrE9 AY954904	GA	1.5	52	349 - 461	206 - 432	F: GTT TGT CTT CCC CAC TGA ^{6-FAM} R: CTT AGG ACA GGA GAG AAG TCA
TabrH2 AY954905	TAGA	2.0	57	403 - 735	216 - 764	F: AGT GGG TCA GTG GGT CA ^{VIC} R: ATG GCA TTC TAC CGG ACA
TabrH3 AY954906	TAGA	1.5	55	140 - 304	96 - 384	F: ATG GAC ATA GAG GAG AGA CA ^{6-FAM} R: TGT CTC TGT CTC TCT TGT GA
TabrH6 AY954907	TAGA	1.5	55	187 - 357	105 - 405	F: ATC TCT CCA GTC CTT ACC A ^{HEX} R: TTT ACC CTC CAC AGT CTC A
TabrH12 AY945908	TAGA	1.5	57	126 - 366	82 - 474	F: CCA TGT GAG CCA ATT CCT A ^{NED} R: GTC AGG ACT CTC CAG AGA

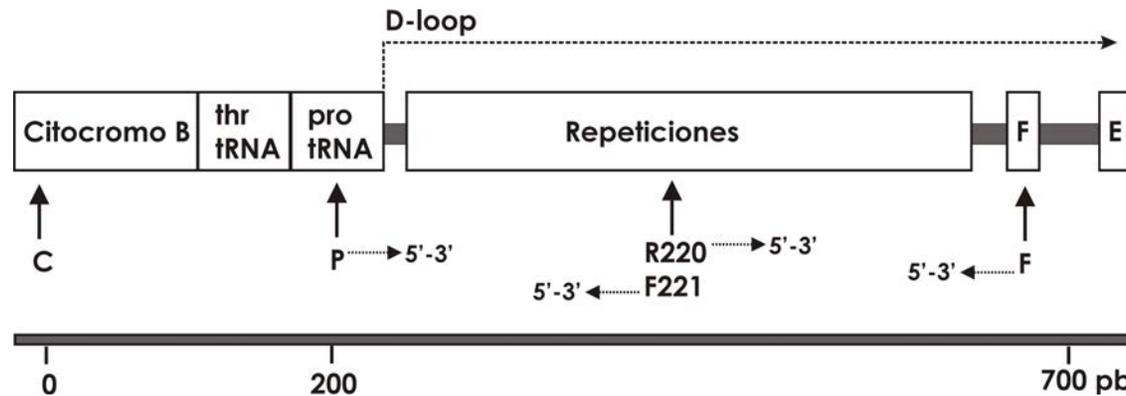
Condiciones de PCR según Russell et al. (2005b): 1x de buffer para PCR, 1.5 - 2.0 mM de MgCl₂ (ver arriba), 0.1 mM de dNTPs, 0.5 mM de cada oligonucleótido, 1U de Taq polimerasa (Promega) y 10-100 ng de DNA, con un volumen total de reacción de 12 µL. El programa de PCR fue igual para todos los loci, excepto en la temperatura de alineación (ver arriba): un ciclo de desnaturalización de 15 min. a 95° C, seguido de 35 ciclos de 30 seg. de desnaturalización a 95° C, 30 seg. de alineación (temperatura según el locus), y 45 seg. de extensión a 72° C. Finalmente, un ciclo de extensión de 10 min. a 72° C.

Anexo 3c: Condiciones para las lecturas multiplex y ejemplo de un electroferograma con microsatélites diploides.

Las combinaciones de los loci para las lecturas multiplex fueron: T1= TabrA10 NED (negro o amarillo) y TabrH6 HEX (verde), T2= TabrA30 HEX(verde), TabrH3 FAM (azul) y TabrD10 NED (negro o amarillo), T3= TabrD15 VIC(verde) y TabrH12 NED (negro o amarillo), y T4= TabrE9 FAM (azul) y TabrH2 VIC(verde). Todas las muestras fueron leídas con el marcador de pares de bases ROX1000 (rojo). Sólo se mezclaron productos de PCR del mismo individuo. La figura de abajo muestra un ejemplo del electroferograma de la combinación T2 y se indica el tamaño de los electromorfos. El tamaño de los electromorfos debe ser redondeado al decimal más próximo, utilizando siempre el mismo criterio.



Anexo 3d. Condiciones de amplificación y localización de los oligonucleótidos utilizados para amplificar la región D-loop del mtDNA en *Tadarida brasiliensis*.



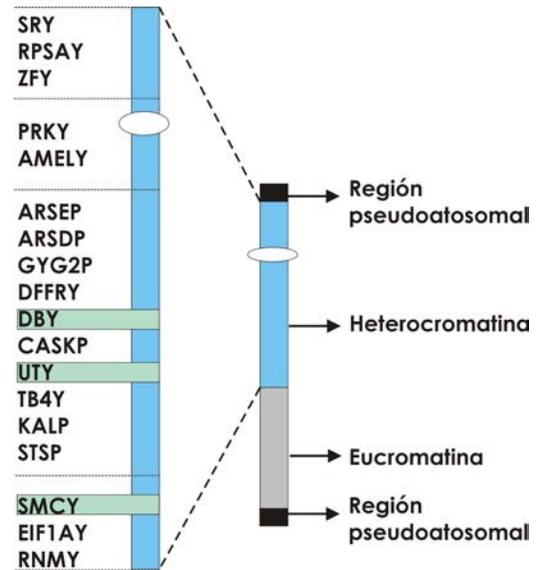
Condiciones de PCR para el fragmento P – F según Wilkinson y Chapman (1991): 1x de buffer para PCR, 1.04 mM de MgCl₂ (ver arriba), 0.1 mM de dNTPs, 0.5 mM de cada oligonucleótido, 1U de Taq polimerasa Platinum® (Invitrogen) y 10-100 ng de DNA, con un volumen total de reacción de 25 µL. El programa de PCR fue: un ciclo de desnaturalización de 15 min. a 95° C, seguido de 35 ciclos de 1 min. de desnaturalización a 95° C, 1.5 min. de alineación a 55° C, y 2 min. de extensión a 72° C. Finalmente, un ciclo de extensión de 10 min. a 72°C.

Las secuencias de los oligonucleótidos citados son:

P 5'- TCC TAC CAT CAG CAC CCA AAG C-3'

F 5'- GTT GCT GGT TTC ACG GAG GTA G-3'.

Anexo 3e. Regiones de Cromosoma Y y secuencias de los oligonucleótidos utilizados para amplificar intrones de *Tadarida brasiliensis*.



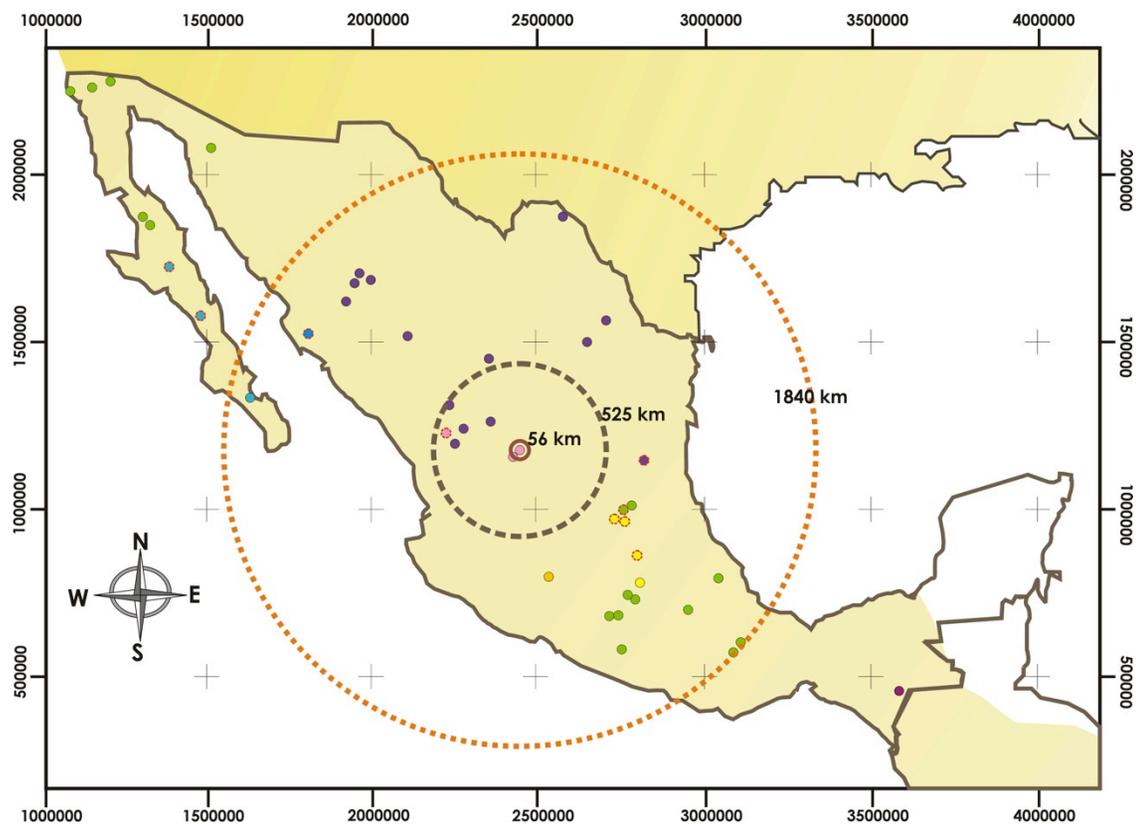
< Cromosoma Y de mamíferos placentarios. Se indican las regiones donde se localizan los intrones amplificados en *Tadarida brasiliensis* (Modificado de Hellborg 2004).

Las secuencias de oligonucleótidos utilizados para amplificar intrones de cromosoma Y (Hellborg y Ellegren 2003) son:

Locus	Oligonucleotido Forward 5' - 3'	Oligonucleotido Reverse 5' - 3'
DBY7	GGT CCA GGA GAR GCT TTG AA	CAG CCA ATT CTC TTG TTG GG
DBY8	CCC CAA CAA GAG AAT TGG CT	CAG CAC CAC CAT AKA CTA CA
DBY14	CAA GAA GTG CCT TCT TGG TTG	GGC TCC AAA TCC TCC ACT G
SMCY11	CTG CCC TGY RCC ATG CAT	TCC ACC TGT TSM AGR ACA T
SMCY16	TGG CAG CTG CTG CAG GCT G	TTC TAC TCA GAW CCA CCT TYT G
SMCY17	AAT GAT CTG TGC AAG TGC TC	GTC AAA TGA CTC AGC YCG AAT
UTY11	CAT CAA TTT TGT AYM AAT CCA AAA	TGG TAG AGA AAA GTC CAA GA

Anexo 4. Métodos y Resultados sobre análisis de datos de microsátélites

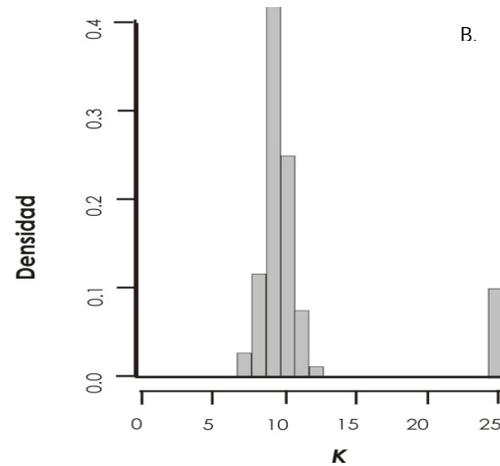
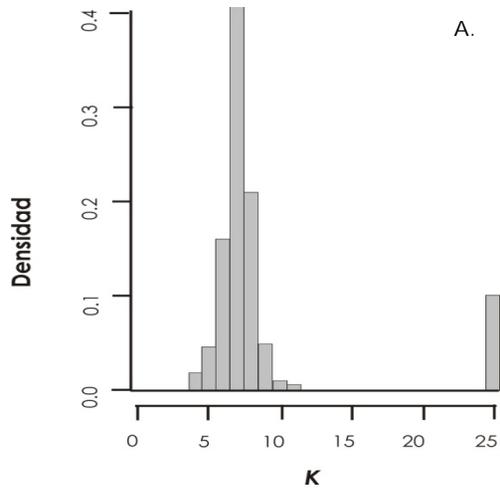
Anexo 4a. Mapa que indica la incertidumbre asociada a las coordenadas en los análisis en Geneland.



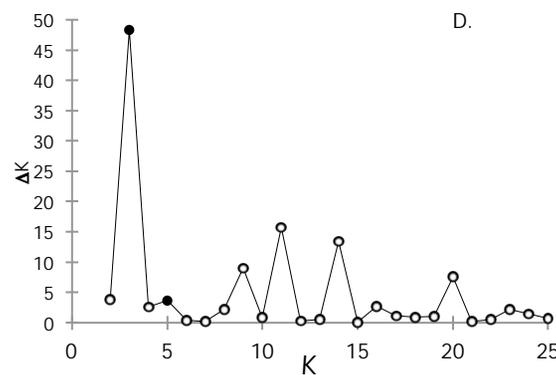
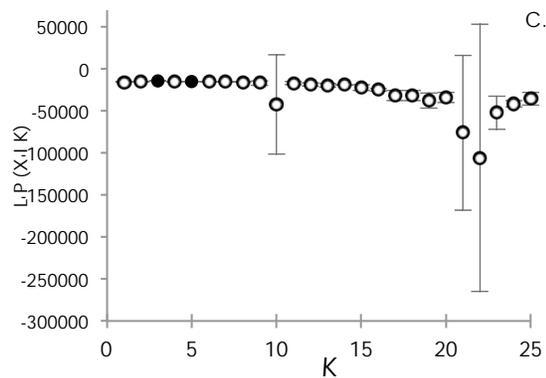
< Radio de incertidumbre (en km) asociada a las coordenadas de cada localidad, utilizada en los análisis de Geneland con datos de microsátélites. Los valores se eligieron según la distancia mínima de vuelo por noche (56km; Best et al. 2003), el rango máximo del ámbito hogareño (525km; Davis 1966) y la distancia máxima reportada que ha recorrido un individuo de *Tadarida brasiliensis* al migrar (1840km; Glass 1982).

Anexo 4b. Comparación del número estimado de grupos genéticos con los datos de microsatélites a partir de los análisis de Geneland y Structure.

Geneland



Structure

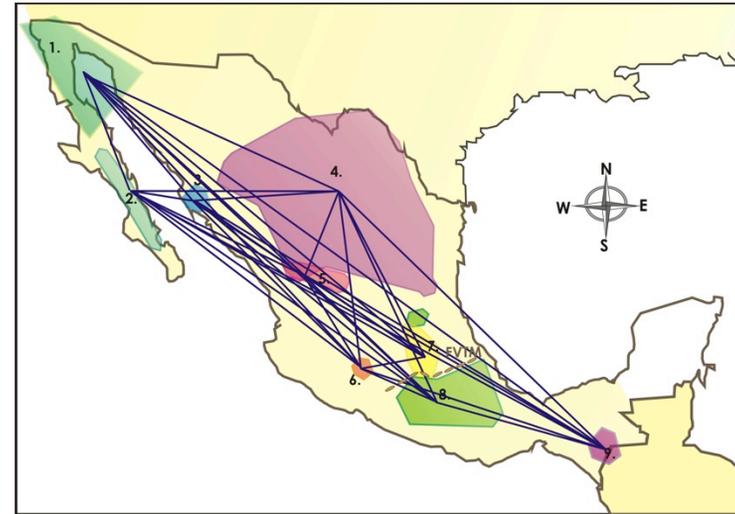


< A. Distribución de la densidad posterior del \hat{K} estimado en 10 de 20 corridas independientes en Geneland ($\hat{K}=7$). B. Distribución de la densidad posterior del \hat{K} con mayor congruencia biológica estimado en 4 de 20 corridas independientes en Geneland ($\hat{K}=9$). C. Estimaciones en Structure para la media (\pm DE) de la probabilidad logarítmica posterior de determinados grupos genéticos ($L P(X | K)$, desde $K=1$ hasta $K=25$, con 10 corridas independientes para cada valor de K). D. Estimación del valor real de grupos genéticos (ΔK) a partir de los resultados de Structure según Evanno et al. (2005). Los dos valores con el mayor valor de $L P(X | K)$ y ΔK se encuentran resaltados ($K=3$ y $K=5$).

Anexo 4c. Escenarios de migración entre los grupos genéticos con datos de microsatélites.

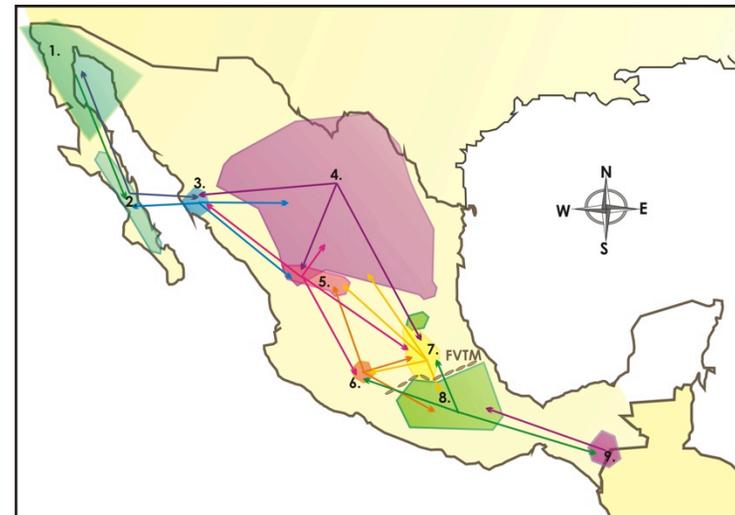
1). Migración desde y hacia todos los grupos

ORIGEN	DESTINO								
	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1. BCN	⊕	*	*	*	*	*	*	*	*
2. BCS	*	⊕	*	*	*	*	*	*	*
3. Sinaloa	*	*	⊕	*	*	*	*	*	*
4. Norte	*	*	*	⊕	*	*	*	*	*
5. NorOeste	*	*	*	*	⊕	*	*	*	*
6. SurOeste	*	*	*	*	*	⊕	*	*	*
7. Centro	*	*	*	*	*	*	⊕	*	*
8. CentroSur	*	*	*	*	*	*	*	⊕	*
9. Sur	*	*	*	*	*	*	*	*	⊕



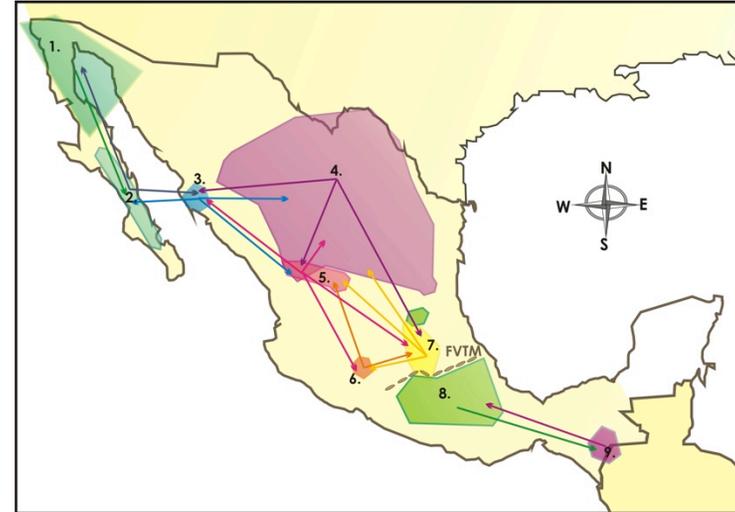
2). Migración sólo entre grupos vecinos

ORIGEN	DESTINO								
	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1. BCN	⊕	*							
2. BCS	*	⊕	*						
3. Sinaloa		*	⊕	*	*				
4. Norte			*	⊕	*		*		
5. NorOeste			*	*	⊕	*	*		
6. SurOeste					*	⊕	*	*	
7. Centro				*	*	*	⊕	*	
8. CentroSur						*	*	⊕	*
9. Sur								*	⊕



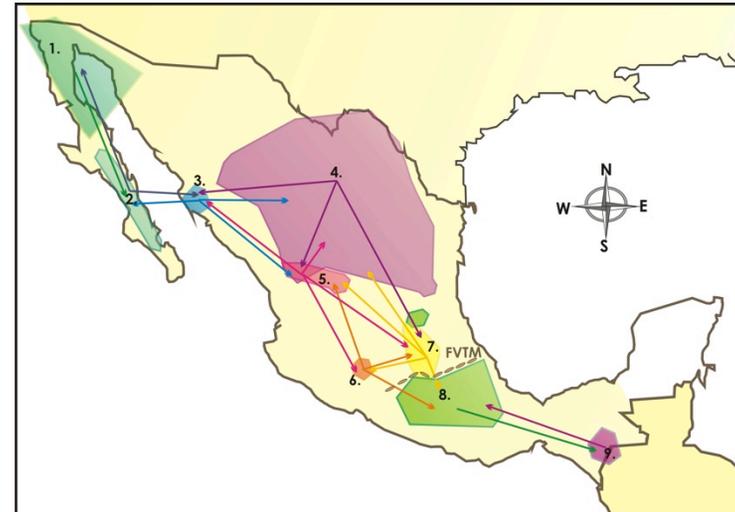
3). Migración sólo entre grupos vecinos pero no atraviesan la FVTM

ORIGEN	DESTINO									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
1. BCN	⊕	*								
2. BCS	*	⊕	*							
3. Sinaloa		*	⊕	*	*					
4. Norte			*	⊕	*		*			
5. NorOeste			*	*	⊕	*	*			
6. SurOeste					*	⊕	*			
7. Centro				*	*	*	⊕			
8. CentroSur								⊕	*	
9. Sur								*	⊕	



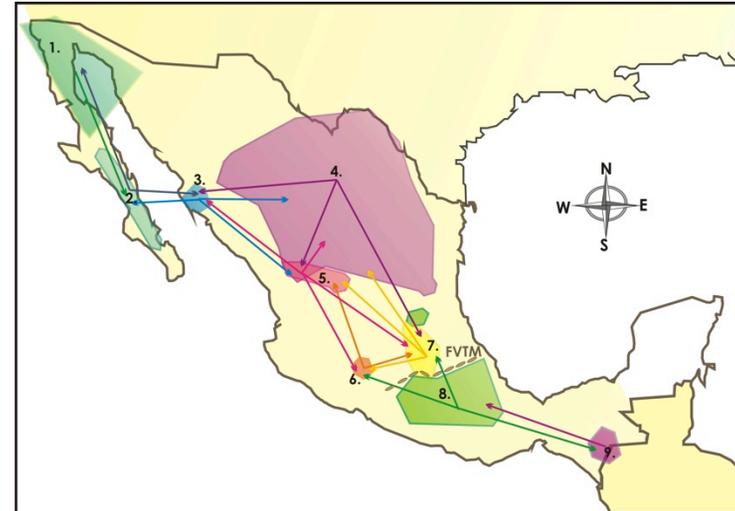
4). Migración sólo entre grupos vecinos con migración del Norte al Sur atravesando la FVTM y sin migración en sentido opuesto

ORIGEN	DESTINO									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
1. BCN	⊕	*								
2. BCS	*	⊕	*							
3. Sinaloa		*	⊕	*	*					
4. Norte			*	⊕	*		*			
5. NorOeste			*	*	⊕	*	*			
6. SurOeste					*	⊕	*	*		
7. Centro				*	*	*	⊕	*		
8. CentroSur								⊕	*	
9. Sur								*	⊕	



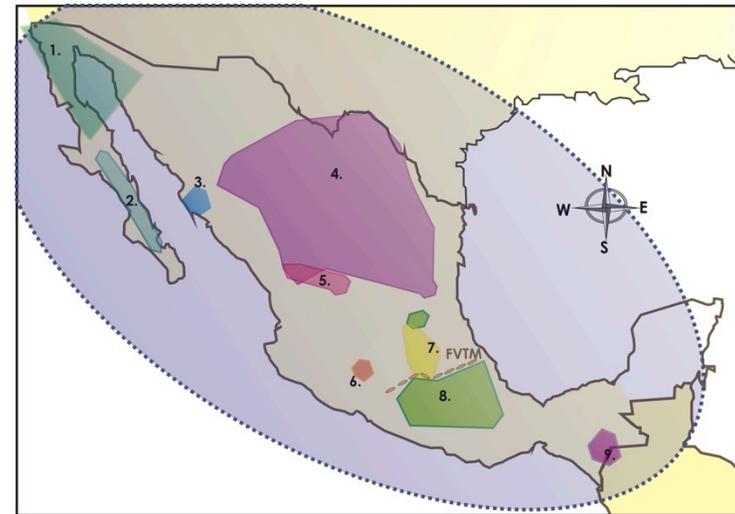
5). Migración sólo entre grupos vecinos con migración de Sur a Norte atravesando la FVTM y sin migración en sentido opuesto

ORIGEN	DESTINO									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
1. BCN	⊕	*								
2. BCS	*	⊕	*							
3. Sinaloa		*	⊕	*	*					
4. Norte			*	⊕	*		*			
5. NorOeste			*	*	⊕	*	*			
6. SurOeste					*	⊕	*			
7. Centro				*	*	*	⊕			
8. CentroSur						*	*	⊕	*	
9. Sur								*	⊕	



6). Todos los grupos con parte de una población panmíctica

ORIGEN	DESTINO								
	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1. BCN	⊕	*	*	*	*	*	*	*	*
2. BCS	*	⊕	*	*	*	*	*	*	*
3. Sinaloa	*	*	⊕	*	*	*	*	*	*
4. Norte	*	*	*	⊕	*	*	*	*	*
5. NorOeste	*	*	*	*	⊕	*	*	*	*
6. SurOeste	*	*	*	*	*	⊕	*	*	*
7. Centro	*	*	*	*	*	*	⊕	*	*
8. CentroSur	*	*	*	*	*	*	*	⊕	*
9. Sur	*	*	*	*	*	*	*	*	⊕



Anexo 4d. Número total de alelos y número de alelos privados por locus y por grupo genético con los datos de microsatélites. N: número de individuos, Na: número total de alelos, pa: alelos privados.

Locus	N	239		BCN		BCS		Sinaloa		Norte		NorOeste		Centro		CentroSur		SurOeste		Sur	
		Na	pa	Na	pa	Na	pa	Na	pa	Na	pa	Na	pa	Na	pa	Na	pa	Na	pa	Na	pa
A10	81	30	14	2	6		23	1	30	1	20	7	41	5	35	1	29	13	18		
A30	62	22	15	1	12	1	18		30	1	15	4	31	4	29	5	17	4	22	2	
D10	30	13	6		9	6	10		16	4	11	1	14	2	12		6		10		
D15	44	15	12	1	5		17	2	25		11	1	29	6	18		17	5	17		
E9	82	19	15	1	13	1	19		50	2	17	1	44	7	35	4	22	1	27	2	
H2	87	21	20	2	9		14		41	4	17	1	43	7	23		37	7	22		
H3	53	38	9	5	14	1	18	1	38	5	13	2	30	6	22		5	17	22	1	
H6	53	13	11	1	7	2	13	1	20	5	17	1	28		23		7		13	3	
H12	75	23	18	2	10		17	1	43	3	13	6	37	5	20	5	29	1	22		
Total	567	194	120	15	85	11	149	6	293	25	134	24	297	42	217	15	169	48	173	8	

Anexo 4e. Diversidad genética promedio de todos los grupos genéticos por cada locus para los datos de microsatélites. Na: número total de alelos, A: riqueza alélica (estimada para 7 individuos, el número mínimo de muestra en un grupo genético). H_o y H_E : Heterocigosis observada y esperada calculadas según Levene (1949). H_{T_est} : Diversidad genética calculada según Nei (1978). \bar{N} : media armónica.

Locus	Na	A	H_o	H_E	H_{T_est}
A10	81	11.996	0.819	0.975	0.974
A30	62	11.728	0.925	0.971	0.970
D10	30	7.118	0.805	0.857	0.883
D15	44	9.906	0.910	0.940	0.932
E9	82	12.431	0.875	0.981	0.978
H2	87	11.748	0.905	0.971	0.972
H3	53	11.181	0.705	0.962	0.959
H6	53	9.680	0.777	0.934	0.930
H12	75	11.991	0.857	0.974	0.971
\bar{N}	56	10.566	0.836	0.950	0.951

Anexo 4f. Frecuencias de loci con alelos nulos y valores de F_{ST} corregidos para los datos de microsatélites. Las frecuencias fueron calculadas utilizando el algoritmo EM propuesto por Dempster et al. (1977). Los valores de F_{ST} fueron calculados según Weir y Crockerham (1984) y después fueron recalculados (F_{ST-ENA}) utilizando la corrección de ENA descrita en Chapuis y Estoup (2007).

	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	Centro	CentroSur	SurOeste	Sur	F_{ST-ENA}
A10	0	0	0.107	0.111	0.056	0.073	0.154	0	0.040	0.019
A30	0	0	0.028	0.024	0	0	0	0	0.015	0.014
D10	0	0.171	0.015	0.023	0.167	0.052	0.012	0	0	0.016
D15	0	0.065	0	0.026	0	0	0	0	0	0.014
E9	0	0	0.063	0.033	0.093	0.030	0.110	0.058	0	0.011
H2	0	0	0	0	0.143	0.011	0.101	0	0	0.012
H3	0.040	0	0.121	0.062	0.127	0.066	0.125	0.280	0.060	0.043
H6	0.068	0	0.100	0.015	0.030	0.090	0.009	0.167	0	0.067
H12	0	0	0.013	0.051	0.067	0.006	0.031	0	0.058	0.022

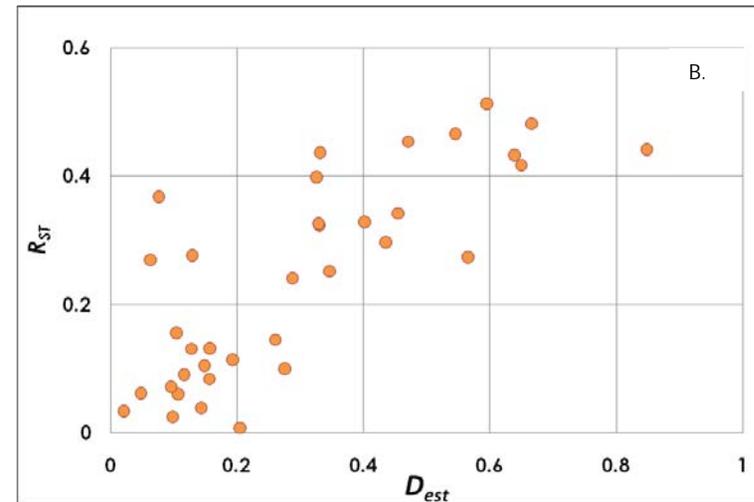
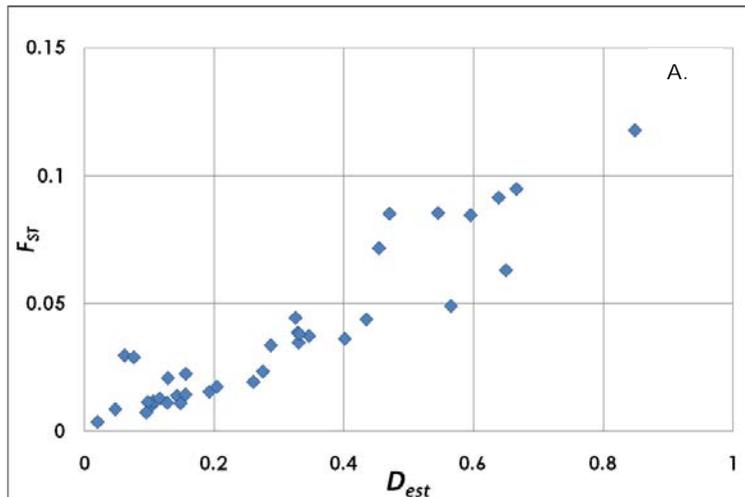
Anexo 4g. Valores de F_{IS} , equilibrio de Hardy-Weinberg y exceso de heterocigotos por locus y por grupo genético con los datos de microsatélites. Los valores de F_{IS} fueron estimados según Weir y Crockerham (1984). HW: está en equilibrio de Hardy-Weinberg ($q < 0.001$). eHet: exceso de heterocigotos (** $q < 0.01$, * $q < 0.05$). Los valores de q son los valores de p corregidos con la prueba de FDR.

	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	Centro	CentroSur	SurOeste	Sur
A10	-0.048 HW	0.130 HW	0.241 HW	0.230 eHet**	0.160 HW	0.330 eHet**	-0.037 eHet**	0.164 HW	0.076 HW
A30	-0.038 HW	0.133 HW	0.147 HW	0.062 HW	0.040 HW	-0.002 HW	-0.074 HW	0.012 HW	0.047 HW
D10	-0.075 HW	0.415 HW	-0.002 HW	-0.013 HW	0.369 HW	0.046 HW	-0.187 HW	0.086 HW	-0.099 HW
D15	0.005 HW	0.273 HW	-0.057 HW	0.054 HW	-0.008 HW	-0.042 HW	-0.076 HW	-0.024 HW	-0.064 HW
E9	-0.053 HW	-0.012 HW	0.156 HW	0.077 eHet**	0.236 HW	0.257 HW	0.121 eHet**	0.075 HW	0.017 HW
H2	-0.009 HW	-0.077 HW	0.058 HW	-0.005 HW	0.323 HW	0.233 HW	-0.012 eHet**	0.049 HW	-0.048 HW
H3	0.135 HW	0.000 HW	0.287 eHet**	0.131 HW	0.299 HW	0.278 HW	0.786 eHet**	0.162 eHet**	0.136 HW
H6	0.243 HW	-0.183 HW	0.187 HW	-0.004 HW	0.130 HW	0.031 eHet**	0.518 HW	0.165 HW	-0.066 HW
H12	0.078 HW	0.111 HW	0.126 HW	0.116 eHet**	0.175 HW	0.056 HW	0.009 eHet*	0.019 HW	0.208 eHe

Anexo 4h. Desequilibrio de ligamiento para cada par de loci (Prueba de Fisher) con los datos de microsatélites. Debajo de la diagonal, valor de x^2 , arriba de la diagonal, valor de q y (g.l.). Los valores significativos están en negritas ($q < 0.001$). Los valores de q son los valores de p corregidos con la prueba de FDR.

	A10	A30	D10	D15	E9	H2	H3	H6	H12
A10	-	0.819 (10)	0.819 (12)	$q < 0.001$ (14)	0.819 (10)	0.819 (6)	$q < 0.001$ (12)	0.819 (14)	0.819 (8)
A30	9.63	-	0.819 (12)	0.819 (14)	0.819 (12)	$q < 0.001$ (8)	$q < 0.001$ (12)	0.819 (14)	0.819 (10)
D10	1.69	4.32	-	0.819 (14)	$q < 0.001$ (12)	0.819 (8)	0.663 (14)	0.819 (14)	0.819 (8)
D15	inf.	2.97	10.60	-	$q < 0.001$ (12)	0.819 (8)	$q < 0.001$ (14)	0.819 (18)	0.819 (10)
E9	0.00	0.00	inf.	inf.	-	0.819 (8)	0.819 (12)	0.819 (12)	0.819 (8)
H2	3.20	inf.	3.52	8.06	9.55	-	0.819 (8)	$q < 0.001$ (8)	0.819 (6)
H3	inf.	inf.	18.10	inf.	0.62	5.92	-	0.819 (14)	0.819 (8)
H6	5.83	11.65	14.15	14.82	1.81	inf.	9.38	-	0.819 (10)
H12	0.00	7.44	1.17	0	0	0	4.64	6.21	-

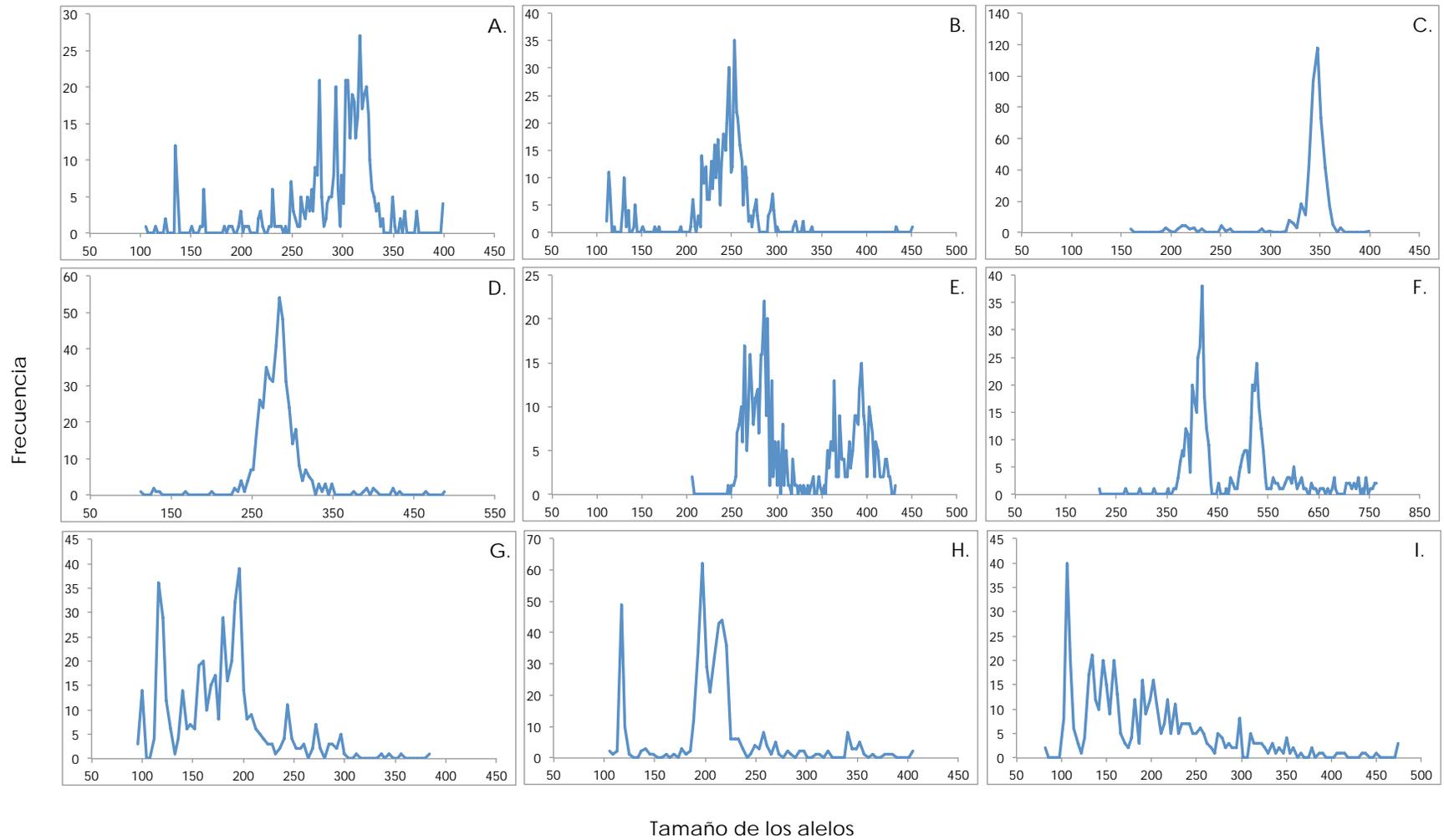
Anexo 4i. Correlación entre los índices de diferenciación calculados a partir de los datos de microsatélites. A. Correlación entre F_{ST} (Wright 1951) y D_{est} (Jost 2008), $r=0.9282$ y $p < 0.001$. B. Correlación entre R_{ST} (Slatkin 1995) y D_{est} , $r=0.7851$ y $p < 0.001$.



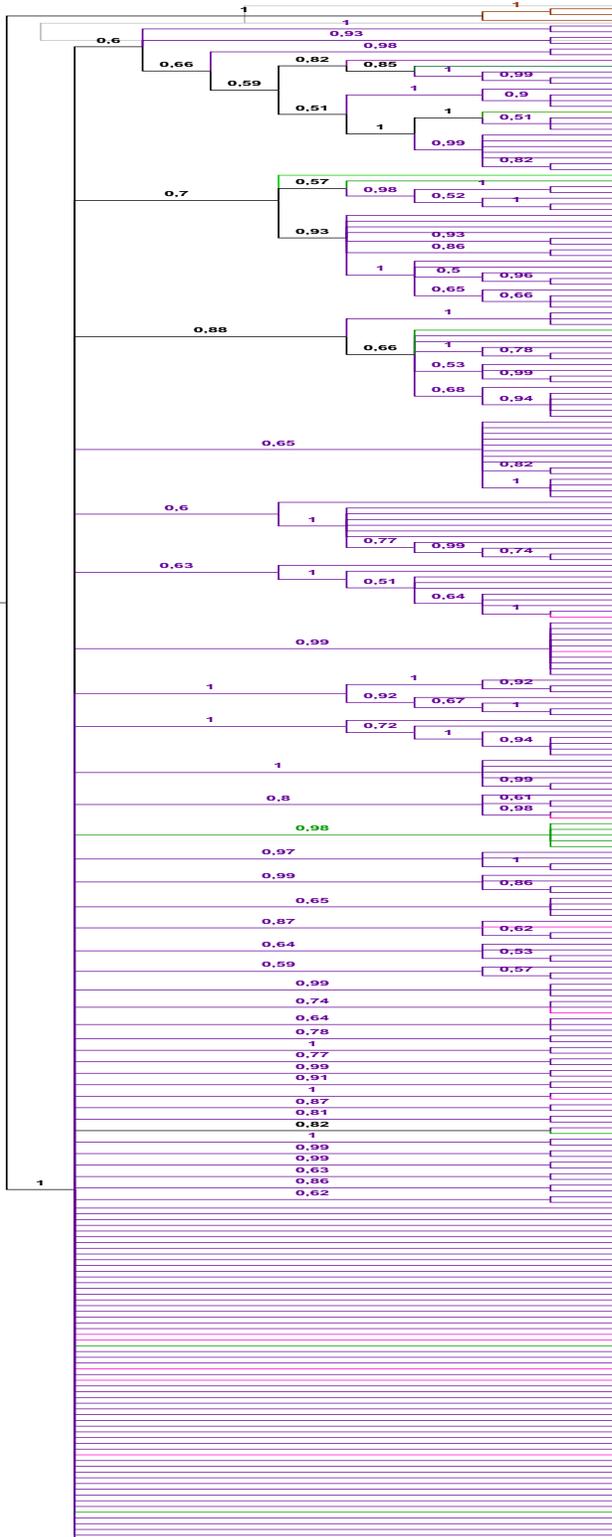
Anexo 4j: Índices de diferenciación genética promedio de todos los grupos genéticos por cada locus. F_{IS} , F_{ST} y F_{IT} : Índices de fijación estimados según Weir y Crockerham (1984). G_{ST_est} =Diferenciación genética según Nei y Chesser (1983). G'_{ST_est} = Diferenciación genética según Hedrick (2005). ΔS = Componente de diversidad entre grupos genéticos o número efectivo de grupos genéticos distintos según Jost (2008). D : diferenciación actual según Jost (2008). D_{est} : estimado diferenciación genética actual según Jost (2008) con una corrección para tamaños de muestra pequeños. \bar{N} : media armónica.

	F_{IS}	F_{ST}	F_{IT}	G_{ST_est}	G'_{ST_est}	ΔS	D	D_{est}
A10	0.173	0.018	0.187	0.028	0.622	2.997	0.750	0.611
A30	0.032	0.015	0.046	0.016	0.418	2.364	0.649	0.409
D10	0.020	0.016	0.036	0.028	0.222	1.404	0.324	0.200
D15	-0.004	0.015	0.010	0.025	0.316	1.698	0.463	0.299
E9	0.104	0.012	0.115	0.014	0.488	2.806	0.724	0.481
H2	0.050	0.014	0.063	0.016	0.446	2.460	0.668	0.437
H3	0.216	0.062	0.265	0.065	0.718	3.096	0.762	0.698
H6	0.081	0.082	0.156	0.085	0.642	2.452	0.666	0.609
H12	0.089	0.023	0.110	0.027	0.570	2.730	0.713	0.559
Todos los loci	0.085	0.028	0.111	0.034	0.494	2.445	0.635	\bar{N} = 0.430

Anexo 4k. Distribución de las frecuencias de los loci de microsatélites. A. Locus A10. B. Locus A30. C. Locus D10. D. Locus D15. E. Locus E9. F. Locus H2. G. Locus H3. H. Locus H6. I. Locus H12.



Anexo 5. Métodos y Resultados sobre análisis de datos de D-loop

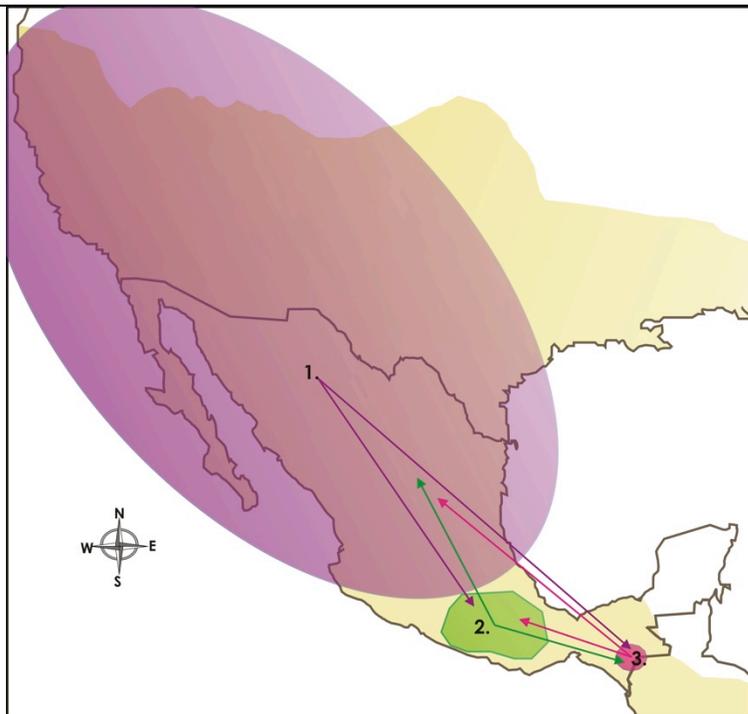


< Anexo 5a. Árbol consenso de mayoría del 50% producto del análisis filogenético Bayesiano. Se construyó con base en 180,000 árboles. En café se indican los taxa utilizados como grupo externo que corresponden a ejemplares de *T. b. brasiliensis* de Sudamérica. Los grupos detectados por SAMOVA se indican en diferentes colores: NORTE (Mex y EAU) = Morado, CentroSur=Verde y Sur=Rosa. Los números entre las ramas indican la probabilidad posterior de los clados.

Anexo 5b. Modelos de migración entre los grupos genéticos con datos de D-loop.

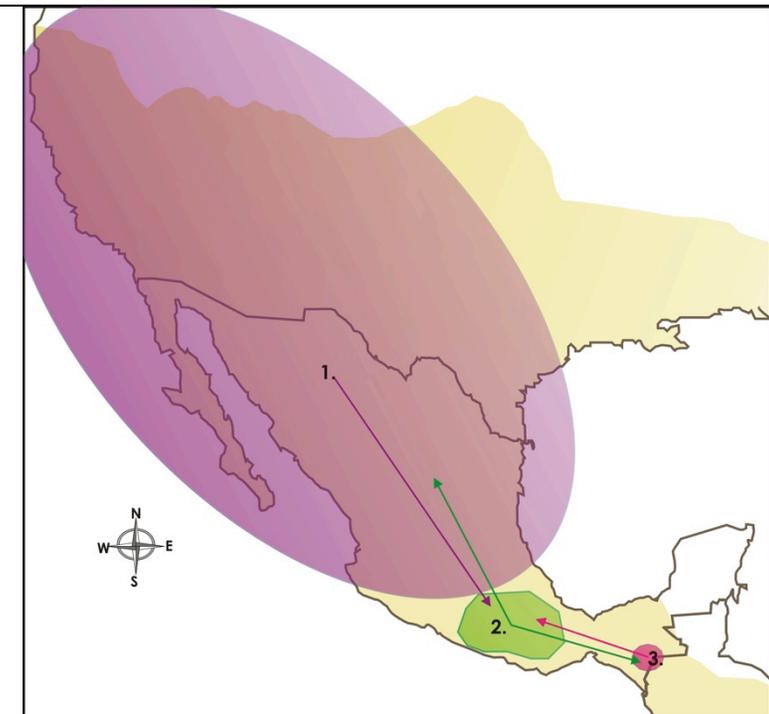
1. Migración desde y hacia todos los grupos

		DESTINO		
		NORTE	CentroSur	Sur
		(Mex y EUA)		
ORIGEN	1. NORTE (Mex y EUA)	⊕	*	*
	2. CentroSur	*	⊕	*
	3. Sur	*	*	⊕



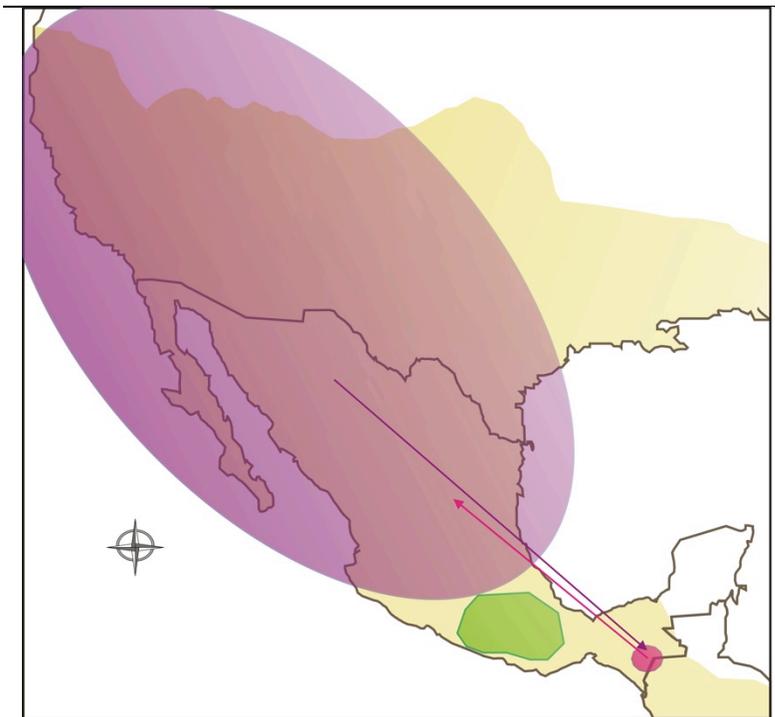
2. Migración sólo entre grupos vecinos

		DESTINO		
		NORTE	CentroSur	Sur
		(Mex y EUA)		
ORIGEN	1. NORTE (Mex y EUA)	⊕	*	
	2. CentroSur	*	⊕	*
	3. Sur		*	⊕



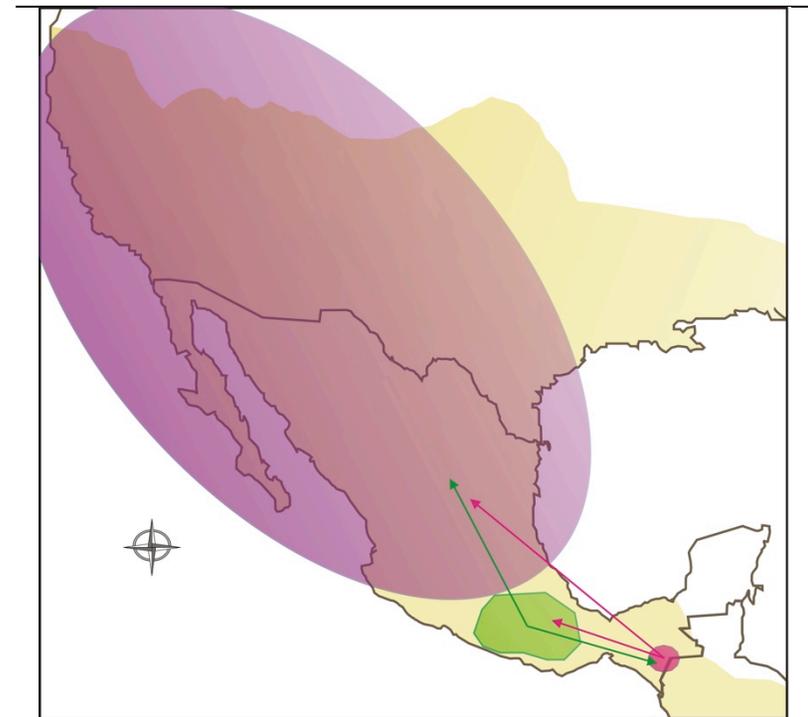
3. Migración sólo entre grupos del NORTE y el Sur

ORIGEN	DESTINO		
	NORTE	CentroSur	Sur
	(Mex y EUA)		
1. NORTE (Mex y EUA)	⊖		*
2. CentroSur		⊖	
3. Sur	*		⊖



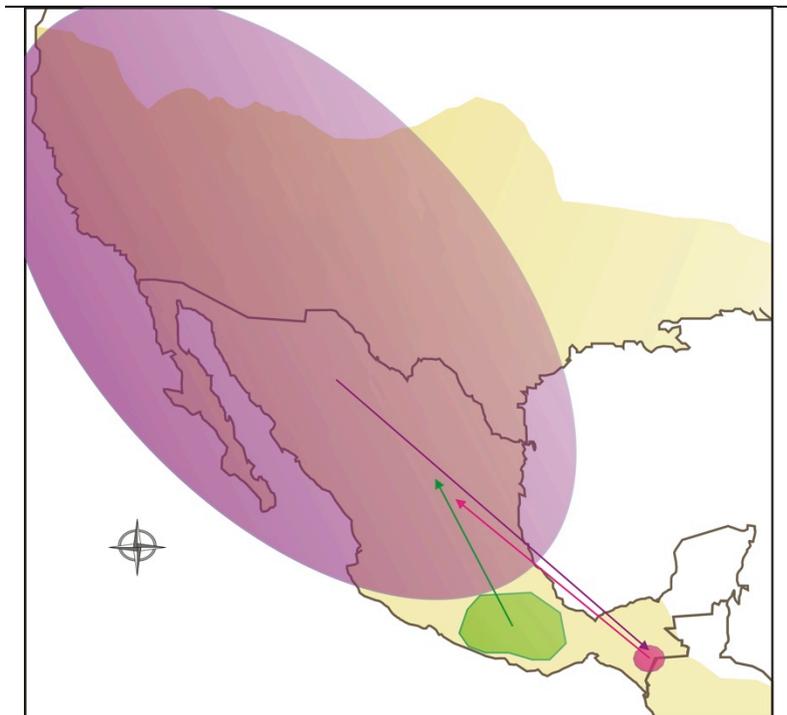
4. Migración desde los grupos CentroSur y Sur hacia el NORTE pero no en sentido opuesto.

ORIGEN	DESTINO		
	NORTE	CentroSur	Sur
	(Mex y EUA)		
1. NORTE (Mex y EUA)	⊖		
2. CentroSur	*	⊖	*
3. Sur	*	*	⊖



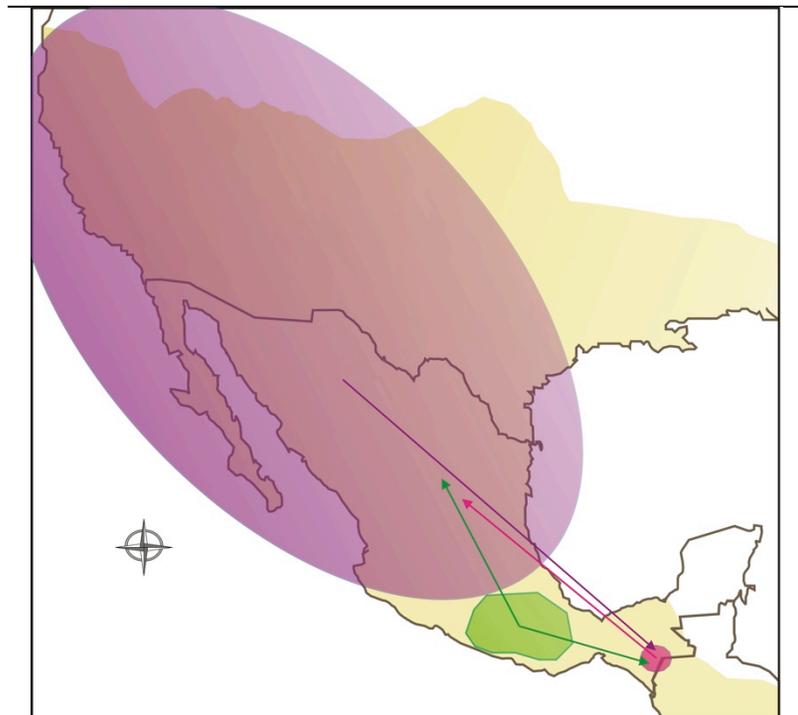
5. Migración desde los grupos Sur y CentroSur hacia el Norte, y desde el Norte hacia el Sur.

ORIGEN	DESTINO		
	NORTE	CentroSur	Sur
	(Mex y EUA)		
1. NORTE (Mex y EUA)	⊕		*
2. CentroSur	*	⊕	
3. Sur	*		⊕



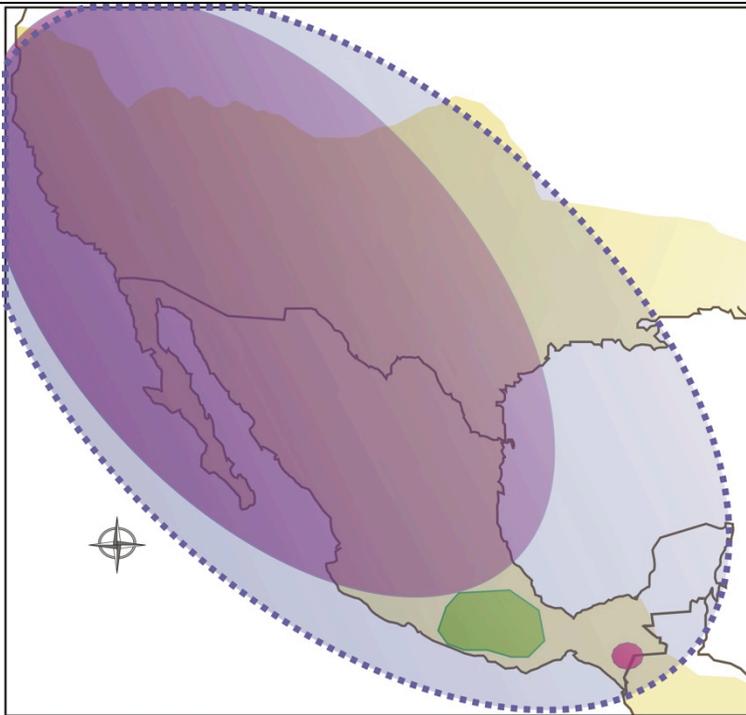
6. Sin migración del NORTE al CentroSur

ORIGEN	DESTINO		
	NORTE	CentroSur	Sur
	(Mex y EUA)		
1. NORTE (Mex y EUA)	⊕		*
2. CentroSur	*	⊕	*
3. Sur	*		⊕



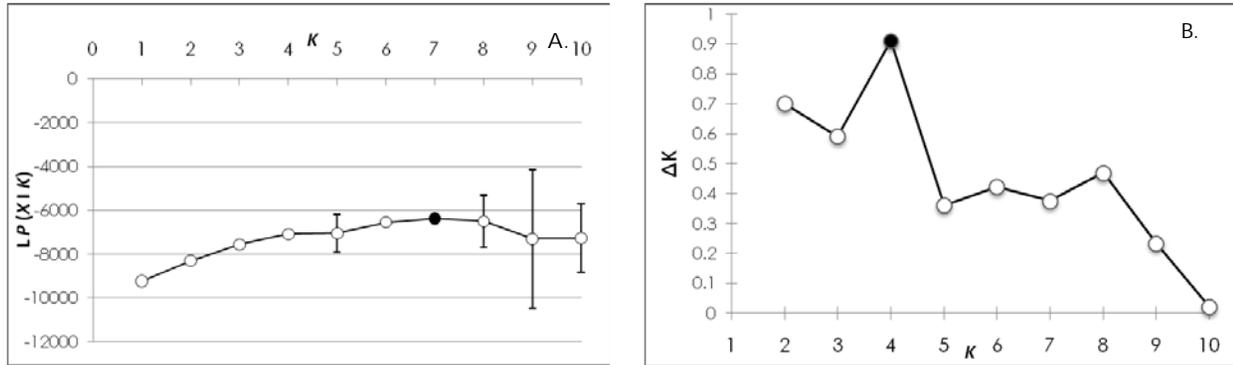
7. Población panmictica

		DESTINO		
		NORTE	CentroSur	Sur
		(Mex y EUA)		
ORIGEN	1. NORTE (Mex y EUA)	⊖	*	*
	2. CentroSur	*	⊖	*
	3. Sur	*	*	⊖

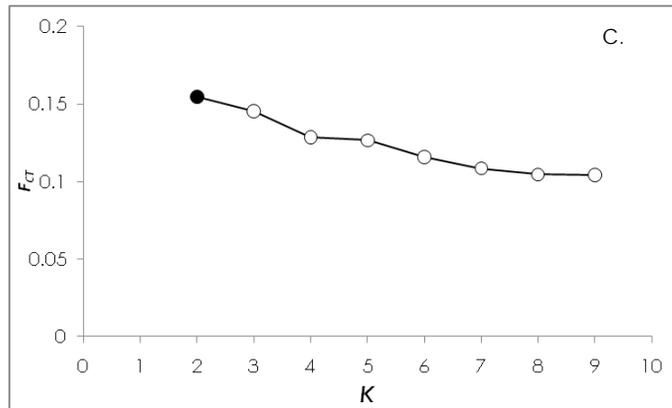


Anexo 5c. Comparación del número estimado de grupos genéticos con los datos de D-loop a partir de los análisis de Structure y SAMOVA.

Structure

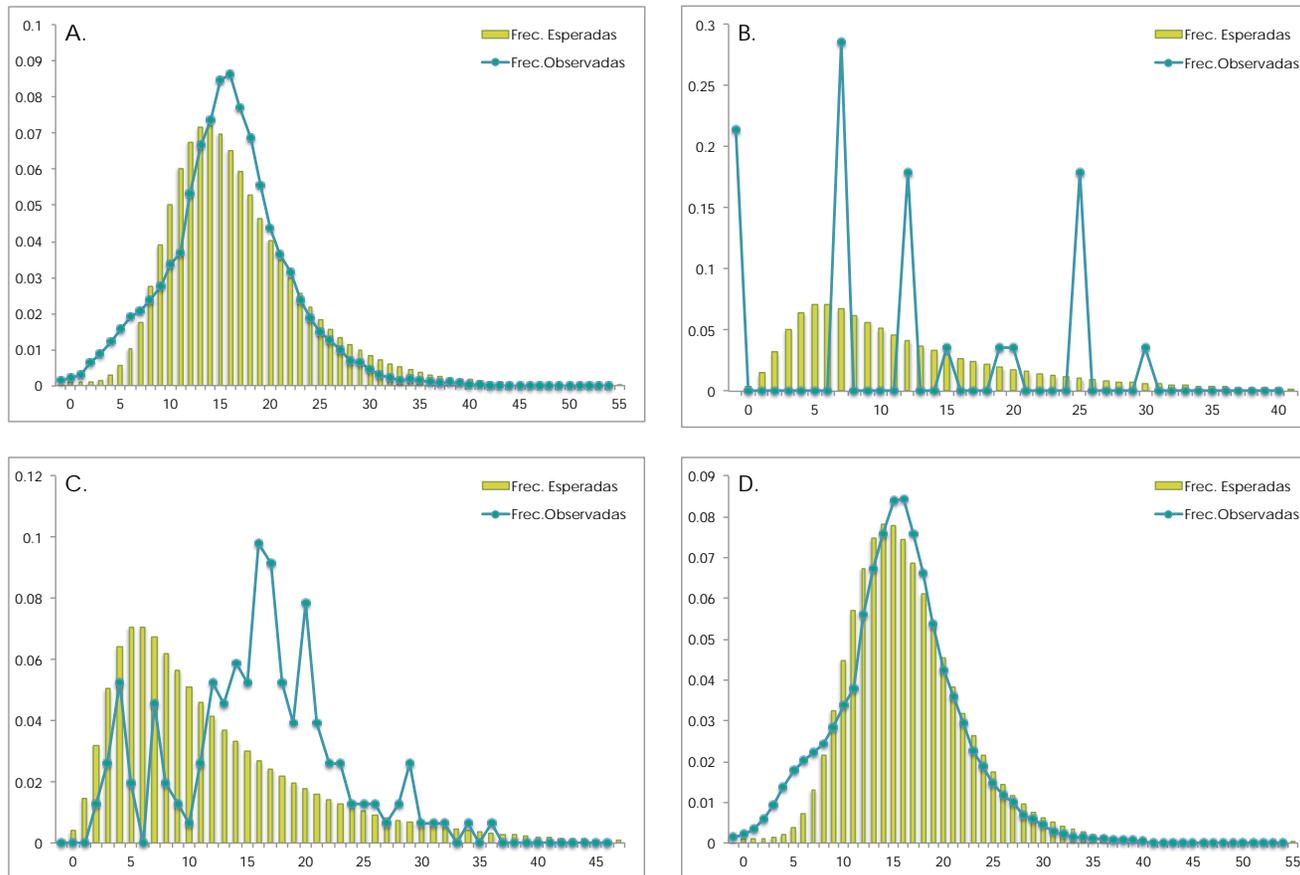


SAMOVA



< A. Media (\pm DE) de la probabilidad logarítmica posterior de (desde K=1 hasta K=10) grupos genéticos estimada en 10 corridas independientes en Structure. B. Estimación del valor real de grupos genéticos (ΔK) a partir de los resultados de Structure según Evanno et al. (2005). Los valores el mayor valor de L P (X | K) y ΔK se encuentran resaltados (K=7 y K=4). C. Valores de F_{CT} estimados con SAMOVA (desde K=2 hasta K=10). El mayor valor se encuentra resaltado (K=2)

Anexo 5d. Distribución Mismatch para los grupos SAMOVA basada en un modelo de crecimiento exponencial de población.



A. Grupo NORTE (Mex y EUA). B. Grupo CentroSur. C. Grupo Sur. D. Norteamérica (todos los grupos).

Anexo 6. Resultados sobre análisis morfométricos

Anexo 6a. Diferencias morfométricas entre subespecies de *Tadarida brasiliensis* que habitan en Norteamérica (*T. b. cynocephala*, *T. b. mexicana* y *T. b. intermedia*). Se indica el valor de los cinco primeros factores (PC) extraídos de la matriz de correlación del PCA de 25 caracteres craneodentales.

	PC 1	PC 2	PC 3	PC 4	PC 5
GLS	-0.26	-0.24	-0.17	-0.01	-0.08
CON INIC	-0.25	-0.20	-0.18	0.02	0.03
CCL	-0.26	-0.28	-0.21	-0.03	-0.05
C-C LAB	-0.24	0.22	0.13	-0.09	0.18
I-I	-0.14	0.11	0.04	0.04	0.48
ROST LEN	-0.14	-0.22	-0.35	-0.17	0.08
MTR	-0.14	-0.26	0.16	-0.49	-0.13
UP P4-M3	-0.07	-0.44	0.10	-0.04	0.47
LAC	-0.25	0.05	0.12	0.05	0.03
POST ORB	-0.18	0.20	-0.05	-0.18	-0.23
ZYGO BR	-0.24	0.06	-0.04	0.07	-0.13
MASTOID	-0.24	0.20	-0.09	0.06	-0.05
BR CASE	-0.22	0.25	-0.05	-0.05	0.11
C-C	-0.19	0.26	-0.05	-0.17	0.23
M3-M3	-0.15	0.32	-0.20	-0.20	0.24
M1 WIDTH	-0.17	0.13	0.36	0.01	-0.04
M3 WIDTH	-0.10	-0.23	0.41	0.31	0.13
DENT LEN	-0.28	-0.10	0.08	0.03	-0.17
LOWER TR	-0.22	-0.16	0.10	-0.26	0.02
MOM1 COR	-0.24	-0.04	-0.12	0.21	-0.24
MOM2 ANG	-0.20	-0.01	0.08	0.14	-0.25
CORO HT	-0.23	0.13	-0.03	0.14	-0.09
DENT THIC	-0.14	-0.02	0.01	0.24	0.32
m1 WIDTH	-0.11	0.03	0.57	-0.21	-0.12
CONDY L	-0.16	-0.01	-0.02	0.50	-0.02
Eigenvalor	8.61	1.46	1.41	1.27	1.09
D.E.	2.93	1.21	1.19	1.13	1.04
Proporción de variación	34.4%	5.8%	5.7%	5.1%	4.4%
Proporción acumulada	34.4%	40.3%	45.9%	51.0%	55.4%

Anexo 6b. Diferencias morfométricas entre todos los ejemplares de *T. b. mexicana* y *T. b. intermedia*. Se indica el valor de los cinco primeros factores (PC) extraídos de la matriz de correlación del PCA de 25 caracteres craneodentales.

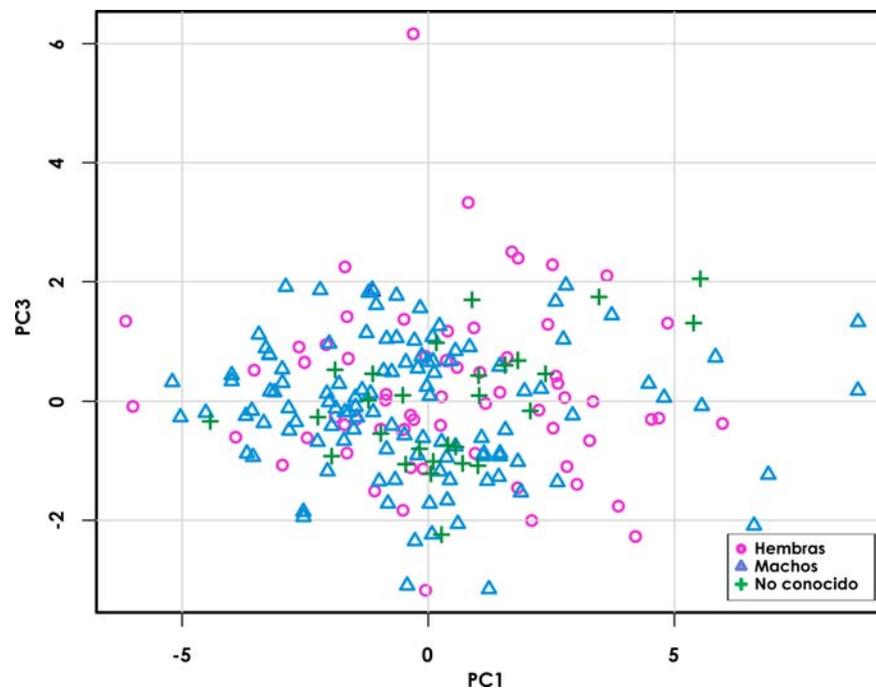
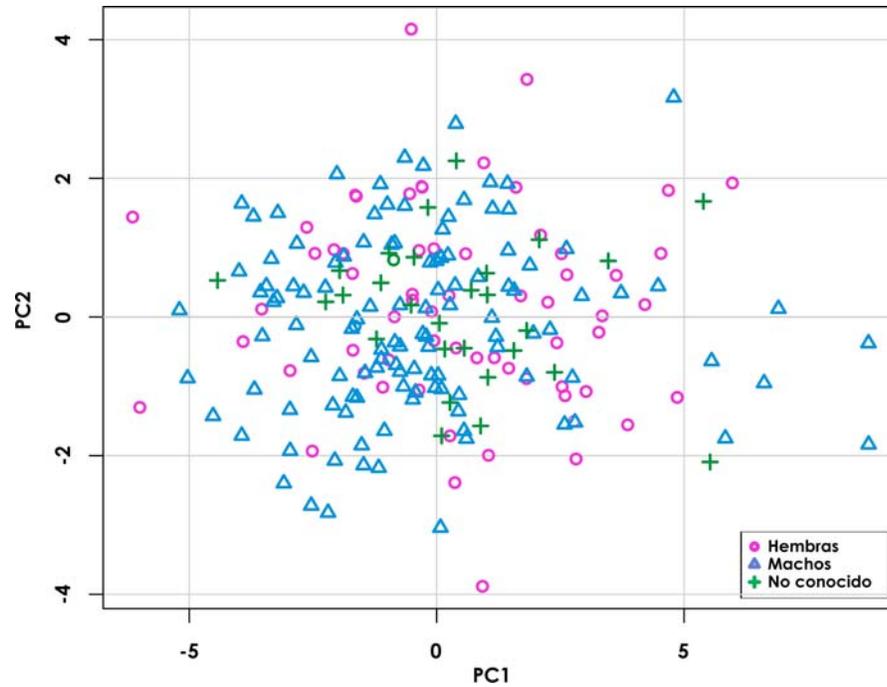
	PC 1	PC 2	PC 3	PC 4	PC 5
GLS	-0.30	0.03	-0.13	0.23	0.12
CON INIC	-0.30	0.09	-0.09	0.13	0.00
CCL	-0.31	0.06	-0.18	0.23	0.04
C-C LAB	-0.22	0.07	0.01	-0.39	-0.06
I-I	-0.13	0.19	0.05	-0.11	0.37
ROST LEN	-0.13	0.27	-0.27	0.26	0.20
MTR	-0.14	-0.18	-0.47	-0.08	0.15
UP P4-M3	-0.10	-0.12	-0.27	0.05	0.16
LAC	-0.25	-0.05	0.12	-0.18	-0.04
POST ORB	-0.13	0.06	-0.03	-0.07	-0.21
ZYGO BR	-0.23	-0.04	0.08	0.10	-0.45
MASTOID	-0.21	0.16	0.18	-0.01	0.06
BR CASE	-0.16	0.23	0.10	-0.27	0.46
C-C	-0.17	0.27	-0.08	-0.37	-0.19
M3-M3	-0.12	0.39	-0.05	-0.28	-0.16
M1 WIDTH	-0.13	-0.32	0.10	-0.19	0.03
M3 WIDTH	-0.14	-0.35	0.22	-0.11	0.26
DENT LEN	-0.29	-0.22	-0.04	0.12	0.04
LOWER TR	-0.21	-0.13	-0.35	0.00	-0.16
MOM1 COR	-0.24	-0.05	0.17	0.24	-0.11
MOM2 ANG	-0.22	-0.11	0.20	0.03	-0.16
CORO HT	-0.20	0.00	0.18	0.04	-0.17
DENT THIC	-0.14	0.12	0.19	0.00	0.03
m1 WIDTH	-0.08	-0.44	-0.11	-0.37	0.05
CONDY L	-0.16	-0.04	0.40	0.21	0.24
Eigenvalor	6.46	1.64	1.45	1.40	1.22
D.E.	2.54	1.28	1.20	1.18	1.10
Proporcion de variación	25.8%	6.6%	5.8%	5.6%	4.9%
Proporción acumulada	25.8%	32.4%	38.2%	43.8%	48.7%

Anexo 6c. Diferencias morfométricas de ejemplares colectados en México de las subespecies *T. b. mexicana* y *T. b. intermedia*. Se indica el valor de los cinco primeros factores (PC) extraídos de la matriz de correlación del PCA de 25 caracteres craneodentales.

	PC 1	PC 2	PC 3	PC 4	PC 5
GLS	-0.21	-0.09	0.06	-0.24	0.11
CON INIC	-0.14	-0.12	0.43	0.04	0.22
CCL	-0.11	0.37	0.09	-0.38	-0.05
C-C LAB	-0.33	0.00	-0.08	-0.12	-0.14
I-I	-0.29	-0.11	-0.03	-0.20	-0.11
ROST LEN	-0.15	-0.13	-0.40	0.26	-0.02
MTR	-0.16	-0.22	0.01	0.02	-0.03
UP P4-M3	-0.30	0.19	-0.13	-0.05	0.11
LAC	-0.32	0.02	-0.05	-0.08	-0.16
POST ORB	-0.14	-0.09	0.28	0.19	-0.38
ZYGO BR	-0.21	0.05	0.21	0.30	0.14
MASTOID	-0.09	-0.28	0.35	-0.07	0.15
BR CASE	-0.20	-0.21	-0.05	-0.20	0.13
C-C	-0.23	-0.07	-0.27	0.12	-0.01
M3-M3	-0.17	0.04	-0.16	0.22	0.07
M1 WIDTH	-0.12	-0.08	-0.08	-0.28	0.46
M3 WIDTH	-0.18	-0.06	-0.09	-0.23	-0.08
DENT LEN	-0.11	0.25	-0.14	0.10	0.41
LOWER TR	-0.07	0.54	0.09	0.05	0.19
MOM1 COR	-0.18	0.24	-0.16	0.31	-0.06
MOM2 ANG	-0.17	-0.10	-0.01	0.19	-0.15
CORO HT	-0.28	-0.22	-0.02	0.08	0.10
DENT THIC	-0.21	0.29	0.17	-0.19	-0.28
m1 WIDTH	-0.18	0.07	0.40	0.32	0.19
CONDY L	-0.12	0.13	0.13	0.02	-0.28
Eigenvalor	6.27	1.78	1.63	1.46	1.38
D.E.	2.50	1.33	1.28	1.21	1.17
Proporción de variación	25.1%	7.1%	6.5%	5.9%	5.5%
Proporción acumulada	25.1%	32.2%	38.7%	44.6%	50.1%

Anexo 6d. Gráficas de diferencias morfométricas entre sexos de las tres subespecies.

Dispersión de los valores de Componentes Principales. Los ejes indican el porcentaje de variación de cada Componente.



Anexo 6e. Medidas registradas para ejemplares de *T. b. cynocephala*. Arriba se indica el promedio y la desviación estándar. Abajo se indica el rango (entre parentesis) y el número de ejemplares medidos.

	Hembras	Machos	Sexo sin determinar	Total
GLS	16.58 ± 0.35 (15.86 - 16.96) 9	16.71 ± 0.30 (15.86 - 17.5) 28	16.97 1	16.69 ± 0.32 (15.86 - 17.5) 38
CON INIC	15.77 ± 0.40 (14.92 - 16.3) 11	16.04 ± 0.31 (15.31 - 16.47) 23	16.18 1	15.96 ± 0.35 (14.92 - 16.47) 35
CCL	14.98 ± 0.39 (14.29 - 15.53) 11	15.28 ± 0.25 (14.8 - 15.73) 29	15.46 1	15.20 ± 0.32 (14.29 - 15.73) 41
POST ORB	4.04 ± 0.12 (3.72 - 4.16) 11	4.09 ± 0.12 (3.89 - 4.32) 30	3.99 1	4.07 ± 0.12 (3.72 - 4.32) 42
BR CASE	8.29 ± 0.20 (7.92 - 8.56) 11	8.45 ± 0.14 (8.13 - 8.72) 30	8.45 1	8.40 ± 0.17 (7.92 - 8.72) 42
ZYGO BR	9.93 ± 0.22 (9.68 - 10.41) 10	10.2 ± 0.22 (9.74 - 10.56) 28	10.30 1	10.1 ± 0.25 (9.68 - 10.56) 39
MASTOID	9.46 ± 0.27 (8.99 - 9.82) 11	9.59 ± 0.19 (9.16 - 10) 27	9.54 1	9.55 ± 0.22 (8.99 - 10) 39
ROST LEN	7.00 ± 0.41 (6.48 - 7.72) 11	7.18 ± 0.29 (6.54 - 7.65) 30	7.08 1	7.13 ± 0.32 (6.48 - 7.72) 42
LAC	5.99 ± 0.12 (5.83 - 6.15) 10	6.15 ± 0.20 (5.79 - 6.5) 30	6.17 1	6.11 ± 0.19 (5.79 - 6.5) 41
I-I	2.35 ± 0.52 (1.95 - 3.87) 11	2.35 ± 0.26 (1.85 - 2.95) 30	2.34 1	2.35 ± 0.34 (1.85 - 3.87) 42
C-C LAB	4.29 ± 0.18 (3.96 - 4.61) 11	4.48 ± 0.16 (4.25 - 4.94) 30	4.43 1	4.43 ± 0.18 (3.96 - 4.94) 42
C-C	3.12 ± 0.11 (2.82 - 3.24) 11	3.07 ± 0.15 (2.62 - 3.27) 30	3.18 1	3.09 ± 0.14 (2.62 - 3.27) 42
M3-M3	3.89 ± 0.18 (3.49 - 4.12) 11	4.02 ± 0.18 (3.47 - 4.42) 30	4.05 1	3.99 ± 0.18 (3.47 - 4.42) 42
MTR	5.97 ± 0.08 (5.79 - 6.13) 11	6.05 ± 0.12 (5.84 - 6.31) 30	5.95 1	6.02 ± 0.11 (5.79 - 6.31) 42
UP P4-M3	4.58 ± 0.11 (4.41 - 4.76) 11	4.62 ± 0.14 (4.25 - 4.93) 24	4.51 1	4.60 ± 0.13 (4.25 - 4.93) 36
M1 WIDTH	1.82 ± 0.08 (1.67 - 1.95) 11	1.86 ± 0.09 (1.7 - 2.03) 23	1.81 1	1.84 ± 0.08 (1.67 - 2.03) 35
M3 WIDTH	1.73 ± 0.06 (1.61 - 1.83) 11	1.75 ± 0.08 (1.62 - 1.91) 30	1.72 1	1.74 ± 0.07 (1.61 - 1.91) 42
LOWER TR	6.57 ± 0.20 (6.27 - 6.89) 11	6.70 ± 0.19 (6.21 - 7) 25	6.58 1	6.66 ± 0.20 (6.21 - 7) 37
DENT LEN	11.9 ± 0.34 (11.22 - 12.35) 10	12.1 ± 0.28 (11.49 - 12.51) 30	12.24 1	12.0 ± 0.30 (11.22 - 12.51) 41
m1 WIDTH	1.22 ± 0.02 (1.19 - 1.26) 11	1.23 ± 0.04 (1.12 - 1.35) 23	1.23 1	1.23 ± 0.04 (1.12 - 1.35) 35
CORO HT	3.38 ± 0.15 (3.16 - 3.69) 11	3.43 ± 0.17 (2.91 - 3.8) 29	3.46 1	3.41 ± 0.16 (2.91 - 3.8) 41
DENT THIC	1.79 ± 0.36 (1.3 - 2.22) 11	1.70 ± 0.22 (1.28 - 2.33) 30	1.78 1	1.72 ± 0.26 (1.28 - 2.33) 42
MOM2 ANG	2.75 ± 0.18 (2.46 - 3.01) 10	2.88 ± 0.13 (2.54 - 3.15) 30	2.70 1	2.84 ± 0.15 (2.46 - 3.15) 41
MOM1 COR	3.16 ± 0.17 (2.79 - 3.39) 11	3.26 ± 0.12 (3.01 - 3.51) 30	3.30 1	3.24 ± 0.14 (2.79 - 3.51) 42
CONDY L	1.16 ± 0.10 (0.97 - 1.33) 11	1.17 ± 0.07 (1.04 - 1.3) 30	1.28 1	1.17 ± 0.08 (0.97 - 1.33) 42

Anexo 6f. Medidas registradas para ejemplares de *T. b. mexicana* del grupo Norte que fueron colectados en USA. Arriba se indica el promedio y la desviación estándar. Abajo se indica el rango (entre parentesis) y el número de ejemplares medidos.

	Hembras	Machos	Sexo sin determinar	Total
GLS	16.28 ± 0.32 (15.73 - 17.11) 30	16.45 ± 0.42 (15.52 - 18.01) 44	16.22 ± 0.45 (15.21 - 16.75) 10	16.36 ± 0.40 (15.21 - 18.01) 84
CON INIC	15.69 ± 0.44 (15.07 - 17.42) 29	15.72 ± 0.53 (13.7 - 16.42) 46	15.61 ± 0.38 (14.71 - 16.12) 10	15.70 ± 0.48 (13.7 - 17.42) 85
CCL	14.99 ± 0.37 (14.45 - 16.36) 30	14.98 ± 0.40 (13.73 - 15.61) 46	14.96 ± 0.29 (14.44 - 15.49) 10	14.98 ± 0.38 (13.73 - 16.36) 86
POST ORB	3.88 ± 0.10 (3.72 - 4.13) 30	3.87 ± 0.11 (3.62 - 4.17) 45	3.89 ± 0.14 (3.57 - 4.05) 10	3.88 ± 0.11 (3.57 - 4.17) 85
BR CASE	8.13 ± 0.31 (7.79 - 9.63) 30	8.10 ± 0.29 (7.7 - 9.6) 43	7.98 ± 0.15 (7.77 - 8.26) 10	8.10 ± 0.29 (7.7 - 9.63) 83
ZYGO BR	9.63 ± 0.42 (8.08 - 10.24) 27	9.70 ± 0.37 (8.08 - 10.16) 40	9.68 ± 0.28 (9.08 - 10.18) 9	9.67 ± 0.38 (8.08 - 10.24) 76
MASTOID	9.18 ± 0.25 (8.68 - 9.82) 28	8.99 ± 1.40 (0.15 - 9.6) 43	9.10 ± 0.25 (8.66 - 9.45) 10	9.07 ± 1.03 (0.15 - 9.82) 81
ROST LEN	6.81 ± 0.39 (5.73 - 7.56) 30	6.90 ± 0.35 (6.09 - 7.88) 46	6.80 ± 0.21 (6.33 - 7.06) 10	6.86 ± 0.35 (5.73 - 7.88) 86
LAC	5.82 ± 0.25 (5.35 - 6.6) 29	5.82 ± 0.25 (5.15 - 6.32) 46	5.78 ± 0.22 (5.43 - 6.18) 10	5.82 ± 0.24 (5.15 - 6.6) 85
I-I	2.11 ± 0.18 (1.75 - 2.59) 29	2.12 ± 0.20 (1.69 - 2.77) 45	2.05 ± 0.15 (1.8 - 2.34) 10	2.11 ± 0.19 (1.69 - 2.77) 84
C-C LAB	4.03 ± 0.14 (3.74 - 4.35) 29	4.11 ± 0.22 (3.39 - 4.56) 45	3.90 ± 0.27 (3.26 - 4.23) 10	4.06 ± 0.21 (3.26 - 4.56) 84
C-C	2.90 ± 0.15 (2.64 - 3.39) 29	2.91 ± 0.12 (2.66 - 3.25) 44	2.84 ± 0.17 (2.51 - 3.07) 10	2.90 ± 0.14 (2.51 - 3.39) 83
M3-M3	3.86 ± 0.19 (3.54 - 4.25) 29	3.84 ± 0.14 (3.46 - 4.2) 44	3.82 ± 0.12 (3.56 - 3.98) 10	3.84 ± 0.15 (3.46 - 4.25) 83
MTR	5.89 ± 0.13 (5.71 - 6.25) 30	5.91 ± 0.13 (5.49 - 6.19) 45	5.78 ± 0.15 (5.46 - 6.07) 10	5.89 ± 0.14 (5.46 - 6.25) 85
UP P4-M3	4.61 ± 0.21 (4.21 - 5.59) 30	4.59 ± 0.11 (4.34 - 4.8) 45	4.69 ± 0.43 (4.45 - 5.91) 10	4.61 ± 0.20 (4.21 - 5.91) 85
M1 WIDTH	1.74 ± 0.11 (1.56 - 2.08) 28	1.69 ± 0.09 (1.46 - 1.89) 45	1.98 ± 0.88 (1.63 - 4.51) 10	1.74 ± 0.32 (1.46 - 4.51) 83
M3 WIDTH	1.74 ± 0.08 (1.57 - 1.95) 30	1.79 ± 0.35 (1.6 - 4.06) 46	1.98 ± 0.71 (1.62 - 4.01) 10	1.8 ± 0.35 (1.57 - 4.06) 86
LOWER TR	6.34 ± 0.21 (5.56 - 6.7) 29	6.42 ± 0.20 (5.98 - 6.74) 44	(6.5 - 6.5) 1	6.39 ± 0.20 (5.56 - 6.74) 74
DENT LEN	11.5 ± 0.31 (10.94 - 12.23) 30	11.6 ± 0.31 (10.83 - 12.1) 42	(11.69 - 11.69) 1	11.5 ± 0.31 (10.83 - 12.23) 73
m1 WIDTH	1.19 ± 0.05 (1.09 - 1.29) 28	1.19 ± 0.06 (1.09 - 1.34) 45	(1.2 - 1.2) 1	1.19 ± 0.05 (1.09 - 1.34) 74
CORO HT	3.15 ± 0.16 (2.66 - 3.45) 30	3.17 ± 0.15 (2.86 - 3.49) 43	(3.37 - 3.37) 1	3.17 ± 0.15 (2.66 - 3.49) 74
DENT THIC	1.51 ± 0.24 (1.1 - 2.06) 30	1.60 ± 0.22 (1.09 - 2.03) 46	(1.5 - 1.5) 1	1.56 ± 0.23 (1.09 - 2.06) 77
MOM2 ANG	2.76 ± 0.17 (2.29 - 3.06) 30	2.74 ± 0.19 (2.12 - 3.06) 44	(2.75 - 2.75) 1	2.75 ± 0.18 (2.12 - 3.06) 75
MOM1 COR	3.08 ± 0.12 (2.8 - 3.27) 30	3.11 ± 0.11 (2.79 - 3.32) 45	(3.03 - 3.03) 1	3.10 ± 0.11 (2.79 - 3.32) 76
CONDY L	1.15 ± 0.08 (0.95 - 1.34) 30	1.13 ± 0.10 (0.9 - 1.44) 45	(1.03 - 1.03) 1	1.14 ± 0.09 (0.9 - 1.44) 76

Anexo 6g. Medidas registradas para ejemplares de *T. b. mexicana* del grupo Norte que fueron colectados en México. Arriba se indica el promedio y la desviación estándar. Abajo se indica el rango (entre parentesis) y el número de ejemplares medidos.

	Hembras	Machos	Sexo sin determinar	Total
GLS	16.16 ± 0.35 (15.68 - 17.26) 17	16.37 ± 0.50 (15.01 - 17.76) 30	16.32 ± 0.17 (16.14 - 16.72) 11	16.30 ± 0.42 (15.01 - 17.76) 58
CON INIC	15.55 ± 0.35 (14.8 - 16.47) 17	15.70 ± 0.27 (15.13 - 16.32) 29	15.86 ± 0.27 (15.59 - 16.5) 9	15.68 ± 0.31 (14.8 - 16.5) 55
CCL	14.78 ± 0.31 (14.28 - 15.65) 17	15.01 ± 0.27 (14.45 - 15.56) 30	15.10 ± 0.33 (14.42 - 15.76) 13	14.96 ± 0.32 (14.28 - 15.76) 60
POST ORB	3.92 ± 0.39 (3.69 - 5.53) 19	14.9 ± 63.5 (3.65 - 369) 33	3.85 ± 0.13 (3.65 - 4.13) 13	9.49 ± 45.2 (3.65 - 369) 65
BR CASE	7.97 ± 0.20 (7.51 - 8.32) 17	8.02 ± 0.20 (7.48 - 8.31) 30	8.01 ± 0.16 (7.8 - 8.33) 13	8.01 ± 0.19 (7.48 - 8.33) 60
ZYGO BR	9.52 ± 0.24 (8.87 - 9.95) 14	9.67 ± 0.22 (9.15 - 9.98) 28	9.74 ± 0.20 (9.52 - 10.13) 13	9.64 ± 0.23 (8.87 - 10.13) 55
MASTOID	8.96 ± 0.20 (8.58 - 9.26) 16	9.06 ± 0.31 (7.9 - 9.45) 29	9.11 ± 0.19 (8.93 - 9.54) 11	9.04 ± 0.26 (7.9 - 9.54) 56
ROST LEN	6.75 ± 0.40 (5.57 - 7.51) 18	6.87 ± 0.66 (3.83 - 7.86) 33	6.96 ± 0.33 (6.33 - 7.36) 14	6.86 ± 0.54 (3.83 - 7.86) 65
LAC	5.63 ± 0.16 (5.3 - 5.94) 17	5.81 ± 0.22 (5.15 - 6.14) 32	5.78 ± 0.21 (5.41 - 6.07) 13	5.76 ± 0.21 (5.15 - 6.14) 62
I-I	2.03 ± 0.18 (1.71 - 2.37) 17	2.11 ± 0.13 (1.82 - 2.45) 32	2.09 ± 0.13 (1.86 - 2.32) 13	2.09 ± 0.15 (1.71 - 2.45) 62
C-C LAB	4.02 ± 0.23 (3.72 - 4.72) 17	4.08 ± 0.16 (3.64 - 4.34) 32	4.15 ± 0.20 (3.78 - 4.51) 13	4.08 ± 0.19 (3.64 - 4.72) 62
C-C	2.84 ± 0.16 (2.49 - 3.16) 18	2.90 ± 0.20 (2.27 - 3.51) 32	2.84 ± 0.15 (2.56 - 3.09) 13	2.87 ± 0.18 (2.27 - 3.51) 63
M3-M3	3.82 ± 0.19 (3.44 - 4.31) 18	3.80 ± 0.17 (3.49 - 4.17) 32	4.34 ± 1.42 (3.59 - 8.84) 12	3.91 ± 0.66 (3.44 - 8.84) 62
MTR	5.91 ± 0.14 (5.61 - 6.19) 19	6.00 ± 0.13 (5.62 - 6.31) 33	5.94 ± 0.11 (5.71 - 6.11) 12	5.96 ± 0.13 (5.61 - 6.31) 64
UP P4-M3	4.58 ± 0.16 (4.27 - 4.94) 19	4.64 ± 0.15 (4.32 - 5.09) 33	4.62 ± 0.10 (4.42 - 4.83) 12	4.62 ± 0.15 (4.27 - 5.09) 64
M1 WIDTH	1.70 ± 0.09 (1.49 - 1.82) 19	1.70 ± 0.14 (1.173 - 2) 33	1.66 ± 0.14 (1.36 - 1.83) 13	1.69 ± 0.13 (1.173 - 2) 65
M3 WIDTH	1.68 ± 0.09 (1.48 - 1.83) 18	1.79 ± 0.19 (1.61 - 2.78) 34	1.73 ± 0.05 (1.64 - 1.81) 14	1.75 ± 0.15 (1.48 - 2.78) 66
LOWER TR	6.44 ± 0.17 (6.07 - 6.86) 20	6.54 ± 0.15 (6.26 - 7.02) 32	6.49 ± 0.13 (6.18 - 6.63) 15	6.50 ± 0.16 (6.07 - 7.02) 67
DENT LEN	11.3 ± 0.26 (10.94 - 12.19) 20	11.5 ± 0.38 (10.81 - 12.12) 31	11.4 ± 0.21 (11.2 - 11.79) 15	11.4 ± 0.32 (10.81 - 12.19) 66
m1 WIDTH	1.19 ± 0.06 (1.03 - 1.3) 20	1.19 ± 0.06 (1.05 - 1.34) 32	1.19 ± 0.08 (1.02 - 1.39) 15	1.19 ± 0.06 (1.02 - 1.39) 67
CORO HT	3.10 ± 0.13 (2.84 - 3.39) 20	3.11 ± 0.24 (2.28 - 3.41) 32	3.15 ± 0.12 (2.81 - 3.35) 15	3.12 ± 0.19 (2.28 - 3.41) 67
DENT THIC	1.48 ± 0.17 (1.18 - 1.84) 19	1.48 ± 0.17 (1.18 - 2.07) 34	1.54 ± 0.21 (1.2 - 2.08) 15	1.49 ± 0.18 (1.18 - 2.08) 68
MOM2 ANG	2.63 ± 0.12 (2.38 - 2.88) 19	2.73 ± 0.16 (2.35 - 3.06) 33	2.68 ± 0.20 (2.02 - 2.88) 15	2.69 ± 0.16 (2.02 - 3.06) 67
MOM1 COR	3.02 ± 0.11 (2.81 - 3.22) 19	3.11 ± 0.12 (2.85 - 3.35) 33	3.07 ± 0.09 (2.84 - 3.21) 15	3.07 ± 0.11 (2.81 - 3.35) 67
CONDY L	1.03 ± 0.09 (0.8 - 1.19) 19	1.10 ± 0.08 (0.93 - 1.27) 33	1.05 ± 0.07 (0.89 - 1.14) 15	1.07 ± 0.09 (0.8 - 1.27) 67

Anexo 6h. Medidas registradas para ejemplares de *T. b. mexicana* de los grupos BNC y BCS colectados en México. Arriba se indica el promedio y la desviación estándar. Abajo se indica el rango (entre parentesis) y el número de ejemplares medidos.

	Hembras	Machos	Total
GLS	16.54	16.22 ± 0.20	16.26 ± 0.22
	1	(16 - 16.52) 6	(16 - 16.54) 7
CON INIC	15.97	15.79 ± 0.12	15.81 ± 0.13
	1	(15.67 - 16.02) 6	(15.67 - 16.02) 7
CCL	15.59	15.17 ± 0.20	15.23 ± 0.24
	1	(14.95 - 15.48) 6	(14.95 - 15.59) 7
POST ORB	3.93	3.90 ± 0.03	3.90 ± 0.03
	1	(3.86 - 3.97) 6	(3.86 - 3.97) 7
BR CASE	8.17	8.12 ± 0.19	8.13 ± 0.17
	1	(7.88 - 8.41) 6	(7.88 - 8.41) 7
ZYGO BR	9.94	9.70 ± 0.11	9.74 ± 0.13
	1	(9.52 - 9.87) 6	(9.52 - 9.94) 7
MASTOID	9.42	9.16 ± 0.12	9.20 ± 0.15
	1	(9.03 - 9.3) 5	(9.03 - 9.42) 6
ROST LEN	7.31	6.99 ± 0.30	7.03 ± 0.30
	1	(6.75 - 7.51) 6	(6.75 - 7.51) 7
LAC	5.83	5.82 ± 0.16	5.82 ± 0.14
	1	(5.56 - 6.04) 6	(5.56 - 6.04) 7
I-I	2.23	2.06 ± 0.10	2.09 ± 0.11
	1	(1.89 - 2.2) 6	(1.89 - 2.23) 7
C-C LAB	4.13	4.10 ± 0.14	4.10 ± 0.13
	1	(3.98 - 4.29) 6	(3.98 - 4.29) 7
C-C	2.89	2.96 ± 0.07	2.95 ± 0.07
	1	(2.88 - 3.06) 6	(2.88 - 3.06) 7
M3-M3	3.75	3.77 ± 0.19	3.77 ± 0.17
	1	(3.56 - 4.06) 6	(3.56 - 4.06) 7
MTR	6.08	6.01 ± 0.16	6.02 ± 0.14
	1	(5.88 - 6.32) 6	(5.88 - 6.32) 7
UP P4-M3	4.56	4.6 ± 0.08	4.59 ± 0.07
	1	(4.53 - 4.76) 6	(4.53 - 4.76) 7
M1 WIDTH	1.81	1.77 ± 0.08	1.77 ± 0.07
	1	(1.7 - 1.93) 6	(1.7 - 1.93) 7
M3 WIDTH	1.67	1.70 ± 0.06	1.7 ± 0.06
	1	(1.62 - 1.8) 6	(1.62 - 1.8) 7
LOWER TR	6.59	6.40 ± 0.26	6.43 ± 0.25
	1	(5.97 - 6.7) 6	(5.97 - 6.7) 7
DENT LEN	12.23	11.5 ± 0.33	11.6 ± 0.40
	1	(11.16 - 12.01) 6	(11.16 - 12.23) 7
m1 WIDTH	1.24	1.20 ± 0.03	1.21 ± 0.03
	1	(1.18 - 1.28) 6	(1.18 - 1.28) 7
CORO HT	3.29	3.06 ± 0.08	3.09 ± 0.11
	1	(2.95 - 3.21) 6	(2.95 - 3.29) 7
DENT THIC	1.24	1.57 ± 0.14	1.52 ± 0.18
	1	(1.43 - 1.81) 6	(1.24 - 1.81) 7
MOM2 ANG	3.03	2.67 ± 0.19	2.72 ± 0.22
	1	(2.35 - 2.91) 6	(2.35 - 3.03) 7
MOM1 COR	3.11	3.09 ± 0.05	3.09 ± 0.05
	1	(2.98 - 3.15) 6	(2.98 - 3.15) 7
CONDY L	1.06	1.00 ± 0.08	1.01 ± 0.07
	1	(0.93 - 1.15) 6	(0.93 - 1.15) 7

Anexo 6i. Medidas registradas para ejemplares de *T. b. mexicana* del grupo Centro que fueron colectados en México. Arriba se indica el promedio y la desviación estándar. Abajo se indica el rango (entre parentesis) y el número de ejemplares medidos.

	Hembras	Machos	Total
GLS	16.36 ± 0.33 (15.63 - 16.54) 7	16.32 ± 0.25 (16.02 - 16.67) 7	16.34 ± 0.28 (15.63 - 16.67) 14
CON INIC	15.89 ± 0.27 (15.51 - 16.32) 7	15.72 ± 0.26 (15.44 - 16.15) 7	15.81 ± 0.27 (15.44 - 16.32) 14
CCL	15.08 ± 0.27 (14.64 - 15.41) 7	14.98 ± 0.20 (14.76 - 15.27) 7	15.03 ± 0.23 (14.64 - 15.41) 14
POST ORB	3.89 ± 0.07 (3.78 - 4.01) 7	3.90 ± 0.05 (3.84 - 3.97) 7	3.9 ± 0.06 (3.78 - 4.01) 14
BR CASE	7.99 ± 0.16 (7.77 - 8.23) 7	8.06 ± 0.13 (7.89 - 8.21) 7	8.02 ± 0.14 (7.77 - 8.23) 14
ZYGO BR	9.69 ± 0.18 (9.42 - 10.01) 6	9.66 ± 0.25 (9.29 - 10.12) 7	9.67 ± 0.21 (9.29 - 10.12) 13
MASTOID	9.26 ± 0.11 (9.05 - 9.39) 7	9.08 ± 0.07 (9.03 - 9.24) 7	9.17 ± 0.13 (9.03 - 9.39) 14
ROST LEN	7.14 ± 0.18 (6.8 - 7.38) 7	6.96 ± 0.35 (6.67 - 7.71) 7	7.05 ± 0.28 (6.67 - 7.71) 14
LAC	5.76 ± 0.35 (5.11 - 6.16) 7	5.72 ± 0.22 (5.39 - 5.99) 7	5.74 ± 0.28 (5.11 - 6.16) 14
I-I	2.24 ± 0.26 (1.94 - 2.6) 7	2.26 ± 0.20 (2 - 2.66) 7	2.25 ± 0.22 (1.94 - 2.66) 14
C-C LAB	4.08 ± 0.21 (3.75 - 4.48) 7	4.19 ± 0.13 (4.06 - 4.4) 7	4.14 ± 0.18 (3.75 - 4.48) 14
C-C	2.92 ± 0.11 (2.75 - 3.1) 6	2.95 ± 0.05 (2.88 - 3.03) 7	2.94 ± 0.08 (2.75 - 3.1) 13
M3-M3	3.95 ± 0.19 (3.71 - 4.11) 6	3.94 ± 0.07 (3.83 - 4.06) 7	3.95 ± 0.13 (3.71 - 4.11) 13
MTR	5.97 ± 0.09 (5.81 - 6.07) 6	5.95 ± 0.10 (5.81 - 6.13) 7	5.96 ± 0.09 (5.81 - 6.13) 13
UP P4-M3	4.66 ± 0.06 (4.56 - 4.75) 6	4.70 ± 0.21 (4.42 - 4.99) 7	4.68 ± 0.15 (4.42 - 4.99) 13
M1 WIDTH	1.67 ± 0.09 (1.5 - 1.76) 6	1.74 ± 0.07 (1.63 - 1.87) 7	1.71 ± 0.09 (1.5 - 1.87) 13
M3 WIDTH	1.78 ± 0.11 (1.59 - 1.98) 7	1.75 ± 0.06 (1.67 - 1.84) 7	1.77 ± 0.08 (1.59 - 1.98) 14
LOWER TR	6.42 ± 0.17 (6.15 - 6.62) 6	6.49 ± 0.12 (6.28 - 6.66) 7	6.45 ± 0.14 (6.15 - 6.66) 13
DENT LEN	11.5 ± 0.30 (10.99 - 11.92) 6	11.5 ± 0.17 (11.25 - 11.78) 7	11.5 ± 0.23 (10.99 - 11.92) 13
m1 WIDTH	1.18 ± 0.01 (1.15 - 1.2) 6	1.18 ± 0.04 (1.13 - 1.27) 7	1.18 ± 0.03 (1.13 - 1.27) 13
CORO HT	3.18 ± 0.10 (3.04 - 3.33) 6	3.21 ± 0.18 (2.87 - 3.39) 7	3.20 ± 0.14 (2.87 - 3.39) 13
DENT THIC	1.75 ± 0.22 (1.37 - 1.97) 7	1.78 ± 0.27 (1.42 - 2.05) 7	1.77 ± 0.23 (1.37 - 2.05) 14
MOM2 ANG	2.78 ± 0.07 (2.66 - 2.85) 7	2.66 ± 0.08 (2.52 - 2.78) 7	2.72 ± 0.09 (2.52 - 2.85) 14
MOM1 COR	3.09 ± 0.15 (2.87 - 3.28) 6	3.10 ± 0.10 (2.92 - 3.2) 7	3.09 ± 0.12 (2.87 - 3.28) 13
CONDY L	1.11 ± 0.08 (1.03 - 1.29) 7	1.15 ± 0.06 (1.08 - 1.27) 7	1.13 ± 0.07 (1.03 - 1.29) 14

Anexo 6j. Medidas registradas para ejemplares de *T. b. mexicana* del grupo CentroSur que fueron colectados en México. Arriba se indica el promedio y la desviación estándar. Abajo se indica el rango (entre parentesis) y el número de ejemplares medidos.

	Hembras	Machos	Sexo sin determinar	Total
GLS	16.19 ± 0.24 (15.73 - 16.45) 7	16.41 ± 0.18 (16.06 - 16.88) 18	15.53 ± 0.36 (15.28 - 15.79) 2	16.29 ± 0.31 (15.28 - 16.88) 27
CON INIC	15.72 ± 0.39 (15.34 - 16.3) 7	15.97 ± 0.49 (15.6 - 17.75) 17	14.62 ± 0.53 (14.25 - 15) 2	15.80 ± 0.57 (14.25 - 17.75) 26
CCL	14.94 ± 0.30 (14.65 - 15.46) 7	15.11 ± 0.17 (14.87 - 15.57) 18	14.38 ± 0.20 (14.24 - 14.53) 2	15.01 ± 0.28 (14.24 - 15.57) 27
POST ORB	3.88 ± 0.11 (3.75 - 4.03) 7	3.90 ± 0.14 (3.68 - 4.12) 18	3.79 ± 0.10 (3.72 - 3.87) 2	3.89 ± 0.13 (3.68 - 4.12) 27
BR CASE	7.96 ± 0.12 (7.81 - 8.13) 7	8.09 ± 0.17 (7.75 - 8.38) 18	7.66 ± 0.03 (7.64 - 7.69) 2	8.03 ± 0.19 (7.64 - 8.38) 27
ZYGO BR	9.72 ± 0.17 (9.51 - 9.94) 6	9.76 ± 0.19 (9.35 - 10.07) 18	9.48 ± 0.08 (9.42 - 9.54) 2	9.73 ± 0.19 (9.35 - 10.07) 26
MASTOID	9.29 ± 0.33 (9 - 9.98) 7	9.26 ± 0.15 (8.93 - 9.57) 18	8.71 ± 0.20 (8.57 - 8.86) 2	9.23 ± 0.25 (8.57 - 9.98) 27
ROST LEN	7.18 ± 0.44 (6.79 - 8.13) 7	7.15 ± 0.38 (6.5 - 7.83) 18	6.27 ± 0.02 (6.26 - 6.29) 2	7.09 ± 0.44 (6.26 - 8.13) 27
LAC	5.75 ± 0.22 (5.5 - 6.13) 7	5.74 ± 0.34 (4.6 - 6.15) 18	5.72 ± 0.19 (5.59 - 5.86) 2	5.74 ± 0.30 (4.6 - 6.15) 27
I-I	2.1 ± 0.25 (1.73 - 2.4) 7	2.14 ± 0.17 (1.94 - 2.56) 18	2.35 ± 0.47 (2.02 - 2.69) 2	2.14 ± 0.22 (1.73 - 2.69) 27
C-C LAB	3.97 ± 0.18 (3.77 - 4.22) 7	3.96 ± 0.24 (3.16 - 4.22) 18	3.90 ± 0.13 (3.81 - 4) 2	3.96 ± 0.22 (3.16 - 4.22) 27
C-C	2.82 ± 0.19 (2.58 - 3.1) 7	2.91 ± 0.10 (2.66 - 3.1) 18	2.86 ± 0.10 (2.79 - 2.94) 2	2.88 ± 0.13 (2.58 - 3.1) 27
M3-M3	3.91 ± 0.22 (3.7 - 4.3) 7	3.88 ± 0.10 (3.71 - 4.12) 18	4.13 ± 0.18 (4 - 4.26) 2	3.91 ± 0.15 (3.7 - 4.3) 27
MTR	5.78 ± 0.48 (4.69 - 6.03) 7	5.96 ± 0.14 (5.73 - 6.35) 18	5.65 ± 0.00 (5.65 - 5.66) 2	5.89 ± 0.28 (4.69 - 6.35) 27
UP P4-M3	4.81 ± 0.40 (4.6 - 5.73) 7	4.60 ± 0.13 (4.34 - 4.82) 18	4.45 ± 0.00 (4.45 - 4.46) 2	4.65 ± 0.24 (4.34 - 5.73) 27
M1 WIDTH	1.75 ± 0.04 (1.68 - 1.8) 7	1.68 ± 0.08 (1.55 - 1.9) 18	1.53 ± 0.05 (1.49 - 1.57) 2	1.69 ± 0.09 (1.49 - 1.9) 27
M3 WIDTH	1.69 ± 0.11 (1.47 - 1.8) 7	1.74 ± 0.08 (1.58 - 1.87) 18	1.65 ± 0.02 (1.63 - 1.67) 2	1.72 ± 0.09 (1.47 - 1.87) 27
LOWER TR	6.39 ± 0.12 (6.19 - 6.55) 7	6.57 ± 0.12 (6.38 - 6.89) 18	6.14 ± 0.08 (6.08 - 6.2) 2	6.49 ± 0.17 (6.08 - 6.89) 27
DENT LEN	11.4 ± 0.23 (11.16 - 11.87) 7	11.5 ± 0.22 (11.17 - 12.12) 18	11.0 ± 0.21 (10.9 - 11.2) 2	11.5 ± 0.25 (10.9 - 12.12) 27
m1 WIDTH	1.16 ± 0.10 (1.08 - 1.33) 7	1.17 ± 0.05 (1.08 - 1.33) 18	1.13 ± 0.04 (1.1 - 1.17) 2	1.16 ± 0.06 (1.08 - 1.33) 27
CORO HT	3.09 ± 0.14 (2.92 - 3.35) 7	3.15 ± 0.10 (2.9 - 3.3) 18	3.14 ± 0.14 (3.04 - 3.25) 2	3.14 ± 0.11 (2.9 - 3.35) 27
DENT THIC	1.77 ± 0.11 (1.59 - 1.91) 7	1.77 ± 0.24 (1.27 - 2.06) 18	1.34 ± 0.31 (1.12 - 1.57) 2	1.74 ± 0.24 (1.12 - 2.06) 27
MOM2 ANG	2.70 ± 0.16 (2.55 - 2.96) 7	2.59 ± 0.46 (0.92 - 3.11) 18	2.83 ± 0.01 (2.82 - 2.84) 2	2.64 ± 0.39 (0.92 - 3.11) 27
MOM1 COR	3.00 ± 0.08 (2.87 - 3.14) 7	3.11 ± 0.12 (2.84 - 3.33) 18	3.13 ± 0.07 (3.08 - 3.19) 2	3.08 ± 0.12 (2.84 - 3.33) 27
CONDY L	1.14 ± 0.13 (0.93 - 1.3) 7	1.13 ± 0.09 (0.9 - 1.31) 18	1.03 ± 0.03 (1.01 - 1.06) 2	1.12 ± 0.10 (0.9 - 1.31) 27

Anexo 6k. Medidas registradas para ejemplares de *T. b. intermedia* colectados en México (grupo Sur) y Centroamérica. Arriba se indica el promedio y la desviación estándar. Abajo se indica el rango (entre parentesis) y el número de ejemplares medidos.

	Machos
GLS	16.19 ± 0.73 (15.37 - 17.18) 7
CON INIC	15.44 ± 0.67 (14.48 - 16.57) 8
CCL	14.80 ± 0.64 (14.02 - 15.86) 8
POST ORB	3.85 ± 0.11 (3.6 - 3.99) 8
BR CASE	8.02 ± 0.25 (7.73 - 8.51) 8
ZYGO BR	9.62 ± 0.54 (8.88 - 10.34) 7
MASTOID	9.06 ± 0.32 (8.65 - 9.6) 8
ROST LEN	6.77 ± 0.68 (5.86 - 7.93) 8
LAC	5.68 ± 0.25 (5.39 - 6.13) 8
I-I	2.05 ± 0.25 (1.74 - 2.46) 8
C-C LAB	3.93 ± 0.17 (3.62 - 4.21) 8
C-C	2.81 ± 0.17 (2.53 - 3.05) 8
M3-M3	3.82 ± 0.24 (3.39 - 4.13) 8
MTR	5.85 ± 0.21 (5.69 - 6.23) 8
UP P4-M3	4.55 ± 0.14 (4.34 - 4.75) 8
M1 WIDTH	1.78 ± 0.06 (1.69 - 1.86) 8
M3 WIDTH	1.73 ± 0.09 (1.59 - 1.87) 8
LOWER TR	6.31 ± 0.31 (5.87 - 6.78) 8
DENT LEN	11.5 ± 0.51 (10.68 - 12.4) 8
m1 WIDTH	1.17 ± 0.05 (1.06 - 1.23) 8
CORO HT	3.17 ± 0.17 (3 - 3.4) 8
DENT THIC	1.54 ± 0.28 (1.24 - 2.1) 8
MOM2 ANG	2.63 ± 0.15 (2.35 - 2.8) 7
MOM1 COR	3.06 ± 0.16 (2.75 - 3.27) 8
CONDY L	1.06 ± 0.17 (0.75 - 1.25) 8

Anexo 7. Frecuencias alélicas y haplotípicas

Anexo 7a. Frecuencias de cada alelo por locus y por grupo genético con los datos de microsatélites. * Indica los alelos privados para determinado grupo genético. El número total de copias se refiere al número de veces que aparece dicho alelo, no el número de individuos con dicho alelo.

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
Locus A10										
105*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
115*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
125	0	0	0	0	0	0.012	0.016	0	0	2
135	0	0	0.063	0.014	0.042	0.070	0.016	0	0	12
137	0	0	0	0	0	0	0.078	0.021	0	6
151*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
159*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
161*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
163*	0	0	0	0	0	0	0	0.125	0	6
183*	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0	1
187*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
189*	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0	1
191*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
197*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
199	0	0	0	0.007	0	0	0.016	0.021	0	3
203*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
205*	0	0	0.031	0	0	0	0	0	0	1
207*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
217	0	0	0.031	0	0	0	0	0.021	0	2

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
219*	0	0	0	0	0	0	0	0.063	0	3
221*	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0	1
227*	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0	1
229*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
231	0	0	0	0	0.042	0	0.078	0	0	6
233*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
235*	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0	1
237*	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0	1
239*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
243*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
249	0	0	0	0.007	0	0.023	0.016	0.063	0	7
251	0	0	0.063	0.007	0	0	0	0	0	3
253	0	0	0	0.007	0	0.012	0	0	0	2
255*	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0	1
257*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
259	0	0	0.031	0	0.083	0.012	0	0.021	0	5
261	0.045	0	0	0.007	0	0.012	0	0	0	3
263	0	0	0	0	0	0.012	0.016	0	0	2
265	0.045	0	0	0	0	0.035	0.016	0	0	5
267	0.045	0	0	0	0	0	0.016	0.021	0	3
269	0.091	0	0.031	0	0	0.023	0	0.021	0	6
271	0.045	0	0	0	0.042	0.012	0	0	0	3
273	0.136	0	0	0	0	0.035	0.031	0.021	0	9
275	0.045	0.071	0	0	0	0	0.031	0.083	0	8
277	0.091	0	0.031	0.014	0.083	0.081	0.031	0.063	0.043	21
279	0	0	0.031	0	0	0	0	0.083	0	5
281*	0.045	0	0	0	0	0	0	0	0	1
283	0.045	0	0	0.007	0	0	0	0	0	2

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
285	0.136	0	0	0	0	0.012	0	0	0	4
287	0	0	0	0	0	0.012	0.016	0.063	0	5
289	0	0	0.031	0	0	0.047	0	0	0	5
291	0	0	0.031	0.021	0.042	0.012	0.031	0	0	8
293	0	0	0.063	0.070	0	0.058	0.016	0	0.043	20
295	0	0	0	0.007	0.042	0.012	0.016	0	0.043	6
297*	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0	1
299	0	0	0	0.021	0.083	0	0.031	0	0.022	8
301	0	0	0.031	0	0.042	0.012	0.016	0	0	4
303	0	0	0.063	0.070	0	0.012	0.078	0	0.065	21
305	0	0.286	0.031	0.049	0	0.070	0.031	0	0.022	21
307	0	0	0.031	0.056	0	0.012	0.016	0	0.043	13
309	0	0.143	0.031	0.063	0	0.023	0.016	0	0.087	19
311	0	0	0	0.049	0	0.023	0.016	0.021	0.152	18
313	0	0	0.063	0.042	0	0.023	0.016	0	0.043	13
315	0	0	0	0.063	0.042	0.012	0.047	0	0.043	16
317	0.045	0.357	0.031	0.070	0	0.035	0	0	0.152	27
319	0	0	0	0.056	0.083	0.047	0.016	0	0.043	17
321	0	0	0.031	0.049	0	0.058	0.063	0	0.043	19
323	0	0	0.031	0.120	0	0	0.031	0	0	20
325	0	0	0.094	0.035	0.042	0.023	0.031	0	0.065	16
327	0	0.071	0	0.021	0.042	0.035	0	0	0.043	10
329	0	0	0	0.028	0	0.012	0	0	0.022	6
331	0	0.071	0	0.014	0	0.012	0.016	0	0	5
333	0	0	0.063	0.007	0	0	0	0	0	3
335	0.091	0	0	0	0	0	0.016	0	0.022	4
337*	0	0	0	0	0	0	0.016	0	0	1
339*	0.091	0	0	0	0	0	0	0	0	2

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
349	0	0	0.063	0.007	0	0.023	0	0	0	5
351*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
357	0	0	0	0	0	0.012	0	0.021	0	2
361	0	0	0	0	0	0	0.031	0.021	0	3
373	0	0	0	0	0	0	0.031	0.021	0	3
399	0	0	0	0	0	0.012	0.047	0	0	4
Locus A30										
111*	0	0	0	0	0	0	0	0.042	0	2
113	0	0	0	0	0	0.035	0	0.167	0	11
115	0.136	0	0.031	0	0	0.023	0.016	0.021	0	8
119*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
129	0	0	0	0	0	0.012	0	0.083	0	5
131	0	0	0.031	0	0	0.035	0.031	0.083	0	10
133*	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0	1
135	0	0	0	0	0	0.023	0.031	0	0	4
141*	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0	1
143	0	0	0	0	0.083	0.035	0	0	0	5
151*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
165*	0	0	0	0	0	0	0.016	0	0	1
169*	0	0	0	0	0	0	0.016	0	0	1
193*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
205*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
207	0.091	0	0	0	0	0.012	0.016	0.042	0	6
209*	0	0.071	0	0	0	0	0	0	0	1
213*	0	0	0	0	0	0	0	0	0.065	3
215*	0	0	0	0	0	0	0	0	0.022	1
217	0	0.071	0.188	0.028	0	0	0.031	0	0.022	14
219	0	0	0.063	0.021	0	0.012	0.031	0	0.022	9

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
221	0	0.071	0.031	0.035	0.042	0	0.047	0	0.022	12
223	0	0	0.031	0.021	0	0	0.031	0	0	6
225	0	0	0	0.014	0	0	0.031	0	0.043	6
227	0	0	0.063	0.042	0.083	0	0.031	0	0.022	13
229	0	0	0	0.014	0	0.023	0.047	0	0.022	8
231	0	0	0.094	0.035	0.083	0.047	0.031	0	0	16
233	0	0	0	0.049	0.042	0	0.031	0	0	10
235	0	0.071	0.094	0.042	0	0.035	0.047	0	0.022	17
237	0	0	0.031	0.007	0	0.035	0	0	0	5
239	0	0	0.031	0.021	0.167	0.035	0.016	0	0	12
241	0.045	0.071	0.063	0.042	0.042	0.035	0.031	0.021	0.022	18
243	0	0	0.063	0.028	0	0.035	0.047	0	0.065	15
245	0	0	0	0.042	0	0.081	0.031	0	0.109	20
247	0	0.143	0.031	0.077	0	0.081	0.094	0	0.065	30
249	0	0.071	0	0.028	0	0.023	0.016	0	0.065	11
251	0	0	0.031	0.028	0	0.035	0.047	0	0.022	12
253	0.045	0.071	0.031	0.077	0.125	0.081	0.109	0	0.087	35
255	0.045	0.143	0	0.049	0.083	0.070	0	0	0.087	22
257	0.045	0	0.063	0.063	0.042	0.035	0.016	0	0.087	21
259	0.045	0	0	0.077	0	0.023	0	0.042	0	16
261	0.045	0	0	0.042	0	0.058	0	0	0.022	13
263	0	0	0	0.028	0	0.012	0	0	0	5
265	0.091	0.071	0	0.035	0	0	0.047	0.021	0	12
267	0.045	0.071	0.031	0.014	0	0.012	0	0.021	0.065	10
269	0	0	0	0.007	0	0.012	0	0	0	2
271	0	0.071	0	0.007	0	0	0	0	0.022	3
273*	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0	1
275	0.045	0	0	0.014	0	0	0	0	0.022	4

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
277	0	0	0	0	0.042	0	0	0.104	0	6
279	0.091	0	0	0	0	0	0	0.021	0	3
291	0.045	0	0	0	0	0	0	0.042	0	3
293*	0	0	0	0	0	0	0	0.083	0	4
295	0.091	0	0	0	0	0	0	0.104	0	7
297*	0	0	0	0	0	0	0	0.083	0	4
301*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
319*	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0	1
321*	0.091	0	0	0	0	0	0	0	0	2
329*	0	0	0	0	0	0	0.031	0	0	2
339*	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0	1
433*	0	0	0	0	0	0	0.016	0	0	1
451*	0	0	0	0	0	0	0.016	0	0	1
Locus D10										
159*	0	0	0	0	0.083	0	0	0	0	2
191*	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0	1
195*	0	0	0	0.021	0	0	0	0	0	3
199*	0	0.071	0	0	0	0	0	0	0	1
207*	0	0.143	0	0	0	0	0	0	0	2
211	0	0.143	0	0.014	0	0	0	0	0	4
215	0	0.071	0.063	0.007	0	0	0	0	0	4
219*	0	0.143	0	0	0	0	0	0	0	2
223	0	0	0	0.014	0.042	0	0	0	0	3
231*	0	0.143	0	0	0	0	0	0	0	2
251	0	0.071	0	0.007	0	0.012	0	0.021	0	4
255*	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0	1
259*	0	0	0	0	0	0.023	0	0	0	2
291*	0	0.143	0	0	0	0	0	0	0	2

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
299*	0	0.071	0	0	0	0	0	0	0	1
315*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
319	0	0	0	0.007	0	0	0.094	0	0.022	8
323	0	0	0	0	0.083	0	0.063	0	0	6
327	0	0	0	0	0.042	0.023	0	0	0	3
331	0	0	0	0.063	0	0.058	0.031	0	0.043	18
335	0	0	0.031	0.021	0.125	0.012	0.031	0	0.022	11
339	0.091	0	0.125	0.077	0.083	0.081	0.109	0	0.196	42
343	0.227	0	0.156	0.239	0.083	0.233	0.219	0.146	0.217	97
347	0.273	0	0.250	0.296	0.125	0.163	0.281	0.292	0.283	118
351	0.136	0	0.188	0.162	0.250	0.186	0.078	0.188	0.109	73
355	0.136	0	0.094	0.049	0.042	0.128	0.047	0.208	0.065	41
359	0.136	0	0.031	0	0	0.047	0.016	0.146	0.022	17
363	0	0	0.031	0	0.042	0.012	0.016	0	0.022	5
371	0	0	0.031	0	0	0.012	0.016	0	0	3
399*	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0	1
Locus D15										
112*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
128*	0	0	0	0	0	0	0	0.042	0	2
132*	0.045	0	0	0	0	0	0	0	0	1
136*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
168*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
200*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
228	0	0	0	0	0	0	0.016	0.021	0	2
232*	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0	1
236	0	0	0	0.014	0	0	0.016	0.021	0	4
240*	0	0	0.031	0	0	0	0	0	0	1
244	0	0	0.031	0.014	0	0	0	0	0.022	4

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
248	0.045	0	0	0.014	0	0.012	0.016	0	0.043	7
252	0	0	0	0.021	0	0.012	0.031	0.021	0	7
256	0	0	0.063	0.056	0.083	0.012	0.047	0.021	0	17
260	0.045	0	0.125	0.063	0	0.047	0.047	0.104	0	26
264	0.091	0	0.031	0.063	0.083	0.035	0.078	0.042	0	24
268	0	0	0.063	0.106	0.208	0.035	0.063	0.042	0.087	35
272	0.227	0	0	0.042	0.042	0.093	0.109	0.063	0.043	32
276	0.045	0.071	0.031	0.056	0.083	0.070	0.016	0.229	0	31
280	0.182	0	0.094	0.063	0	0.070	0.109	0.208	0.043	41
284	0.136	0.429	0.156	0.134	0.083	0.081	0.109	0.021	0.087	54
288	0.045	0.214	0.094	0.085	0.042	0.093	0.141	0.083	0.152	48
292	0.045	0	0.063	0.042	0.208	0.070	0.094	0	0.109	31
296	0.045	0.214	0	0.077	0.083	0.035	0	0	0.087	24
300	0	0	0	0.035	0	0.070	0	0	0.065	14
304	0	0.071	0.063	0.035	0	0.047	0.047	0	0.065	18
308	0	0	0.031	0	0.042	0.035	0.016	0	0.043	8
312	0	0	0	0.007	0	0.012	0	0	0.043	4
316	0.045	0	0	0	0	0.047	0.031	0	0	7
320	0	0	0	0.021	0	0.012	0	0	0.022	5
324	0	0	0.031	0.007	0	0.012	0	0	0.022	4
332	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0.043	3
336*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
340	0	0	0.031	0.007	0	0.012	0	0	0	3
348	0	0	0.031	0.014	0	0	0	0	0	3
376*	0	0	0.031	0	0	0	0	0	0	1
388*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
392	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0.022	2
400	0	0	0	0.007	0	0.012	0	0	0	2

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
404*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
424	0	0	0	0.007	0	0	0.016	0	0	2
432*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
464*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
488*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
Locus E9										
206*	0	0	0	0	0.083	0	0	0	0	2
246*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
250*	0	0	0	0	0	0	0.016	0	0	1
252*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
254	0	0	0	0	0.042	0	0.016	0	0	2
256	0	0	0.031	0.021	0.125	0	0	0	0	7
258	0	0	0	0.028	0.083	0.023	0	0	0	8
260	0.045	0	0.094	0.007	0	0	0.063	0.021	0	10
262	0	0	0.031	0	0	0.023	0.031	0.021	0	6
264	0.045	0	0.031	0.014	0	0.023	0.141	0.042	0	17
266	0.045	0	0	0	0.042	0.023	0	0.021	0	5
268	0.045	0	0	0.007	0.042	0	0.016	0.063	0.022	8
270	0.045	0	0.031	0.028	0	0.047	0.031	0.042	0.043	16
272	0.182	0	0	0	0	0.023	0.031	0.021	0.043	11
274	0.045	0	0	0	0	0.035	0	0.083	0	8
276	0.091	0	0.031	0	0	0.012	0	0.146	0	11
278	0	0	0.063	0.007	0	0.035	0	0.125	0	12
280	0.045	0	0.031	0.007	0	0.012	0.016	0.042	0	7
282	0.091	0	0.125	0	0	0.047	0.031	0.042	0.043	16
284	0.045	0	0.063	0.028	0	0.023	0.078	0.021	0.022	16
286	0.136	0	0.094	0.028	0.042	0.035	0.016	0.104	0.043	22
288	0	0	0	0.014	0	0.070	0	0.021	0	9

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
290	0	0	0.125	0.021	0	0.058	0.078	0.021	0.043	20
292*	0.045	0	0	0	0	0	0	0	0	1
294	0	0	0.031	0.014	0.042	0.035	0.016	0	0.109	13
296	0	0	0	0.007	0	0	0.016	0	0	2
298	0.045	0	0.031	0.007	0	0	0	0.021	0.043	6
300*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
302	0	0	0	0.014	0	0.023	0	0	0.043	6
306	0	0	0.031	0.014	0	0.012	0.016	0	0.065	8
308*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
310	0	0	0.063	0	0	0.023	0	0	0.022	5
312*	0	0	0	0	0	0	0	0	0.022	1
314*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
318	0.045	0	0	0	0	0.023	0.016	0	0	4
320*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
322*	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0	1
326*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
330*	0	0	0	0	0	0	0	0	0.022	1
334*	0	0	0	0	0	0	0.016	0	0	1
338*	0	0	0	0	0	0	0.016	0	0	1
340*	0	0	0	0	0	0	0	0.042	0	2
346	0	0	0.031	0.007	0	0	0	0	0	2
348*	0	0	0	0	0	0	0.016	0	0	1
352*	0	0.071	0	0	0	0	0	0	0	1
356	0	0.071	0	0.021	0	0	0.016	0	0	5
358	0	0	0	0.014	0	0	0.016	0	0	3
360	0	0.143	0	0.028	0	0	0	0	0	6
362	0	0.071	0	0.007	0	0.012	0.031	0	0	5
364	0	0	0	0.070	0	0	0.031	0	0.022	13

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
366	0	0	0	0.007	0	0.012	0	0	0	2
368	0	0.071	0	0	0	0	0.016	0	0	2
370	0	0	0	0.035	0	0.012	0.047	0	0	9
372	0	0	0	0.007	0	0.012	0	0	0.043	4
374	0	0.071	0	0.007	0	0.012	0	0	0.022	4
376	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0.022	2
378	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0.022	2
380	0	0	0	0.014	0	0.012	0.031	0	0.022	6
382	0	0	0	0	0	0.023	0	0	0.022	3
384	0	0	0	0.014	0	0.012	0.016	0	0.022	5
386	0	0	0	0.042	0	0.023	0	0	0.022	9
388	0	0	0	0.028	0	0.058	0	0	0	9
390	0	0.071	0.031	0.028	0.042	0	0.016	0	0	8
392	0	0	0	0.049	0.083	0	0	0	0.065	12
394	0	0	0	0.056	0.042	0.023	0.016	0	0.065	15
396	0	0	0	0.049	0	0	0	0	0.043	9
398	0	0.071	0.031	0.042	0	0	0	0	0	8
400	0	0	0	0.007	0	0	0	0.021	0	2
402	0	0.071	0	0.028	0.083	0	0.016	0.042	0	10
404	0	0	0	0.042	0	0.035	0	0	0	9
406	0	0	0	0.021	0	0.012	0.031	0	0.022	7
408	0	0	0	0	0	0.012	0.016	0	0	2
410	0	0	0	0.021	0.042	0.023	0	0	0	6
412	0	0.071	0	0.021	0	0	0.016	0	0	5
414	0	0	0	0	0.042	0.012	0	0	0	2
416	0	0.071	0	0	0	0	0	0.021	0	2
418	0	0	0	0.007	0	0	0	0.021	0	2
420	0	0	0	0.007	0.083	0.012	0	0	0	4

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
422	0	0.071	0	0.014	0	0	0.016	0	0	4
424	0	0	0	0.007	0.042	0	0	0	0	2
426	0	0.071	0	0.007	0	0	0	0	0	2
432*	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0	1
Locus H2										
216*	0	0	0.031	0	0	0	0	0	0	1
268*	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0	1
296*	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0	1
324*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
352*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
364*	0.045	0	0	0	0	0	0	0	0	1
368*	0.045	0	0	0	0	0	0	0	0	1
372	0.045	0	0	0	0.083	0	0	0	0	3
376	0.091	0	0	0.007	0.083	0.012	0	0	0	6
380	0.045	0	0	0.007	0.042	0.058	0	0	0	8
384	0	0	0	0.021	0.083	0.023	0	0	0	7
388	0	0	0	0.042	0	0.023	0.016	0	0.065	12
392	0	0	0.031	0.021	0.042	0.023	0.031	0	0.043	11
396	0	0	0	0.007	0	0.012	0.031	0	0	4
400	0.045	0	0.063	0.014	0	0.012	0.172	0.021	0.043	20
404	0.045	0	0.031	0.021	0	0.035	0.125	0	0.022	17
408	0	0	0	0.049	0.042	0.035	0.031	0	0.043	15
412	0.045	0	0.031	0.070	0.083	0.035	0.031	0.042	0.087	25
416	0.045	0.071	0	0.077	0.042	0.058	0.063	0	0.087	27
420	0.045	0	0.188	0.134	0.042	0.035	0.031	0	0.130	38
424	0	0.143	0.125	0.035	0	0.035	0.016	0	0.065	18
428	0	0	0.125	0.042	0	0.023	0	0	0	12
432	0.091	0.071	0.094	0	0	0.012	0.016	0	0.022	9

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
436	0	0	0	0	0	0.012	0.016	0	0	2
452	0.045	0	0	0.007	0	0	0	0	0	2
468*	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0	1
476	0	0	0	0.007	0	0	0	0.042	0	3
480	0	0	0	0	0	0.012	0	0.021	0	2
484*	0.045	0	0	0	0	0	0	0	0	1
488*	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0	1
492	0	0	0	0.007	0	0.035	0	0	0	4
496	0	0	0	0.014	0	0.023	0.016	0	0	5
500	0	0	0.094	0.007	0	0.023	0	0	0.022	7
504	0	0	0	0.014	0	0.023	0.031	0.021	0.022	8
508	0	0	0.063	0.014	0	0	0.031	0.021	0.022	8
512	0.045	0	0	0	0	0.012	0.016	0	0.022	4
516	0	0.214	0	0.028	0	0.012	0.063	0.021	0.022	14
520	0	0	0	0.028	0.042	0.070	0.109	0.021	0.022	20
524	0	0.143	0	0.056	0	0.023	0.078	0.021	0.022	19
528	0.045	0.071	0	0.085	0	0.058	0	0.021	0.087	24
532	0.045	0	0.031	0.028	0	0.047	0.031	0.021	0.065	16
536	0	0.071	0.031	0.028	0	0.047	0	0	0.043	12
540	0	0	0.063	0.007	0.125	0	0.016	0.021	0	8
544	0	0	0	0	0.042	0.012	0.016	0	0	3
548*	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0	1
552*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
556*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
560	0	0	0	0	0.083	0.012	0	0	0	3
564	0.045	0	0	0	0	0	0	0.021	0	2
568	0	0	0	0	0	0.012	0	0.021	0	2
572*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
576*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
580*	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0	1
584*	0	0	0	0	0	0	0	0.042	0	2
588	0	0	0	0.007	0.042	0.012	0	0	0	3
592	0	0	0	0.007	0.042	0.012	0	0	0	3
596*	0	0	0	0.014	0	0	0	0	0	2
600	0	0	0	0.028	0	0	0.016	0	0	5
604	0	0.143	0	0.007	0	0	0	0	0	3
608*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
612	0	0	0	0.007	0	0.012	0	0	0	2
616	0	0	0	0	0	0.012	0	0.042	0	3
620*	0.045	0	0	0	0	0	0	0	0	1
624*	0	0.071	0	0	0	0	0	0	0	1
636*	0	0	0	0	0	0	0	0.042	0	2
640*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
644*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
652*	0.045	0	0	0	0	0	0	0	0	1
656*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
660*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
668*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
676*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
680*	0	0	0	0	0	0	0	0.063	0	3
684*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
704	0	0	0	0.007	0	0	0	0.021	0	2
708	0	0	0	0.007	0	0	0	0.021	0	2
712	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0.022	2
716*	0	0	0	0	0	0	0	0	0.022	1
720	0	0	0	0	0	0.012	0	0.021	0	2

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
724*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
728*	0	0	0	0	0	0	0	0.063	0	3
736*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
744	0.045	0	0	0	0	0	0	0.042	0	3
752*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
756*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
760*	0	0	0	0	0	0	0	0.042	0	2
764	0	0	0	0	0	0.012	0	0.021	0	2
Locus H3										
96*	0	0	0.094	0	0	0	0	0	0	3
100	0	0	0.094	0.014	0.083	0	0.109	0	0	14
112	0.136	0	0	0	0	0.012	0	0	0	4
116	0.364	0.071	0	0.007	0	0	0	0.542	0	36
120	0.182	0	0.031	0.007	0.042	0.035	0.016	0.375	0	29
124	0	0	0	0.028	0.125	0	0.078	0	0	12
128	0	0	0.031	0	0.042	0.012	0.047	0	0	6
132*	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0	1
136	0	0	0.031	0.007	0	0	0.016	0.021	0	4
140	0	0	0.031	0.021	0.167	0.023	0.063	0	0	14
144	0.045	0	0	0.021	0	0.012	0.016	0	0	6
148	0	0	0	0.021	0	0.012	0.047	0	0	7
152	0.045	0	0	0.021	0	0.012	0.016	0	0	6
156	0	0.071	0.063	0.042	0.125	0.012	0.063	0	0.043	19
160	0	0.071	0.063	0.070	0	0.035	0.031	0	0.043	20
164	0	0	0.031	0.035	0	0.023	0.031	0	0	10
168	0	0.071	0.063	0.049	0	0.058	0	0	0	15
172	0	0.071	0	0.007	0	0.035	0.078	0	0.152	17
176	0	0	0	0.014	0	0.047	0	0	0.043	8

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
180	0	0.071	0	0.085	0	0.105	0.047	0	0.087	29
184	0.045	0.071	0	0.042	0.042	0.035	0.016	0	0.065	16
188	0	0	0.031	0.049	0.042	0.023	0.047	0.042	0.087	20
192	0.091	0	0	0.056	0	0.151	0.094	0	0.065	32
196	0	0	0.031	0.120	0	0.128	0.109	0	0.065	39
200	0	0.071	0.031	0.070	0	0.012	0	0	0.022	14
204	0	0	0.063	0.007	0	0.047	0	0	0.022	8
208	0	0	0	0.007	0.125	0.023	0	0	0.065	9
212	0	0.071	0	0.007	0	0.035	0	0	0.022	6
216	0	0	0.031	0.014	0	0.012	0	0	0.022	5
220	0	0	0	0.014	0	0	0.016	0	0.022	4
224	0	0	0	0.007	0	0	0.016	0.021	0	3
228	0	0	0	0.007	0	0.023	0	0	0	3
232*	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0	1
236*	0	0	0	0.014	0	0	0	0	0	2
240	0	0	0.063	0.007	0	0	0	0	0.022	4
244	0	0	0.156	0	0.083	0.023	0.031	0	0	11
248	0	0.071	0.063	0	0	0.012	0	0	0	4
252	0	0	0	0.007	0	0.012	0	0	0	2
256	0	0	0	0	0.042	0	0.016	0	0	2
260	0	0	0	0	0.042	0.012	0	0	0.022	3
268	0	0.071	0	0.007	0	0	0	0	0	2
272*	0	0	0	0.049	0	0	0	0	0	7
276*	0	0	0	0.014	0	0	0	0	0	2
284	0	0	0	0.014	0	0	0	0	0.022	3
288	0.045	0.071	0	0	0	0.012	0	0	0	3
292*	0	0	0	0	0	0	0	0	0.043	2
296	0	0	0	0.021	0	0.012	0	0	0.022	5

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
300*	0	0	0	0	0	0	0	0	0.022	1
312*	0	0.071	0	0	0	0	0	0	0	1
336*	0	0.071	0	0	0	0	0	0	0	1
344*	0.045	0	0	0	0	0	0	0	0	1
356*	0	0	0	0	0	0	0	0	0.022	1
384*	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0	1
Locus H6										
105*	0	0	0	0	0.083	0	0	0	0	2
109*	0	0	0	0	0	0	0.016	0	0	1
113*	0.091	0	0	0	0	0	0	0	0	2
117	0.409	0	0	0	0	0.047	0	0.750	0	49
121	0.045	0	0	0	0	0.023	0.016	0.125	0	10
125*	0	0	0	0	0	0	0.016	0	0	1
137	0	0	0	0	0	0.012	0	0.021	0	2
141	0	0	0	0	0.042	0	0.031	0	0	3
145*	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0	1
149*	0	0	0	0	0	0	0.016	0	0	1
161*	0	0	0	0	0	0	0.016	0	0	1
169*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
177	0	0	0	0	0	0.012	0.016	0	0.022	3
181*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
185*	0	0	0	0	0	0.023	0	0	0	2
189	0	0	0.031	0.021	0	0.012	0.078	0	0.043	12
193	0	0	0.063	0.092	0	0.116	0.063	0	0.109	34
197	0.045	0.143	0.219	0.141	0.208	0.116	0.094	0	0.239	62
201	0	0.143	0.125	0.070	0.083	0.058	0	0.042	0.087	29
205	0.045	0.071	0.063	0.085	0	0.023	0.016	0	0.043	21
209	0.045	0	0.031	0.120	0.042	0.035	0.063	0	0.109	32

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
213	0.045	0.143	0.063	0.120	0.083	0.093	0.109	0	0.087	43
217	0	0.357	0.094	0.113	0.042	0.105	0.078	0	0.109	44
221	0	0	0.125	0.099	0.042	0.023	0.172	0	0.087	36
225	0	0	0	0.021	0	0.035	0	0	0	6
229	0	0.071	0.031	0.014	0	0.023	0	0	0	6
233	0	0	0	0.028	0.042	0	0.016	0	0	6
237	0	0	0	0	0.042	0	0.031	0	0	3
245*	0	0	0	0	0	0	0.016	0	0	1
249	0	0	0	0	0.042	0.035	0	0	0	4
253	0.091	0	0	0	0	0	0	0.021	0	3
257	0	0	0	0.021	0	0.012	0.047	0	0.022	8
261	0	0	0	0.007	0	0.012	0.016	0.021	0	4
265*	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0	1
269	0	0	0	0	0	0.023	0.047	0	0	5
273*	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0	1
281*	0	0	0.063	0	0	0	0	0	0	2
285*	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0	1
293	0	0.071	0	0	0	0	0.016	0	0	2
297*	0	0	0	0.014	0	0	0	0	0	2
309*	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0	1
313*	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0	1
321	0	0	0	0.007	0	0	0.016	0	0	2
341	0.091	0	0	0	0	0.070	0	0	0	8
345	0	0	0	0	0	0.023	0	0	0.022	3
349	0.045	0	0.031	0.007	0	0	0	0	0	3
353	0	0	0.063	0.007	0	0.012	0	0	0.022	5
357*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
365*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
377*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
381*	0	0	0	0	0.042	0	0	0	0	1
385*	0.045	0	0	0	0	0	0	0	0	1
405	0	0	0	0	0.042	0.012	0	0	0	2
Locus H12										
82*	0	0	0	0	0.083	0	0	0	0	2
102	0	0	0	0.021	0.042	0.012	0.047	0	0	8
106	0	0	0.188	0.035	0.292	0.081	0.156	0.063	0.043	40
110	0	0	0.031	0.007	0.083	0.058	0.125	0.063	0	20
114	0.045	0	0	0	0.042	0.023	0.031	0	0	6
118	0	0	0	0.014	0	0	0	0	0.022	3
122*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
126	0	0	0	0	0.042	0.012	0	0.042	0	4
130	0	0.071	0	0.035	0.042	0.012	0.109	0.021	0.022	17
134	0	0	0	0.042	0.042	0.035	0.125	0	0.065	21
138	0	0.143	0.063	0.021	0	0.035	0.016	0	0.022	12
142	0	0	0.031	0.021	0	0	0.016	0.021	0.087	10
146	0	0.143	0.031	0.042	0	0	0	0	0.239	20
150	0	0	0	0.056	0.125	0.035	0	0.021	0	15
154	0	0	0.031	0.021	0	0.012	0.047	0	0.022	9
158	0	0	0.156	0.042	0.083	0	0.094	0	0.022	20
162	0	0	0.031	0.042	0	0	0.047	0.021	0.043	13
166	0	0	0	0.021	0	0	0.031	0	0	5
170	0	0	0.031	0.007	0	0	0.016	0	0	3
174	0	0	0.031	0	0.042	0	0	0	0	2
178	0	0	0	0.014	0	0.012	0	0	0.022	4
182	0	0.071	0	0.042	0	0.023	0.031	0	0.022	12
186	0	0	0	0.014	0	0	0	0	0.022	3

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
190	0	0.071	0.031	0.070	0	0	0.016	0.021	0.043	16
194	0	0.071	0	0.021	0	0.035	0	0	0.043	9
198	0	0.071	0	0.035	0	0	0.016	0.063	0.043	12
202	0	0.143	0.031	0.049	0	0.012	0.031	0.021	0.043	16
206	0.091	0	0	0.014	0.042	0.070	0	0	0	11
210	0	0	0.063	0.014	0	0.012	0	0	0	5
214	0.045	0	0	0.021	0	0	0	0	0.065	7
218	0	0	0.156	0.042	0	0	0	0.021	0	12
222	0	0	0	0.021	0	0.023	0	0	0	5
226	0	0	0	0.070	0	0	0	0	0.022	11
230	0	0	0.031	0.014	0	0.023	0	0	0	5
234	0	0.071	0	0.014	0.042	0.023	0.016	0	0	7
238	0	0	0.031	0.014	0	0.047	0	0	0	7
242	0	0	0.031	0.007	0	0.058	0	0	0	7
246*	0	0	0	0	0	0.058	0	0	0	5
250	0	0	0	0	0	0.035	0	0.042	0	5
254	0.045	0	0	0	0	0.047	0	0	0.022	6
258	0.091	0	0	0	0	0.035	0	0	0	5
262*	0	0	0	0	0	0.035	0	0	0	3
266*	0	0	0	0	0	0	0	0.042	0	2
270*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
274	0.045	0	0	0.014	0	0	0	0.042	0	5
278	0.045	0	0	0.007	0	0	0	0	0.043	4
282*	0	0	0	0	0	0	0	0.042	0	2
286	0	0	0	0.014	0	0	0	0	0.022	3
290	0.045	0	0	0	0	0	0	0.021	0	2
294	0.045	0	0	0	0	0	0	0.021	0	2
298	0	0	0	0	0	0.012	0	0.146	0	8

Alelo	Frecuencias alélicas en cada grupo genético									No. total de copias
	BCN	BCS	Sinaloa	Norte	NorOeste	SurOeste	Centro	CentroSur	Sur	
310	0.091	0	0	0.007	0	0	0	0.042	0	5
314	0.091	0	0	0	0	0	0	0.021	0	3
318	0.045	0	0	0	0	0	0.016	0.021	0	3
322	0	0.143	0	0.007	0	0	0	0	0	3
326	0.045	0	0	0	0	0.012	0	0	0	2
330*	0.045	0	0	0	0	0	0	0	0	1
334	0.045	0	0	0.007	0	0.012	0	0	0	3
338*	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0	1
342	0.045	0	0	0	0	0	0.016	0	0	2
346*	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0	1
350	0.045	0	0	0.007	0	0.012	0	0.021	0	4
354*	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0	1
358	0	0	0	0	0	0.012	0	0.021	0	2
366*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
378*	0	0	0	0	0	0	0	0.042	0	2
386*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
390*	0	0	0	0.007	0	0	0	0	0	1
406*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
410*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
414*	0	0	0	0	0	0.012	0	0	0	1
434*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
438*	0	0	0	0	0	0	0	0.021	0	1
450*	0.045	0	0	0	0	0	0	0	0	1
474	0	0	0	0	0	0.023	0	0.021	0	3

Anexo 7b. Haplotipos y sus frecuencias por haplogrupo y localidad con los datos de D-loop. Sólo se indican los 201 sitios variables del total (430 pb). El número de las localidades se indica según el Anexo 2a, entre paréntesis se indica el número de individuos que comparten el haplotipo. La posición de cada sitio variable se indica al final del cuadro.

Haplogrupo	Haplotipo	Localidades	Frec.	1	70					
NORTE	Hap_1	51	1	CTATATAATA	AATTTCGACGT	ACCATCAAAC	ATACCTTAAA	ACTTGCCCAA	CTTATATCTC	TATACAACAT
NORTE	Hap_2	51	1T....G.C...
NORTE	Hap_3	51	1T....C...
NORTE	Hap_4	51,13	2T....	T...C.C...
NORTE	Hap_5	51	1T....C...
NORTE	Hap_6	51	1C.....T...T	G.....	T...C.C...	..C.....
NORTE	Hap_7	51	1T....G.C...
NORTE	Hap_8	51,44,41,42	4T....	T...C.C...
NORTE	Hap_9	49	1T....C...	C.....
NORTE	Hap_10	49,31	2T....C...
NORTE	Hap_11	49	1T....	T...C.C...
NORTE	Hap_12	49	1T....C...
NORTE	Hap_13	49	1A.T....C.C...
NORTE	Hap_14	49	1C.....T...T	G.....	T...C.C...	..C.....
NORTE	Hap_15	49,48	2T....C.C...
NORTE	Hap_16	49	1T....C.C...
NORTE	Hap_17	49	1T....C...	C.....
NORTE	Hap_18	49	1	T.....T....C.C...
NORTE	Hap_19	50,41	2T....C...	C.....
NORTE	Hap_20	50	1T....C...
NORTE	Hap_21	50,22,13	3T....C.C...AG.
NORTE	Hap_22	50	1T....	T...C...
NORTE	Hap_23	53	1T....C...
NORTE	Hap_24	53	1T....	...T.....C...	C.....
NORTE	Hap_25	53	1T....G.C...
NORTE	Hap_26	53	1G..T...C.C...
NORTE	Hap_27	53	1T....C.....	...C.C...
NORTE	Hap_28	53	1T....C.C...
NORTE	Hap_29	53,22,44	3T....C.C...
NORTE	Hap_30	53,44	2T....C.C..T
NORTE	Hap_31	53	1	.C.....T....C...	C.....
NORTE	Hap_32	53	1T....T..	T.....T..
NORTE	Hap_33	44	1T....	..G...G.C.C.C.
NORTE	Hap_34	44	1T....	TC...C.C...

Haplogrupo	Haplotipo	Localidades	Frec.	1							70
NORTE	Hap_161	34	1T.....C...	C.....	
NORTE	Hap_162	34	2T.....C.C...	
NORTE	Hap_163	35	1T.....G.	.T.....C.C.C.G..	
NORTE	Hap_164	36	1T.....	T...C...T..	
NORTE	Hap_165	37	1T.....C...C...	C.....	
NORTE	Hap_166	37	1T.....C...	C.....	
NORTE	Hap_167	37	2T..G.C.C...	
NORTE	Hap_168	37	1T.....C.C...	
NORTE	Hap_169	37	1T...TC...C...	
NORTE	Hap_170	37	1G.C.....T.....	T...C.....	
NORTE	Hap_171	37	1T.....C.C...G....	
NORTE	Hap_172	38	1	G...T.....C...	
NORTE	Hap_173	38	1T.....C...	...T.....	
NORTE	Hap_174	39	1T.....C.C...	
NORTE	Hap_175	39	1T.....G.	...C.C..T	
NORTE	Hap_176	39	1T.....	...T.....C.C...	
NORTE	Hap_177	39	1T.....C.C...	
NORTE	Hap_178	39	1T.....C.C...	
NORTE	Hap_179	39	1T.....C.C..T	
NORTE	Hap_180	39	1T.....C...	C.....	
NORTE	Hap_181	3	1T..T.....A.T...	...C.C...	
NORTE	Hap_182	3	1T.....C.C...	
NORTE	Hap_183	40	1T...T...C.C...	
NORTE	Hap_184	40	1T.....C.C...	...G....	
NORTE	Hap_185	40	1T.....C.C...	
NORTE	Hap_186	40	1T.....C.C...	
NORTE	Hap_187	40	1T.....C.C...	
NORTE	Hap_188	40	1T..T...C...C...	
NORTE	Hap_189	41	1T.....	T...C.C...	
NORTE	Hap_190	41	1T.....C...	C.....	
NORTE	Hap_191	41	1T.....C.C...	
NORTE	Hap_192	41	1T.....C.C...	
NORTE	Hap_193	41	1T.....C.C...	
NORTE	Hap_194	41	1A.T.....TG.	...C.C...	
NORTE	Hap_195	41	2T.....C.C...	
NORTE	Hap_196	41	1T.....G..	T...C.C...	
NORTE	Hap_197	41	1	C.....T.....	TC..C.C...	...T.....	
NORTE	Hap_198	41	1AC	C.....T.....C...	C.....	
NORTE	Hap_199	41	1T.....C...	
NORTE	Hap_200	41	1T.....C.C...	

Haplogrupo	Haplotipo	Localidades	Frec.	1							70
NORTE	Hap_201	43	1A....T....C.C....	
NORTE	Hap_202	44	1T....C.C....	
NORTE	Hap_203	44	1T....	A.....C....	
NORTE	Hap_204	44	1C.....T..T	G.....	T...C.C....	..C.....	
NORTE	Hap_205	44	1T....C....	T...C.C....	
NORTE	Hap_206	44	1T....	T...C.C....	
NORTE	Hap_207	44	1T....C.C....	
NORTE	Hap_208	44	1T....C.C....	
NORTE	Hap_209	44	1T....C.C....	
NORTE	Hap_227	4	1T....C.C....G.	
NORTE	Hap_228	7	1A.T....C.C....	..C.....	
NORTE	Hap_229	8	1T....C....	C.....	
NORTE y Sur	Hap_39	44,45	2T....C....C.C....T....	
NORTE y Sur	Hap_125	21,22,45	3T....C....	C.....	
CentroSur	Hap_121	16	1T....C.C....AG.	
CentroSur	Hap_122	18(2),20,24,27	5T....C....	C...T....	
CentroSur	Hap_124	20	1T....C....	C...T....	
CentroSur	Hap_144	25	1T....C....	C...T....	
CentroSur	Hap_226	46	1T....C....	
Sur	Hap_210	45	1T....T....C.C....	
Sur	Hap_211	45	1	..G.....T....	T...C.C....	
Sur	Hap_212	45	1T....C.C....	C.....	
Sur	Hap_213	45	1C.....T..T	G.....	T...C.C....	..C.....	
Sur	Hap_214	45	1T....A...GC....C	
Sur	Hap_215	45	1T....C....	..G.....	
Sur	Hap_216	45	1T....C....	
Sur	Hap_217	45	1T....C.C....	C.....	
Sur	Hap_218	45	1T....G.C....	
Sur	Hap_219	45	1T....C....	C.....	
Sur	Hap_220	45	1T....C....	
Sur	Hap_221	45	1T....C....	C.....	
Sur	Hap_222	45	1T....C....	
Sur	Hap_223	45	1T....GC....	C.....	
Sur	Hap_224	45	1T....	..C....C....	
Sur	Hap_225	45	1T....	T...C.C....	

Segunda parte de Anexo 7b

Haplogrupo	Haplotipo	Localidades	Frec.	71							140
NORTE	Hap_1	51	1	TATCGTAAAC	TATTAATAGG	ACAATTACAC	TAACTCCGCT	AATAGAATAA	TATCTTAATG	GATAATAAAC	
NORTE	Hap_2	51	1T	
NORTE	Hap_3	51	1C..T..	...T..T..C.....T	
NORTE	Hap_4	51,13	2CC.T..T..GT	
NORTE	Hap_5	51	1	C..C..C..TG.T...	GG.....GC.	
NORTE	Hap_6	51	1	...A.G...	C.....T.....GC...T	
NORTE	Hap_7	51	1T	
NORTE	Hap_8	51,44,41,42	4C.T..T..GT	
NORTE	Hap_9	49	1C...C.	
NORTE	Hap_10	49,31	2T..	...T..T..G	.C.....T	
NORTE	Hap_11	49	1T..T..GG...T	
NORTE	Hap_12	49	1T..T..G	.C.....T	
NORTE	Hap_13	49	1T..G	.G.....GT	
NORTE	Hap_14	49	1	...A.....	C.....C...	...T.....GTT	
NORTE	Hap_15	49,48	2	...A.....	C.....A	.G...T..	...T.T...	
NORTE	Hap_16	49	1T..G	.G.....T	
NORTE	Hap_17	49	1C...T.....G.	
NORTE	Hap_18	49	1T..T..GT	
NORTE	Hap_19	50,41	2C...	
NORTE	Hap_20	50	1	.G.....	C.....	
NORTE	Hap_21	50,22,13	3	C..C..C..	G.....TG.G..G	
NORTE	Hap_22	50	1G...T..	.G...T..G	.G.....T	
NORTE	Hap_23	53	1T..	...T..T..G	.C.....T	
NORTE	Hap_24	53	1C...	.T.....G.	
NORTE	Hap_25	53	1	
NORTE	Hap_26	53	1T..	...T...GA	
NORTE	Hap_27	53	1T..	...T...GT	
NORTE	Hap_28	53	1T..G	
NORTE	Hap_29	53,22,44	3T..	...T...GA	
NORTE	Hap_30	53,44	2T..	...T...GT	
NORTE	Hap_31	53	1C...G....	
NORTE	Hap_32	53	1T..	...T...G	.G.....T	
NORTE	Hap_33	44	1TT...GA	...G....	
NORTE	Hap_34	44	1C...	...T...GT	
NORTE	Hap_35	44	1C...T...	
NORTE	Hap_36	44	1T..	...T...G	.G.....T	
NORTE	Hap_37	44,40	2	
NORTE	Hap_38	44	1	.G.....	C.....A..C.....	

Haplogrupo	Haplotipo	Localidades	Frec.	71	140
NORTE	Hap_40	44	1C...T.....
NORTE	Hap_41	44	1C.....T.....
NORTE	Hap_42	44	1	...A.....A..G...T.T
NORTE	Hap_43	22	1	...A.....C.....
NORTE	Hap_44	22	1	...A.....A..G...T.T
NORTE	Hap_45	22	1	...A.....C.....
NORTE	Hap_46	22	1	C.....T..
NORTE	Hap_47	22	1A
NORTE	Hap_48	22	1	C.....C.....
NORTE	Hap_49	22,52	2	C.....C.CC.....
NORTE	Hap_50	22	1A
NORTE	Hap_51	22	1T.T
NORTE	Hap_52	22	1G...T..
NORTE	Hap_53	41	1TG.
NORTE	Hap_54	41	2C.....
NORTE	Hap_55	41(2),40	3	.G.....C.....
NORTE	Hap_56	41,52,38	3T.....
NORTE	Hap_57	41	1T
NORTE	Hap_58	41	1T..
NORTE	Hap_59	41	1C.....
NORTE	Hap_60	41	1	...A.....C.....
NORTE	Hap_61	41	1	...A.G...C.....
NORTE	Hap_62	14	1TT...
NORTE	Hap_63	14	1TT...
NORTE	Hap_64	14	1	...C....C.....
NORTE	Hap_65	14	1	C.....T..
NORTE	Hap_66	14	1T..
NORTE	Hap_67	14	1G.....A
NORTE	Hap_68	14	1T..
NORTE	Hap_69	14	1T..
NORTE	Hap_70	14	1TG.
NORTE	Hap_71	48	1T..
NORTE	Hap_72	48	1	C.....T..
NORTE	Hap_73	52	1T..
NORTE	Hap_74	52	1C.....
NORTE	Hap_75	52	1	...A...TC.....
NORTE	Hap_76	52	1	C.....C.CC.....
NORTE	Hap_77	52	1	C.....T..
NORTE	Hap_78	52	1	...A.....C.....
NORTE	Hap_79	52	1	...A.....A..G...T.T

Haplogrupo	Haplotipo	Localidades	Frec.	71	140
NORTE	Hap_80	52	1T..T... .G.....T
NORTE	Hap_81	47	1	...A.....A ..G...T.TT...
NORTE	Hap_82	47,47	2T..T... .G.....T
NORTE	Hap_83	47	1T..	..T..T... ..C.....T
NORTE	Hap_84	47	1C....T... ..G.....T
NORTE	Hap_85	10	1C....	C..C..... .TGTG.....T
NORTE	Hap_86	10	1C.C.....	.T....T.. A..T.AT.AG C.....G ..C.....T
NORTE	Hap_87	10	1C....T... ..G.....T
NORTE	Hap_88	10	1C....T... ..G.....T
NORTE	Hap_89	10,6	2	...A...TT..T..CGT
NORTE	Hap_90	11	1	...A...TT... ..C.....T
NORTE	Hap_91	12	1	...A....	C.....T.....GT
NORTE	Hap_92	13	1	...A....A ..G...T.TT...
NORTE	Hap_93	13	1T..T... ..G.....GT
NORTE	Hap_94	13,40	2C....T... ..G.....T
NORTE	Hap_95	13	1T..T... ..G.....T
NORTE	Hap_96	13	1	C.....C.CC.....TG.G.....GG..
NORTE	Hap_97	13	1C....T... ..G.....T
NORTE	Hap_98	13	1C..G....C.....T... ..G.....T
NORTE	Hap_99	13	1	...A.G...C.....C.... ..T.....GT
NORTE	Hap_100	13	1	C.....T..TT... ..G.....A
NORTE	Hap_101	13	1	...A...T	C.....T....TGT G..T.AT.A.GT
NORTE	Hap_102	14	1T..	.G...T... ..G.....G ..G.....T
NORTE	Hap_103	14	1C....T.. ..T.....C.....T
NORTE	Hap_104	14	1AT... ..C...C..C.T
NORTE	Hap_105	14	1C....T... ..G.....T
NORTE	Hap_106	14	1T..T... ..G.....T
NORTE	Hap_107	14	1C.AT... ..G.....A
NORTE	Hap_108	14	1T..T... ..G.....G
NORTE	Hap_109	14	1C..C..C...TG.T... .G...G..G
NORTE	Hap_110	14	1	C.C.....AT... ..T... ..G.....GT
NORTE	Hap_111	14	1T.TTT... ..G.....GT
NORTE	Hap_112	14	1G....TG.A... ..G.....A
NORTE	Hap_113	14	1C....T... ..C.....T
NORTE	Hap_114	14	1G..C.... ..G.....T
NORTE	Hap_115	15	1C....T... ..G.....T
NORTE	Hap_116	15	1C.T..T... ..G.....T
NORTE	Hap_117	15	1C....T... ..G.....T
NORTE	Hap_118	15	1C..C..C...TG.T... GG.....G
NORTE	Hap_119	15	1C....	C..C.....T.. ..T... GG.....G

Haplogrupo	Haplotipo	Localidades	Frec.	71	140
NORTE	Hap_120	15	1	.G..A.....C.....A..
NORTE	Hap_123	1	1T..T....
NORTE	Hap_126	21(3),26	4T..T....
NORTE	Hap_127	21	1T..T....
NORTE	Hap_128	21	1T..T....
NORTE	Hap_129	21	1T..T....
NORTE	Hap_130	21	1T..T....
NORTE	Hap_131	21	1T..T....
NORTE	Hap_132	21	1T..T....
NORTE	Hap_133	21	1T..T....
NORTE	Hap_134	21	1T..T....
NORTE	Hap_135	21	1T..T....
NORTE	Hap_136	21	1T..T....
NORTE	Hap_137	22	1C.....
NORTE	Hap_138	22	1T..T..T..
NORTE	Hap_139	22	1C.....T..T..
NORTE	Hap_140	22	1G.....
NORTE	Hap_141	22	1	C.....
NORTE	Hap_142	22	1C.....C.....
NORTE	Hap_143	22,36	2C.....C.....
NORTE	Hap_145	26	1C.....
NORTE	Hap_146	26	1	C.....G.....
NORTE	Hap_147	27	1C.....
NORTE	Hap_148	29	1	C.....T..T..
NORTE	Hap_149	29	1	C.C.....A.....
NORTE	Hap_150	29	1T.....T..
NORTE	Hap_151	31	1C.....C.....
NORTE	Hap_152	31	1	.G..A.....C.....T..C..T..T
NORTE	Hap_153	31	1C..C..C...TG..
NORTE	Hap_154	32	1
NORTE	Hap_155	32	1A.....TG..
NORTE	Hap_156	33	1C.....TG..
NORTE	Hap_157	33	1C..C..C...T..
NORTE	Hap_158	33	1A.G...C.....
NORTE	Hap_159	33	1C..T..T..
NORTE	Hap_160	33	1C.....T.....
NORTE	Hap_161	34	1C.....
NORTE	Hap_162	34	2G.....G.....
NORTE	Hap_163	35	1T.....TT..
NORTE	Hap_164	36	1A.....T..

Haplogrupo	Haplotipo	Localidades	Frec.	71	140
NORTE	Hap_165	37	1C...
NORTE	Hap_166	37	1	C.....C...
NORTE	Hap_167	37	2	C.....C..T..	...T.T... ..G...A..G.....
NORTE	Hap_168	37	1	C..A.....T..	...T... ..G...A.....
NORTE	Hap_169	37	1C..T..	...T... ..G... ..T.....
NORTE	Hap_170	37	1G..T.T	...T... ..A...G..G.....
NORTE	Hap_171	37	1	C.....T..	...TT... ..G...C...A.....
NORTE	Hap_172	38	1T..	...T.T... ..C.....T.....
NORTE	Hap_173	38	1	...A.....T
NORTE	Hap_174	39	1	...A.....C...T.....G.....T.....
NORTE	Hap_175	39	1T..	...T... ..G.....T.....
NORTE	Hap_176	39	1	C.....C.....A	...C..T.. ..T..... ..T.....
NORTE	Hap_177	39	1C..C..C...TG.T... ..G.....G.....
NORTE	Hap_178	39	1	...A.....A	..G...T.TT... G.....
NORTE	Hap_179	39	1T..	...T... ..G.....T.....
NORTE	Hap_180	39	1C...G..
NORTE	Hap_181	3	1	...A.C....C..C.....T.T.....C.....
NORTE	Hap_182	3	1C...G... ..G.....
NORTE	Hap_183	40	1	.G.....C.....C....A... ..C...G... ..T.....
NORTE	Hap_184	40	1	C.....T..	...TT... ..C...A.....
NORTE	Hap_185	40	1	...A.....A	..G...T.TT... ..G... ..G... ..G...
NORTE	Hap_186	40	1T C.....T..	G...A..AG C.....G.....T.....
NORTE	Hap_187	40	1T..	...T... ..G.....T.....
NORTE	Hap_188	40	1G.G.....G.....
NORTE	Hap_189	41	1A.....T..	...T... ..G.....T.....
NORTE	Hap_190	41	1C...G.
NORTE	Hap_191	41	1T..	...T... ..G..G.....T.....
NORTE	Hap_192	41	1	.G..A....C.....T..C..T.T	G...AT.AG C...GG..T AT.T..G.C. T.....
NORTE	Hap_193	41	1	C.C.....A	...C..T.. ..T.....
NORTE	Hap_194	41	1TG.G.....T.....
NORTE	Hap_195	41	2T..	...T... ..GG.....
NORTE	Hap_196	41	1C..TG.	...TA... ..G...CT.....
NORTE	Hap_197	41	1C....	...T... ..G.....T.....
NORTE	Hap_198	41	1C...G.
NORTE	Hap_199	41	1T..T.....
NORTE	Hap_200	41	1	.G.....C.....C....A... ..C...G... ..T.....
NORTE	Hap_201	43	1	C.C.....A	...C..T.. ..T.....
NORTE	Hap_202	44	1	C.....T.T	...T... ..C.....
NORTE	Hap_203	44	1A.....TG.T... C.....
NORTE	Hap_204	44	1	...A.....C.....C....	...T... ..G.....

Haplogrupo	Haplotipo	Localidades	Frec.	71							140
NORTE	Hap_205	44	1TG.C.....T	
NORTE	Hap_206	44	1C.T..T...A.....T	
NORTE	Hap_207	44	1	C.....	C.....AT..	...T.....T	
NORTE	Hap_208	44	1T..T...G	.G.....T	
NORTE	Hap_209	44	1T..C...	
NORTE	Hap_227	4	1	C.....	
NORTE	Hap_228	7	1	...A...T	C.....	.T....TGT	G..T.AT.A.GT	
NORTE	Hap_229	8	1C...G.	
NORTE y Sur	Hap_39	44,45	2	..C.....AGG...	...G....	
NORTE y Sur	Hap_125	21,22,45	3C...T	
CentroSur	Hap_121	16	1	C..C..C...	G.....TG.G	
CentroSur	Hap_122	18(2),20,24,27	5C...	C.....	
CentroSur	Hap_124	20	1C...C...	
CentroSur	Hap_144	25	1C...GT	
CentroSur	Hap_226	46	1	C.....A	C.....	
Sur	Hap_210	45	1G..T..T...G	
Sur	Hap_211	45	1C.T..T...GT	
Sur	Hap_212	45	1C...C...	
Sur	Hap_213	45	1	...A.G...	C.....C...	...T.....C.GT	
Sur	Hap_214	45	1C...	C..C.....TGTG.....GG.	
Sur	Hap_215	45	1T..	...T..T...G	.C.....T	
Sur	Hap_216	45	1TG.	C.....	
Sur	Hap_217	45	1C...	
Sur	Hap_218	45	1C...T	
Sur	Hap_219	45	1C...	
Sur	Hap_220	45	1T..	...T..T...C.....T	
Sur	Hap_221	45	1C...G.	
Sur	Hap_222	45	1	C.....G...ATG.	C.....	
Sur	Hap_223	45	1C..A	
Sur	Hap_224	45	1ATGT	...C.....	C.....	
Sur	Hap_225	45	1T..T...	.G.....GT	

Tercera parte del Anexo 7b

Haplogrupo	Haplotype	Localidades	Frec.	141						201	
NORTE	Hap_1	51	1	TTAACAACGA	TTATATATGG	CAGATTACAT	TTTAATAGTT	TAATTAATCG	AGATAGTACC	A	
NORTE	Hap_2	51	1	...T.G...A.T..C....CC....	.	
NORTE	Hap_3	51	1	C...C.CA.T..AC.	C.....T.C....	.	
NORTE	Hap_4	51,13	2	...T.....	C...C.CA.T..AC.	C.....T.C....	.	
NORTE	Hap_5	51	1	...T..T..CA.T..A..	C.....T.C..A.	.	
NORTE	Hap_6	51	1	...T.G.A.	C.....A.	.G.....T..	CG.....C..	.A.CGC....	.	
NORTE	Hap_7	51	1	...TG....A.T..CC....	.	
NORTE	Hap_8	51,44,41,42	4	...T.....	C...C.CA.T..AC.	C.....T.C....	.	
NORTE	Hap_9	49	1	...T.G...	C.....A.A..	C.....T.	...C.C....	.	
NORTE	Hap_10	49,31	2	C...C.CA.AC.	C.....T.C....	.	
NORTE	Hap_11	49	1	...T.....	C.....CA.T..AC.	C.....T.C....	.	
NORTE	Hap_12	49	1	C...C.CA.T..AC.	C.....T.C....	.	
NORTE	Hap_13	49	1C.CA.T..AC.	C...G..T.C....	.	
NORTE	Hap_14	49	1	...T.G.A.	C.....A.T..	C.....	.A.CGC....	.	
NORTE	Hap_15	49,48	2	...T..T..	C.....A.A..	C..C...T.C....	.	
NORTE	Hap_16	49	1	C...C.CA.T..AC.	C...G..T.C....	.	
NORTE	Hap_17	49	1	...T.....	C.....A.A..	C.....T.	...C.C....	.	
NORTE	Hap_18	49	1	C...C.CA.T..AC.	C.....T.C....	.	
NORTE	Hap_19	50,41	2	...T.....	C.....A.T..A..	C.....T.	...C.C....	.	
NORTE	Hap_20	50	1	...T..T..	C.....A.T..	C.....C...T.	.	
NORTE	Hap_21	50,22,13	3	...T..T..	C.....CA.T..C.	C.....T.	...C.C..A.	.	
NORTE	Hap_22	50	1	...T.....	C.G..C.CA.A..	C.....T.C....	.	
NORTE	Hap_23	53	1	C...C.CA.T..AC.	C.....T.C....	.	
NORTE	Hap_24	53	1	...T.....	C.....A.A..	C.....T.	...C.C....	.	
NORTE	Hap_25	53	1	...T.....	CC.....A.T..CC....	.	
NORTE	Hap_26	53	1	...T.....A.T..A..	C.....CT.	...C.C..T.	.	
NORTE	Hap_27	53	1	...T.....	C...C.CA.AC.	C.....T.C....	.	
NORTE	Hap_28	53	1A.	C...C.CA.T..A..	C.....T.C....	.	
NORTE	Hap_29	53,22,44	3	...T.....A.T..A..	C.....CT.	...C.C..T.	.	
NORTE	Hap_30	53,44	2	...T.G...	C...C..A.T..AC.	C.....T.C....	.	
NORTE	Hap_31	53	1	...T.....	C.....A.T..A..T.	...C.C....	.	
NORTE	Hap_32	53	1	...T.....	CCG..C..A.T..AC.	C.....T.C....	.	
NORTE	Hap_33	44	1T..	C.....A.T..	...G...A..	C.....T.	...C.C....	.	
NORTE	Hap_34	44	1	...G....	C...C.CA.T..AC.	C.....T.C....	.	
NORTE	Hap_35	44	1	...T.....A.T..A..	C.....T.	...C.C....	.	
NORTE	Hap_36	44	1	...T.....	..G..C..A.AC.	C.....T.C....	.	
NORTE	Hap_37	44,40	2	...T.....	C.....A.T..T.CC....	.	
NORTE	Hap_38	44	1	...T..T..	C.....A.T..A..	C.G..G....C....	.	

Haplogrupo	Haplotipo	Localidades	Frec.	141	201
NORTE	Hap_40	44	1T..... C.....A.A.. C.....T. ...C.C.... .	
NORTE	Hap_41	44	1T..... C.....A. T.. C..... ..C...T .	
NORTE	Hap_42	44	1T..T.. ..A.C..C...T. ...C.C.... .	
NORTE	Hap_43	22	1T..... ..A. T.. A.. C.....T. ...C.C.... .	
NORTE	Hap_44	22	1T..T.. C.....A. G. A.. C..C...T.C.... .	
NORTE	Hap_45	22	1T.G.A. C.....A. T.. C..... ..A.CGC.... .	
NORTE	Hap_46	22	1T..... C.....A. T.. A.. C.....CT. ...C.C.... .	
NORTE	Hap_47	22	1C.CA. T.. AC. C.....T.GC.... .	
NORTE	Hap_48	22	1T..T.. C.....CA. T.. ..G..G.. C.....T.C.... .	
NORTE	Hap_49	22,52	2T..T.. C.....CA. T.. A.. C.....T.C.... .	
NORTE	Hap_50	22	1G... C.....CA. T.. A.. C..C...CT.C.... .	
NORTE	Hap_51	22	1T..... ..G..C..A.AC. C.....T.C.... .	
NORTE	Hap_52	22	1T..... C.G..C..A.A.. C.....T.C.... .	
NORTE	Hap_53	41	1GT.. ..C...CA.C..... ..C. C.....T.C.... .	
NORTE	Hap_54	41	2T..... C.....A. T..CC..T .	
NORTE	Hap_55	41(2),40	3T..T.. C.....A. T.. A.. ..G..... ..C..T. .	
NORTE	Hap_56	41,52,38	3T...A. C...C.CA. T.. AC. C.....T.C.... .	
NORTE	Hap_57	41	1T...A. C.....A. T.. A.. ..A...C.... .	
NORTE	Hap_58	41	1T..... ..A. T.. A.. C.....CT. ...C.C...T. .	
NORTE	Hap_59	41	1T..... C..C...A.C..T..G... ..CC... .	
NORTE	Hap_60	41	1T..... A...CA. T..C.G..T. ...C.C.... .	
NORTE	Hap_61	41	1T.GTA. C..C...A. T.. C..... ..A.CGC.... .	
NORTE	Hap_62	14	1T..T.. C.....A. T.. C.....T. ...C.C.... G	
NORTE	Hap_63	14	1T..T.. C.....A.C.C.... .	
NORTE	Hap_64	14	1T..T.. C.....A. T.. .C..... C.....T.C.... .	
NORTE	Hap_65	14	1T..... C.....A.A.. C.....CT. ...C.C.... .	
NORTE	Hap_66	14	1T.. C...C.CA. T.. AC. C...G..T.C.... .	
NORTE	Hap_67	14	1G... C...C.CA. T.. AC. C.....T.C.... .	
NORTE	Hap_68	14	1T...A. C...C.CA. T.. AC. C..... ..C.... .	
NORTE	Hap_69	14	1T..... ..T..C..... ..C.... .	
NORTE	Hap_70	14	1G... ..A. T.. A.. C..C...T.GC.... .	
NORTE	Hap_71	48	1A. C...C.CA. T.. AC. C...G..T.C.... .	
NORTE	Hap_72	48	1T...G ..A. T..CC... .	
NORTE	Hap_73	52	1A. C...C.CA. T.. AC. C.....T.C.... .	
NORTE	Hap_74	52	1T..... C.....A. T.. ..G..... ..CC...T G	
NORTE	Hap_75	52	1T.GTA.CA.AC. C..... ..C.... .	
NORTE	Hap_76	52	1T..... C.....CA. T.. A.. C.....T.C.... .	
NORTE	Hap_77	52	1T..... C.....CA. T.. A.. C..C...C.. ...C.C.... .	
NORTE	Hap_78	52	1T.G... C.....A.A.. C..... ..C.C.... .	
NORTE	Hap_79	52	1T..T.. C.....A.A.. C..C...T.C.... G	

Haplogrupo	Haplotipo	Localidades	Frec.	141	201
NORTE	Hap_80	52	1	...T.... C.G..C..A.G...	AC. C.....T.C....
NORTE	Hap_81	47	1	.C..T..T.. C.....A.A.. C..C...T.C....
NORTE	Hap_82	47,47	2 C...C.CA.T..AC. C...G..T.C....
NORTE	Hap_83	47	1	..G..... C...C.CA.AC. C.....T.C....
NORTE	Hap_84	47	1 C...C.CA.T..AC. C.....T.C....
NORTE	Hap_85	10	1T..A.GT..	.C..... C.....CT. ..G..C....
NORTE	Hap_86	10	1	...T...A.CA.T.C	C...G.A..AT. TATA.C.GT.
NORTE	Hap_87	10	1	...T..... C.....A.T..	...C..AC. C.....T. ...C.C....
NORTE	Hap_88	10	1	...T.....A.A. C.....T. ...C.C....
NORTE	Hap_89	10,6	2	...T.... C...C.CA.T..AC. C.....T.C....
NORTE	Hap_90	11	1	...T.G... C.....A.T..	..G...A.. C.....T.C....
NORTE	Hap_91	12	1	...T.GTA. CC.....A.T.. C.....A .A.CGC....
NORTE	Hap_92	13	1	...T..T.. C.....A. C..C...T. ...C.C....
NORTE	Hap_93	13	1	...T..... C...C.CA.AC. C.....T.C....
NORTE	Hap_94	13,40	2	...T.... C.....A.T..A. C...G..T. ...C.C....
NORTE	Hap_95	13	1A. C...C.CA.AC. C..... CC....
NORTE	Hap_96	13	1	...T..TA.CA.T..	..C..... C.....T.C....
NORTE	Hap_97	13	1	...T..... CC.....T.. C...T
NORTE	Hap_98	13	1A. C...C.CA.T..AC. C.....T.C....
NORTE	Hap_99	13	1	...T.GTA. C.....T.. C..C...T. ...C.C....
NORTE	Hap_100	13	1	...T...A. C.....A.T..A. C.....CT. ...C.C....
NORTE	Hap_101	13	1	...T.GT..CA.	C.....A.. C..... C....
NORTE	Hap_102	14	1	...T..... C.G..C.CA.AC. C.....T.C....
NORTE	Hap_103	14	1	...T.G... C.....A.T..	..G...A.. C..C...T.C....
NORTE	Hap_104	14	1	...T..... ..C...A.T..G..... ..CC....
NORTE	Hap_105	14	1	...T.GT.. C.....A.T.. C..C...T.C....
NORTE	Hap_106	14	1	...T..... C.....A.T..A. C.....T. ...C.C....
NORTE	Hap_107	14	1 C...C.CA.T..AC. C...G..T.C....
NORTE	Hap_108	14	1	...T...A. C.....A. ..G...T..A.. C.....T. ...C.C....
NORTE	Hap_109	14	1A.C....A. C.....CT. ...C.C....
NORTE	Hap_110	14	1	C..T..T..C..T..A. C.....T.C..A.
NORTE	Hap_111	14	1	...T..... C.....A.T..A. C...G..T. .A...C....
NORTE	Hap_112	14	1	...T..... C.G..C..A.C. C.....T.C....
NORTE	Hap_113	14	1	...T..T.T C...C.CA.T..C C.....CT.C..T.
NORTE	Hap_114	14	1	...T..... C.....A.T..A. C.....T. ...C.C....
NORTE	Hap_115	15	1	...T...A. C.....A.T..A. C.....T. ...C.C....
NORTE	Hap_116	15	1	...T..... C...C..CCT A.....T..AC. C.....T.C....
NORTE	Hap_117	15	1A. C.....A.T..A. C..... C.C....
NORTE	Hap_118	15	1	...T..T..CA.T..A. C.....T.C..A.
NORTE	Hap_119	15	1T.GC.CA.T..A. C.....T.C..A.

Haplogrupo	Haplotipo	Localidades	Frec.	141	201
NORTE	Hap_120	15	1T..T.. C.....CA.T.. ...G...A.. C.....TC.C....	
NORTE	Hap_123	1	1T..... C.....A.T..A.. C.....T. ...C.C....	
NORTE	Hap_126	21(3),26	4T.G... C.....A.T.. ...G...A.. C..C...T.C....	
NORTE	Hap_127	21	1T.G... C.....A.T.. ...G...A.. C..C...T.C....	
NORTE	Hap_128	21	1T..... C.....CA.T.. C.....AC. C.....T.C....	
NORTE	Hap_129	21	1T.G... C.....A.T.. ...G...A.. C..C...T.C....	
NORTE	Hap_130	21	1T..... C...C.CA.T..A.. C.....T.C....	
NORTE	Hap_131	21	1 C.....CA.T..A.. C.....T. ...C.C....	
NORTE	Hap_132	21	1T..... C.....CA.T..AC. C.....T.C....	
NORTE	Hap_133	21	1 C.....CA.T..A.. C.....T. ...C.C....	
NORTE	Hap_134	21	1T.G... C.....A.T.. ...G...A.. C..C...T. ...CGCC...	
NORTE	Hap_135	21	1 C...C.CA.T..AC. C.....T. ...C.C....	
NORTE	Hap_136	21	1T..... C.....CA.T.. C.....AC. C.....T.C....	
NORTE	Hap_137	22	1T...A. C.....T..C...T	
NORTE	Hap_138	22	1 C...C.CA.T..AC. C.....T.C....	
NORTE	Hap_139	22	1	...T...A.A.T..C..C.G..T. ...C.C....	
NORTE	Hap_140	22	1T.....T..C.....C....	
NORTE	Hap_141	22	1T..... C.....A.T.. ...G...AC.C...T	
NORTE	Hap_142	22	1T.. C...C.A.T.. .C..... C.....T.C...T	
NORTE	Hap_143	22,36	2T.G... C...C.A.T..AC. C.....T.C....	
NORTE	Hap_145	26	1T..... C.....A.T..A.. C.....T. ...C.C....	
NORTE	Hap_146	26	1T.G... C.....A.T.. ...G...A.. C..C...T.C....	
NORTE	Hap_147	27	1T..... C.....A.T..C.....CC..T	
NORTE	Hap_148	29	1T..... C.....A.T..A.. C.....CT. ...C.C....	
NORTE	Hap_149	29	1T.G... C.....A.T.. ...G...A.. C..C...T.C....	
NORTE	Hap_150	29	1T.G... C.....A.T.. ...G...A.. C..C...T.C....	
NORTE	Hap_151	31	1T.. C.....A.T.. .C..... C.....T.C...T	
NORTE	Hap_152	31	1	...T..T.. C.....A.T.. ...G...A.. C.....C....	
NORTE	Hap_153	31	1T.. C.....CA.T..A.. C.....T.C..A.	
NORTE	Hap_154	32	1T.....C..T..C.....CC...	
NORTE	Hap_155	32	1T.G... C.....A.T..A.. C..C...T.C....	
NORTE	Hap_156	33	1T..... C.....C..T.. ...G..G.. C.....T.C....	
NORTE	Hap_157	33	1	C.....T..CA.T..A.. CG..C...T.C..A.	
NORTE	Hap_158	33	1T.G.A. C.....A.T..A.. C.....A.CGC....	
NORTE	Hap_159	33	1	...T...A. C...C.CA.T..AC. C.....T.C....	
NORTE	Hap_160	33	1	..G.T.... C.....A.T..A.. C.....T. ...C.C....	
NORTE	Hap_161	34	1T.....A.T..A.. C.....T. ...C.C....	
NORTE	Hap_162	34	2 C.....A.T.. ...G...AC. C.....T.C...T	
NORTE	Hap_163	35	1	...T..T.. C.....A.T..A.. C.....T. ...C.C....	
NORTE	Hap_164	36	1T..... C.G..C..A.T..AC. C..C...T.C....	

Haplogrupo	Haplotipo	Localidades	Frec.	141	201
NORTE	Hap_165	37	1 C.....A.T..A.. C..... . .C.C.... .	
NORTE	Hap_166	37	1	...T.... C.....A.T..A.. C...G..T. ...C.C.... .	
NORTE	Hap_167	37	2	...T.... C.....A.T..A.. C.....CT. ...C.C.... .	
NORTE	Hap_168	37	1	...T.... C.....A.T..A.. CG....CT. ...C.C.... .	
NORTE	Hap_169	37	1	...T..T.A.C.GT..AC. C..... .A.C.C.... .	
NORTE	Hap_170	37	1 C.G..C..A.G...C. C.....T.C.... .	
NORTE	Hap_171	37	1	...T...A. C.....A.T..A.. C.....CT. ...C.C.... .	
NORTE	Hap_172	38	1 C...C..A.T..AC. C.....T.C.... .	
NORTE	Hap_173	38	1	...T...A. C.....A.T..A..A.C.C.... .	
NORTE	Hap_174	39	1	...T.... C.....A.T.. ...G..AC. C.....T.C...T .	
NORTE	Hap_175	39	1	...T.G... C...C..A.T..AC. C.....T.C.... .	
NORTE	Hap_176	39	1 C.....A.T..A.. C...G..T.C.... .	
NORTE	Hap_177	39	1T..CA.T..A.. C.....T. ...C.C..A. .	
NORTE	Hap_178	39	1	...T..T. C..... C..C...T. ...C.C.... .	
NORTE	Hap_179	39	1	...T.G... C...C..A.T..C. C.....T.C.... .	
NORTE	Hap_180	39	1	...T.... C.....A.T..A.. C.....T. ...C.C.... .	
NORTE	Hap_181	3	1	...T.... C.....A.T..A.. C.....T. ...C.C.... .	
NORTE	Hap_182	3	1	...T.... C.....A.T..A.. C.....T. ...C.C.... .	
NORTE	Hap_183	40	1	...T..T. C.....A.T..A.. ..G..... .C...T. .	
NORTE	Hap_184	40	1A. C.....A.T..A.. C.....CT. ...C.C.... .	
NORTE	Hap_185	40	1	...T..T. C.....A.T..A.. C..C...T. ...C.C.... .	
NORTE	Hap_186	40	1	...T.... C...C.CA.T..AC. C..... .C.... .	
NORTE	Hap_187	40	1	...T.... C...C.CA.T..AC. C.....T.C.... .	
NORTE	Hap_188	40	1	...T....A.T.. C..... .CC... .	
NORTE	Hap_189	41	1 C...C.CA.T..AC. C.....T.C.... .	
NORTE	Hap_190	41	1	...TG... C.....A. C.....T. ...C.C.... .	
NORTE	Hap_191	41	1	...T.... C...C.CA.T..AC. C.....T.C.... .	
NORTE	Hap_192	41	1	...T..T. C.....CA. ..G..T. ..G..A.. C..... .C.... .	
NORTE	Hap_193	41	1	...T....A.ATA.. C.....A.. CG...G..T.C.... .	
NORTE	Hap_194	41	1	...T.GT..C..T.. ..C...AC.T.C..T. .	
NORTE	Hap_195	41	2	...T.... C.....CA.T.. C.....AC. C.....T.C.... .	
NORTE	Hap_196	41	1	...T..T.C C.....CA.T.. C.....T.C.... .	
NORTE	Hap_197	41	1 C...C.CA.T..AC. C.....T.C.... .	
NORTE	Hap_198	41	1	...T.... C.....A. C.....T. ...C.C.... .	
NORTE	Hap_199	41	1	...T....A.G..... .CC... .	
NORTE	Hap_200	41	1	...T..T. C.....A.G..... .C.... .	
NORTE	Hap_201	43	1	...T....A.T..A.. CG...G..T.C.... .	
NORTE	Hap_202	44	1	...T.... C.....A.T..A.. C.....T. ...C.C.... .	
NORTE	Hap_203	44	1	...T.G... C.....A.T.. ...G..A. C..C...T.C.... .	
NORTE	Hap_204	44	1	...T.G.A. C.....A.T.. C..... .A.CGC.... .	

Haplogrupo	Haplotipo	Localidades	Frec.	141						201	
NORTE	Hap_205	44	1T...A.	C.....A.C..T..	...G...A..	C.....T.C....	.	
NORTE	Hap_206	44	1T.....	C....C.CA.T..AC.	C.....T.C....	.	
NORTE	Hap_207	44	1	C.....A.T..A..	C....G..T.C....	.	
NORTE	Hap_208	44	1T.....C.CA.T..AC.	C.....T.C....	.	
NORTE	Hap_209	44	1T.....	C.....A.T..A..	C.....T.	...C.C....	.	
NORTE	Hap_227	4	1T.....	C.....A.C..T..	C.G.....CC..T	.	
NORTE	Hap_228	7	1T.GT..CA.AC.	C.....T.C...T	.	
NORTE	Hap_229	8	1T.....	C....T.A.T..A..	C.....C.C....	.	
NORTE y Sur	Hap_39	44,45	2ATA.A..	C.....T.CC....	.	
NORTE y Sur	Hap_125	21,22,45	3T.G...	C.....A.T..A..	C.....T.	...C.C....	.	
CentroSur	Hap_121	16	1T..T..	C....TCA.T..C.	C.....T.	...C.C..A.	.	
CentroSur	Hap_122	18(2),20,24,27	5T.G...	C.....A.T..	...G...A..	C..C...T.C....	.	
CentroSur	Hap_124	20	1T.....	C.....A.T..A..	C.....T.C....	.	
CentroSur	Hap_144	25	1T..T..	C.....A.T..A..	C.....T.	...C.C....	.	
CentroSur	Hap_226	46	1T.G...	C....T.A.T..	...G...A..	C..C...T.C....	.	
Sur	Hap_210	45	1A.	C....C.CA.T..AC.	C.....T.C....	.	
Sur	Hap_211	45	1T.....	C....C.CA.T..AC.	C.....T.C....	.	
Sur	Hap_212	45	1T.....	C.....A.T..A..	C.....T.	...C.C....	.	
Sur	Hap_213	45	1T.GTA.	C..C...A.T..	C.....	.A.CGC....	.	
Sur	Hap_214	45	1T..	C.....A.T..	...G....	C.....T.	.A...C....	.	
Sur	Hap_215	45	1	C....C.CA.AC.	C.....T.C....	.	
Sur	Hap_216	45	1T.G...	C.....A.T..A..	C.....T.C....	.	
Sur	Hap_217	45	1	C.....A.T..	C.....T.	...C.C....	.	
Sur	Hap_218	45	1T.....A.T..C....	.	
Sur	Hap_219	45	1T.....	C.....A.T..	...G...A..	C.....	...C.C....	G	
Sur	Hap_220	45	1	C....C.CA.T..AC.	C.....T.C....	.	
Sur	Hap_221	45	1T.....	C.....A.A..	C.....T.	...C.C....	.	
Sur	Hap_222	45	1T.....	C.....CA.	C..C...T.C....	.	
Sur	Hap_223	45	1	C.....A.T..A..	C.....T.	...C.C....	.	
Sur	Hap_224	45	1T.G...	C.....CA.	..A.....A..	C.....CT.C....	.	
Sur	Hap_225	45	1	C....C.C..T..AC.	C.....T.C....	.	

Cuarta parte del anexo 7b: Posición de cada sitio variable.

[1]	nt_1	[31]	nt_92	[61]	nt_147	[91]	nt_198	[121]	nt_258	[151]	nt_307	[181]	nt_365
[2]	nt_6	[32]	nt_94	[62]	nt_148	[92]	nt_199	[122]	nt_260	[152]	nt_308	[182]	nt_366
[3]	nt_8	[33]	nt_95	[63]	nt_149	[93]	nt_204	[123]	nt_262	[153]	nt_309	[183]	nt_367
[4]	nt_10	[34]	nt_96	[64]	nt_150	[94]	nt_205	[124]	nt_263	[154]	nt_310	[184]	nt_368
[5]	nt_11	[35]	nt_98	[65]	nt_151	[95]	nt_206	[125]	nt_265	[155]	nt_311	[185]	nt_369
[6]	nt_12	[36]	nt_99	[66]	nt_152	[96]	nt_212	[126]	nt_266	[156]	nt_312	[186]	nt_374
[7]	nt_15	[37]	nt_100	[67]	nt_153	[97]	nt_213	[127]	nt_267	[157]	nt_313	[187]	nt_375
[8]	nt_17	[38]	nt_102	[68]	nt_159	[98]	nt_215	[128]	nt_268	[158]	nt_315	[188]	nt_376
[9]	nt_18	[39]	nt_103	[69]	nt_161	[99]	nt_217	[129]	nt_269	[159]	nt_316	[189]	nt_377
[10]	nt_19	[40]	nt_104	[70]	nt_162	[100]	nt_218	[130]	nt_271	[160]	nt_320	[190]	nt_379
[11]	nt_20	[41]	nt_105	[71]	nt_165	[101]	nt_223	[131]	nt_272	[161]	nt_321	[191]	nt_382
[12]	nt_23	[42]	nt_106	[72]	nt_171	[102]	nt_224	[132]	nt_273	[162]	nt_322	[192]	nt_385
[13]	nt_29	[43]	nt_107	[73]	nt_173	[103]	nt_225	[133]	nt_276	[163]	nt_328	[193]	nt_392
[14]	nt_36	[44]	nt_108	[74]	nt_175	[104]	nt_227	[134]	nt_277	[164]	nt_331	[194]	nt_393
[15]	nt_40	[45]	nt_112	[75]	nt_177	[105]	nt_228	[135]	nt_278	[165]	nt_333	[195]	nt_395
[16]	nt_47	[46]	nt_113	[76]	nt_178	[106]	nt_231	[136]	nt_279	[166]	nt_337	[196]	nt_397
[17]	nt_53	[47]	nt_115	[77]	nt_179	[107]	nt_232	[137]	nt_280	[167]	nt_338	[197]	nt_399
[18]	nt_55	[48]	nt_116	[78]	nt_180	[108]	nt_234	[138]	nt_284	[168]	nt_340	[198]	nt_400
[19]	nt_56	[49]	nt_117	[79]	nt_181	[109]	nt_236	[139]	nt_285	[169]	nt_341	[199]	nt_403
[20]	nt_57	[50]	nt_123	[80]	nt_182	[110]	nt_240	[140]	nt_286	[170]	nt_342	[200]	nt_409
[21]	nt_59	[51]	nt_124	[81]	nt_183	[111]	nt_241	[141]	nt_290	[171]	nt_343	[201]	nt_412
[22]	nt_61	[52]	nt_129	[82]	nt_184	[112]	nt_242	[142]	nt_292	[172]	nt_345		
[23]	nt_63	[53]	nt_131	[83]	nt_185	[113]	nt_243	[143]	nt_293	[173]	nt_346		
[24]	nt_66	[54]	nt_132	[84]	nt_186	[114]	nt_244	[144]	nt_294	[174]	nt_347		
[25]	nt_83	[55]	nt_134	[85]	nt_187	[115]	nt_248	[145]	nt_295	[175]	nt_348		
[26]	nt_85	[56]	nt_135	[86]	nt_188	[116]	nt_250	[146]	nt_296	[176]	nt_352		
[27]	nt_86	[57]	nt_136	[87]	nt_189	[117]	nt_251	[147]	nt_297	[177]	nt_353		
[28]	nt_87	[58]	nt_137	[88]	nt_190	[118]	nt_253	[148]	nt_298	[178]	nt_358		
[29]	nt_88	[59]	nt_142	[89]	nt_191	[119]	nt_256	[149]	nt_303	[179]	nt_359		
[30]	nt_90	[60]	nt_146	[90]	nt_192	[120]	nt_257	[150]	nt_305	[180]	nt_364		