



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS
INSTITUTO DE BIOLOGÍA
SISTEMÁTICA

**INFLUENCIA DE LA DEFORESTACIÓN EN LA DIVERSIDAD GENÉTICA Y
DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE ESPECIES SELECTAS DE MAMÍFEROS DE
LA SELVA BAJA CADUCIFOLIA**

TESIS

QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE:
MAESTRO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

PRESENTA:

JUAN ANTONIO SÁNCHEZ MEJÍA

TUTOR PRINCIPAL DE TESIS: DR. FERNANDO ALFREDO CERVANTES REZA
INSTITUTO DE BIOLOGÍA, UNAM

COMITÉ TUTOR: DRA. JENY SOLANGE SOTUYO VÁZQUEZ
INSTITUTO DE BIOLOGÍA, UNAM

DR. OSWALDO TÉLLEZ VALDÉS

FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES IZTACALA, UNAM
MÉXICO, CD. MX. ENERO, 2018



Universidad Nacional
Autónoma de México



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.


Lic. Ivonne Ramírez Wence
Directora General de Administración Escolar, UNAM
Presente

Me permito informar a usted que en la reunión del Subcomité por Campo de Conocimiento de Biología Evolutiva y Sistemática del Posgrado en Ciencias Biológicas, celebrada el día 7 de agosto de 2017, se aprobó el siguiente jurado para el examen de grado de **MAESTRO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS** del alumno **SÁNCHEZ MEJÍA JUAN ANTONIO** con número de cuenta **305272735** con la tesis titulada **"INFLUENCIA DE LA DEFORESTACIÓN EN LA DIVERSIDAD GENÉTICA Y DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE ESPECIES SELECTAS DE MAMÍFEROS DE LA SELVA BAJA CADUCIFOLIA"**, realizada bajo la dirección del **DR. FERNANDO ALFREDO CERVANTES REZA**:

Presidente: DR. JOAQUÍN ARROYO CABRALES
Vocal: DR. RICARDO LÓPEZ WILCHIS
Secretario: DRA. JENY SOLANGE SOTUYO VÁZQUEZ
Suplente: DR. CARLOS ALBERTO YÁÑEZ ARENAS
Suplente: DR. ANDRÉS GARCÍA AGUAYO

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

A T E N T A M E N T E
"POR MI RAZA HABLARA EL ESPIRITU"
Cd. Universitaria, Cd. Mx., a 30 de noviembre de 2017.


DR. ADOLFO GERARDO NAVARRO SIGÜENZA
COORDINADOR DEL PROGRAMA



c.c.p. Expediente del (la) interesado (a).

AGRADECIMIENTOS

Al Posgrado en Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional Autónoma de México por la formación académica y profesional durante mi maestría, por el apoyo y facilidades brindadas para realizar y concluir mis estudios de posgrado.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT), por la beca otorgada que me permitió llevar a cabo mis estudios de posgrado.

A la Universidad Nacional Autónoma de México, por el apoyo recibido a través del Programa de Apoyos a Estudios de Posgrado (PAEP).

A los miembros del comité tutor: Dr. Fernando Alfredo Cervantes Reza, Dra. Jeny Solange Sotuyo Vázquez, Dr. Oswaldo Téllez Valdés por el tiempo invertido en la corrección y enriquecimiento de este trabajo y por sus valiosas aportaciones a mi formación académica.

AGRADECIMIENTOS A TÍTULO PERSONAL

A mis padres por todo su apoyo y cariño durante todo mi camino.

A mis hermanos por estar siempre para mí y cuidarme.

A Amyra por todo su cariño, gracias por estar a mi lado y enseñarme a ver la vida de diferentes formas.

A Mayra y Donovan por su amistad, es una alegría saber que cuento con ustedes.

A la Universidad Nacional Autónoma de México, al Instituto de Biología y a la Colección Nacional de Mamíferos.

Al Dr. Fernando Cervantes por su apoyo, enseñanzas, regaños y consejos brindados durante el desarrollo de mi proyecto de tesis.

A la M. en C. Julieta por todas sus enseñanzas, por todos esos momentos juntos incluyendo los apestosos, por todo su apoyo y amistad.

A la M en C. Yolanda por su apoyo para ingresar mi material a la CNMA.

Al Dr. Eduardo Ruiz Sánchez por recibirme y ayudarme con los análisis de mis secuencias.

A la M. en C. Andrea Jiménez y Celta Gómez por su apoyo y ayuda en el Laboratorio de Biología Molecular.

A Jesy por su ayuda para realizar mis análisis de estimación de tiempos de divergencia, a Moi por su apoyo en el laboratorio y a Liz por su apoyo en el procesamiento de ejemplares.

A todos los servicios sociales, jóvenes a la investigación y estancias de investigación que me ayudaron a procesar mis ejemplares.

A Liz, Moi, Katia, Angy, Uriel, Leydy, Mari Carmen y Mayra, por su apoyo en campo, por su amistad y por todos los momentos que pasamos juntos dentro y fuera de la Colección.

A todas las personas y familias que nos brindaron sus casas y apoyo durante el trabajo en campo.

A todas las personas que han contribuido en mi formación académica.

A todas las personas que son parte de mi vida.

A la vida por permitirme sentirla y disfrutarla.

DEDICATORIA

A mi familia.

ÍNDICE

RESUMEN	1
ABSTRACT	2
INTRODUCCIÓN	3
HIPÓTESIS	10
OBJETIVOS	10
Objetivo general	10
Objetivos particulares	10
MATERIALES Y MÉTODOS	11
Área de estudio	11
Selección de sitios de muestreo	11
Registro de especies	12
Colecta de ejemplares y muestras	13
Procesamiento	15
Extracción y amplificación	16
Secuenciación	17
Edición de secuencias	17
Diversidad genética	18
Demografía histórica y estructura genética	18
Red de haplotipos	19
Selección de modelos evolutivos	19
Estimación de tiempo de divergencia	19
Análisis de distancias genéticas	20
Modelos de nicho ecológico	20
Registros de <i>Liomys pictus</i> y <i>Sigmodon mascotensis</i>	20
Dominios climáticos	23
RESULTADOS	25
Especies colectadas	25
Trabajo de laboratorio	26
Índices de diversidad genética	27
Demografía histórica y estructura genética	27
Redes de haplotipos	29
Modelos evolutivos	34

Análisis de inferencia bayesiana	34
Estimación del tiempo de divergencia	37
Análisis de distancias genéticas	37
Modelos de nicho ecológico	42
Dominios climáticos	50
DISCUSIÓN	51
Variación y diferenciación genética	51
Redes de haplotipos y estimación de tiempo de divergencia	55
Modelación de nichos y estimación de la pérdida de hábitat potencial debido a la deforestación	57
Implicaciones en conservación	59
CONCLUSIONES	63
LITERATURA CITADA	64
APÉNDICE 1	80
APÉNDICE 2	84
APÉNDICE 3	87
APÉNDICE 4	94
APÉNDICE 5	98
APÉNDICE 6	100

RESUMEN

Dos de las reservas de la biosfera más importantes en el pacífico mexicano son la reserva de Chamela-Cuixmala y la reserva Sierra de Manantlán, ellas resguardan diferentes tipos de vegetación como las selvas secas tropicales en las que habitan especies representativas de la biodiversidad nacional, convirtiéndose en zonas aisladas debido a su protección. Dicho aislamiento es producto de las actividades antropogénicas que conlleva el crecimiento de la población humana lo que ha puesto en riesgo una gran cantidad de ecosistemas. La disminución de los tipos de vegetación y su fragmentación puede repercutir en los procesos dispersivos de la biota, reduciendo el flujo génico entre poblaciones. Dentro de los mamíferos existen especies con baja vagilidad como los roedores, en los cuales se puede ver afectado el flujo génico y variabilidad intraespecífica e interespecífica debido a la deforestación. Por lo que el objetivo de este trabajo fue conocer la variación genética y las relaciones genéticas de los roedores *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis* usando el marcador molecular mitocondrial región control (*D-loop*), así como conocer su distribución geográfica y requerimientos ambientales utilizando modelos de nicho ecológico. Los resultados indicaron que no existe estructura genética en las poblaciones de ambas especies por localidad, por características geográficas o bioclimáticas. Los valores de diversidad haplotípica fueron altos en ambas especies y los valores de diversidad nucleotídica fueron bajos. La distancia genética de *Liomys pictus* fue de 0 a 2.41% y en *S. mascotensis* fue de 0 a 1.3%, estos porcentajes pueden ser indicativos de variación genética intraespecífica. Se generaron modelos de nicho ecológico potencial y a partir de estos y de la capa de uso de suelo y vegetación se generaron mapas de distribución efectiva, esto permitió calcular la pérdida del hábitat potencial de estos roedores como consecuencia del cambio de uso de suelo. La distribución potencial de *L. pictus* tuvo un área de 610,895 km² y la de *S. mascotensis* de 442,368 km². Debido al cambio de uso del suelo ambas especies pierden en su distribución un área aproximada de 304,472 y 62,146 km² respectivamente. Se pudieron identificar zonas que podrían funcionar como corredores con base en características climáticas y al tipo de vegetación.

ABSTRACT

Biosphere reserves in Mexico have been established over extensive territories in areas with a great sociopolitical and environmental complexity. Two of the most important Biosphere reserves in the Mexican Pacific are Chamela-Cuixmala and Sierra de Manantlán. They inhabit representative species of the national biodiversity including endemic, threatened or in danger of extinction, becoming in isolated zones due to their protection. This isolation is product of the anthropogenic activities that the growth of the human population entails, which has put at risk a large number of ecosystems. The decrease of the different types of vegetation and their fragmentation can affect the dispersive processes of the biota, reducing the gene flow between populations. Within mammals there are species with low vagility, in which the gene flow and intraspecific and intraspecific variability can be affected due to deforestation. So the aim of this work was to know the genetic variation and the genetic relationships of the rodents *Liomys pictus* and *Sigmodon mascotensis* using the mitochondrial molecular marker control region (*D-loop*), as well as to know the geographical distribution and environmental characteristics using ecological niche models. The results indicated that there is not genetic structure in the populations of both species by locality, by geographic or bioclimatic characteristics. The values of haplotype diversity were high in both species and the values of nucleotide diversity were low. The genetic distance of *Liomys pictus* was 0 to 2.41% and in *S. mascotensis* was 0 to 1.3%, these percentages may be indicative of intraspecific genetic variation. Potential ecological niche models were generated and from these and the land to use and vegetation layer were generated maps of effective distribution, this allowed to calculate the lost of the potential habitat of these rodents as a consequence of the change of the land to use. The potential distribution of *Liomys pictus* had an area of 610,895 km² and of *S. mascotensis* of 442,368 km². Due to the change of land to use both species lost in their distribution an area of approximately 304,472 and 62,146 km² respectively. It was possible to identify zones that could function as corridors with based on climatic characteristics and the type of vegetation.

INTRODUCCIÓN

Las Reservas de la Biosfera en México se han establecido sobre territorios extensos en zonas con una gran complejidad sociopolítica y ambiental. Estas reservas son áreas representativas de uno o más ecosistemas no alterados por la acción del ser humano y que son preservadas, en las cuales habitan especies representativas de la biodiversidad nacional incluyendo a las endémicas, amenazadas o en peligro de extinción. (Arriaga et al., 2001; CONANP, 2013). Dos de las Reservas de la Biosfera más importantes en el Pacífico mexicano son la Reserva de la Biosfera de Chamela-Cuixmala que se encuentra localizada en la costa del estado de Jalisco y la Reserva de la Biosfera Sierra de Manantlán situada en los límites de los estados de Jalisco y Colima (Fig. 1).



Figura 1. Imagen satelital donde se aprecia el territorio intermedio presente entre la Reserva de la Biosfera de Chamela-Cuixmala y la Reserva de la Biosfera Sierra de Manantlán.

La Reserva de la Biosfera Chamela-Cuixmala ha sido creada para proteger, fundamentalmente, la selva baja caducifolia y humedales de la costa de Jalisco. La región de Chamela-Cuixmala se caracteriza por su variada y abundante fauna y por mantener extensiones considerables de selva baja caducifolia y humedales con poca perturbación. La Reserva de la Biosfera Sierra de Manantlán es considerada una de las Áreas Naturales Protegidas más importantes del Occidente de México debido a su

riqueza natural, extensión territorial y los servicios ambientales que brinda, así como por la diversidad biológica y de ecosistemas que protege. En ella se reconocen 13 tipos de vegetación entre los cuales se encuentran las selvas secas que incluyen la selva baja caducifolia y subcaducifolia (Rzedowski, 1978; Ceballos et al., 1999; INE, 2000).

Las selvas tropicales secas son biomas biológicamente importantes para el sostenimiento de una gran cantidad de especies y se distinguen por su alto número de especies endémicas de mamíferos los cuales representan un 23% del total de endemismos mexicanos. Sin embargo, estas selvas están altamente amenazadas por las actividades humanas que impactan negativamente en distintos niveles (Ceballos et al., 2002; Miles et al., 2006; Pennington et al., 2009; Ceballos et al., 2010; Maass et al., 2010; Portillo-Quintero y Sánchez-Azofeifa, 2010).

La transformación del hábitat es particularmente intenso para la selva tropical seca, que se considera que está entre los biomas más amenazados. Se estima que el 20% de las selvas tropicales secas del occidente del país se han convertido en agrosistemas o asentamientos urbanos (Arriaga et al., 2001; Mas et al., 2004; Trejo, 2010). En la actualidad, los remanentes de selva tropical seca se entremezclan con vegetación secundaria y zonas fuertemente transformadas, creando una alta heterogeneidad espacial (Trejo y Dirzo, 2000). Las especies con dispersión limitada y capacidad de dispersión diferencial como los pequeños mamíferos terrestres, entre los que se encuentran los roedores, podrían ser particularmente sensibles a este tipo de transformación. (Mossman y Waser, 2001; Peakall et al., 2003; Peakall y Lindenmayer, 2006; Schweizer et al., 2007; Vargas et al., 2012).

Los efectos ecológicos de la transformación y fragmentación del hábitat en poblaciones nativas y comunidades son en gran parte negativos, e incluyen la competencia con especies exóticas, la modificación del comportamiento, los cambios en la composición de las especies y la pérdida general de la diversidad de especies nativas (Suarez et al., 1998; Tigas et al., 2002; Crooks et al., 2004). Incluso las especies que parecen persistir en fragmentos pueden verse afectadas negativamente. Por ejemplo, la fragmentación puede reducir la dispersión y, en consecuencia, la conectividad genética entre las poblaciones (Cunningham y Moritz, 1998; Dayanandan et al., 1999; Gerlach y Musolf, 2000).

La disminución de los niveles de flujo de genes entre las poblaciones pequeñas puede conducir a una disminución de la variabilidad genética y al aumento de la endogamia debido a la deriva génica, y reducciones en la supervivencia y el éxito

reproductivo (Reed y Frankham, 2003). Esta reducción de la diversidad genética y de las tasas de migración puede limitar la capacidad de las poblaciones para evolucionar en respuesta a perturbaciones ecológicas como el cambio climático, la degradación del hábitat, los depredadores, los competidores y las enfermedades, esto puede aumentar la probabilidad de que poblaciones locales se extingan (Andren, 1994; Crooks et al., 2001; Templeton et al., 2001; Spielman et al., 2004a; Vandergast et al., 2007).

La alteración de los hábitats naturales es la principal causa de la amenaza de la biodiversidad tropical (Dirzo y Raven, 2003). En el caso de la fauna, el impacto de la pérdida del hábitat se incrementa en la medida que las especies son más dependientes de los hábitats conservados, como es el caso de algunos roedores (Bustamante y Grez, 1995; Cedeño, 2016). Los roedores desempeñan importantes papeles ecológicos al ser dispersores y depredadores de semillas de una gran variedad de especies de plantas. Además, son consumidores de importantes cantidades de pequeños artrópodos y constituyen un importante componente en la dieta de vertebrados carnívoros (Price y Reichman, 1987; Sánchez-Cordero y Fleming, 1993; Vázquez-Domínguez et al., 1999).

En las selvas tropicales secas presentes en la Reservas de la Biosfera Chamela Cuixmala y Sierra de Manantlán y en el territorio intermedio entre estas reservas se pueden encontrar especies de roedores como *Baiomys musculus*, *Hodomys alleni*, *Liomys pictus*, *Oryzomys fulgens*, *Oryzomys melanotis*, *Osgoodomys banderanus*, *Reithrodontomys fulvescens*, *Sigmodon mascotensis*, entre otras (INE, 2000; Dominguez-Castellanos y Ceballos, 2011; Sánchez, 2016).

Por lo que, debido a la alta tasa deforestación de las selvas tropicales del occidente mexicano y a su importancia para el sostenimiento de una gran cantidad de especies, decidimos realizar este estudio en las Reservas de la Biosfera Chamela-Cuixmala y Sierra de Manantlán ya que mantienen extensiones considerables de selva baja caducifolia y subcaducifolia con poca perturbación, así como en la zona intermedia entre ambas reservas la cual esta siendo impactada por actividades antropogénicas, pudiéndose perder la comunicación y flujo de especies entre estas reservas y debido a este impacto las áreas protegidas tenderían a funcionar de manera análoga a las islas, de tal modo que lo que sucede a su alrededor determina su operación, la resiliencia de los ecosistemas que incluyen y las probabilidades de supervivencia de las poblaciones de especies en vida silvestre que alojan (Jackson y Gaston, 2008; Robles, 2009). Dada esta problemática una alternativa para evitar que las reservas queden aisladas son los corredores biológicos ya que son áreas que facilitan el movimiento, dispersión y

migración de las especies en las que se pueden presentar actividades humanas de bajo impacto y con esto se podría mantener la diversidad biológica, disminuir la fragmentación de los hábitats y mejorar la conectividad del paisaje y los ecosistemas (Becerra, 2009; CONABIO, 2009; Llano y Fernández, 2017). Además, poco se sabe de la influencia de la deforestación en la composición, estructura genética y distribución geográfica de las especies de roedores presentes en las selvas tropicales del occidente mexicano que se encuentran representadas en ambas reservas y en el territorio intermedio entre ellas. Por ello decidimos seleccionar una especie dominante en zonas conservadas de selva baja caducifolia como *Liomys pictus* y una especie no dominante en zonas conservadas, pero con mayor presencia en zonas perturbadas de selva baja caducifolia como *Sigmodon mascotensis*.

El ratón de abazones *L. pictus* es un heterómido abundante, considerado generalista debido a sus adaptaciones fisiológicas y a sus hábitos alimentarios. Sin embargo, esta especie tiene preferencia por zonas con vegetación conservada de selva baja caducifolia, pues se ha observado que su densidad es menor o se encuentra ausente en zonas perturbadas (Apéndice 1; Sánchez-Cordero y Fleming, 1993; Vázquez-Domínguez et al., 2002; Cadena, 2003; Ceballos y Oliva, 2005; Garrido-Garduño, 2016). La rata algodónera *S. mascotensis* es un cricétido abundante y también considerado como una especie generalista que habita las selvas bajas, bosques de pino y áreas perturbadas. Debido a sus adaptaciones fisiológicas y a sus hábitos alimentarios, es común encontrarla en algunos pastizales inducidos por el hombre y en cultivos. Sin embargo, se ha reportado que sus madrigueras se localizan entre lo más denso de la vegetación, en las grietas de las rocas, en tocones, troncos y huecos de los árboles o bajo la superficie del suelo (Apéndice 1; Ceballos y Miranda, 1986; Ramírez y Chávez, 2005; Martínez, 2009; Schnell et al., 2010; Álvarez-Castañeda et al., 2016).

Para *L. pictus* y *S. mascotensis* se han realizado trabajos de características demográficas y uso de hábitat (Vázquez-Domínguez et al., 1999; Martínez, 2009). Así como para evaluar si el nivel de variación y estructura genética de las poblaciones de *L. pictus* esta correlacionado con el grado de heterogeneidad ambiental en paisajes conservados de selva baja caducifolia y subcaducifolia (Vázquez-Domínguez et al., 2002; Garrido-Garduño et al., 2016). Pero no se han realizado trabajos para conocer la variación y estructura genética de *L. pictus* y *S. mascotensis* considerando hábitats conservados y perturbados. Como ha sido el caso de otras especies de roedores como *Baiomys musculus* en el que evaluaron la relación de la alteración de la selva baja

caducifolia inducida por actividades humanas con la estructura genética de este roedor (Vargas et al., 2012). También se han comparado comunidades de roedores en sitios con diferente grado de perturbación en una selva baja caducifolia del suereste del estado de Morelos, documentado cambios en la dominancia y abundancia de diferentes roedores como *Baiomys musculus* y *Liomys pictus* debido a transformación y fragmentación de hábitats (García-Estrada et al., 2002). Incluso la fragmentación ha tenido efectos demostrables en la estructura genética de poblaciones altamente móviles. En las montañas de Santa Mónica, al noreste de Los Ángeles, se descubrió que los linces y los coyotes tenían una migración y conectividad genética reducida por una carretera principal, en comparación con las carreteras secundarias y el hábitat continuo (Riley et al., 2006). Por lo que, en el caso de los roedores de *L. pictus* y *S. mascotensis* se espera encontrar estos cambios en la dinámica poblacional, en la diversidad y estructura genética de sus poblaciones debido al impacto de las deforestación selvas tropicales de la región de Chamela y Sierra de Manantlán, así como el potencial corredor biológico que se encuentra presente en el territorio intermedio entre ambas reservas.

Actualmente se pueden usar diferentes métodos para separar los efectos de los procesos históricos y contemporáneos en la estructura genética de la población (Bohonak y Vandergast, 2011). Los marcadores genealógicamente informativos, como las secuencias de ADN, pueden utilizarse para separar los procesos históricos (representados en nodos y clados más profundos) de eventos más recientes (representados en las puntas de los árboles genealógicos). Los estudios comparativos pueden ayudar a resolver la importancia relativa de los factores hipotetizados para influir en la estructura genética de la población. Por ejemplo, las comparaciones de la diferenciación genética en condiciones fragmentadas y no fragmentadas pueden determinar los impactos genéticos de la fragmentación reciente del hábitat (Templeton, 1998; Bohonak, 1999; Vandergast et al., 2004; Peakall y Lindenmayer, 2006; Vandergast et al., 2007; Swart et al., 2009; Measey y Tolley, 2011). Por lo que para conocer la diversidad y estructura genética actual de las poblaciones se analizará la variación de las secuencias de DNA mitocondrial de el gen región control de las especies de roedores seleccionadas. La región control, es una región no codificante que se ha utilizado ampliamente para inferir la estructura intraespecífica e interespecífica de las poblaciones ya que este gen destaca por su elevada tasa de mutación. Por lo que resulta ser un marcador efectivo para determinar la diversidad y estructura genética de

las especies (Awise et al., 1987; Vigilant et al., 1991; Eizirik et al., 1998; Klimova et al., 2014).

Además del uso de marcadores moleculares, se han utilizado diversos enfoques para conocer el impacto del cambio de uso de suelo, dentro de los cuales está el uso de algoritmos para caracterizar el nicho ecológico de las especies y así determinar el impacto de la deforestación y del cambio climático en la distribución individual de las especies (Lobo, 2000; Peterson et al., 2002; Pearson y Dawson, 2003; Parra-Olea et al., 2005; Maestre, 2006; Phillips et al., 2006). En mamíferos endémicos mexicanos se ha evaluado el efecto de la pérdida de hábitat y del cambio climático en su distribución geográfica, generando modelos de nicho ecológico, proyectados como distribuciones potenciales, actuales y escenarios de cambio climático, identificando que el impacto de la deforestación es significativo y requiere de medidas de mitigación para disminuir su efecto negativo, ya que la mayoría de las especies tienen una alta pérdida de hábitat (Sánchez-Cordero et al., 2005a, 2009). Incluso se han utilizado modelos de nicho ecológico para predecir la distribución potencial hipotética de especies de amplia distribución como el venado cola blanca *Odocoileus virginianus* y el pecarí de collar *Pecari tajacu* y con esto estimar el efecto que tiene el cambio de uso de suelo en la distribución de estas especies, encontrando que las distribuciones de estas especies están altamente fragmentadas y con pocos parches de vegetación conservada lo suficientemente grandes para mantener poblaciones viables (Yañez-Arenas et al., 2012).

Es por esto que el modelado del nicho ecológico representa una buena opción dado que extrapola e interpola a partir de parámetros climáticos, de vegetación y de los datos de presencia de las especies, proyectando áreas ecológicamente similares a las de los registros de ocurrencia (Phillips et al., 2004; Feria et al., 2010; Gelviz-Gelvez et al., 2014). Además de proveer un marco teórico para determinar el impacto de la deforestación y el cambio climático, en el que se proponen hipótesis de distribución actual, estas hipótesis se basan en el supuesto que la conversión de hábitat natural hacia agrosistemas y asentamientos humanos, resulta en condiciones ecológicas no viables para las especies (Ortega-Huerta y Peterson, 2004; Parra-Olea et al., 2005; Guevara et al., 2015). En teoría, una adaptación rápida a ambientes recién transformados es poco probable, sin una inmigración recurrente de hábitat naturales adyacentes (Pulliam, 2000). De igual forma, si los sitios que actualmente son inapropiados para una especie, pero por efecto del cambio en las condiciones climáticas o de la deforestación se vuelven adecuados, es posible que las poblaciones de esa especie colonicen nuevas

áreas, tal como los cambios registrados en la composición y abundancia de diferentes especies. Por ello estos modelos de distribución actual resultarán útiles para identificar parches de vegetación cuyos requerimientos ambientales son apropiados para las especies, pudiendo detectar zonas de conectividad (García-Estrada et al., 2002; Sánchez-Cordero et al., 2005a, 2009; García-Morales et al., 2016; Briones-Salas et al., 2017). Por lo que se se espera que los modelos de distribución potencial y actual nos brinden una aproximación del impacto de la deforestación en la distribución geográfica de *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis*, y en base a estos se puedan detectar parches de vegetación que comuniquen a la Reserva de la Biosfera Chamela-Cuixmala y Sierra de Manantlán y cuyos requerimientos ambientales sean adecuados para estos roedores.

Por lo tanto, es necesario conocer la variación genética y la estructura genética de las poblaciones de estos roedores, tanto en hábitats conservados, como los presentes en las Reservas de la Biosfera y en hábitats perturbados presentes en el territorio intermedio entre ambas reservas el cual no se encuentra sujeto a protección y que podría funcionar como corredor biológico conectando ambas reservas (Vázquez-Domínguez et al., 2002; Vargas et al., 2012; Klimova et al., 2014). Así como comparar los patrones de variación genética usando variables climáticas, pues la diversidad de ambientes puede influir en la diversidad genética de las poblaciones de pequeños mamíferos, siendo que la combinación de condiciones ambientales pueda representar una barrera que aisle o permita el desarrollo de algunas poblaciones de manera independiente (Garrido-Garduño et al., 2016; Téllez-Valdés et al., 2010). También es necesario considerar la distribución geográfica de las especies y así poder evaluar la pérdida de hábitat con la ayuda de modelos de predicción (Soberón y Peterson, 2004; Sánchez-Cordero et al., 2005a, b; Yañez-Arenas et al., 2012).

HIPÓTESIS

Si la dinámica poblacional de *Liomys pictus* se ha visto afectada debido al impacto de la deforestación de las selvas tropicales se esperaría encontrar diferenciación genética entre las poblaciones de sitios conservados y sitios perturbados. Mientras que, para *Sigmodon mascotensis* si la dinámica poblacional se ha visto influenciada por el impacto de la deforestación no se esperaría encontrar estructura genética entre las poblaciones de sitios conservados y sitios perturbados por las actividades humanas.

La pérdida de hábitats debido a la deforestación también podría provocar cambios importantes en las condiciones climáticas. Por ello, se esperaría que las poblaciones de *L. pictus* que habiten zonas con fuerte alteración tiendan a desaparecer de estos sitios. Por otra parte, los sitios que actualmente son inapropiados para *S. mascotensis* podrían volverse apropiados debido a la deforestación, por lo que se esperaría que las poblaciones de este roedor se beneficien y colonicen nuevas áreas.

OBJETIVOS

Objetivo general

- Conocer la influencia de la deforestación en la variación genética y distribución geográfica de las especies *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis* en la selva baja caducifolia.

Objetivos particulares

- Estimar la diversidad y estructura genética de las poblaciones de *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis* en sitios conservados presentes en las Reservas de la Biosfera de Chamela-Cuixmala y Sierra de Manantlán y en sitios perturbados presentes en el territorio intermedio entre ambas reservas.
- Comparar los patrones de variación genética con diversas variables climáticas en las Reservas de la Biosfera y el territorio intermedio entre ambas reservas.
- Elaborar modelos de nicho ecológico para predecir la distribución potencial hipotética de *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis* y evaluar la disminución de ésta como consecuencia de la deforestación, así como para identificar zonas conectividad entre ambas reservas con base a los requerimientos ambientales de estos roedores.

MATERIALES Y MÉTODOS

Área de estudio

Este estudio fue realizado en la Reserva de la Biosfera Chamela-Cuixmala, la cual se encuentra localizada en el municipio de la Huerta en el estado de Jalisco, en la Reserva de la Biosfera Sierra de Manantlán en la porción correspondiente a los municipios de Casimiro Castillo y Cuautitlán de García Barragán, estado de Jalisco y en el territorio intermedio entre ambas reservas en los municipios de Casimiro Castillo, Cihuatlán, Cuautitlán de García Barragán, La Huerta y Villa Purificación. La vegetación dominante de la zona es selva baja caducifolia y subcaducifolia, pero se pueden encontrar diferentes tipos de vegetación como: bosque de encino, bosque de pino, pastizales y campos agrícolas (Fig. 6). El relieve está dominado por lomeríos y algunas planicies aluviales principalmente cerca de la desembocadura de arroyos y ríos. El clima es tropical y pertenece a los cálido-húmedos, que se caracteriza por una marcada estacionalidad entre los periodos de lluvias y seca y a los templados subhúmedos (Rzedowski, 1978; Ceballos et al., 1999; INE, 2000).

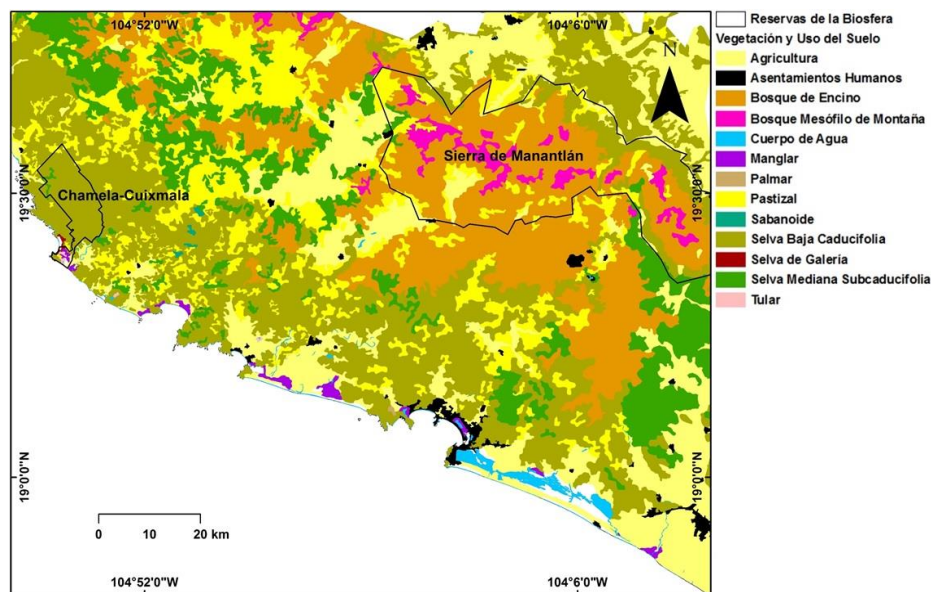


Figura 6. Vegetación presente en la zona de estudio correspondiente a las Reservas de la Biosfera Chamela Cuixmala y Sierra de Manantlán y al territorio intermedio entre ambas reservas.

Selección de sitios de muestreo

Se utilizó el Mapa Digital de México V6 de INEGI para ubicar accesos y vialidades en los municipios presentes en el territorio intermedio a ambas reservas y con base en esto, se seleccionaron los sitios de muestreo con una distancia aproximada de

separación de 10 km entre cada uno, de los cuales se tomaron las coordenadas de poblados cercanos a los sitios de muestreo. Se seleccionó esta distancia promedio entre cada localidad debido a que en trabajos previos se ha reportado diferenciación genética en distancias cortas, además aunque los sitios están separados a no más de 10 km representan condiciones contrastantes en el nivel de perturbación inducida por el ser humano (Vázquez-Domínguez et al., 2002; Vargas et al., 2012).

Registro de especies

Para determinar las especies de roedores que se encuentran presentes en el área de estudio así como en las Reservas de la Biosfera se elaboró una base con los datos existentes en la CNMA de las especies de roedores presentes en los municipios Autlán de Navarro, Ayutla, Casimiro Castillo, Cihuatlán, Cuautitlán de García Barragán, La Huerta, Tolimán, Tuxcacuesco y Villa Purificación, estado de Jalisco, correspondientes a los municipios presentes en las Reservas de la Biosfera Chamela-Cuixmala y Sierra de Manantlán, así como al territorio presente entre ambas reservas (Apéndice 2). Esto se complementó con la base de datos de los roedores colectados en el área de estudio durante este trabajo (Apéndice 3).

Todos los registros fueron proyectados sobre una imagen satelital con ayuda del software ArcGis 10.2 (Fig. 7), lo que ayudo a seleccionar las especies de estudio. De acuerdo a las bases de datos la especie con mayor cantidad de registros para la zona de estudio fue *Liomys pictus* con 144 registros. La especie *Sigmodon mascotensis* cuenta con 37 registros, sin embargo fue elegida dados sus requerimientos de hábitat.

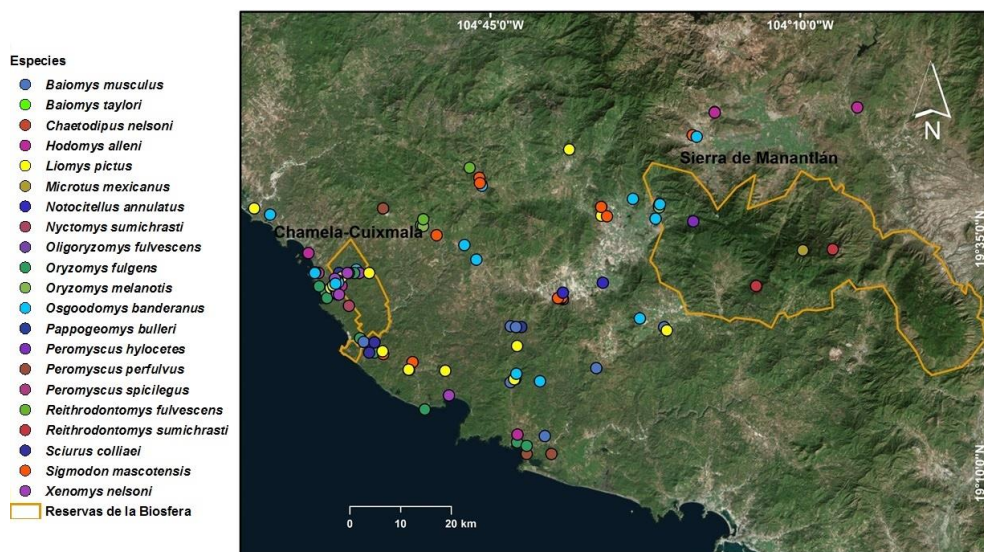


Figura 7. Registros de roedores correspondientes a las Reservas de la Biosfera y al territorio intermedio (Apéndices 1 y 2).

Colecta de ejemplares y muestras

Para la colecta en campo de *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis* se colocaron trampas tipo Sherman, para capturar roedores vivos. En las zonas conservadas o con remanentes de selva las trampas fueron colocadas en el suelo y en las ramas de los árboles a una altura de 1 a 4 metros, en las zonas de cultivo y de pastizal las trampas fueron colocadas en el suelo (Fig. 8). Todas las trampas fueron cebadas con una mezcla de avena, maíz quebrado y vainilla.



Figura 8. Trampas tipo Sherman colocadas durante el trabajo de campo. Fotografía de Julieta Vargas Cuenca.

Primera colecta. Se realizó en el mes de septiembre de 2014 a la localidad de El Chino, municipio de Villa Purificación, estado de Jalisco (Fig. 9). Se trabajaron 2 noches con 2 puntos de muestreo, el primero en una zona de selva mediana subperennifolia y el segundo sitio en una zona de cultivo. Se colocaron 140 trampas tipo Sherman para la zona de selva mediana subperennifolia y 100 trampas tipo Sherman para la zona de cultivo.

Segunda colecta. Se realizó en la Estación Biológica de Chamela (EBCh) en el mes de Noviembre de 2014 (Fig. 9). Se trabajó dentro de la reserva en una zona de selva baja caducifolia. Se colocaron 40 trampas tipo Sherman por 3 noches haciendo un total de 120 trampas noche.

Tercer colecta: Se realizó en el mes de enero de 2015 en las localidades de El Zapotillo, municipio de Casimiro Castillo, El Chino, municipio de Villa Purificación y La Mesa, municipio de La Huerta, estado de Jalisco (Fig. 9). En la localidad de El Zapotillo se trabajaron tres noches con un total de 200 trampas por noche. Se colocaron trampas tipo Sherman en zonas conservadas de selva baja caducifolia y selva mediana subperennifolia, así como en zonas de cultivo. En la localidad de El Chino se trabajó dos noches y se colocaron 200 trampas por noche. Las trampas fueron colocadas en una zona de selva mediana subperennifolia y en zonas de cultivo. Para la localidad de la

Mesa se colocaron 200 trampas y se trabajó por tres noches en zonas de selva baja caducifolia y zonas de pastizal.

Cuarta colecta: Se realizó en el mes de abril de 2015 a las localidades de Lo Arado, municipio de Casimiro Castillo, y sobre un camino de terracería en la localidad de Agua Zarquita en el municipio de La Huerta (Fig. 9). En la localidad de Lo Arado se trabajó por dos noches colocando 200 trampas por noche. Las trampas fueron colocadas en zonas de Bosque de encino (*Quercus*) y en zonas de cultivo. Para las localidades de Agua Zarquita se trabajó tres noches con un total de 200 trampas noche. Las trampas se colocaron en zonas de selva baja caducifolia y en una zona de cultivo.

Quinta colecta: Se realizó en los meses de julio y agosto de 2015 a las localidades de El Totole, Las Juntas, Miguel Hidalgo Apazulco y Emiliano Zapata en el municipio de La Huerta (Fig. 9). Se trabajaron dos noches en cada localidad con un promedio de 200 trampas por noche. Se colocaron trampas en zonas de selva baja caducifolia, selva mediana subperennifolia y zonas de pastizal.

Sexta colecta: Se realizó en el mes de noviembre de 2015 a las localidades de Lázaro Cárdenas, municipio de Cihuatlán, El Refugio, El Naranjo y Casa Blanca municipio de Cuahutitlán de García Barragán (Fig. 9). En la localidad de Lázaro Cárdenas se trabajaron dos noches con un total de 200 trampas por noche. Se colocaron trampas tipo Sherman en zonas de selva baja caducifolia, así como en zonas de cultivo. En la localidad de El Naranjo se trabajó una noche colocándose 200 trampas noche. Las trampas se colocaron en una zona de bosque de encino y en una zona de cultivo. En la localidad El Refugio se trabajó una noche y se colocaron 200 trampas noche. Las trampas se colocaron en una zona de transición entre selva baja caducifolia y bosque de encino así como en una zona de cultivo. En la localidad de Casa Blanca se trabajó una noche y se colocaron 200 trampas noche. Las trampas fueron colocadas en una zona selva baja caducifolia y en zonas de cultivo.

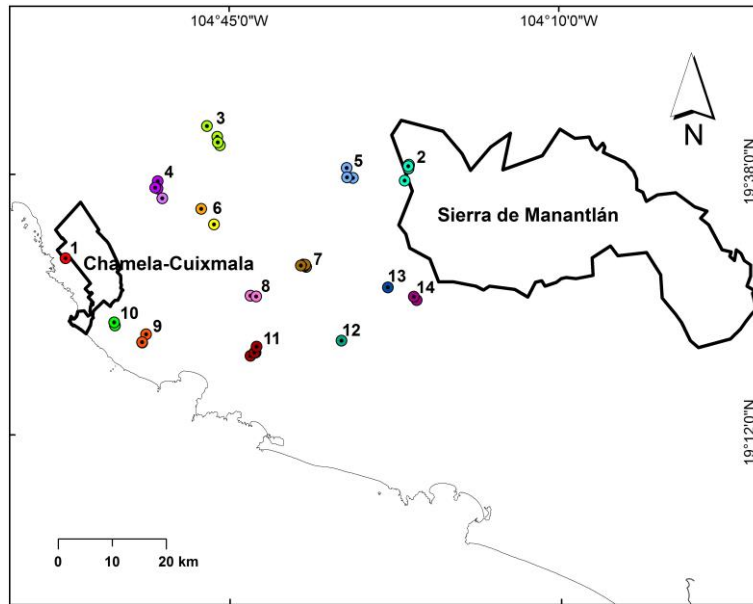


Figura 9. Puntos de muestreo en la zona intermedia a las Reservas de Chamela-Cuixmala y Sierra de Manantlán, estado de Jalisco, México. EBCh (1); El Zapotillo (2); El Chino (3); La Mesa (4); Lo Arado (5); Agua Zarquita (6); El Totole (7); Las Juntas (8); Apazulco (9); Zapata (10); Lázaro Cárdenas (11); El Refugio (12); El Naranjo (13); Casa Blanca (14).

Procesamiento

En los ejemplares colectados se tomaron las cinco medidas somáticas externas convencionales para mamíferos pequeños (Fig. 10) y se prepararon convencionalmente como ejemplares de museo, así como también se tomaron muestras de tejido (corazón, hígado, riñón y músculo) los cuales fueron preservadas en tubos Eppendorf con alcohol al 95%, para análisis moleculares (Apéndice 3).

Los esqueletos se limpiaron con ayuda de una colonia de insectos derméstidos (*Dermestes vulpinus*), para conservarse los cráneos, el esqueleto postcraneal, así como las pieles. Todos los ejemplares fueron catalogados y se ingresaron a la Colección Nacional de Mamíferos (CNMA; Apéndice 3).

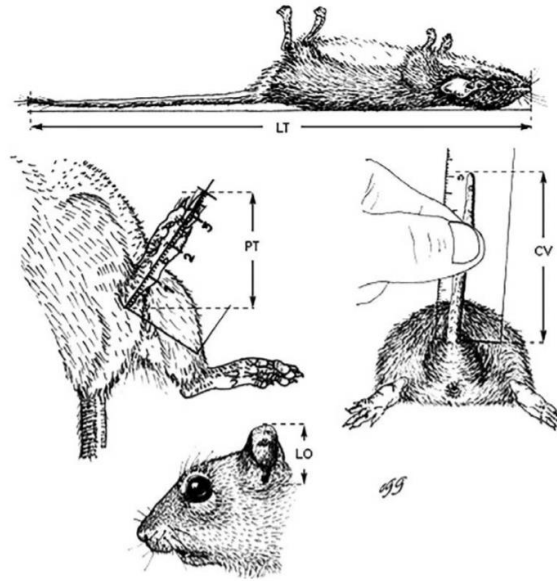


Figura 10. Medidas somáticas convencionales para mamíferos pequeños: longitud total (mm), longitud de la cola vertebral (mm), longitud de la pata trasera derecha (mm) y longitud de la oreja derecha (mm) y peso (g). Imagen tomada de la clave para determinación de roedores de Jalisco (Godínez y Guerrero, 2014).

Extracción y amplificación

El DNA total (DNAt) se obtuvo a partir de muestras de tejido (músculo) de las especies *L. pictus* y *S. mascotensis* utilizando el Kit Multi Source de BioBasic. Posteriormente el DNAt se cuantificó con ayuda de un NanoDrop y se visualizó en un gel de agarosa al 1%, teñido con GelRed™ (Biotium).

El producto obtenido de la extracción se utilizó a una concentración aproximada de 100 ng/μl para realizar la amplificación del gen mitocondrial región control (RC) mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) utilizando cebadores específicos para el gen RC (~950 pb; Morzunov et al., 1998). Se utilizaron los oligonucleótidos CBT (forward) y 12ST (reverse; Cuadro 1). Las concentraciones de los reactivos que se manejaron son las siguientes: Buffer: 1.5 μl; MgCl: 0.6 μl; dNTPs: 0.3 μl; CBT: 0.25 μl; 12ST: 0.25 μl; Taq: 0.15 μl.

El programa que se utilizó en el termociclador para la amplificación fue el siguiente: desnaturalización inicial 1 ciclo a 95°C por 300 segundos; 35 ciclos desnaturalización 95°C por 30 segundos, alineación 57°C por 60 segundos y extensión 72°C por 60 segundos; extensión final 1 ciclo a 72°C por 240 segundos. Los fragmentos de los genes que se amplificaron fueron visualizados en geles de agarosa al 1.5% y teñidos con GelRed™. Los productos que se obtuvieron de la amplificación de DNA se

purificaron usando el Kit AxyPrep PCR Clean-up Axigen Inc. Los productos se visualizaron en un gel de agarosa al 1.5% .

Se utilizaron muestras de todas las localidades de muestreo debido a que son representativas de los diferentes tipos de vegetación y a que las localidades de donde se obtuvieron se encuentran separadas a una distancia aproximada de 10 km.

Cuadro 1. Iniciadores específicos que se utilizaron para la amplificación del gen mitocondrial región control.

Gen	Secuencia de nucleótidos (5'→3')	Referencia
RC (<i>D-Loop</i>)	CBT CCGCCATCAACACCCAAAGCTG	Morzunov et al., 1998.
	12ST GCATTTTCAGTGCTTTGCTTTATTG	Morzunov et al., 1998.

Secuenciación

Posteriormente se secuenciaron los productos purificados de la amplificación usando el secuenciador automático del Laboratorio de Secuenciación Genómica de la Biodiversidad y la Salud, localizado en el Instituto de Biología, UNAM, para lo cual se utilizó una concentración aproximada de 100 ng/μl de producto y los mismos primers con los que fueron amplificados para la secuencia forward (CBT) y reverse (12ST).

Edición de secuencias

Los datos obtenidos fueron editados con ayuda del programa Sequencher 4.1.4 (GeneCodes, 2000; Fig. 11) a partir del cual se generaron secuencias consenso de las secuencias forward y reverse de cada organismo. Las secuencias consenso fueron alineadas con la herramienta MUSCLE en el programa PhyDE (Müller et al., 2005). Para comprobar la identidad taxonómica de los ejemplares se utilizó el alineamiento con la base de datos GeneBank y se examinaron los caracteres morfológicos diagnósticos según Hall (1981) y Villa y Cervantes (2003). Las secuencias obtenidas durante este estudio serán depositadas en Genebank.

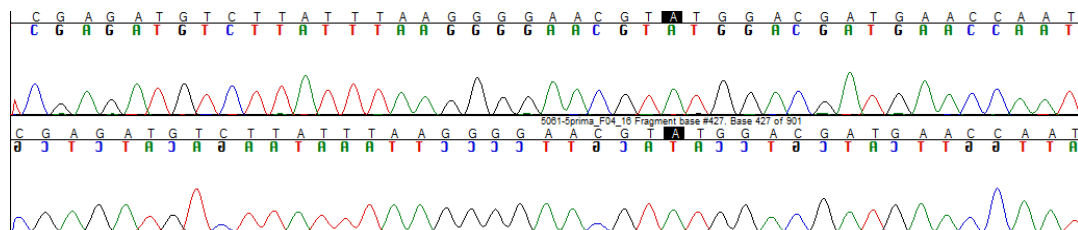


Figura 11. Electroferograma que muestra la frecuencia de las bases en las secuencias forward y reverse correspondiente al gen región control de *S. mascotensis* (FAC_5061).

Diversidad genética

Para conocer los niveles de diversidad genética interespecífica de *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis*, se utilizó el software DnaSP versión 5 (Librado y Rozas, 2009), con el cual se obtuvieron diferentes parámetros: 1) número de haplotipos (Nh), es decir, el arreglo particular de nucleótidos en un gen, que caracteriza a un individuo en la población, o el número de diferentes versiones de secuencias o formas genéticas que están presentes en la población; 2) nivel de diversidad haplotípica (dh), que se refiere a la probabilidad de que dos haplotipos tomados al azar de una población sean diferentes; 3) nivel de diversidad nucleotídica (π), equivalente a la heterocigosis promedio (H), se obtiene de la división del promedio de diferencias nucleotídicas entre el total de nucleótidos presentes en las secuencias de DNA (Tajima, 1983; Hamilton 2009; Hedrick, 2011).

Demografía histórica y estructura genética

Se empleó el programa DnaSP versión 5 (Librado y Rozas, 2009) para los siguientes estimados. La distribución *mismatch* se realizó en cada especie y se refiere a estimados de tiempo acumulados para muchos individuos que dan como resultado frecuencias pareadas de distribuciones de tiempos de coancestría, que se presentan como histogramas en donde se muestra el número de diferencias de sitios nucleotídicos (o restricción) observados entre pares de haplotipos (Schneider y Excoffier, 1999; Hernandez- Baños et al., 2007). La prueba de neutralidad D de Tajima (Tajima, 1989) fue realizada en cada especie. Esta prueba está basada en la detección de las diferencias entre los estimadores π y θ ; si D resulta negativa quiere decir que θ posee un valor mayor que π , lo que indica la presencia de mutaciones deletéreas. Si se encuentra un valor negativo y estadísticamente significativo se considera como señal de expansión poblacional reciente. En cambio, si D resulta positiva quiere decir que π tiene un mayor valor que θ , indicando que algunos alelos se encuentran bajo selección positiva (por ejemplo, selección balanceadora), incrementando sus frecuencias (Tajima, 1989; Castillo, 2007).

Para determinar la estructura genética de las poblaciones, se realizó una prueba de varianza molecular (AMOVA; Excoffier et al., 1992). Los niveles de diferenciación poblacional (pairwise F_{ST} ; basada en las frecuencias haplotípicas) y en general la diferenciación genética, fue calculada utilizando el software Arlequín 3.5.2 (Excoffier y Lischer, 2015).

Red de haplotipos

Para estimar la distribución espacial de la variabilidad genética se construyó una red de haplotipos con el software Network versión 5.0.0.0 (<http://www.fluxus-engineering.com>), utilizando el algoritmo Median Joining (Bandelt et al., 1999).

Selección de modelos evolutivos

Se identificaron los mejores modelos evolutivos con el programa jModelTest 2.1.10 (Darriba et al., 2016), utilizando el criterio de información de Akaike (Akaike, 1973; Posada y Buckley, 2004). Se tomaron en cuenta tres tipos de sustituciones nucleotídicas debido a que los programas con los que se realizaron los análisis genealógicos no pueden implementar todos los modelos evolutivos considerados por jModelTest.

Análisis de la estimación de tiempos de divergencia

El análisis de Inferencia Bayesiana se realizó con el programa BEAST 1.8.2 (Drummond et al., 2012). A cada especie se le asignó su modelo evolutivo de acuerdo a los parámetros encontrados con jModelTest. Las cadenas de Markov de Monte Carlo (MCMC) consistieron en corridas independientes de 10^7 generaciones, en las que los árboles fueron muestreados cada 1000 generaciones. Se realizó el *burn-in* con TreeAnnotator 1.8.2 con el cual se construyeron los árboles consenso de regla de mayoría para generar el soporte nodal con las probabilidades posteriores.

La implementación del reloj molecular relajado se realizó con el programa BEAST 1.8.2. Se incluyeron secuencias descargadas de GenBank (www.ncbi.nih.gov/genbank) que se utilizaron como grupo externo para el análisis. Se utilizó como criterio el árbol de Yule (Yule, 1925), el cual asume una tasa de especiación constante (Gernhard, 2008). Se utilizó una distribución lognormal, permitiendo la variación de tasas entre sitios. Para la calibración se utilizaron dos puntos, debido a que la estimación del tiempo de divergencia requiere suposiciones a priori de las edades de uno o más clados. Para *Liomys pictus* se utilizaron los tiempos de divergencia de los géneros de roedores heterómidos *Perognathus* y *Dipodomys* (Hafner et al., 2007; Neiswenter y Riddle 2010, 2011; Riddle et al., 2014) estimados en 21 y 14.1 millones de años respectivamente; para *Sigmodon mascotensis* se utilizaron los tiempos de divergencia de los géneros de roedores cricétidos *Sigmodon* y *Oryzomys* (Steppan et al., 2004; Almendra et al., 2014) estimados en 12.7 y 7.4 millones de años

respectivamente. Las cadenas de Markov de Monte Carlo (MCMC) consistieron en corridas independientes de 10^7 generaciones, en las que los árboles fueron muestreados cada 1000 generaciones. Se realizó el *burn-in* con TreeAnnotator 1.8.2 (Rambaut y Drummond, 2015), con el cual se construyeron los árboles consenso de cada especie.

Análisis de distancias genéticas

Las distancias genéticas fueron evaluadas utilizando el modelo de sustitución de nucleótidos de 2 parámetros de Kimura (K2P; Kimura, 1980) usando el software MEGA 6.0 (Tamura et al., 2013). Se generó una matriz de distancia a partir de la cual se construyó un árbol utilizando el algoritmo del vecino más cercano (Neighbor-joining). El apoyo de los nodos de los árboles se obtuvo por medio de los valores de bootstrap con 1000 replicas (Felsenstein, 1985).

Modelos de nicho ecológico

Registros de *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis*

Para la elaboración de modelos de nicho ecológico se construyó una base de datos a partir de los registros con localidades únicas georeferenciadas para *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis*. Ello se obtuvo de la Colección Nacional de Mamíferos (CNMA), de la Colección Mastozoológica de la Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional (CM-ENCB-IPN), del portal Global Biodiversity Information Facility (GBIF; <https://www.gbif.org>), del portal Vertebrate Networks (VerNet; <http://vertnet.org>), así como de los registros obtenidos en campo durante este proyecto (Cuadro 2; Apendice 5).

Las bases de datos se convirtieron a un tipo de archivo shapefile para visualizar las localidades en el software ArcGis 10.2 (ESRI). Posteriormente las bases de datos fueron depuradas con la herramienta Spatially Rarefy Occurrence Data for SDMs en el programa ArcGis 10.2 (ESRI), para evitar un sobreajuste en los modelos debido a la acumulación de registros en ciertas áreas.

Cuadro 2. Número de registros utilizados de *L. pictus* y *S. mascotensis* de colecciones nacionales (*) e internacionales.

Colección	Registros utilizados de <i>Liomys pictus</i>	Registros utilizados de <i>Sigmodon mascotensis</i>
*CNMA	66	20
ASNHC	--	7
CAS	15	2
FMNH	3	6
*IPN	67	25
KU	72	23
LACM	26	3
LSUMZ	4	--
MLZ	4	--
MNE	1	--
MSB	4	--
MSU	17	15
MVZ	4	7
NMMNH	6	--
OMNH	1	55
PSM	6	--
ROM	3	--
TTU	7	2
UMMZ	34	15
USNM	--	42
YPM	--	1

Para caracterizar la distribución de las especies bajo estudio se utilizaron 19 variables bioclimáticas obtenidas de WorldClim con resolución espacial de 1 Km² por pixel en coordenadas geográficas (Datum WGS-84), que resumen las condiciones de clima del área de distribución de ambas especies (Apéndice 6). Esto nos permitió analizar las condiciones climáticas presentes en cada punto de registro de las especies, proyectando zonas con condiciones similares a las que se encuentran en los puntos de registro de las especies. Se utilizó la base de datos correspondiente a toda el área de distribución de cada especie con un total de 340 registros para *Liomys pictus* y 223 registros para *Sigmodon mascotensis* (Apéndice 5).

Para identificar posibles zonas de conectividad ambientalmente favorables entre ambas reservas, se elaboraron modelos para cada especie y se utilizaron 19 variables bioclimáticas con alta resolución espacial a 90 m² por pixel proporcionadas por el laboratorio de Recursos Naturales de la FES Iztacala que resumen las condiciones de clima de los estados de Jalisco y Colima. En este caso se utilizó una base de datos correspondiente a los estados de Jalisco y Colima con un total de 63 registros para *Liomys pictus* y 17 registros para *Sigmodon mascotensis*.

Estas variables se utilizaron por considerarse biológicamente significativas para caracterizar la distribución de las especies de estudio, así como para identificar posibles áreas de conectividad entre las Reservas de la Biosfera Chamela-Cuixmala y Sierra de Manantlán, ya que estas variables bioclimáticas representan tendencias anuales, estacionalidad y factores limitantes extremos (Hijmans et al., 2005).

Para estimar la distribución de las especies se requiere definir el área de estudio en la cual se calibra el modelo (Peterson et al., 2011; Barve et al., 2011) y debe hacerse en función del área accesible que tienen las especies para expandir su distribución (subconjunto “M” en el diagrama BAM de Soberón y Peterson, 2005). Por lo que se delimitó esta área tomando en cuenta la distribución geográfica conocida de cada especie y así como la regionalización biogeográfica (Morrone, 2005). Las capas de las variables bioclimáticas fueron recortadas de acuerdo al área accesible de cada especie (Lizardo, 2015; Guevara et al., 2015).

Para el caso de las variables bioclimáticas con resolución de 1km^2 , es decir para toda el área de distribución de cada especie, se utilizó un área geográfica (M) correspondiente a las siguientes provincias fisiográficas: Mesetas Intermontanas, Sistema de Montañas del Pacífico, Planicie del Atlántico, Planicie del Pacífico, Sierra Madre Oriental, Sierra Madre Occidental, Faja Volcánica Transmexicana, Depresión del Balsas, Sierra Madre del Sur, Sierra Madre de Oaxaca, Sistema de América Central, Península de Yucatán. Para el caso de las variables bioclimáticas con resolución de 90m^2 , se utilizó un área geográfica (M) correspondiente a la Planicie del Pacífico y parte de la Faja Volcánica Transmexicana de los estados de Jalisco y Colima.

A partir de los registros de presencia y las variables bioclimáticas, se elaboraron los modelos de nicho ecológico de *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis* con el algoritmo de Máxima Entropía con el software libre Maxent 3.3.3k (Phillips et al., 2006). Se generaron 20 modelos por especie con un máximo de 1500 iteraciones, aplicando la técnica de replicación *bootstrapping*. En la misma el muestreo es con reemplazo, lo que significa que los registros de presencia se pueden utilizar más de una vez en el conjunto de datos de validación para cada réplica (Phillips et al., 2008). De esta manera se realizan particiones aleatorias de los datos en cada replicación y cada modelo se valida con un porcentaje definido por el usuario (en nuestro caso 30%). La evaluación de cada modelo se realizó mediante el valor del área bajo la curva (AUC) que se genera del análisis Receiver Operating Characteristic (ROC). Para la evaluación dependiente del umbral se utilizó la opción *10 percentile training presence* que realiza

el mismo Maxent. Se utilizó la prueba de Jackknife que arroja Maxent para seleccionar las variables más importantes en la generación de los modelos. A partir de estas variables se generaron otros modelos, eliminando las demás variables bioclimáticas con la finalidad de obtener modelos no sobre ajustados. Estos modelos de nicho ecológico fueron transformados en modelos binarios de presencia y ausencia recortados con un umbral del 5%.

Posteriormente los modelos binarios se recortaron con ayuda de una máscara de la capa de uso de suelo y vegetación de la serie V de INEGI. Para *Liomys pictus* se utilizaron únicamente los tipos de vegetación conservados, el mapa resultante se le considero como la distribución efectiva de la especie. Este modelo supone que los hábitat transformados en agrosistemas y asentamientos humanos son inadecuados para la presencia a largo plazo de las especies. Dados los requerimientos de hábitat de *Sigmodon mascotensis*, se utilizaron los tipos de vegetación conservada y los tipos de vegetación transformada (cultivos y pastizales), el mapa resultante se le considero como la distribución efectiva de la especie. Este modelo supone que los hábitats transformados en asentamientos humanos son inadecuados para la presencia a largo plazo de la especie. Para calcular la pérdida aproximada de distribución potencial se realizó una resta de los mapas de distribución potencial menos los mapas de distribución efectiva, con el software ArcGis 10.2 (Sánchez-Cordero et al., 2005a, b, 2009; Yañez-Arenas et al., 2012; Guevara et al., 2015).

Dominios climáticos

Los dominios climáticos se definieron a través de una clasificación multivariada de una matriz constituida por 1,038,120 celdas que representan el área de estudio versus los valores de 19 variables bioclimáticas y una variable de terreno (altitud). Las variables bioclimáticas fueron estimadas para puntos de cada cuadrícula de 90 x 90 m con el programa ANUCLIM Versión 6.1. Estas fueron interpoladas a partir de los registros de las estaciones meteorológicas de datos promedio mensuales de temperatura y precipitación. De esta manera se obtuvieron los valores promedio mensuales de las 19 variables de clima y una de terreno que se encuentra en cada celda del área de estudio. Con esos valores se llevaron a cabo los análisis multivariados para definir grupos de celdas que por su similitud ambiental permitieran definir una regionalización climática del área de estudio.

La matriz se procesó con el programa PATN (Belbin et al., 1991) para desarrollar una clasificación multivariada de 10 dominios climáticos, se seleccionó la métrica de distancias de Gower como coeficiente de similitud ya que estandariza las variables permitiendo la combinación de variables con diferentes unidades de medidas (Trakhtenbrot y Kadmon, 2006). El programa produce como resultado dos archivos, uno denominado *Row Group Composition* (RGC) en el que se ubica cada celda en el dominio al que pertenece y la distancia al centroide, que son las celdas con los valores que mejor representan las características ambientales de cada dominio. El otro archivo denominado *Row Group Statistics* (RGS), resume en una matriz el perfil climático de cada uno de los dominios. Con este archivo se estructuró una nueva matriz con los grupos formados (filas) y sus valores estadísticos resumidos (columnas). Esta nueva matriz se utilizó para generar un dendograma que refleja las relaciones entre los dominios proporcionados por la similitud de su clima. Para desplegar en un mapa la distribución geográfica de los dominios climáticos como grupos de color, se añadió el archivo RGC a la matriz original y se proyectó en el software ArGis 10.2 como un archivo de puntos, posteriormente este archivo se convirtió en formato GRID (Suárez-Mota et al., 2017; Vazquez, 2014). Finalmente se sobrepusieron los puntos de registro de localidad (población) de *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis*, de donde fue obtenido cada haplotipo.

RESULTADOS

Especies colectadas

Se colectaron 282 organismos, pertenecientes a 9 especies, 8 géneros y 3 familias (Cuadro 3; Fig. 12).

Cuadro 3. Número de ejemplares de roedores colectados por localidad y en distintas asociaciones y tipo de vegetación. EN= endémicas de México.

Longitud	Latitud	Vegetación	Localidad	Heteromyidae		Cricetidae						Didelphidae
				<i>Liomys pictus</i>	<i>Sigmodon mascotensis</i> (EN)	<i>Osgoodomys banderanus</i> (EN)	<i>Batomys musculus</i>	<i>Oryzomys fulgens</i>	<i>Oryzomys melanotis</i>	<i>Reithrodontomys</i>	<i>Hodomys alleni</i> (EN)	<i>Tlacuatzin canescens</i> (EN)
104°26'23.5"	19°37'20.6"	Selva Baja Caducifolia	El Zapotillo	1	0	2	0	1	0	0	0	1
104°25'59.5"	19°38'32.6"	Selva Mediana Subperennifolia	El Zapotillo	0	0	0	0	0	1	0	0	0
104°25'56.1"	19°38'48.2"	Selva Mediana Subperennifolia	El Zapotillo	0	0	0	0	0	3	0	0	0
104°25'54.9"	19°38'53"	Selva Mediana Subperennifolia	El Zapotillo	8	0	2	0	0	2	0	0	0
104°25'56.6"	19°38'55.1"	Selva Mediana Subperennifolia	El Zapotillo	0	0	1	0	0	1	0	0	0
104°25'59.2"	19°38'33.8"	Zona De Cultivo	El Zapotillo	1	0	0	0	0	0	0	0	0
104°26'0.2"	19°38'46.3"	Zona De Cultivo	El Zapotillo	0	0	0	0	1	0	0	0	0
104°45'58.3"	19°40'54.3"	Selva Mediana Subperennifolia	El Chino	8	0	9	2	0	4	1	1	0
104°47'21.1"	19°42'49.4"	Zona De Cultivo	El Chino	1	2	0	3	2	0	1	0	0
104°46'14.7"	19°41'44.5"	Zona De Cultivo	El Chino	2	6	0	2	1	0	0	0	0
104°46'11.1"	19°41'11.5"	Zona De Cultivo	El Chino	2	3	0	0	1	0	1	0	0
104°52'34.6"	19°37'19.5"	Selva Baja Caducifolia	La Mesa	3	0	5	1	0	0	1	0	0
104°52'35.6"	19°36'35.7"	Selva Baja Caducifolia	La Mesa	2	0	1	0	0	1	0	0	0
104°52'50.1"	19°36'41.1"	Zona De Pastizal	La Mesa	5	0	0	8	1	0	0	0	0
104°32'32.1"	19°38'37.3"	Bosque De Encino	Lo Arado	0	1	0	0	0	0	0	0	0
104°32'30.5"	19°37'40.3"	Bosque De Encino	Lo Arado	2	0	0	0	0	0	0	0	0
104°31'52"	19°37'36.7"	Zona De Cultivo	Lo Arado	0	2	0	2	0	0	0	0	0
104°51'4.7"	19°35'36.9"	Selva Baja Caducifolia	Carrizalillo	2	1	2	3	0	0	0	0	0
104°47'57.8"	19°34'34.3"	Selva Baja Caducifolia	Agua Zarquita	7	0	7	0	0	2	0	0	0
104°46'35.9"	19°33'1.1"	Selva Baja Caducifolia	Agua Zarquita	4	0	2	0	0	0	0	0	0
105°02'20.8"	19°29'38.6"	Selva Baja Caducifolia	EBCh	2	0	1	0	0	0	0	0	0
104°36'51.2"	19°28'45.9"	Pastizal	El Totole	4	3	0	1	1	0	1	1	0
104°37'2.3"	19°28'51"	Selva Baja Caducifolia	El Totole	0	0	0	1	0	0	0	0	0
104°37'10.2"	19°28'59.6"	Selva Baja Caducifolia	El Totole	5	0	0	1	0	0	0	0	0
104°36'56.8"	19°28'57.9"	Pastizal	El Totole	1	2	0	0	0	0	0	0	0
104°37'24.6"	19°28'53"	Selva Baja Caducifolia	El Totole	4	1	0	0	0	0	0	2	0
104°42'45.1"	19°25'53.4"	Selva Baja Caducifolia	Las Juntas	10	0	6	6	1	0	0	0	0
104°42'9.2"	19°25'49"	Pastizal	Las Juntas	2	6	0	1	0	0	0	0	0
104°53'48.2"	19°22'3.9"	Pastizal	Apazulco	3	1	0	0	0	0	0	0	0
104°54'12.5"	19°21'15.3"	Pastizal	Apazulco	0	1	0	0	1	0	0	0	0
104°54'14.1"	19°21'16.8"	Selva Baja Caducifolia	Apazulco	10	0	0	0	0	0	0	0	0
104°57'5.8"	19°22'55.7"	Pastizal	Zapata	1	4	0	2	2	0	0	0	0
104°57'10.8"	19°23'14.8"	Selva Baja Caducifolia	Zapata	11	0	0	0	1	0	0	0	0
104°42'46.5"	19°19'54.9"	Selva Baja Caducifolia	Lázaro Cárdenas	2	0	0	1	0	0	0	0	0
104°42'13.9"	19°20'13.8"	Selva Baja Caducifolia	Lázaro Cárdenas	2	0	0	0	0	0	0	0	0
104°42'20.9"	19°20'14.11"	Pastizal	Lázaro Cárdenas	2	0	0	1	0	0	0	0	0
104°42'7.5"	19°20'49.7"	Selva Baja Caducifolia	Lázaro Cárdenas	6	0	2	0	0	0	0	0	0
104°28'12.1"	19°26'41.6"	Bosque de Encino	El Naranjo	0	0	1	0	0	1	0	0	0
104°33'7.9"	19°21'23.9"	Selva Baja Caducifolia/Bosque de Encino	El Refugio	2	0	5	1	0	0	0	0	0
104°25'27.6"	19°25'45.4"	Zona de Cultivo	Casa Blanca	0	0	0	1	0	1	0	0	0
104°25'10"	19°25'24.9"	Selva Baja Caducifolia	Casa Blanca	6	0	1	5	1	1	0	0	0

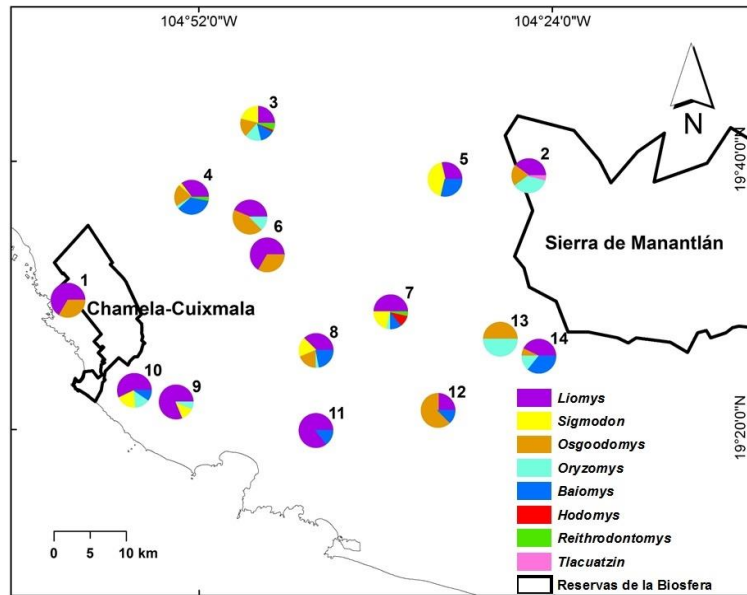


Figura 12. Géneros colectados en cada localidad de muestreo. EBCh (1); El Zapotillo (2); El Chino (3); La Mesa (4); Lo Arado (5); Agua Zarquita (6); El Totole (7); Las Juntas (8); Apazulco (9); Zapata (10); Lázaro Cárdenas (11); El Refugio (12); El Naranjo (13); Casa Blanca (14).

Trabajo de laboratorio

Extracción de DNA. Se procesaron 46 muestras de tejido fresco de *L. pictus* y 37 de *S. mascotensis*. El DNA de las muestras fue visualizado en un gel de agarosa al 1% teñido con GelRed™ para comprobar la integridad de las muestras (Fig. 13).

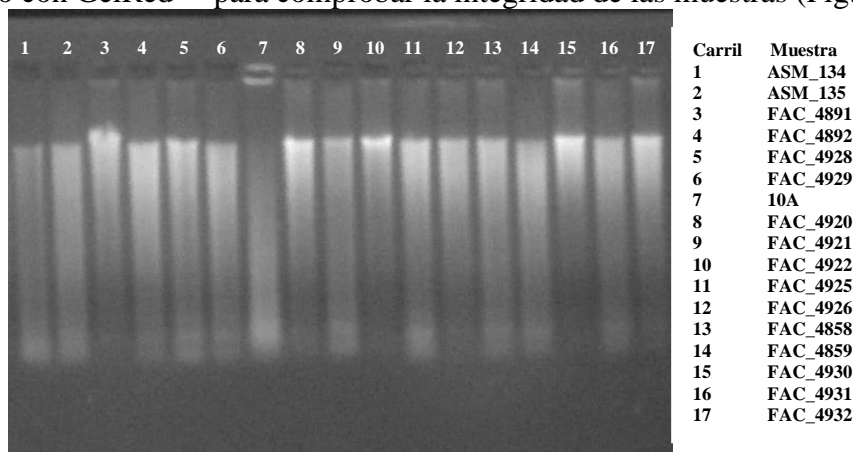


Figura 13. Gel de Agarosa al 1% teñido con GelRed™ que muestra el DNA extraído de muestras de tejido fresco de *L. pictus* (carriles 1-6, 8-17).

Amplificación. Se realizaron ensayos de amplificación con el gen mitocondrial región control utilizando los primers CBT y 12ST con muestras de tejido fresco (Fig. 14). Para *L. pictus* se utilizaron 46 muestras (CH2, CH3, FAC_4858 - 4861, FAC_4891 - 4894, FAC_4928 - 4931, FAC_5027, FAC_5028, FAC_5044, FAC_5045, FAC_5049

- 5052, FAC_5072 - 5075, FAC_5093 - 5096, FAC_5119 - 5121, FAC_5125, FAC_5145, FAC_5146, ASM_252 - 255, ASM_265, ASM_266, ASM_278 - 281).

Para *S. mascotensis* se utilizaron 36 muestras (FAC_5036, FAC_4904 - 4907, FAC_4912 - 4914, FAC_4984, FAC_4985, FAC_5140 - 5143, FAC_5122, FAC_5123, FAC_5110 - 5114, FAC_5061 - 5063, FAC_5078, FAC_5079, FAC_5084, FAC_5022, FAC_5023, FAC_5026, CH_5, CH_6, CH_9, CH_10).

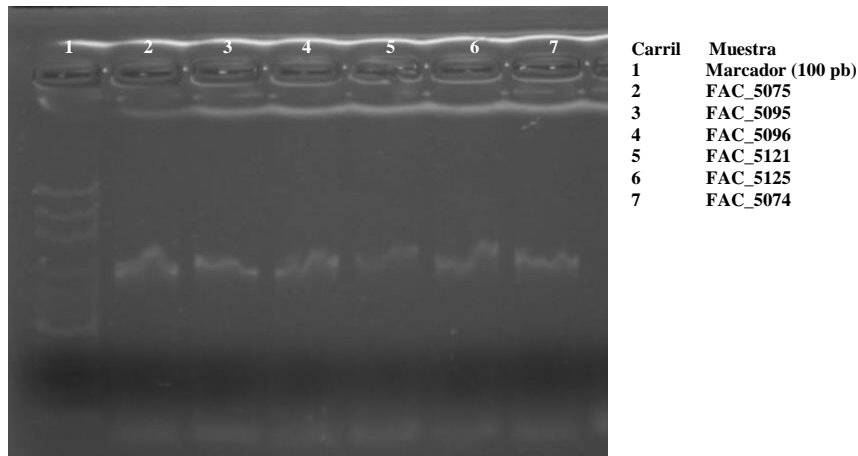


Figura 14. Gel de Agarosa al 1.5% teñido con GelRed™ que muestra la amplificación del gen mitocondrial región control (~950 pb) de tejido fresco de *L. pictus*.

Indices de diversidad genética

Se identificaron 38 haplotipos en la especie *Liomys pictus*, encontrándose un valor alto de diversidad haplotípica, mientras que para la diversidad nucleotídica, se encontró un valor bajo (Cuadro 4). En la especie *Sigmodon mascotensis* se identificaron 14 haplotipos, de igual forma se encontró un valor alto de diversidad haplotípica y un valor de diversidad nucleotídica bajo (Cuadro 4).

Cuadro 4. Valores de diversidad genética correspondientes al gen mitocondrial Región control. Diversidad haplotípica (dh), diversidad nucleotídica (π), número de sitios segregantes (S), número de haplotipos (h).

	dh	π	S	h
<i>L. pictus</i>	0.993	0.01263	65	38
<i>S. mascotensis</i>	0.946	0.01138	32	14

Demografía histórica y estructura genética

Se realizó el análisis de distribución *Mismatch* para *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis*. En la especie *L. pictus* se observa un patrón multimodal de las diferencias

pareadas observadas (Fig. 15). Para la especie *S. mascotensis* se observa un patrón unimodal de las diferencias pareadas observadas (Fig. 16). Utilizando la prueba de R^2 de Rozas ideal para muestras pequeñas, se encontraron valores significativos para *L. pictus* (P: 0.03730). Para *S. mascotensis* no se encontró un valor significativo (P: 0.45520). La D de Tajima resultó estadísticamente no significativa en las dos especies. Para *Liomys pictus* se encontró un valor negativo (D: -1.58011; $0.10 > P > 0.05$). Para *Sigmodon mascotensis* de igual forma se encontró un valor negativo (D: -0.27228; $P > 0.10$).

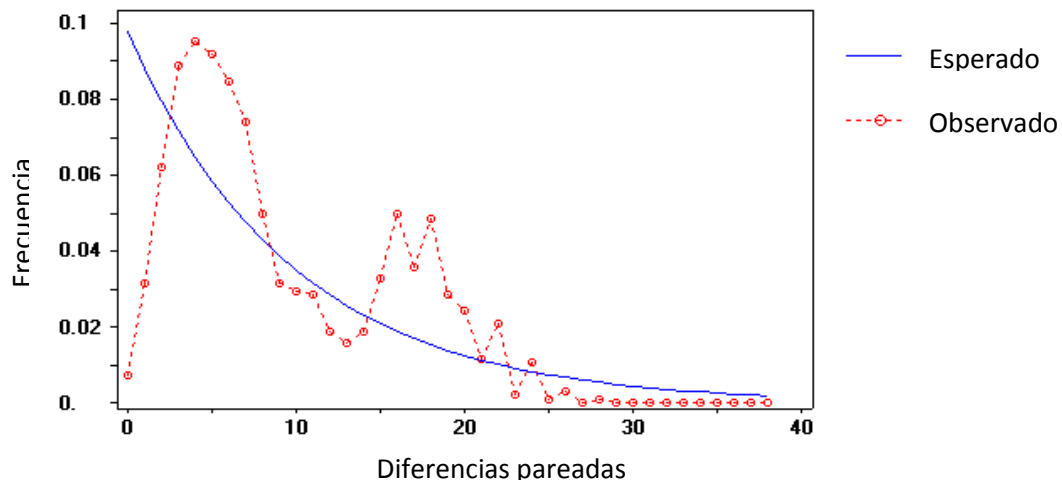


Figura 15. Distribución *Mismatch* de la especie *L. pictus* donde se puede observar un patrón multimodal.

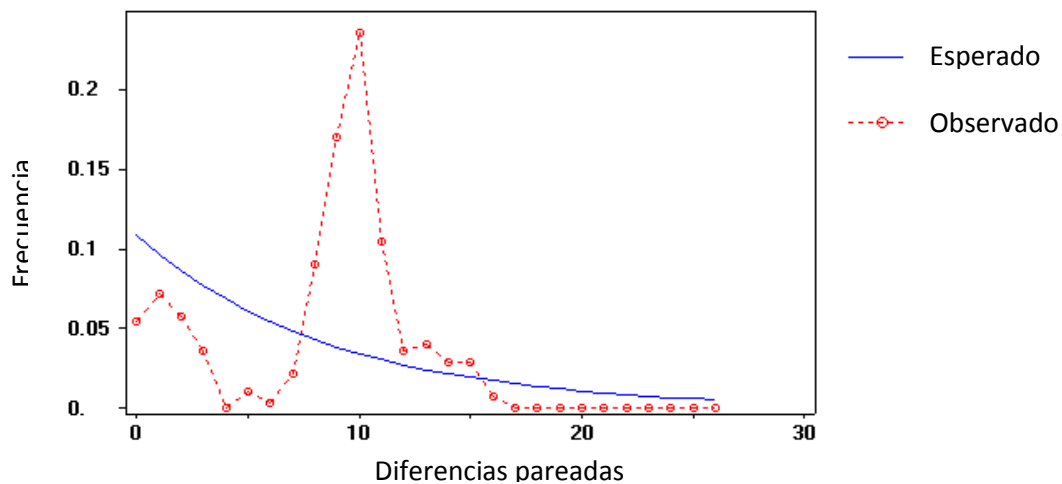


Figura 16. Distribución *Mismatch* de la especie *S. mascotensis* donde se puede observar un patrón unimodal.

Los resultados de la prueba de AMOVA para *Liomys pictus* fueron estadísticamente significativos indicando que el valor más grande de variación fue de 84.35% que corresponde a la variación dada por las diferencias entre los individuos dentro de las poblaciones. El 10.85% de la variación corresponde a las diferencias entre

las poblaciones (localidades) dentro de cada grupo. Finalmente 4.80% de la variación corresponde a las diferencias entre los grupos de acuerdo a la altitud (Grupo 1: 0 – 300 m; Grupo 2: 301 – 623 m; Cuadro 5).

Para *Sigmodon mascotensis* los resultados no fueron estadísticamente significativos, el valor más grande de variación fue de 92.80% que corresponde a la variación dada por las diferencias entre los individuos dentro de las poblaciones. El 13.88% de la variación corresponde a las diferencias entre los grupos de acuerdo a la altitud (Grupo 1: 0 a 200 m; Grupo 2: 201 a 358 m). La variación correspondiente a las diferencias entre las poblaciones (localidades) dentro de cada grupo presentó valores negativos (Cuadro 6).

Cuadro 5. Valores de diferenciación poblacional de *L. pictus*.

Componente de variación	Grados de libertad	Porcentaje de variación	Índice de fijación	Valor de P
Entre agrupaciones	1	4.80	$F_{CT}= 0.04802$	0.01267
Entre poblaciones de las agrupaciones	11	10.85	$F_{SC}= 0.11399$	0.04426
Dentro de las poblaciones	31	84.35	$F_{ST}= 0.15654$	0.00891
Total	43			

Cuadro 6. Valores de diferenciación poblacional de *S. mascotensis*.

Componente de variación	Grados de libertad	Porcentaje de variación	Índice de fijación	Valor de P
Entre agrupaciones	1	13.88	$F_{CT}= 0.13880$	0.06455
Entre poblaciones de las agrupaciones	4	-6.68	$F_{SC}= -0.07752$	0.75455
Dentro de las poblaciones	18	92.80	$F_{ST}= 0.07204$	0.48000
Total	23			

Redes de haplotipos

La red de haplotipos de *Liomys pictus* incluyó los 38 haplotipos identificados a partir de 44 secuencias analizadas (Fig. 17; Cuadro 7). De ellos dos haplotipos son compartidos entre poblaciones (haplotipo 17 y haplotipo 21). También se indentificaron 36 haplotipos únicos, de los cuales el haplotipo 2 se comparte dentro de la población 7, el haplotipo 6 se comparte dentro de la población 2 y el haplotipo 33 se comparte dentro de la población 11. La red no presenta un agrupamiento claro ya que no se separa en haplogrupos, pudiendo indicar que existe conectividad entre las poblaciones (Fig. 18).

Cuadro 7. Haplotipos identificados a partir de las secuencias del gen mitocondrial región control de *L. pictus*.

	Población	Localidad	Muestra
Haplotipo 1	5	Lo Arado	FAC_5028
Haplotipo 2	7	El Totole	FAC_5072
	7	El Totole	FAC_5073
Haplotipo 3	8	Las Juntas	FAC_5093
Haplotipo 4	6	Agua Zarquita	FAC_5049
Haplotipo 5	6	Agua Zarquita	FAC_5050
Haplotipo 6	2	El Zapotillo	FAC_4858
	2	El Zapotillo	FAC_4859
Haplotipo 7	3	El Chino	FAC_4891
Haplotipo 8	3	El Chino	FAC_4892
Haplotipo 9	4	La Mesa	FAC_4928
Haplotipo 10	4	La Mesa	FAC_4929
Haplotipo 11	2	El Zapotillo	FAC_4860
Haplotipo 12	2	El Zapotillo	FAC_4861
Haplotipo 13	3	El Chino	FAC_4893
Haplotipo 14	3	El Chino	FAC_4894
Haplotipo 15	4	La Mesa	FAC_4930
Haplotipo 16	6	Agua Zarquita	FAC_5052
Haplotipo 17	7	El Totole	FAC_5074
	9	Apazulco	FAC_5121
	1	EBCh	CH2
Haplotipo 18	7	El Totole	FAC_5075
Haplotipo 19	9	Apazulco	FAC_5125
Haplotipo 20	6	Agua Zarquita	FAC_5044
Haplotipo 21	6	Agua Zarquita	FAC_5045
	8	Las Juntas	FAC_5095
Haplotipo 22	10	Zapata	FAC_5145
Haplotipo 23	10	Zapata	FAC_5146
Haplotipo 24	4	La Mesa	FAC_4931
Haplotipo 25	5	Lo Arado	FAC_5027
Haplotipo 26	6	Agua Zarquita	FAC_5051
Haplotipo 27	8	Las Juntas	FAC_5094
Haplotipo 28	8	Las Juntas	FAC_5096
Haplotipo 29	9	Apazulco	FAC_5119
Haplotipo 30	9	Apazulco	FAC_5120
Haplotipo 31	1	EBCh	CH3
Haplotipo 32	11	Lázaro Cárdenas	ASM_252
Haplotipo 33	11	Lázaro Cárdenas	ASM_253
	11	Lázaro Cárdenas	ASM_254
Haplotipo 34	11	Lázaro Cárdenas	ASM_255
Haplotipo 35	12	El Refugio	ASM_265
Haplotipo 36	12	El Refugio	ASM_266
Haplotipo 37	13	Casa Blanca	ASM_278
Haplotipo 38	13	Casa Blanca	ASM_279

La red de haplotipos de *Sigmodon mascotensis* incluyó los 14 haplotipos identificados a partir de las 24 secuencias analizadas (Fig. 19; Cuadro 8). De ellos hubo cinco haplotipos compartidos entre poblaciones (haplotipo 1, haplotipo 4, haplotipo 8,

haplotipo 10 y haplotipo 12). Se identificaron 10 haplotipos únicos, pero el haplotipo 13 se comparte dentro de la población 5. Esta red tampoco presenta una forma de estrella ni un agrupamiento claro, sin embargo se tienen haplotipos compartidos lo que podría indicar flujo genético entre las poblaciones (Fig. 20).

Cuadro 8. Haplotipos identificados a partir de las secuencias del gen mitocondrial región control de *S. mascotensis*.

	Población	Localidad	Muestra
Haplotipo 1	1	El Carizillo	FAC_5036
	4	Las Juntas	FAC_5112
	4	Las Juntas	FAC_5113
Haplotipo 2	1	El Chino	FAC_4904
Haplotipo 3	1	El Chino	FAC_4905
Haplotipo 4	1	El Chino	FAC_4907
	2	Zapata	FAC_5142
	3	Apazolco	FAC_5123
Haplotipo 5	1	El Chino	FAC_4912
Haplotipo 6	1	El Chino	FAC_4914
Haplotipo 7	2	Zapata	FAC_5140
Haplotipo 8	2	Zapata	FAC_5141
	2	Zapata	FAC_5143
	3	Apazolco	FAC_5122
	5	El Totole	FAC_5063
Haplotipo 9	4	Las Juntas	FAC_5111
Haplotipo 10	4	Las Juntas	FAC_5114
	6	Lo Arado	FAC_5022
Haplotipo 11	5	El Totole	FAC_5061
Haplotipo 12	5	El Totole	FAC_5062
	6	Lo Arado	FAC_5023
Haplotipo 13	5	El Totole	FAC_5078
	5	El Totole	FAC_5084
Haplotipo 14	6	Lo Arado	FAC_5026

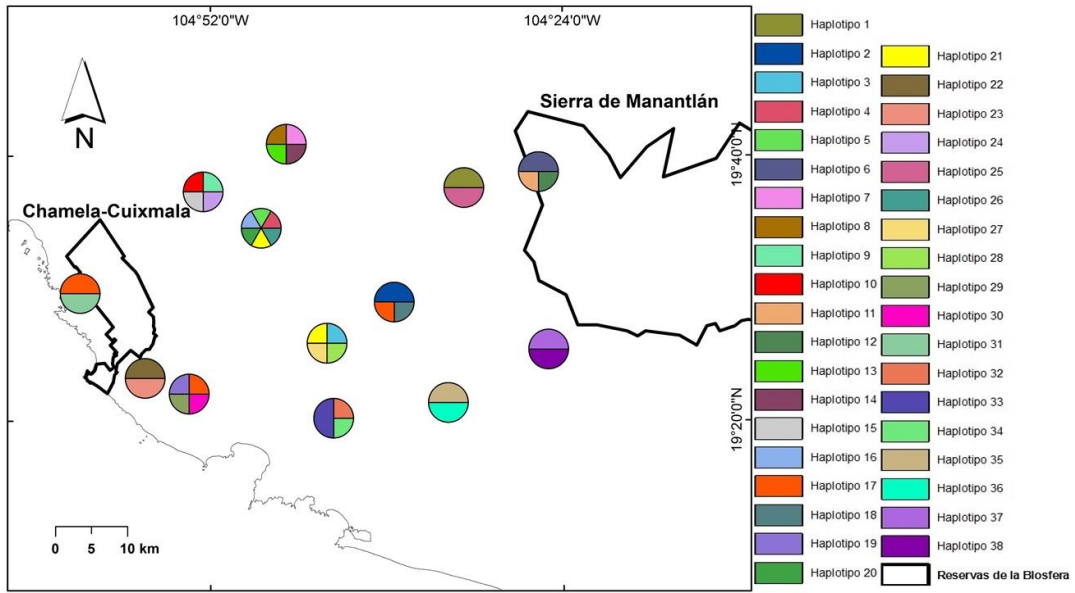


Figura 17. Distribución de haplotipos de *Liomys pictus*.

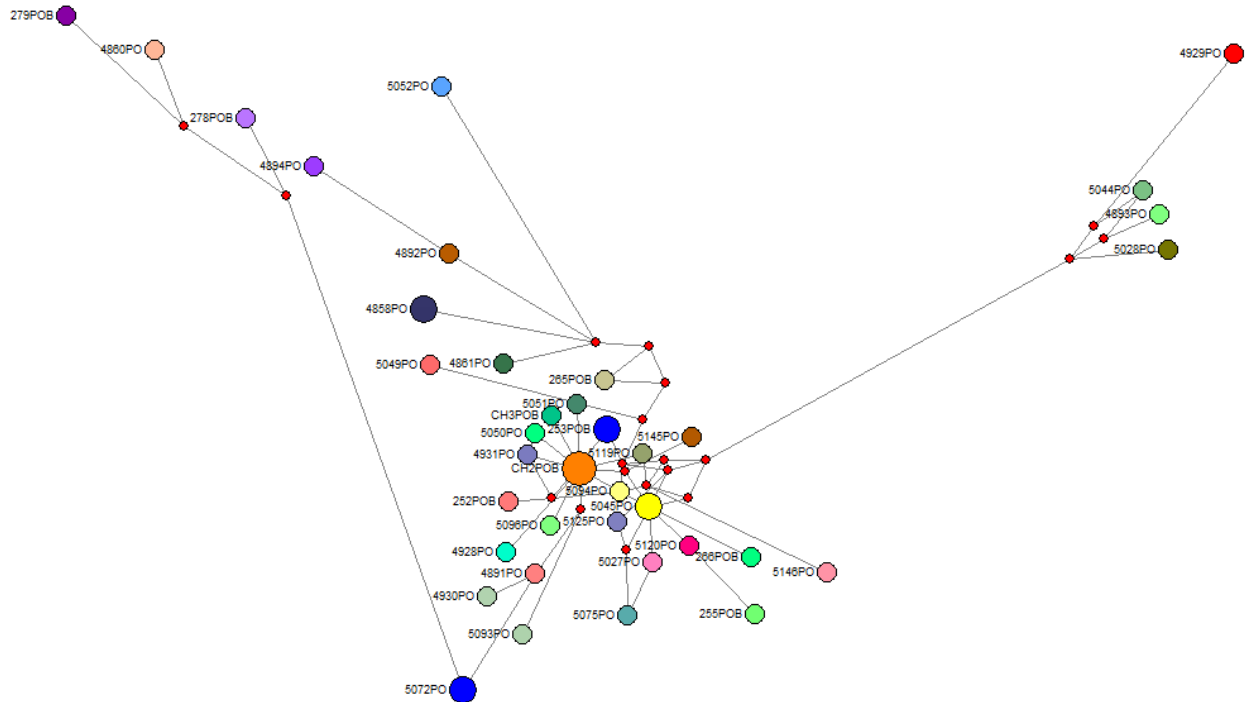


Figura 18. Red de haplotipos de *Liomys pictus* (Los colores corresponden a la leyenda de distribución de haplotipos, Fig. 18).

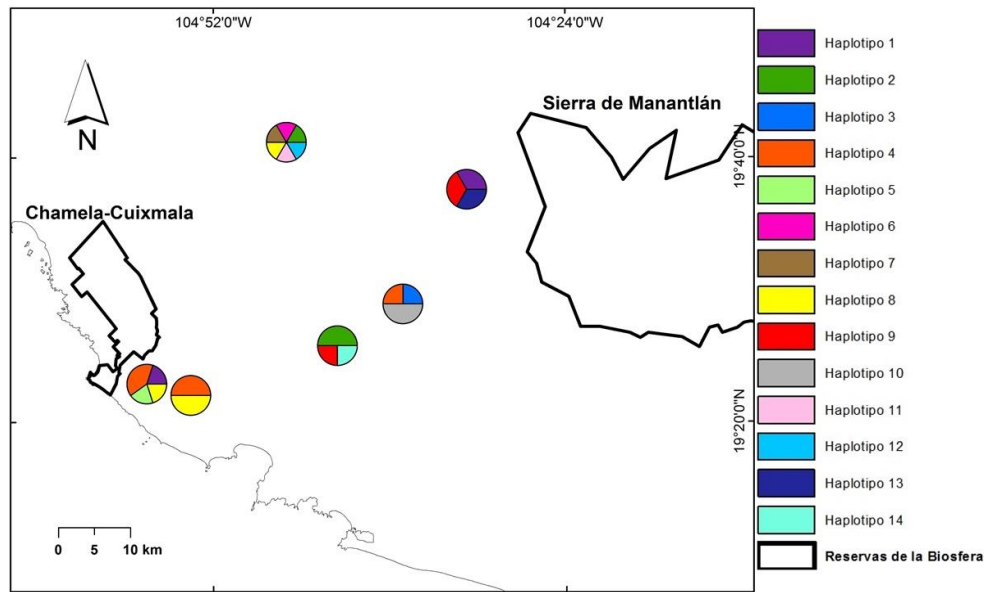


Figura 19. Distribución de haplotipos de *Sigmodon mascotensis*.

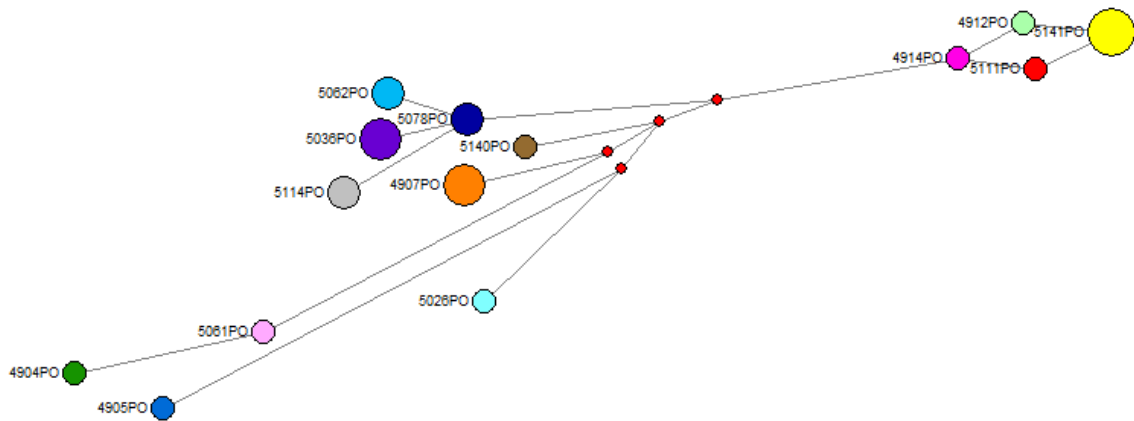


Figura 20. Red de haplotipos de *Sigmodon mascotensis* (Los colores corresponden a la leyenda de distribución de haplotipos, Fig. 20).

Modelos evolutivos

Se buscó el modelo evolutivo que mejor se ajustara a los datos de las secuencias correspondientes el gen mitocondrial región control de cada especie aplicando el criterio de información de Akaike (AICc; Akaike, 1973). Para *Liomys pictus* se obtuvo un modelo HKY+I+G con los siguientes parámetros: frecuencias de bases= A 0.3185, C 0.1270, G 0.2490, T 0.3055; nst= 2. Para *Sigmodon mascotensis* se obtuvo un modelo TVM+G con los siguientes parámetros: frecuencias de bases= A 0.3166, C 0.1363, G 0.2706, T 0.2764; nst= 6.

Análisis de inferencia bayesiana

Se utilizaron los modelos de sustitución que mejor se ajustaron así como las matrices de cada especie. Para *Liomys pictus* se generó un árbol el cual agrupa, en un clado bien apoyado, todas las muestras de *L. pictus* el cual se divide en cuatro grupos (Fig. 21). El largo de las ramas presente entre las muestras demuestra que hay pocas diferencias en las secuencias lo que indica que las poblaciones se encuentran relacionadas entre sí. Para la especie *Sigmodon mascotensis* se generó otro árbol (Fig. 22) donde se observa un clado bien apoyado en el cual se puede apreciar una ligera separación en dos subclados, sin embargo el largo de las ramas de las muestras demuestra que hay pocas diferencias entre las secuencias lo que indica que las poblaciones se encuentran relacionadas.

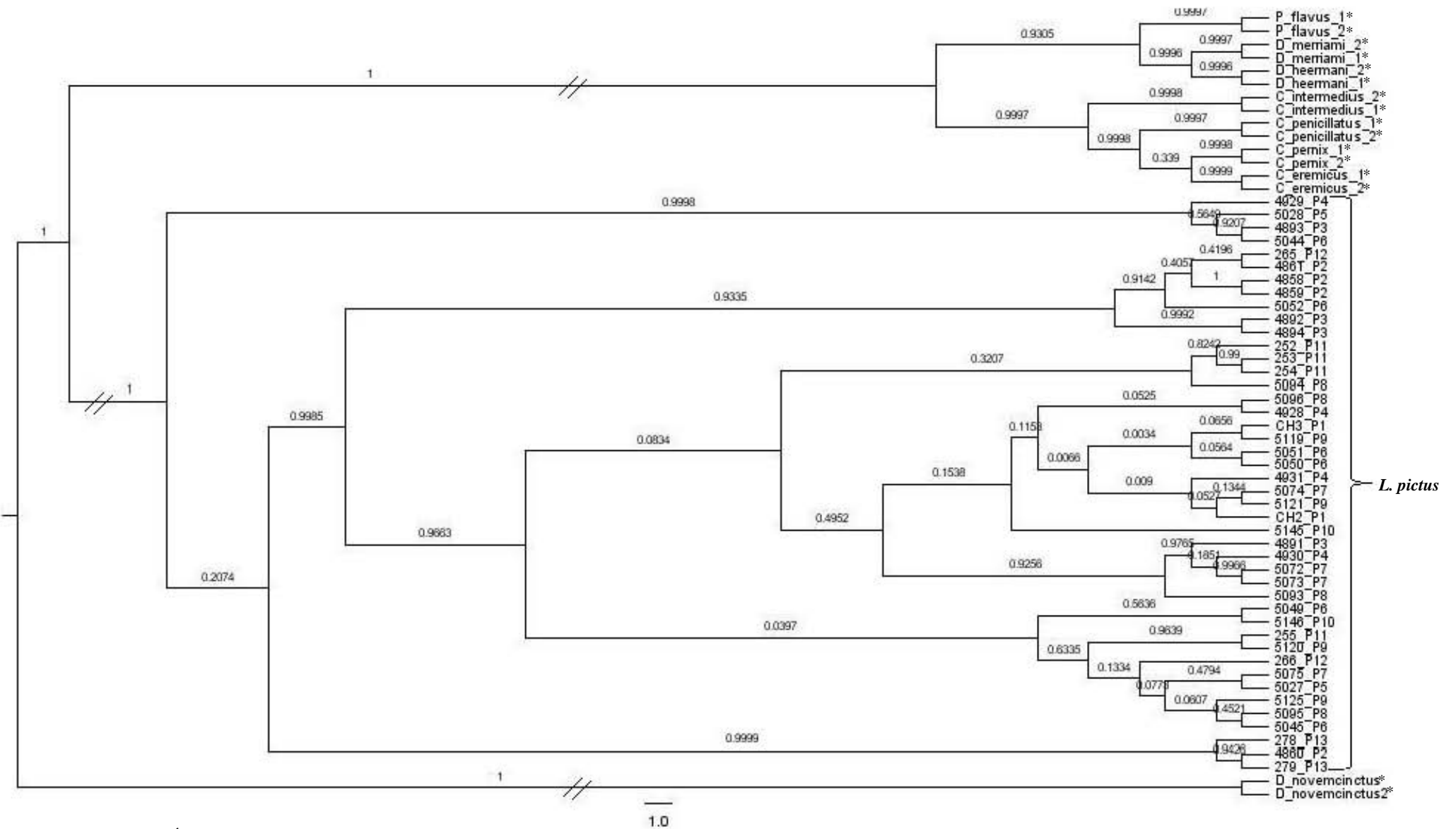


Figura 21. Árbol de Inferencia Bayesiana construido con el modelo Hasegawa-Kishino-Yano (HKY+I+G, nst=2) para muestras de la especie *Liomys pictus* utilizando secuencias de 733 pb del gen región control. Los valores corresponden a probabilidad posterior. *Secuencias tomadas de Genbank.

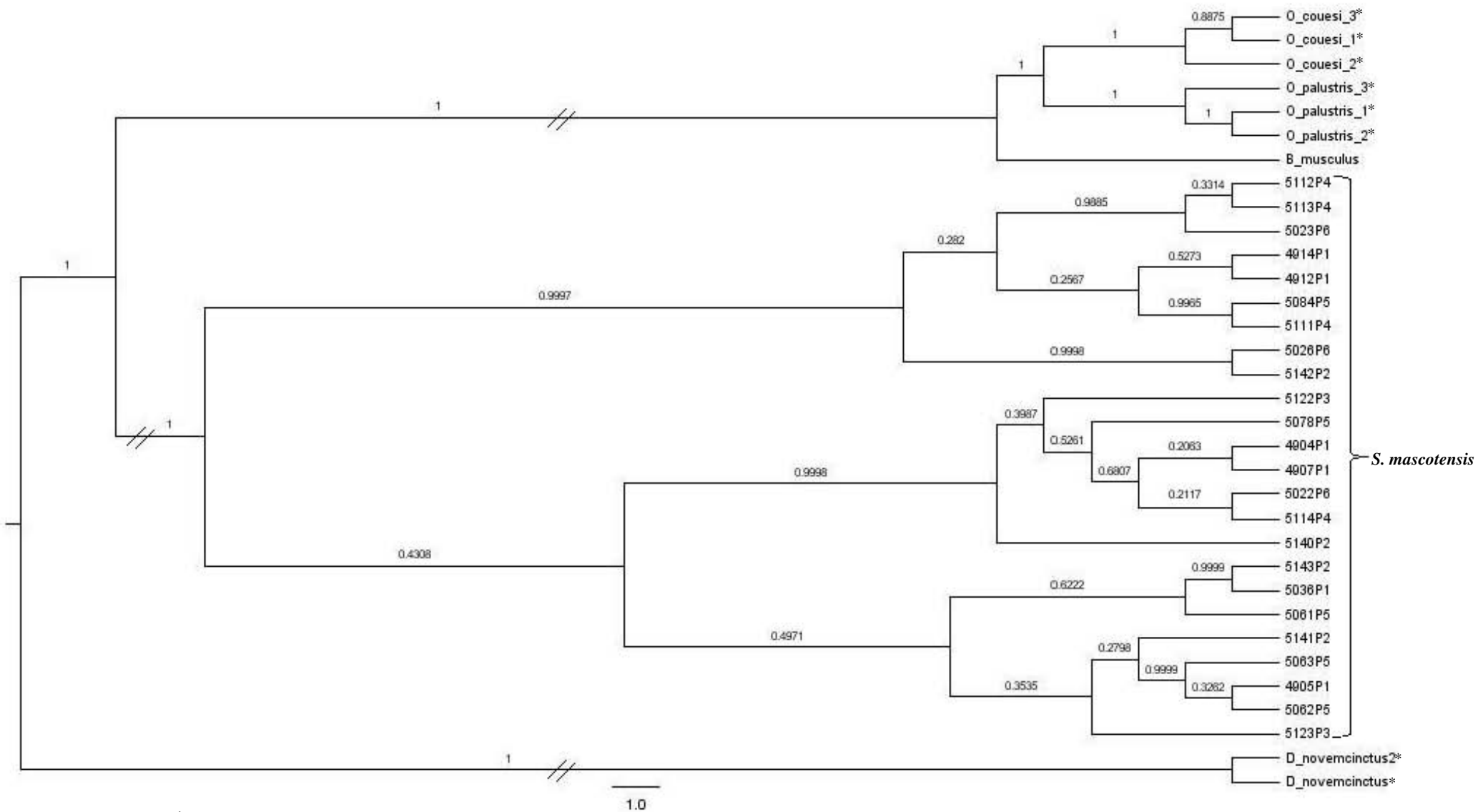


Figura 22. Árbol de Inferencia Bayesiana construido con el modelo de transversión (TVM+G, nst=6) para muestras de la especie *Sigmodon mascotensis* utilizando secuencias de 722 pb del gen región control. Los valores corresponden a probabilidad posterior. *Secuencias tomadas de Genbank.

Estimación de tiempo de divergencia

Los tiempos de divergencia calculados con el reloj molecular relajado, mostraron que la divergencia de la especie *Liomys pictus* fue durante el Mioceno. La edad promedio de separación del grupo 1 es de 24 millones de años (Mda.), la edad promedio del grupo 2 es de 18 Mda (Fig. 23). Los datos calculados para *Sigmodon mascotensis*, mostraron que la divergencia de las especie fue durante el Mioceno. La edad promedio de divergencia del grupo 1 fue de 14 Mda. En el grupo 2 la edad promedio de separación estimada fue de 8 Mda (Fig. 24).

Análisis de distancias genéticas

Se obtuvieron los porcentajes de divergencia genética entre las muestras de *Liomys pictus* y con respecto a especies de la misma familia (*Dipodomys heermanni*, *D. merriami*, *Chaetodipus intermedius*, *C. pernix*, *C. eremicus*, *C. penicillatus* y *P. flavus*) y una especie alejada filogenéticamente (*Dasyopus novemcinctus*). De igual forma se obtuvieron los porcentajes de divergencia entre las muestras de *S. mascotensis* y con respecto a especies de la misma familia (*Oryzomys couesi*, *O. palustris*, *Baiomys musculus*) y una especie más alejada filogenéticamente (*D. novemcinctus*).

Los valores de divergencia de *L. pictus* fueron de 0 a 2.41%, entre *L. pictus* y *P. flavus* fueron de 16.48 - 16.55%, entre *L. pictus* y el género *Dipodomys* de 19.36 - 25%, entre *L. pictus* y el género *Chaetodipus* de 17.85 - 19.25% (Apéndice 4). Para *S. mascotensis* los valores de divergencia fueron de 0 a 1.3%, entre *S. mascotensis* y *B. musculus* fueron de 28 - 28.7%, entre *S. mascotensis* y *O. couesi* fueron de 25.8 - 28% y entre *S. mascotensis* y *O. palustris* de 26.8 - 28.3% (Apéndice 4).

A partir de los valores de divergencia genética se generó un árbol de *Neighbor Joining* (NJ) para cada especie, los cuales mostraron tendencias similares a las obtenidas con los métodos filogenéticos. Para *L. pictus* (Fig. 25) la topología del árbol es muy similar al árbol de inferencia bayesiana y el largo de las ramas presente demuestra que las secuencias son muy similares, la prueba de bootstrap mantiene la topología con un valor alto de 100 para todas las muestras de *L. pictus*. En el caso de *S. mascotensis* la topología del árbol es muy similar al árbol de inferencia bayesiana, el largo de las ramas presente en las muestras demuestra que las secuencias son muy similares, lo que indica que la divergencia genética no es muy grande a pesar de la alta diversidad haplotípica encontrada. La prueba de bootstrap mantiene la misma topología con un valor alto de 100 para *S. mascotensis* (Fig. 26).

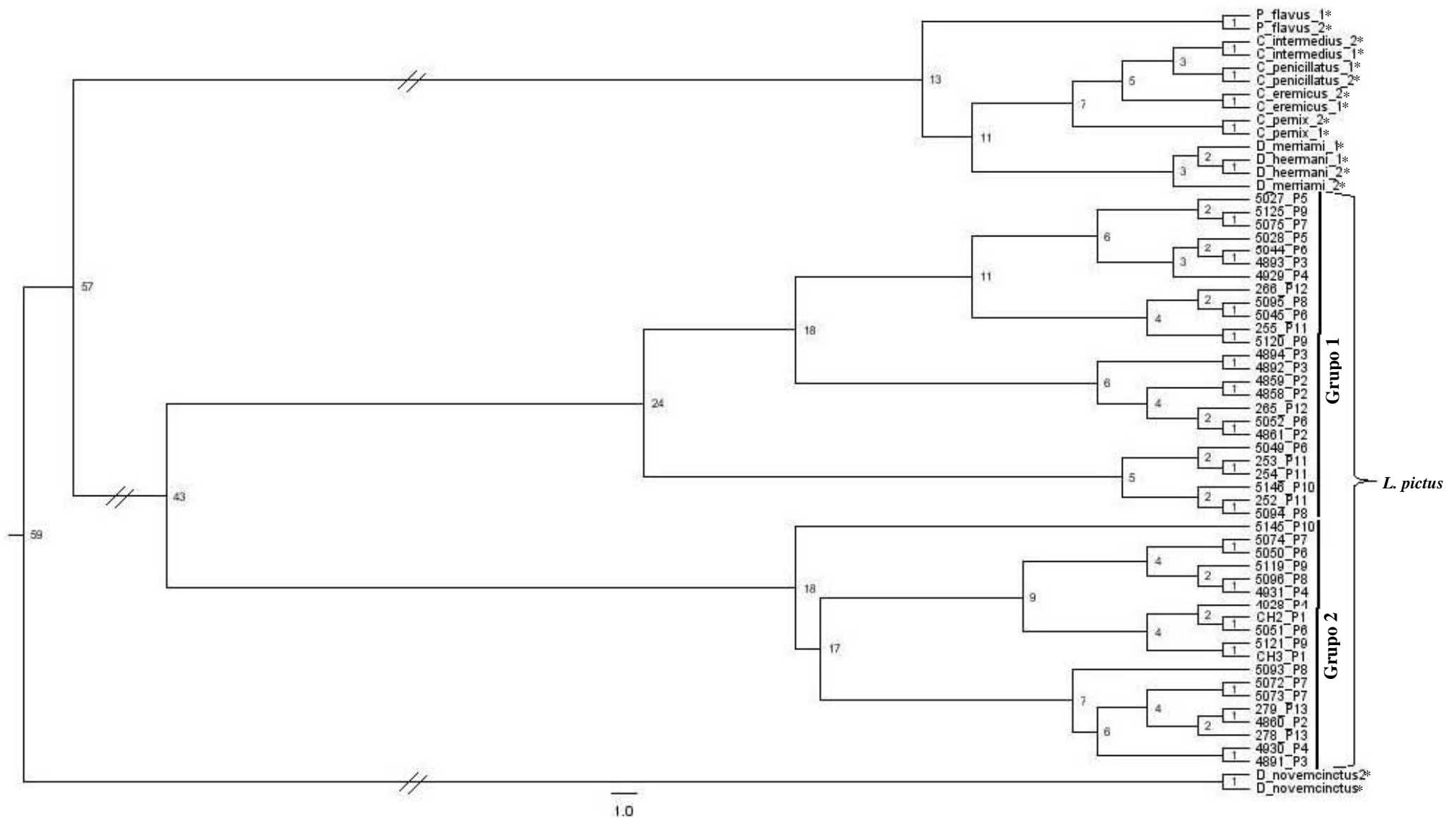


Figura 23. Análisis de reloj molecular relajado calibrado para *Liomys pictus* a partir de tiempos de divergencia de los géneros *Perognathus* y *Dipodomys* (21 y 14.1 millones de años; Hafner et al., 2007). Valores divergencia expresados en millones de años. *Secuencias tomadas de Genbank.

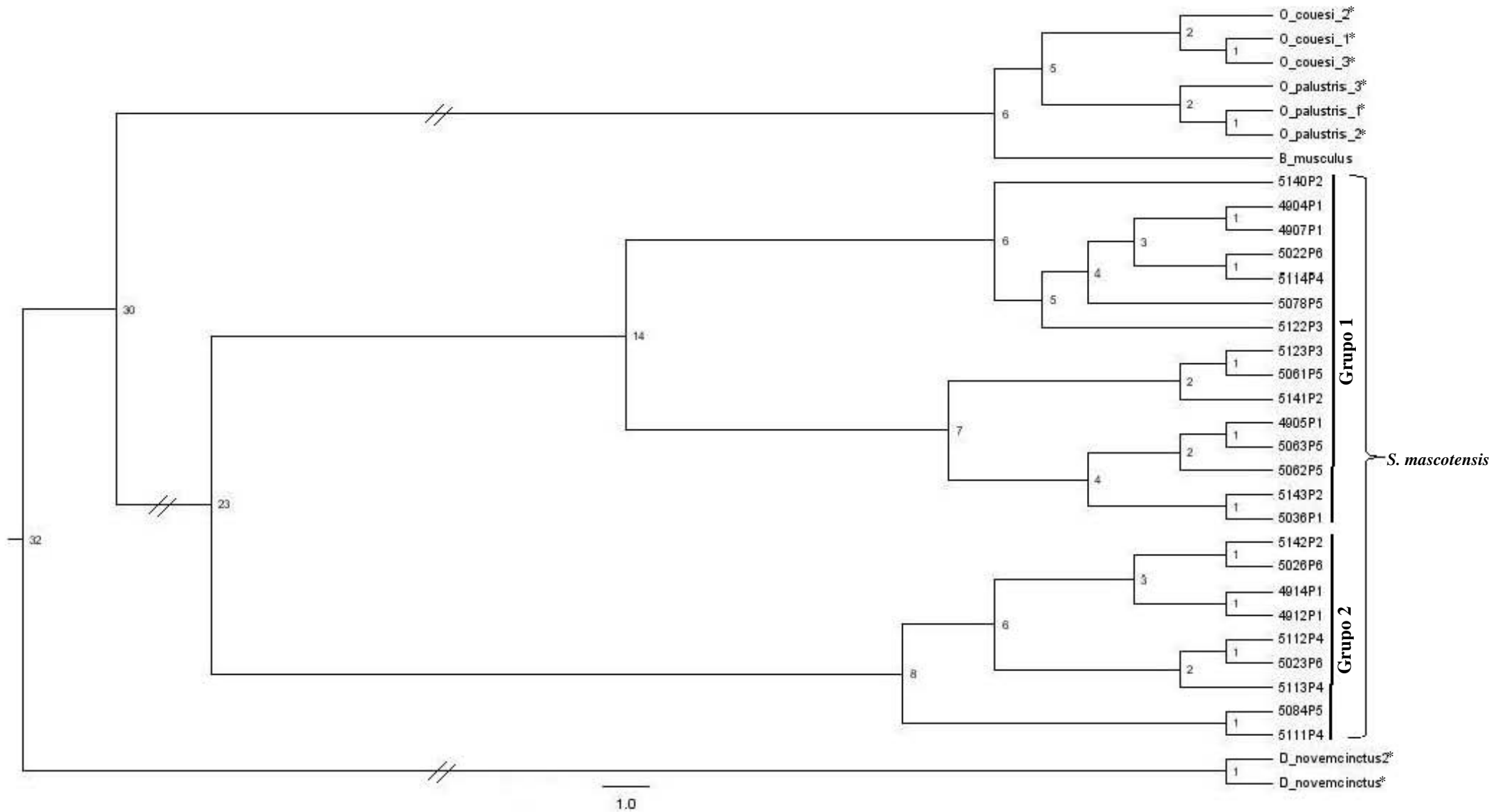


Figura 24. Análisis de reloj molecular relajado calibrado para *Sigmodon mascotensis* a partir de tiempos de divergencia de los géneros *Sigmodon* y *Oryzomys* (12.7 y 7.4 millones de años; Stepan et al., 2004). Valores divergencia expresados en millones de años. *Secuencias tomadas de Genbank.

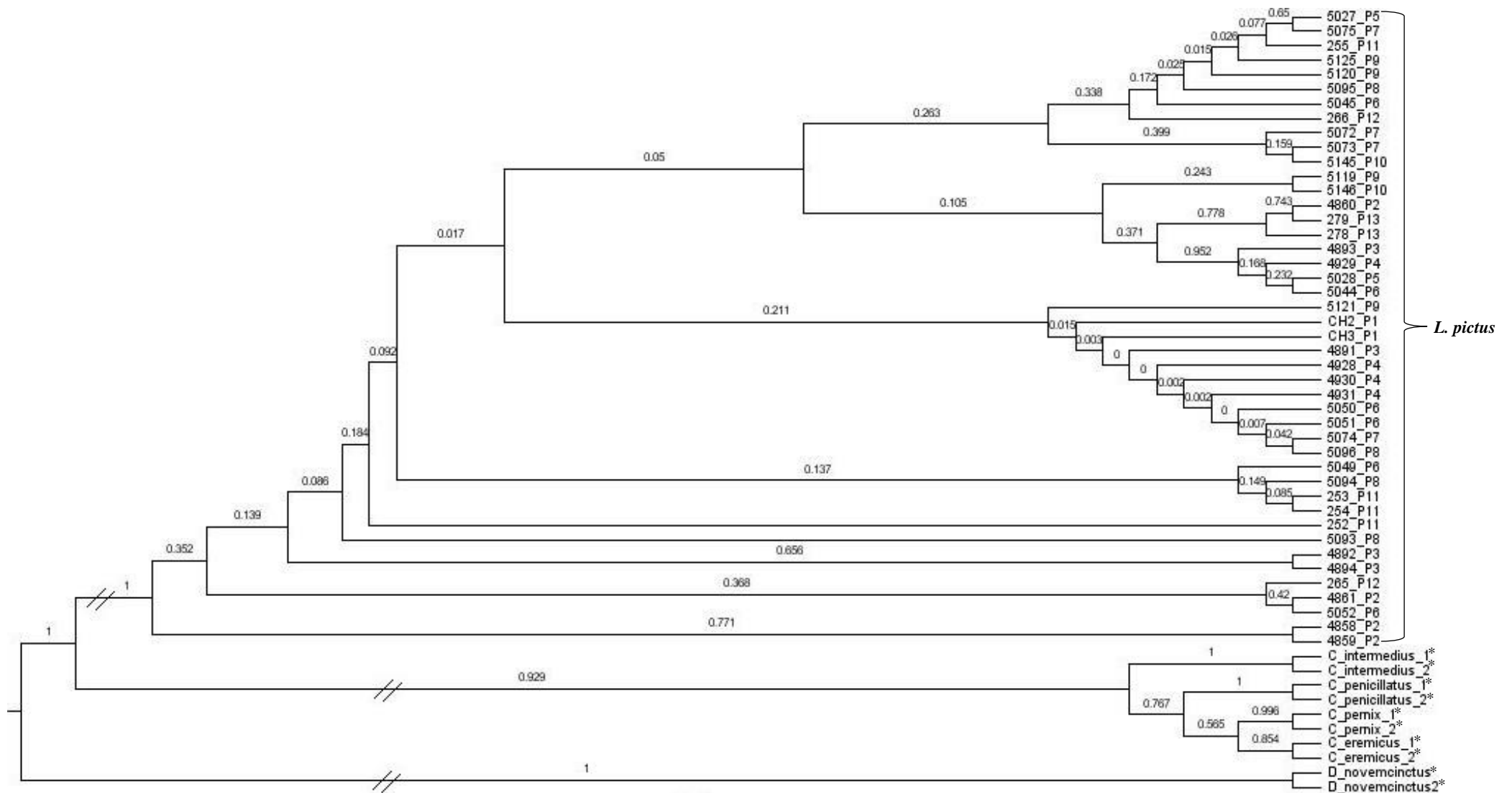


Figura 25. Árbol de distancias construido con el algoritmo del vecino más cercano para muestras de *Liomys pictus* incluyendo grupos externos con el modelo de sustitución de nucleótidos de dos parámetros de Kimura (Kimura, 1980). Los valores corresponden al método de bootstrap. *Secuencias tomadas de Genbank.

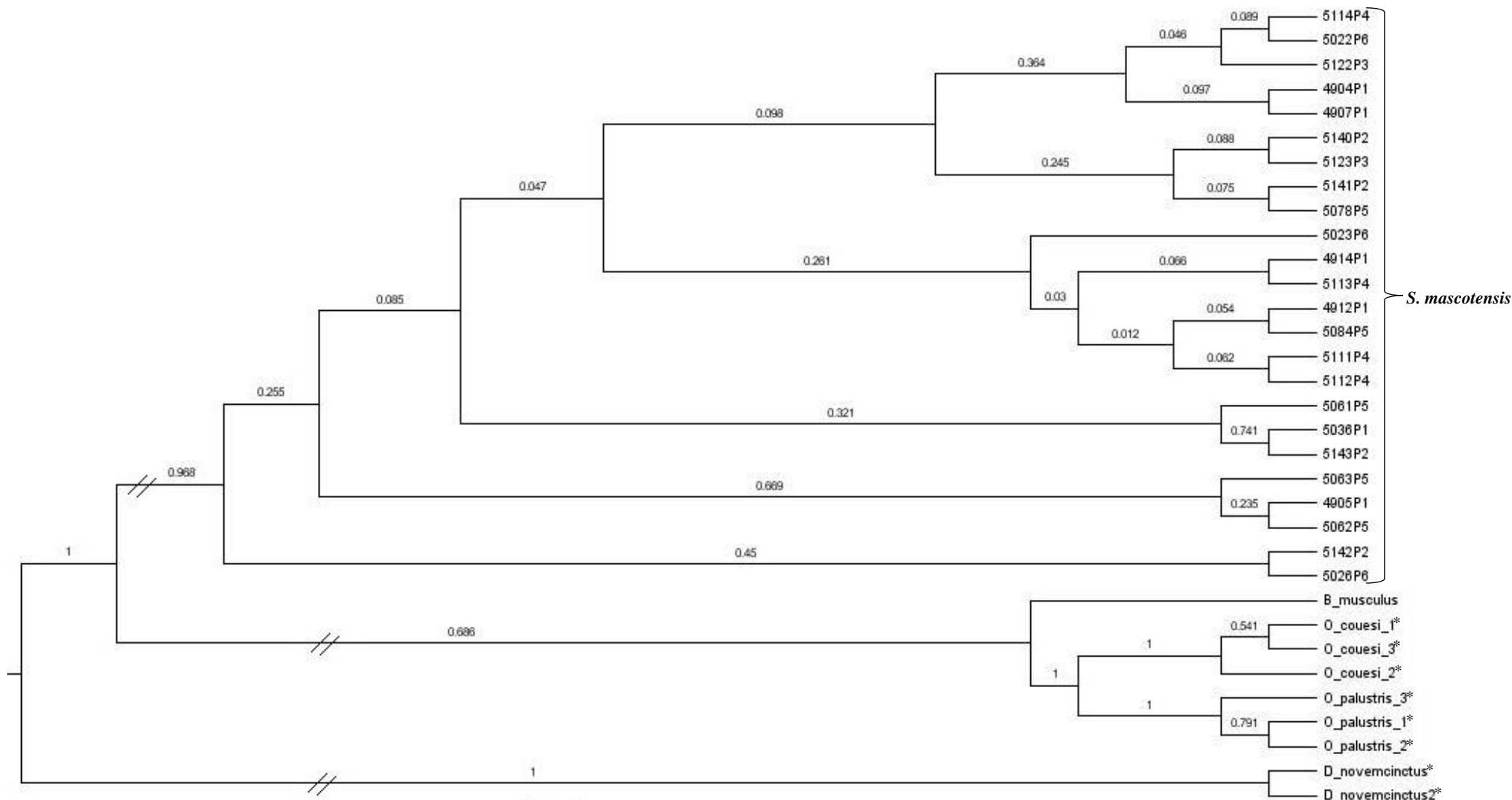


Figura 26. Árbol de distancias construido con el algoritmo del vecino más cercano para muestras de *Sigmodon mascotensis* incluyendo grupos externos con el modelo de sustitución de nucleótidos de dos parámetros de Kimura (Kimura, 1980). Los valores corresponden al método de bootstrap. *Secuencias tomadas de Genbank.

Modelos de nicho ecológico

Se utilizaron las 19 variables bioclimáticas con resolución espacial de 1 Km² por considerarse biológicamente significativas para caracterizar la distribución de las especies bajo estudio.

Modelo 1. Las variables bioclimáticas que se utilizaron en este modelo son las siguientes: BIO02, BIO04, BIO06, BIO07, BIO09, BIO12, BIO15, BIO17, BIO18 Y BIO19 (Apéndice 6). El modelo ROC presentó un área bajo la curva de 0.965, que se aproxima al valor de 1 esperado (Fig. 27). En la proyección del modelo se puede observar en color rojo las zonas cuyas características climáticas son más similares a las presentes en los puntos de registro de *L. pictus*, es decir zonas favorables a nivel ambiental donde es más probable que se encuentre la especie (Fig. 28 A). Este modelo fue transformado a un modelo binario de distribución potencial (Fig. 28 B), que posteriormente fue recortado utilizando una máscara de uso de suelo y vegetación, el mapa resultante se le consideró como la distribución efectiva de la especie (Fig. 28 C). Por último para calcular la pérdida aproximada de distribución potencial, se realizó una resta del mapa de distribución potencial menos el mapa de distribución efectiva (Fig. 28 D; Cuadro 9).

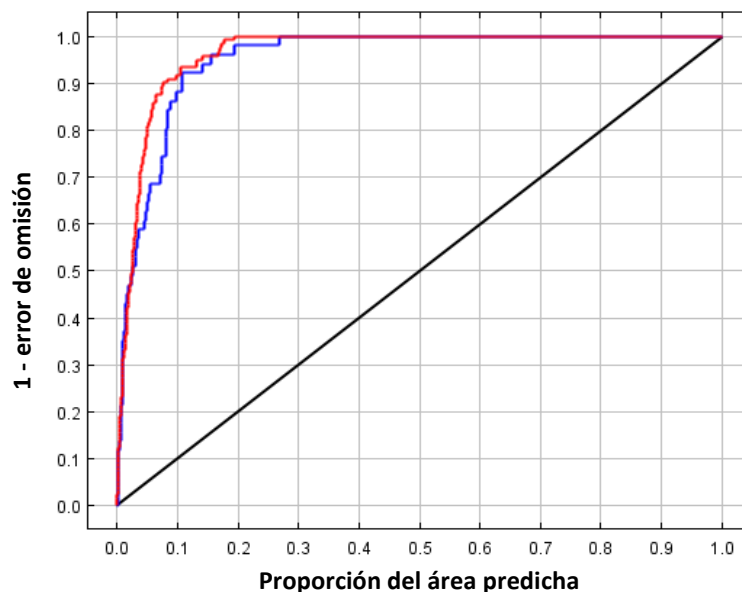


Figura 27. Curva ROC generada a partir del modelo nicho ecológico de *Liomys pictus* utilizando 10 variables climáticas. La línea roja representa los datos de entrenamiento, la franja azul los datos de validación y la diagonal negra representa la línea esperada si el modelo no fuese mejor que uno al azar.

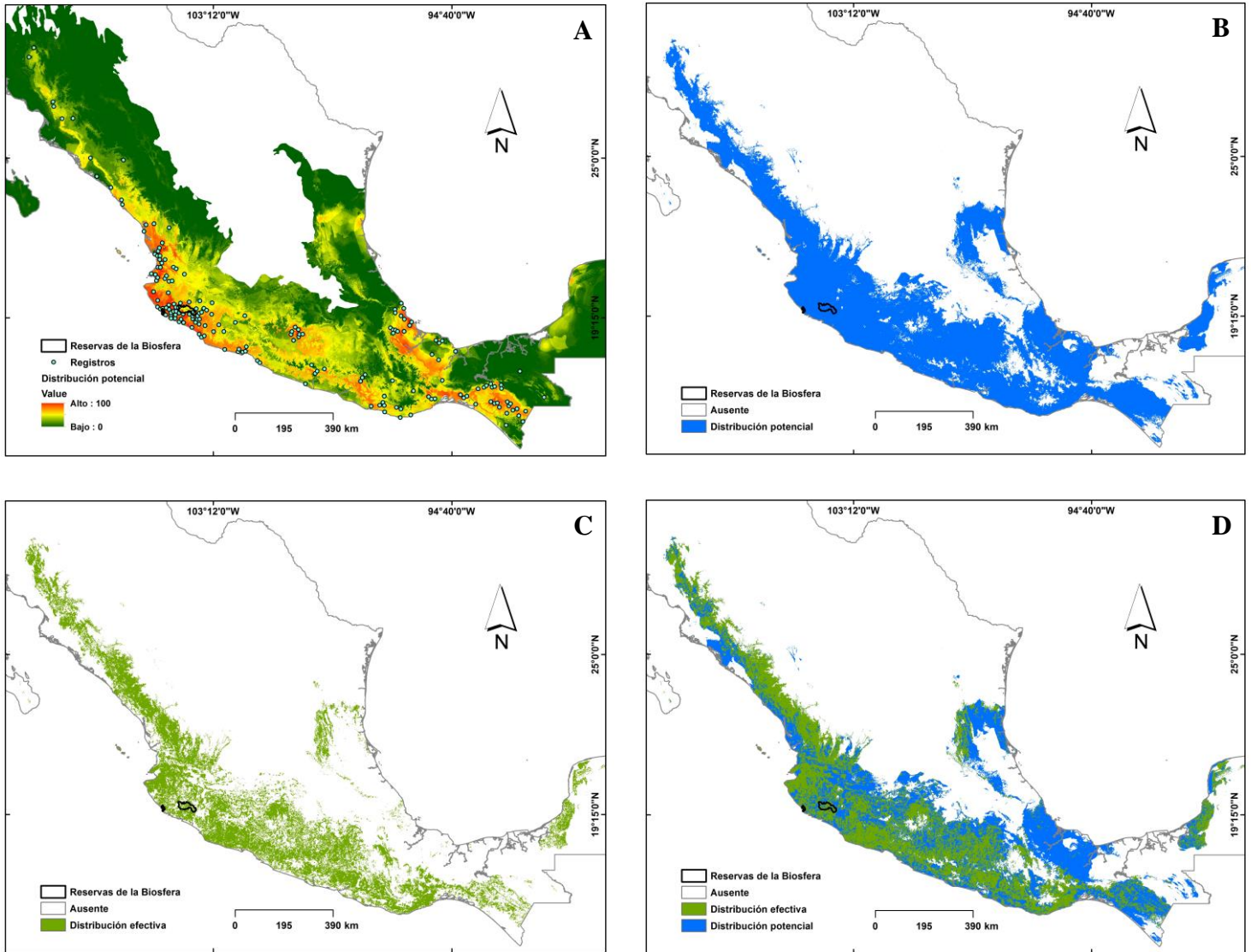


Figura 28. Modelos de *Liomys pictus*. A) Modelo de nicho ecológico utilizando 9 variables bioclimáticas para toda el área de distribución. B) Modelo binario de distribución potencial. C) Modelo binario de distribución efectiva. D) Modelo de distribución efectiva sobre distribución potencial.

Modelo 2. Las variables bioclimáticas que se utilizaron en este modelo son las siguientes: BIO02, BIO04, BIO05, BIO06, BIO09, BIO15, BIO17, BIO18 y BIO19. El modelo ROC presentó un área bajo la curva de 0.967 que se aproxima al valor de 1 esperado (Fig. 29). De igual forma en la proyección de este modelo se puede observar en color rojo las zonas favorables a nivel ambiental, es decir donde es más probable que se encuentre la especie de *Sigmodon mascotensis* (Fig. 30 A). Este modelo fue transformado a un modelo binario de distribución potencial (Fig. 30 B), que posteriormente fue recortado con la capa de uso de suelo y vegetación, el mapa resultante se le considero como la distribución efectiva de la especie (Fig. 30 C). Por ultimo para calcular la pérdida aproximada de distribución potencial se realizó una resta del mapa de distribución potencial menos el mapa de distribución efectiva (Fig. 30 D; Cuadro 9).

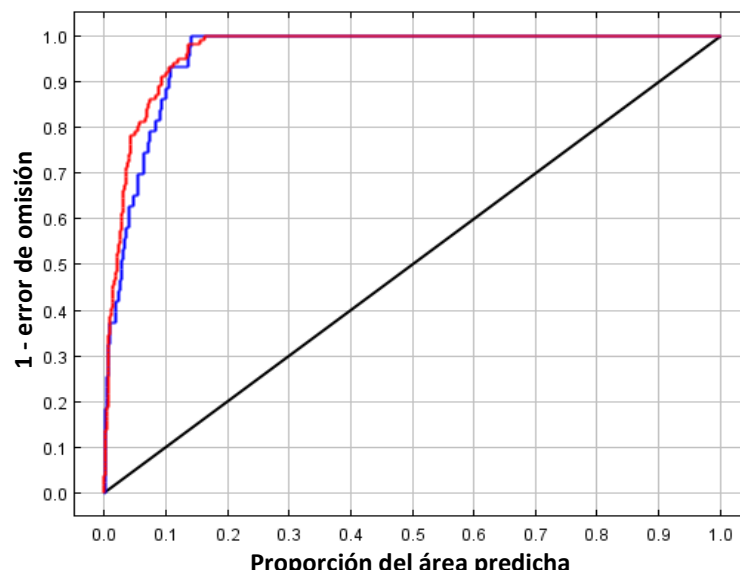


Figura 29. Curva ROC generada a partir del modelo de distribución de *Sigmodon mascotensis* utilizando las 9 variables bioclimáticas. La línea roja representa los datos de entrenamiento, la franja azul los datos de validación y la diagonal negra representa la línea esperada si el modelo no fuese mejor que uno al azar.

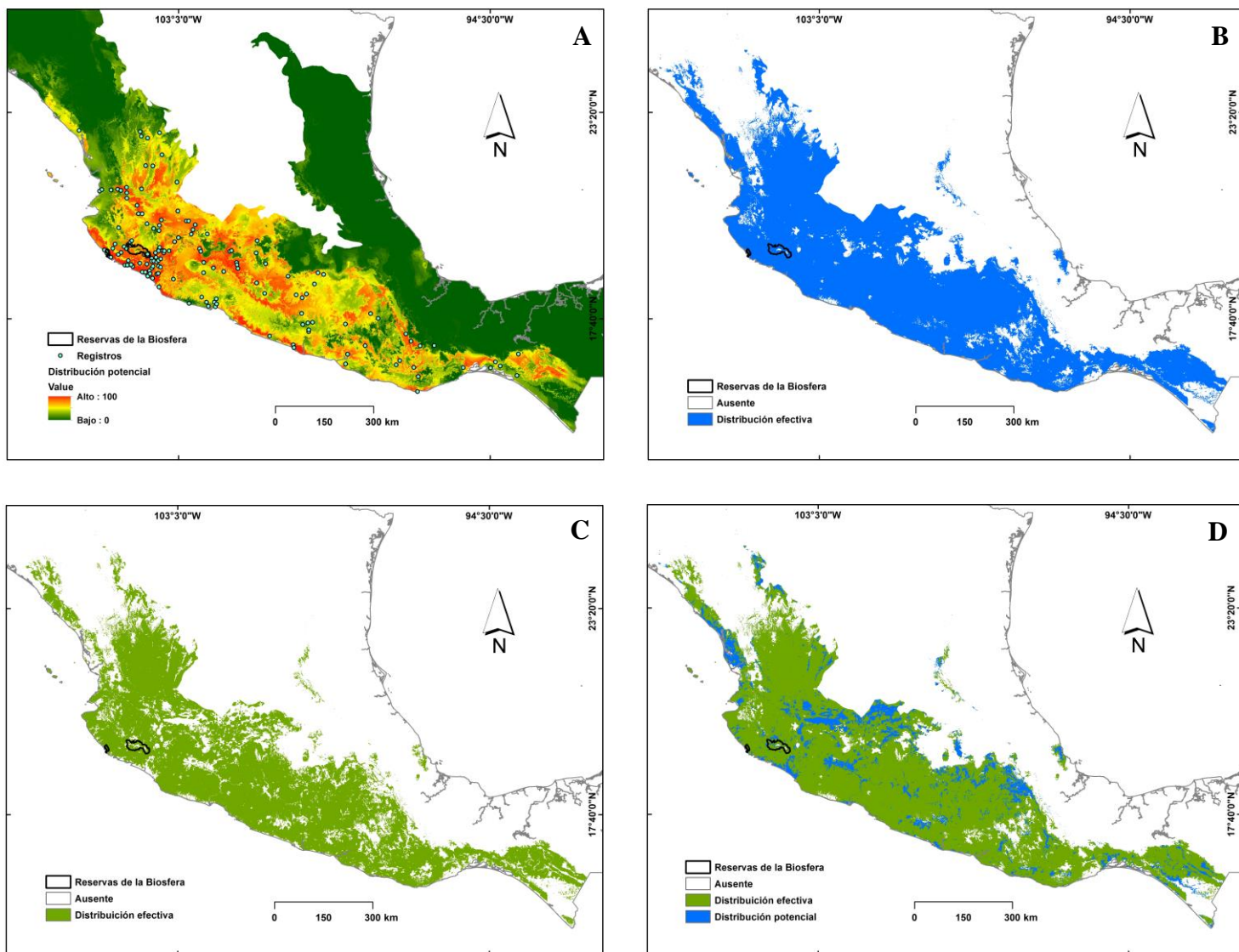


Figura 30. Modelos de *Sigmodon mascotensis*. A) Modelo de nicho ecológico utilizando 9 variables bioclimáticas para toda el área de distribución. B) Modelo binario de distribución potencial. C) Modelo binario de distribución efectiva. D) Modelo de distribución efectiva sobre distribución potencial.

Cuadro 9. Pérdida de hábitat calculado de la resta de la distribución potencial y la distribución efectiva.

	<i>Liomys pictus</i>	<i>Sigmodon mascotensis</i>
Área promedio (km ²) de la distribución potencial	610,895	442,368
Área promedio (km ²) de los parches de hábitat (Distribución efectiva)	306,423	380,222
Área pérdida (km ² ; D. Potencial – D. Efectiva)	304,472	62,146

Para identificar posibles zonas de conectividad ambientalmente favorables entre ambas reservas, se elaboraron modelos para cada especie usando 19 variables bioclimáticas con resolución espacial de 90 m².

Modelo 3. Se elaboró utilizando las variables ambientales más importantes, es decir las variables BIO01, BIO03, BIO04, BIO06, BIO07, BIO09, BIO15, BIO17, BIO18 y BIO19. El modelo ROC presentó un área bajo la curva de 0.896 que se aproxima al valor de 1 esperado (Fig. 31). En la proyección del modelo se puede observar en color rojo las zonas cuyas características climáticas son más similares a las presentes en los puntos de registro de *L. pictus* (Fig. 32 A). Este modelo fue transformado a un modelo binario de distribución potencial (Fig. 32 B), que posteriormente fue recortado utilizando una máscara de uso de suelo y vegetación, el mapa resultante se le consideró como la distribución efectiva de la especie (Fig. 32 C). Para calcular la pérdida aproximada de distribución potencial se realizó una resta del mapa de distribución potencial menos el mapa de distribución efectiva (Fig. 32 D; Cuadro 10).

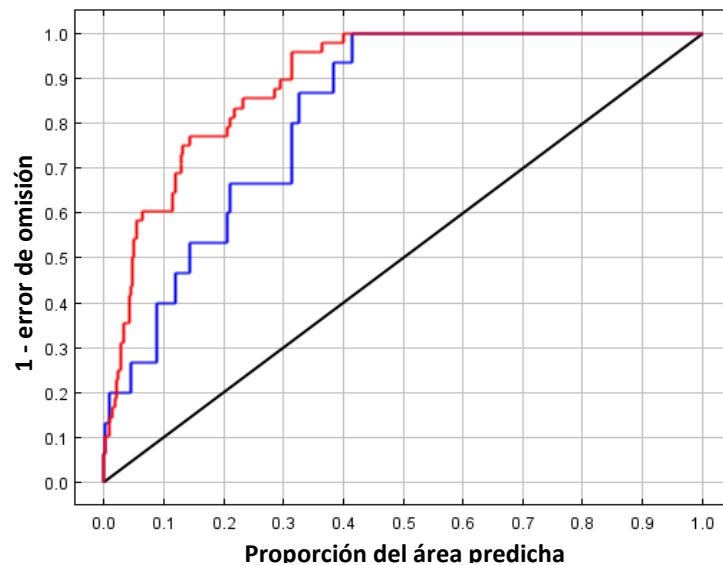


Figura 31. Curva ROC generada a partir del modelo de distribución de *Liomys pictus* utilizando 10 variables climáticas. La línea roja representa los datos de entrenamiento, la franja azul los datos de validación y la diagonal negra representa la línea esperada si el modelo no fuese mejor que uno al azar.

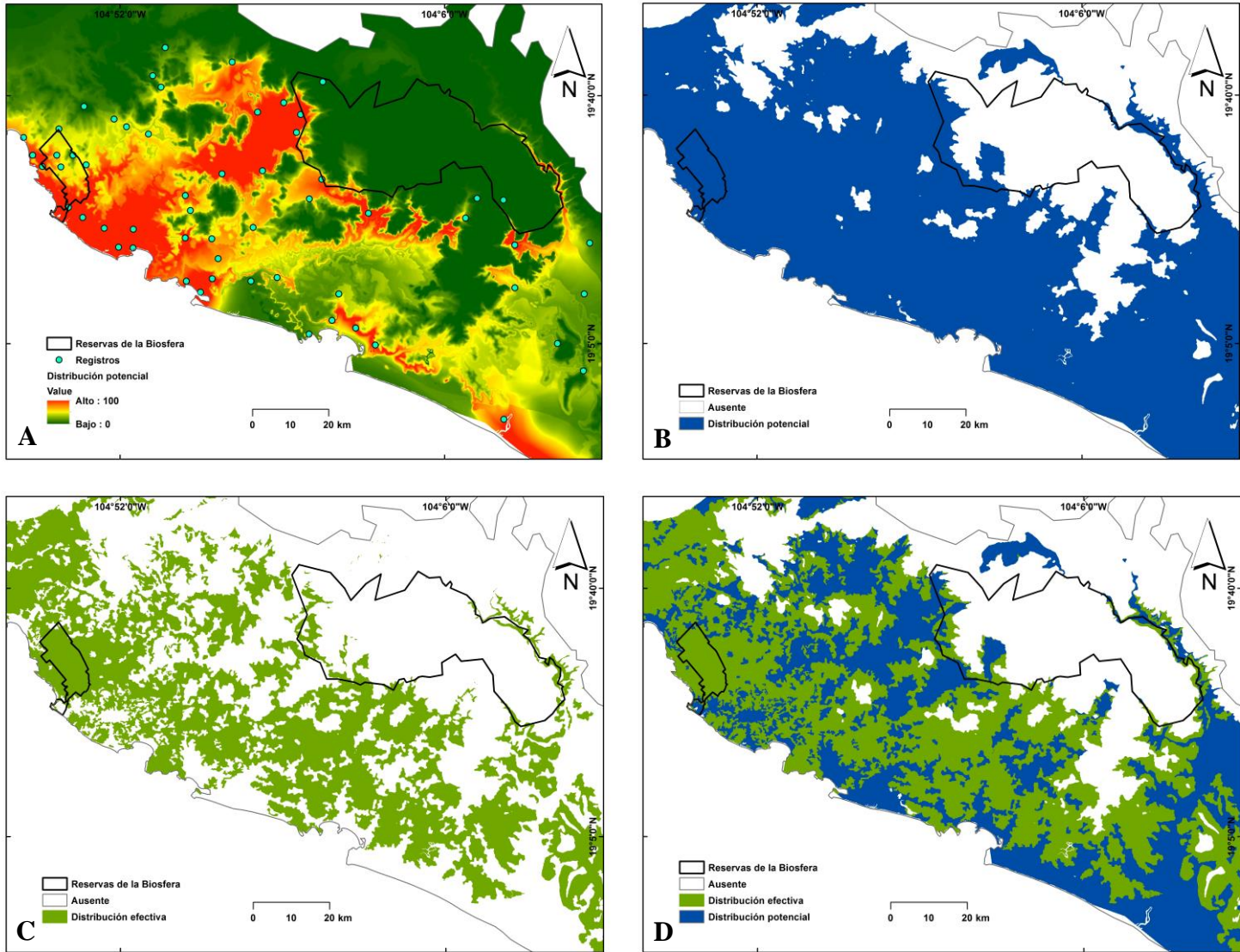


Figura 32. Modelos de *Liomys pictus* para el área de estudio en los estados de Jalisco y Colima. A) Modelo de nicho ecológico utilizando 10 variables climáticas. B) Modelo binario de distribución potencial. C) Modelo binario de distribución efectiva. D) Modelo de distribución efectiva sobre distribución potencial.

Modelo 4. Se elaboró utilizando las variables ambientales más importantes, es decir las variables BIO01, BIO04, BIO06, BIO17 y BIO18 (Apéndice 5). El modelo ROC presentó un área bajo la curva de 0.956 que se aproxima al valor de 1 esperado (Fig. 33). En la proyección del modelo se puede observar en color rojo las zonas ambientalmente favorables donde es más probable que se encuentre la especie de *S. mascotensis* (Fig. 34 A). Este modelo fue transformado a un modelo binario de distribución potencial (Fig. 34 B), que posteriormente fue recortado utilizando una máscara de uso de suelo y vegetación, al mapa resultante se le consideró como la distribución efectiva de la especie (Fig. 34 C). La pérdida aproximada de distribución potencial se calculó con una resta del mapa de distribución potencial menos el mapa de distribución efectiva (Fig. 34 D; Cuadro 10).

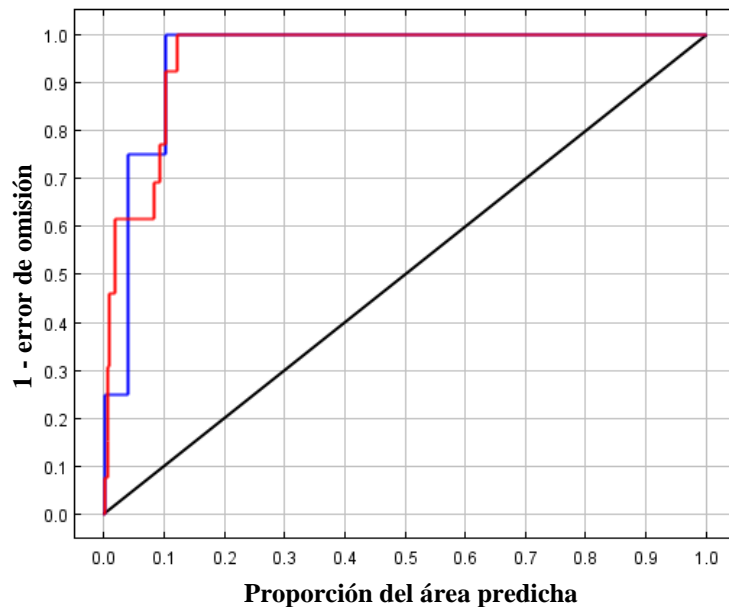


Figura 33. Curva ROC generada a partir del modelo de distribución de *Sigmodon mascotensis* utilizando 10 variables climáticas. La línea roja representa los datos de entrenamiento, la franja azul los datos de validación y la diagonal negra representa la línea esperada si el modelo no fuese mejor que uno al azar.

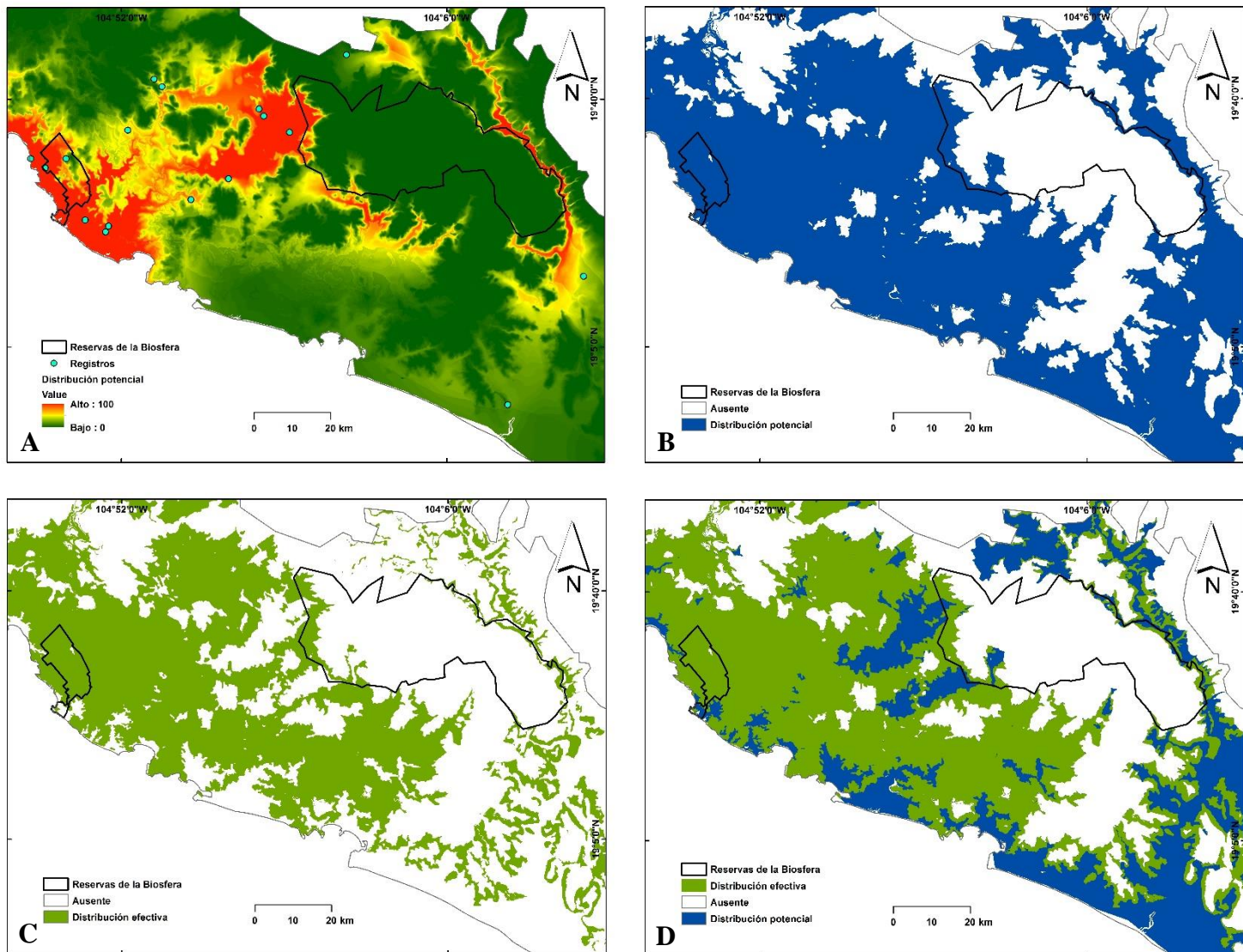


Figura 34. Modelos de *Sigmodon mascotensis* para el área de estudio en los estados de Jalisco y Colima. A) Modelo de nicho ecológico utilizando 5 variables climáticas. B) Modelo binario de distribución potencial. C) Modelo binario de distribución efectiva. D) Modelo de distribución efectiva sobre distribución potencial.

Cuadro 10. Pérdida de hábitat calculado de la resta de la distribución potencial y la distribución efectiva.

	<i>Liomys pictus</i>	<i>Sigmodon mascotensis</i>
Área promedio (km ²) de la distribución potencial	12,207	11,118
Área promedio (km ²) de los parches de hábitat (Distribución efectiva)	6,656	7,633
Área pérdida (km ² ; D. Potencial – D. Efectiva)	5,551	3,485

Dominios climáticos

Se elaboró una capa 10 dominios climáticos (Fig. 35), que fueron clasificados de acuerdo a la similitud de cada perfil climático (Fig. 36). Se puede observar que los registros obtenidos en campo para ambas especies están representados en cada dominio climático presente en el área intermedia entre ambas reservas.

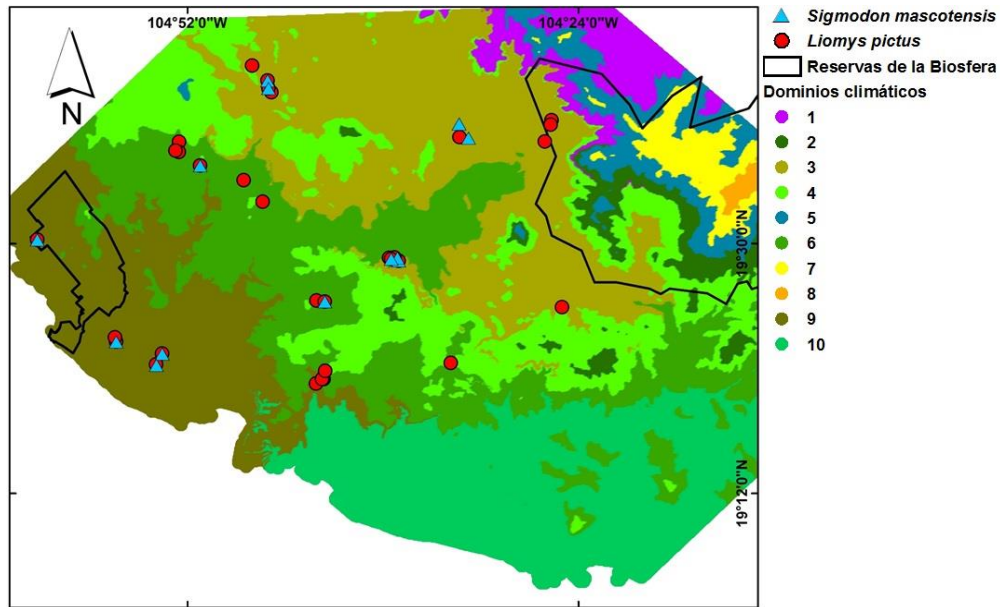


Figura 35. Dominios climáticos en el área de estudio. Los puntos en color rojo representan los registros obtenidos en campo de la especie *Liomys pictus* y los triángulos color azul representan los registros obtenidos en campo de *Sigmodon mascotensis*.

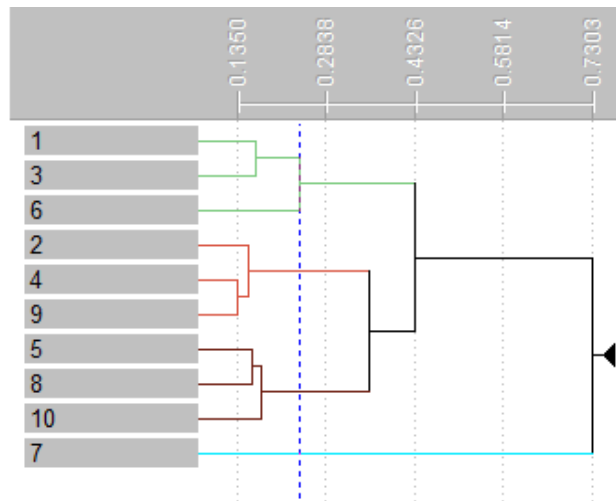


Figura 36. Árbol de similitud en el cual se clasifican los perfiles climáticos del área de estudio.

DISCUSIÓN

Durante este proyecto se pudo dar una aproximación de la variación y diferenciación genética utilizando el marcador molecular región control en poblaciones de *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis*, así como de los requerimientos ambientales y la pérdida de distribución potencial de ambas especies. El enfoque utilizado en este estudio con parámetros genéticos y requerimientos ambientales puede extenderse a otros mamíferos pequeños en futuras evaluaciones del efecto de la perturbación de las selvas secas tropicales.

Variación y diferenciación genética

La diversidad genética obtenida con el gen mitocondrial región control fue alta. Prácticamente todos los individuos presentaron un haplotipo único (Cuadros 7 y 8). Las estimaciones de diversidad haplotípica fueron altas en *Liomys pictus* ($dh= 0.993$) y *Sigmodon mascotensis* ($dh= 0.946$), mientras que las estimaciones de diversidad nucleotídica fueron bajas para *L. pictus* ($\pi = 0.01263$) y *S. mascotensis* ($\pi= 0.01138$). Estos valores de diversidad haplotípica alta y diversidad nucleotídica baja se han interpretado como indicadores de crecimiento poblacional rápido a partir de una población pequeña. Esta presencia de una gran cantidad de haplotipos, la diversidad haplotípica alta y la diversidad nucleotídica baja coincide con lo reportado para otras especies de roedores como el ratón de campo *Peromyscus schmidlyi* ($dh= 1.0$, $\pi= 0.012$; López-González et al., 2014) y las ardillas *Callosciurus erythraeus* ($dh= 0.94$, $\pi= 0.008$; Oshida et al., 2006), *Sciurus niger* ($dh= 0.985$, $\pi= 0.023$) y *Sciurus carolinensis* ($dh= 0.853$, $\pi= 0.017$; Moncrief et al., 2012).

Para complementar los datos obtenidos de diversidad haplotípica y nucleotídica, se realizó el análisis *Mismatch* para ambas especies. En la especie *Liomys pictus* se pudo observar un patrón multimodal de las frecuencias pareadas (Fig. 15), característico de poblaciones que se considera que se encuentran en estabilidad demográfica y se encontraron valores significativos en la prueba de R^2 de Rozas, indicando que existe una estabilidad demográfica, como se ha reportado en otras especies de roedores como *Peromyscus schmidlyi* (López-González et al., 2014) y de aves como *Toxostoma curvirostre* (Zink y Blackwell-Rago, 2000). Para la especie *Sigmodon mascotensis* se observa un patrón unimodal de las frecuencias pareadas (Fig. 16), característico de poblaciones que tuvieron una expansión demográfica reciente. En el análisis de R^2 de

Rozas no se encontraron valores significativos lo que indica una expansión demográfica y un crecimiento constante de las poblaciones, como se ha reportado para otras especies de roedores como la ardilla *Sciurus carolinensis* (Moncrief et al., 2012) y de aves como *Poliophtila melanura* (Zink et al., 2001). La D de Tajima resulto estadísticamente no significativa en las dos especies. Esto indica que las poblaciones de *L. pictus* no se encuentran en expansión, lo que corrobora los resultados encontrados en la prueba de *mismatch*. Para *S. mascotensis* no fue así, ya que la prueba de *mismatch* y los índices de diversidad genética indican que se encuentra en expansión. Estos valores negativos también pueden indicar la presencia de mutaciones deletéreas.

Un patrón común es que la estructura genética de los roedores parece depender de la separación geográfica de las poblaciones. Las poblaciones separadas a escala local (5-10 km) tienden a exhibir una baja diferenciación genética con una F_{ST} de menos de 0.05 (Peakall et al., 2003; Schweizer et al., 2007). En comparación con las poblaciones separadas por distancias más altas que suelen exhibir una mayor diferenciación genética (100-1,000 km; Trizio et al., 2005; Bogdanov et al., 2009). Por lo tanto, el F_{ST} obtenido en nuestro estudio para *Liomys pictus* ($F_{ST}= 0.15654$) podría indicar diferenciación genética en distancias cortas, ya que las localidades se separaron en no más de 10 km. Esto coincide con la diferenciación genética reportada para *Baiomys musculus* ($F_{ST}= 0,1122$) en 4 sitios separados a no más de 4 km (Vargas et al., 2012). Mientras que para *Sigmodon mascotensis* se obtuvo un valor no significativo ($F_{ST}=0.07204$) y podría indicar que no hay diferenciación genética entre las poblaciones.

Con frecuencia, la diferenciación genética indica restricciones al flujo de genes relacionados con la presencia de barreras naturales o artificiales (Manel et al., 2003; Storfer et al., 2007). Elementos del paisaje como ríos o topografía compleja han sido implicados como responsables de diferencias genéticas para varias especies de mamíferos pequeños, mientras que la efectividad de otras barreras que impiden el flujo de genes podría depender de los rasgos de la especie (Gauffre et al., 2008). Por lo que, se realizaron agrupamientos de las poblaciones de acuerdo a barreras artificiales (carreteras), barreras naturales (ríos), a la altitud y a características ambientales de acuerdo a los dominios climáticos generados durante este estudio (Fig. 35). En *L. pictus* se encontraron valores bajos y significativos de estructura genética agrupando a las poblaciones de acuerdo a la altitud ($F_{CT}= 0.04802$). En *Sigmodon mascotensis* no se encontraron valores significativos ($F_{CT}= 0.13880$). Las diferencias entre las

poblaciones no se explicaron por barreras artificiales, naturales o características climáticas, lo que podría indicar flujo génico.

Nosotros esperábamos que el patrón de variación y estructura genética reflejara una diferenciación entre las poblaciones de las zonas perturbadas y las zonas conservadas o bien una diferenciación debida a patrones históricos como barreras geográficas o a características climáticas, sin embargo, no se encontró dicha relación. Por lo tanto, parece que el nivel actual de perturbación en la zona de estudio y la distribución de los remanentes de selva entremezclados con tierras agrícolas, pastizales y vegetación secundaria no ha causado diferenciación genética entre las poblaciones de *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis*. Esto sin dejar de lado la idea de que a la escala en que se manejaron los datos puede ser difícil observar estructura genética.

Algunas características podrían explicar por que la diferenciación genética en *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis* no está relacionada con la perturbación de la selva seca. Como se ha reportado para otras especies de roedores por ejemplo en poblaciones de *Baiomys musculus* no encontraron asociación de la estructura genética con la transformación del hábitat sugiriendo que tiene suficiente plasticidad conductual y suficiente diversidad genética para responder a la heterogeneidad ambiental causada por actividades humanas, pudiendo estas transformaciones del hábitat favorecerlo (Vargas et al., 2012). Al igual que en *B. musculus* se ha reportado que *L. pictus* y *S. mascotensis* presentan tolerancia al disturbio. Para el caso de *L. pictus* ha sido descrita como una especie generalista, sin embargo tiene mayor afinidad por las selvas secas donde ha sido descrita como especie dominante (Vázquez-Domínguez et al., 2002; Garrido-Garduno et al., 2016). Pero a pesar de su tolerancia al disturbio de ha detectado que su densidad poblacional es mayor en sitios conservados que en sitios alterados por procesos antropogénicos. Estudios previos han documentado la desaparición de especies, además de cambios en la dominancia y abundancia debido a transformación y fragmentación de hábitats, tal es el caso de *L. pictus* (Vázquez-Domínguez et al., 2000; García-Estrada et al., 2002). Por otra parte, se ha reportado que algunas especies de mamíferos se ven beneficiadas por la transformación de la cubierta vegetal (Sánchez-Cordero et al., 2005a; Cadena, 2003). Como podría ser el caso de *S. mascotensis*, este roedor muestra preferencia por los sitios con vegetación baja (vegetación herbácea, pastizales y cultivos) y por sitios que exhiben condiciones de perturbación con dosel abierto, árboles lejanos y dispersos, y siempre asociados a pastizales (Martínez, 2009; Schnell et al., 2010).

Proponemos que *Sigmodon mascotensis* podría ser favorecido en un mosaico de parches conservados y perturbados de selva tropical seca. En un periodo de tiempo ecológico, esta especie podría beneficiarse mediante la reducción de competencia, si otros competidores se ven afectados negativamente por la perturbación. Mientras que, *Liomys pictus* podría verse afectado por el mosaico parches de hábitat generados por la acción humana. Por ejemplo, en selvas secas bien conservadas, como es el caso de la Reserva de la Biosfera Chamela-Cuixmala, *L. pictus* es muy abundante incluso en la estación seca, mientras que *S. mascotensis* esta casi ausente. En selvas secas de Colima y Morelos que exhiben mayor grado de perturbación inducida por los humanos, *S. mascotensis* es más capturado, mientras que, *L. pictus* se ha capturado con menos frecuencia y ha mostrado mayor densidad en sitios conservados que alterados (Vázquez-Domínguez et al., 2002; Cadena, 2003; Martínez, 2009; Schnell et al., 2010).

El papel de los factores genéticos en el potencial de conservación de las especies ha sido bien documentado a través de la relación significativa entre el riesgo de extinción y la cantidad de diversidad genética o coeficiente de endogamia encontrado en las poblaciones (Spielman et al., 2004a, b). Esta relación es muy importante, en particular para las poblaciones amenazadas por una alta tasa de transformación de hábitat (Sih et al., 2000; Cushman, 2006). Nuestros resultados indican que *Sigmodon mascotensis* puede haber desarrollado suficiente plasticidad conductual para usar el hábitat diferencialmente con respecto a las condiciones específicas del sitio (Martínez, 2009; Schnell et al., 2010). Este rasgo y la gran cantidad de diversidad genética encontrada dentro de las poblaciones durante este estudio podrían dar a este roedor la capacidad de hacer frente y beneficiarse de la alta heterogeneidad ambiental producida por la transformación del hábitat. El ratón de abazones, *Liomys pictus* probablemente no ha desarrollado suficiente plasticidad conductual para beneficiarse de hábitats perturbados, pues su abundancia disminuye en sitios alterados (García-Estrada et al., 2002; Cadena, 2003). Pero la diversidad genética alta encontrada durante este estudio podría brindarle la capacidad de tolerar las alteraciones del hábitat.

Sin embargo, se ha documentado que algunas de estas especies resistentes a perturbaciones considerables pueden estar en riesgo si se producen limitaciones en su dispersión, como se ha registrado en la rata arbustiva *Rattus fuscipes*, la cual una vez que ha alcanzado un tamaño mínimo crítico de su población puede ser susceptible a la extinción local, debido al flujo restringido de sus genes. La extinción local que observaron indica que, bajo perturbación severa se restringe la dispersión y flujo génico de la rata arbustiva

limitando las oportunidades de recuperación de sus poblaciones, por lo que concluyeron que algunas especies que actualmente se cree que son resistentes a las perturbaciones y extinción, pueden estar en riesgo si se producen limitaciones en su dispersión que eviten la recolonización (Peakall y Lindenmayer, 2006). Es por esto que, es necesario hacer más pruebas con otros marcadores moleculares y con otras especies, pues es evidente la necesidad de conservar el flujo de especies entre ambas reservas, ya que el efecto de la deforestación tal vez no se vea reflejado de igual forma en otros taxa. Por ello el establecimiento de un corredor biológico entre ambas reservas es necesario, estos corredores son una región a través de la cual las áreas naturales protegidas o los remanentes de los ecosistemas originales, mantienen su conectividad mediante actividades productivas en el paisaje intermedio que permitan el flujo de especies, que aseguran procesos biológicos y evolutivos. El manejo sostenible de la selva permitiría mantener la composición y estructura del ecosistema forestal conservando la conectividad al evitar el avance del proceso de urbanización, en lugar de transformarlo en áreas de cultivo que constituirían barreras para algunas especies (CONABIO, 2009, CONANP, 2017).

Redes de haplotipos y estimación de tiempo de divergencia

La gran cantidad de haplotipos y la falta de diferenciación genética de las poblaciones de *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis* se puede ver reflejada en las redes de haplotipos, las cuales no mostraron haplogrupos por localidad (población) o ecoregión, ya que existe una gran cantidad de haplotipos con baja diferenciación entre ellos lo que sugiere una continuidad genética en el área intermedia a ambas reservas. Esto se puede explicar también por una acumulación rápida de mutaciones durante un corto tiempo, el cual no ha sido suficiente para permitir que estas sean eliminadas o fijadas dentro de las poblaciones. Cuando el flujo de genes es limitado, a menudo esperamos observar clados más profundos restringidos a regiones geográficas particulares, esto también se puede observar a partir de la distribución de haplotipos más basales (Templeton, 1998; Metcalf et al., 2001). Pero al igual que en las redes de haplotipos, en los análisis genealógicos no observamos agrupamiento geográfico, ni por dominio climático. Los diferentes haplotipos de *L. pictus* se agruparon en un clado bien apoyado en el análisis de IB, en el cual no se observó agrupamiento de los individuos por localidad. Los haplotipos de *S. mascotensis* de igual manera se agruparon en un clado bien apoyado en el análisis de IB, en el cual no se aprecia agrupamiento de los

individuos por localidad. Nuestros resultados son similares a los reportados para *P. schmidlyi* con el gen *D-loop* cuya red de haplotipos no mostro divergencia de haplogrupos por localidad, de igual forma la topología en el árbol de IB no mostró estructura geográfica o por dominio climático y los clados incluyeron localidades geográficamente apartadas (López-González et al., 2014).

La distancia genética entre los diferentes haplotipos de *Liomys pictus* varió de 0.0 a 2.41%, mientras que en *Sigmodon mascotensis* varió entre 0.0 y 1.3%. Estos valores son similares a los reportados para especies de roedores como el ratón de campo *Osgoodomys banderanus* utilizando el gen *D-loop* (3.0-4.8%; Rosas, 2014). Los porcentajes de divergencia genética encontrados al interior de ambas especies pueden ser indicativos de variación genética intraespecífica o de retención de polimorfismos ancestrales (Vázquez-Dominguez, 2007; Charlesworth, 2010; Cutter y Choi, 2010). En los árboles de distancias genéticas obtenidos se observó una topología similar a la obtenida con el método de IB en donde no se encontró agrupamiento de los individuos por localidad.

Los tiempos de divergencia calculados para *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis* mostraron que la divergencia entre sus respectivos ancestros fue durante el Mioceno. Estas especies de mamíferos se encuentran asociadas a las selvas bajas, cuyas evidencias en el registro fósil sugieren que es a partir del Mioceno que la cercanía morfológica de la vegetación fósil de la región occidental de México es mayor con respecto a la vegetación actual. Esto se encuentra ligado con la dinámica de formación de los cinturones montañosos de las Sierras Occidental y Oriental y la gran actividad de la Faja Volcánica Transmexicana, dando lugar a procesos geológicos generadores de cambios altitudinales y climáticos muy importantes en la diversificación y radiación de taxa (Ferrari et al., 2005; Gómez-Tuena et al., 2005; Cevallos-Ferriz et al., 2012).

Estas modificaciones del entorno abiótico debieron de haber repercutido en las comunidades vegetales y seguramente fueron importantes en la selección de especies que formaron parte de las comunidades que fueron ocupando los nuevos escenarios que se iban integrando. Por ello la acumulación de las respuestas exitosas a las persistentes pruebas del ambiente promovidas por los cambios constantes, hizo que se acumulara la diversidad biológica (Cevallos-Ferriz et al., 2012). Ello pudo haber sido el caso de los roedores pertenecientes a las familias Heteromyidae y Cricetidae asociados a las selvas bajas. Ya que se tienen registros de la flora que se encontraba presente durante el Mioceno en Baja California Sur que sugieren que en aquel momento en la región estaba

establecida una flora que taxonómicamente recuerda a la selva baja de Chamela, Jalisco (Martínez-Cabrera et al., 2006; Martínez-Cabrera y Cevallos-Ferriz, 2006), donde actualmente se encuentran representadas estas familias de roedores.

El sector occidental de México, conformado por cuatro provincias volcánicas, se ha desarrollado en distintos tiempos y con diferentes intensidades y modalidades, pero en conjunto se puede afirmar que estos eventos contribuyeron al desarrollo de suelos y facilitaron u obstruyeron la ampliación de áreas de distribución de los organismos. Toda esta actividad volcánica que evidentemente es fuente impulsora de procesos biológicos y generadora de biodiversidad, obligó a los organismos a adaptarse a cambios hidrológicos, edáficos, de temperatura y humedad, entre otros. Estos procesos geológicos coinciden con los tiempos de divergencia estimados para *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis* con respecto a sus ancestros y, con la vegetación presente en el área durante el Mioceno, similar a la vegetación actual.

Modelación de nichos y estimación de la pérdida de hábitat potencial debido a la deforestación.

Se utilizó la modelación de nicho ecológico para predecir la distribución potencial hipotética de las especies *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis* y evaluar la disminución de su distribución debido a la pérdida de hábitat por el cambio de uso de suelo, así como para identificar zonas de conectividad de acuerdo a los requerimientos ambientales de estos roedores en el área intermedia entre las Reservas de la Biosfera Chamela-Cuixmala y Sierra de Manantlán. En estudios previos se ha evaluado el efecto del cambio de uso de suelo en la distribución de algunas especies de mamíferos y aves (Sánchez-Cordero et al., 2005a, b; Ríos-Muñoz y Navarro-Sigüenza, 2009). En estos trabajos se generaron modelos de nicho ecológico con ayuda del algoritmo GARP y los recortaron usando mapas de vegetación que no consideraban el impacto generado por el cambio de uso de suelo (Rzedowski, 1978, 1990) y posteriormente los recortaron nuevamente con mapas de vegetación basados en inventarios nacionales forestales que consideraron el cambio de uso de suelo (Velázquez et al., 2002). En el presente trabajo recortamos los modelos de nicho ecológico potencial usando la capa de uso de suelo y vegetación de la serie V de INEGI donde se consideró el hábitat natural remanente como la distribución actual o efectiva para la especie *L. pictus* y los hábitats transformados como inadecuados, basándonos en estudios previos que consideraron el efecto cambio del uso del suelo en diferentes especies (Yañez-Arenas et al., 2012;

Sánchez-Cordero et al., 2009). Se ha reportado que algunas especies de mamíferos endémicos y de aves introducidas se han beneficiado de la transformación de la cobertura vegetal (Sánchez-Cordero et al., 2005; MacGregor-Fors, 2008); este podría ser el caso de *S. mascotensis*, por lo que dados los requerimientos de esta especie, decidimos considerar el hábitat natural remanente y el hábitat transformado (pastizales y cultivos) como distribución actual o efectiva y los hábitats donde no se distribuyen o es muy raro encontrarlos (zonas urbanas) como inadecuados.

Esto permitió calcular la pérdida del hábitat potencial de estos roedores como consecuencia del cambio de uso de suelo; sin embargo no se puede conocer la dinámica de como ocurre este cambio a través del tiempo. Por otra parte los modelos de alta resolución permitieron identificar manchones de vegetación ambientalmente favorables que se encuentran en contacto y conectan ambas Reservas de la Biosfera, por lo que estas zonas podrían funcionar como corredores con base en sus características climáticas y al tipo de vegetación.

Los modelos generados en este trabajo arrojaron distribuciones potenciales hipotéticas más amplias a las previamente reportadas (Hall, 1981; Ceballos y Miranda, 2000; Patton, 2005; Reid y Vázquez, 2016; Ramírez y Chávez, 2005; Álvarez-Castañeda et al. 2016; Musser y Carleton, 2005). Sin embargo en los modelos de ambas especies se encontró que la distribución efectiva disminuye con respecto a la distribución potencial debido a la transformación de la cubierta vegetal. Para *L. pictus* la distribución potencial tuvo un área de 610,895 km² y para *S. mascotensis* de 442,368 km² y debido al cambio de uso del suelo ambas especies pierden en su distribución un área aproximada de 304,472 y 62,146 km² respectivamente. Tal como se ha reportado para otras especies, por ejemplo en dos salamandras (*Pseudoerycea cephalica* y *P. leprosa*), se observó que su distribución potencial bajo escenarios de cambio climático y deforestación podría perder hasta un 75% y debido a la capacidad de dispersión limitada, la supervivencia de estas especies de salamandra esta en riesgo (Parra-Olea et al., 2005). Para mamíferos endémicos mexicanos, entre los cuales se encuentran roedores se ha estimado la pérdida de rango de distribución debido a la deforestación, observando que la mayoría de las especies endémicas (72%) mostraron una alta proporción de hábitat transformado (34.5%) a nivel nacional. Más de una cuarta parte de las especies endémicas (27%) perdieron 50% del hábitat dentro de sus distribuciones. Las pérdidas más importantes que estimaron ocurren principalmente en hábitats

tropicales, por lo tanto, las especies asociadas a hábitats tropicales parecen estar en alto riesgo de extinción debido a una mayor deforestación (Sánchez-Cordero et al., 2005a).

Esto coincide con las estimaciones de pérdida de hábitat registradas en nuestro estudio donde se observó que *L. pictus* perdió 49.84% de su distribución potencial y para *S. mascotensis* debido a que decidimos considerar el hábitat transformado en pastizales y cultivos como adecuado para la especie se observó una pérdida de 14.04% de su distribución potencial. El cambio en el uso de suelo influye de manera considerable en la distribución potencial hipotética de *L. pictus*, quedando la distribución efectiva como parches de vegetación, que en algunos casos se encuentran aislados. Para *Sigmodon mascotensis* el cambio de uso de suelo no afecta de manera considerable su distribución efectiva y dados sus requerimientos de hábitat, esta especie podría verse beneficiada por el cambio de uso de suelo, pues se ha reportado que son más comunes en pastizales inducidos y en cultivos (Ramírez y Chávez, 2005; Martínez, 2009; Schnell, et al., 2010).

Las modificaciones en los ecosistemas por actividades antropogénicas afectan directamente la sobrevivencia de las especies (Yañez-Arenas et al. 2012). Para algunas especies estas modificaciones pueden resultar benéficas al representar una fuente de alimento seguro o existir una menor abundancia de depredadores por lo que tienden a incrementar su tasa poblacional (Sánchez-Cordero y Martinez-Meyer, 2000). Pero, la gran mayoría se pueden ver afectadas debido a la reducción y degradación de condiciones de hábitat disponible (Galicía et al., 2007; Jackson y Gaston, 2008; Rodríguez-Soto et al., 2011; Yañez-Arenas, 2012). Estas especies de roedores tienen tolerancia al disturbio y pueden hacer uso de ciertos hábitats alterados gracias a algunas modificaciones presentes en su cuerpo y cráneo. Sin embargo, necesitan buscar refugio y protección en áreas boscosas, como es el caso de muchos mamíferos (Ceballos y Miranda, 2000; Ramírez y Chávez, 2005; Álvarez-Castañeda et al., 2016), los cuales parecen ser resistentes a alteraciones de su hábitat, pero han tenido cambios considerables en su dominancia y abundancia, así como extinsiones locales debido a la pérdida o transformación de hábitats conservados afectando la distribución y flujo génico de muchas especies (García-Estrada et al., 2002; Peakall y Lindenmayer, 2006).

Implicaciones en conservación

El impacto de la deforestación sobre *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis* es significativo y requiere medidas de mitigación para disminuir su efecto negativo. No

obstante de que el problema aún requiere de un análisis más profundo, algunas medidas inmediatas pueden ser consideradas como propuestas viables. Por ejemplo, ante la creciente deforestación en el Eje Neovolcánico, se ha propuesto establecer una red de áreas prioritarias de conservación usando a los mamíferos como estudio de caso (Trevon et al., 2006). En otro estudio de igual forma propusieron una red de áreas prioritarias de conservación para el Eje Neovolcánico que conecte las áreas naturales protegidas, debido a que esta región posee una alta diversidad biológica en México y cuenta con un alto número de áreas naturales protegidas, pero la mayoría tiene un área demasiado pequeña para garantizar la conservación de dicha biodiversidad (Sánchez-Cordero et al., 2009).

Este es el caso de las Reservas de la Biosfera Chamela-Cuixmala y Sierra de Manantlán las cuales poseen una alta diversidad biológica y buscan garantizar la conservación de una muestra significativa de ecosistemas, biodiversidad y sus servicios ambientales. (CONABIO, 2009). Sin embargo, quizá no puedan garantizar la conservación de su biodiversidad tropical, pues como quiera que sea, se trate de grandes Reservas de la Biosfera o de áreas aún más reducidas, como algunas reservas comunitarias e incluso privadas, lo que sucede a su alrededor está asociado con procesos vinculados con el desarrollo. En estos espacios las comunidades humanas hacen crecer sus asentamientos y transforman el paisaje con el afán por emprender actividades productivas que les permitan satisfacer sus necesidades. Las tierras o cuerpos de agua que rodean las áreas protegidas se destinan al desarrollo urbano, agropecuario, industrial o turístico. Por lo que, es cierto que las áreas naturales protegidas funcionan de manera análoga a las islas, de tal modo que lo que sucede a su alrededor determina su operación, la resiliencia de los ecosistemas que incluyen, su capacidad de generación de servicios ambientales y las probabilidades de supervivencia de las poblaciones de especies en vida silvestre que alojan. También como sucede en las islas, cuanto más pequeña sea un área protegida, más intensamente repercutirán en su funcionamiento los acontecimientos en el espacio que las circunda (Robles, 2009).

En un estudio con diferentes grupos taxonómicos encontraron que el 55% de las especies están restringidas en gran medida a las áreas naturales protegidas y 36% están completamente restringidos a ellas. Este alto nivel de confinamiento en áreas protegidas subraya la importancia vital del mantenimiento estas áreas, así como del establecimiento de vínculos entre las áreas naturales protegidas (Jackson y Gaston, 2008). Estos datos podrían extrapolarse a diferentes ecosistemas debido a la creciente tasa de deforestación

que se ha dado en los últimos años. Tal es el caso de la cobertura de los ecosistemas terrestres del trópico mexicano que se ha ido fragmentando de tal manera que quedan pocas áreas donde las selvas originarias cubran de manera continua superficies dignas de consideración. Es por esto que es necesario que los esfuerzos de conservación deben permear hacia el territorio periférico al polígono de las reservas. Un factor que puede contribuir a fortalecer los esfuerzos de conservación representados por las áreas naturales protegidas es la construcción de vínculos entre ellas, pues como se ha mencionado las reservas se encuentran separadas entre si por fracciones de territorio donde poco o nada se hace en materia de conservación de los ecosistemas y sus recursos naturales, repercutiendo en la posibilidad de muchas poblaciones de dispersarse e intercambiar material genético con poblaciones ubicadas en otras áreas frecuentemente también sujetas a algún tipo de protección (Mossman y Waser, 2001; Robles, 2009; Llano y Fernández, 2017).

En trabajos realizados con grandes mamíferos como el jaguar (*Panthera onca*) buscaron integrar redes de conservación de las áreas naturales protegidas existentes, señalando que la Costa Central del Pacífico que va desde el Centro de Nayarit hasta Colima, incluyendo una parte de la Faja Volcánica Transmexicana, debe ser considerada como un área complementarias para la conservación de esta especie, sus modelos de nicho ecológico también identificaron que en el estado de Jalisco se encuentra el área más grande de hábitat potencial para esta especie (Rodríguez-Soto et al., 2011). Por lo que es necesario el establecimiento de mecanismos de conservación que permitan la conectividad entre las Reservas de la Biosfera Chamela-Cuixmala y Sierra de Manantlán y que contribuyan a reducir la fragmentación que han sufrido los ecosistemas, como lo son los corredores biológicos que permitirían la conectividad entre dichas reservas. Estos corredores generan beneficios al servir como hábitats que permiten el flujo de individuos (flujo génico), y al mantener procesos ecológicos a grandes escales de paisaje. Por ejemplo en el estado de Morelos con el propósito de asegurar los procesos biológicos y evolutivos, y formar una frontera natural para evitar la expansión de las ciudades se estableció el Corredor Biológico Chichinautzin que integra diversos parques nacionales, en este corredor se realizan actividades de bajo impacto, que garantizan el bienestar de la gente (CONANP, 2017).

Los resultados de este estudio apoyan el modelo de corredores biológicos a través de los cuales las áreas naturales protegidas o los remanentes de los ecosistemas originales, mantienen su conectividad y permiten el flujo de especies y aseguran

procesos biológicos y evolutivos. Estos corredores pueden evitar el aislamiento de las poblaciones y permitir el flujo génico continuo entre dos o más poblaciones de mayor tamaño como las presentes en las reservas de la biosfera, esto disminuiría el efecto de la deriva génica evitando la presión por endogamia disminuyendo las probabilidades de extinción local. Los corredores permiten actividades de bajo impacto como el turismo de naturaleza en el que se incluye el turismo de aventura, el ecoturismo, el aviturismo y el turismo rural, que constituye una actividad productiva de elevado potencial debido a la amplia diversidad de paisajes, ecosistemas, especies y culturas presentes en esta región. Este turismo contribuye al desarrollo regional, pues genera empleos e ingresos para quienes son los dueños y habitantes de los ecosistemas naturales y, sobre todo, aporta valor y garantiza la conservación del patrimonio natural. El manejo sostenible de la selva permitiría mantener la composición y estructura del ecosistema forestal conservando la conectividad al evitar el avance del proceso de urbanización. Por lo que, para lograr el establecimiento de los corredores biológicos se debe de trabajar en conjunto con las autoridades estatales o municipales y con las comunidades o dueños de la tierra para así lograr una transición hacia un uso sustentable de sus recursos naturales que les permita tener ingresos y a la vez promover el bienestar social sin mermar su capital natural (Fahrig y Merriam, 1994; Becerra, 2009; CONABIO, 2009; CONANP, 2017; Llano y Fernández, 2017).

Por otra parte, nosotros creemos que en futuros estudios se debería considerar el uso de una mayor cantidad de marcadores moleculares, la evaluación directa del tamaño poblacional, la densidad y la calidad del hábitat, así como evaluar la distribución de especies con escenarios al pasado y al futuro considerando el cambio climático para poder desarrollar mejores estrategias para la conservación de estos roedores y otros vertebrados (Parra-Olea et al., 2005; Peakall y Lindenmayer, 2006; Vandergast et al., 2007; Vargas et al., 2012).

CONCLUSIONES

Las bases de datos y los modelos elaborados en este trabajo generan un importante aporte al conocimiento de las especies *Liomys pictus* y *Sigmodon mascotensis*. Lo que es un buen punto de partida para la toma de decisiones para el establecimiento de un corredor biológico entre las Reservas de la Biosfera de Chamela-Cuixmala y Sierra de Manantlán.

Los modelos elaborados brindan una idea aproximada del área de distribución potencial que han perdido estas dos especies de roedores como consecuencia de la deforestación. Además permitieron identificar zonas ambientalmente favorables que conectan ambas reservas. Por lo que el establecimiento de un corredor biológico se vuelve fundamental para disminuir el impacto del cambio de uso de suelo y proteger a las especies presentes en esta zona.

Se encontraron diferencias en las secuencias de DNA mitocondrial utilizando el marcador región control; pero no se encontró diferenciación genética entre las poblaciones de sitios conservados y sitios perturbados. Esta condición beneficia la idea del establecimiento de un corredor biológico, antes de perder información genética debido a la fragmentación. Sin embargo, no se puede dejar de lado la idea de que la variación genética observada puede ser el resultado del flujo que hubo en el pasado.

LITERATURA CITADA

- AKAIKE, H. 1973. Information Theory and an extension of Maximum likelihood principle. Second International Symposium on Information Theory (P. N. Petrov and F. Csaki, eds.). Akad. Kiado, Budapest, 267-281.
- ALMENDRA A. L., D. S. ROGERS Y F. X. GONZÁLEZ-CÓZATL. 2014. Molecular phylogenetics of the *Handleyomys chapmani* complex in Mesoamerica. *Journal of Mammalogy*. 95(1): 26-40.
- ÁLVAREZ-CASTAÑEDA, S. T., I. CASTRO-ARELLANO, T. LACHER, E. VÁZQUEZ Y J. ARROYO-CABRALES. 2016. *Sigmodon mascotensis*. The IUCN Red List of Threatened Species 2016. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2016-3.RLTS.T20216A22355790.en>. Fecha de Consulta: Noviembre, 2016.
- ANDREN, H. 1994. Effects of hábitat fragmentation on birds and mammals in landscapes with different proportions of suitable hábitat: a review. *Oikos*. 71: 355-366.
- ARRIAGA, L., V. AGUILAR, J. M. ESPINOZA. 2001. Regiones Prioritarias Terrestres de México. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad, México, D.F.
- AVISE, J. C., J. ARNOLD, R. M. BALL, E. BERMINGHAM, T. LAMB, J. E. NEIGEL, C. A. REEB Y N. C. SAUNDERS. 1987. Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematic. *Annual Reviews of Ecology and Systematic*. 18: 489-522.
- AVISE, J. C. 2004. Molecular markers, natural history and evolution. Second edition. Sinauer Associates, Inc. Sunderland, Massachusetts. United States of America. 684 pp.
- BANDELT, H-J., P. FORSTER Y A. RÖHL. 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*. 16: 37-48.
- BARVE, N., V. BARVE, A. JIMÉNEZ-VALVERDE, A. LIRA-NORIEGA, S. P. MAHER, A. T. PETERSON, J. SOBERÓN, F. VILLALOBOS. 2011. The crucial role of the accessible area in ecological niche modeling and species distribution modeling. *Ecological Modelling*. 222: 1810-1819.
- BECERRA, S. C. O. 2009. Análisis detallado de la diversidad de la herpetofauna en un corredor biológico tipo río en la zona de los Tuxtlas, Veracruz. Tesis de Licenciatura. Universidad Nacional Autónoma de México. México. 90 pp.

- BELBIN, L. 1991. PATN technical reference manual. *Division of Wildlife and Ecology*. CSIRO Canberra, Australia.
- BOGDANOV, A. S., D. M. ATOPKIN Y G. N. CHELOMINA. 2009. Analysis of Genetic Variation and Differentiation in the Pygmy Wood Mouse *Sylvaemus uralensis* (Rodentia, Muridae) Aided by the RAPD-PCR Method. *Biology Bulletin*. 36(3): 227-241.
- BOHONAK, A. J. 1999. Dispersal, Gene flow, and Population Structure. *The Quarterly Review of Biology*. 74(1): 21-45.
- BOHONAK, A. J. Y A. G. VANDERGAST. 2011. The value of DNA sequence data for studying landscape genetics. *Molecular Ecology*. 20: 2477-2479.
- BRIONES-SALAS, M., M. C. LAVARIEGA Y C. E. MORENO. 2017. Effects of a wind farm installation on the understory bat community of a highly biodiverse tropical región in Mexico. *PeerJ* 5:e3424. En: <https://doi.org/10.7717/peerj.3424>.
- BUSTAMANTE, R. Y A. A. GREZ. 1995. Consecuencias ecológicas de la fragmentación de los bosques nativos. *Ambiente y Desarrollo*. 11(2): 58-63.
- CADENA, S. M. 2003. Efectos de la perturbación y estacionalidad en la comunidad de roedores en una selva baja caducifolia en Morelos. Tesis profesional. Universidad de las Américas. México.
- CASTILLO, C. A. 2007. La selección natural a nivel molecular. En: *Ecología molecular*. Pp. 11-48. Eguiarte, L. E., V. Souza y X. Aguirre (comps.). Secretaria de Medio Ambiente y Recursos Naturales. Instituto Nacional de Ecología. Universidad Nacional Autónoma de México. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad.
- CEBALLOS, G. 1989. Comparative Natural History of Small Mammals from Tropical Forest in Western Mexico. *Journal of Mammalogy*. 71: 263-266.
- CEBALLOS, G., A. SZEKELY, A. GARCÍA, P. RODRÍGUEZ Y F. NOGUERA. 1999. Programa de Manejo de la Reserva de la Biosfera Chamela-Cuixmala. Instituto Nacional de Ecología, SEMARNAP. México, D.F.
- CEBALLOS, G., J. ARROYO-CABRALES. Y R. MEDELLÍN. 2002. Mamíferos de México. Pp. 377-413. En: *Diversidad y Conservación de los Mamíferos Neotropicales*. Ceballos, G. y J. A. Simonetti (eds.). CONABIO-UNAM. México, D.F.
- CEBALLOS, G., L. MARTÍNEZ, A. GARCÍA, E. ESPENOZA, J. BEZAURY Y R. DIRZO. 2010. Diversidad, amenazas y áreas prioritarias para la conservación de las

- Selvas Secas del Pacífico de México. FCE, CONABIO, CONANP, WWF-México, Ecociencia S.C., TELMEX. México. 596 pp.
- CEBALLOS, G. Y A. MIRANDA. 1986. Los Mamíferos de Chamela, Jalisco, Manual de Campo. Instituto de Biología. Universidad Nacional Autónoma de México. México.
 - CEBALLOS, G. Y A. MIRANDA. 2000. Guía de campo de los mamíferos de la costa de Jalisco, México. Fundación Ecológica de Cuixmala, A. C. UNAM. México.
 - CEBALLOS, G. Y G. OLIVA. 2005. Los Mamíferos Silvestres de México. CONABIO-FCE. México. 986 pp.
 - CEDEÑO, C. B. P. 2016. Efecto de la Fragmentación del Hábitat sobre la respuesta al estrés en poblaciones de roedores en los Tuxtlas, Veracruz. Tesis de Maestría. Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo. México. pp 58.
 - CEVALLOS-FERRIZ, S. R. S., E. A. GONZÁLEZ-TORRES Y L. CALVILLO-CANADELL. 2012. Perspectiva Paleobotánica y Geológica de la Biodiversidad en México. *Acta Botánica Mexicana*. 100: 317-350.
 - CHARLESWORTH, D. 2010. Don't forget the ancestral polymorphisms. *Heredity*. 105: 509-510.
 - COMISIÓN NACIONAL DE ÁREAS NATURALES PROTEGIDAS (CONANP). 2013. Reservas de la Biosfera. SEMARNAT. Disponible en: <http://www.conanp.gob.mx>.
 - COMISIÓN NACIONAL DE ÁREAS NATURALES PROTEGIDAS (CONANP). 2017. Corredor Biológico Chichinautzin. Disponible en: <http://chichinautzin.conanp.gob.mx>.
 - COMISIÓN NACIONAL PARA EL CONOCIMIENTO Y USO DE LA BIODIVERSIDAD (CONABIO). 2009. Corredores biológicos. Disponible en: www.biodiversidad.gob.mx.
 - CROOKS, K. R., A. V. SUAREZ Y D. T. BOLGER. 2004. Avian assemblages along a gradient of urbanization in a highly fragmented landscape. *Biological Conservation*. 115: 451-462.
 - CROOKS, K. R., A. V. SUAREZ, D. T. BOLGER Y M. E. SOULÉ. 2001. Extinction and colonization of birds on habitat islands. *Conservation Biology*. 15: 159-172
 - CUNNINGHAM, M. Y C. MORITZ. 1998. Genetic Effects of forest fragmentation on a rainforest restricted lizard (Scincidae: *Gnypetoscincus queenslandiae*). *Biological Conservation*. 83: 19-30.

- CUSHMAN, S. A. 2006. Effects of habitat loss and fragmentation on amphibians: A review and prospectus. *Biological conservation*. 128: 231-240.
- CUTTER, A. D. Y Y. CHOI. 2010. Natural selection shapes nucleotide polymorphism across the genome of the nematode *Caenorhabditis briggsae*. *Genome Research*. 20: 1103-1111.
- DARRIBA, D., G. L. TABOADA, R. DOALLO Y D. POSADA. 2012. jModelTest 2.1.10: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods*. 9: 722.
- DAYANANDAN, S., J. DOLE, K. BAWA Y R. KESSELI. 1998. Population structure delineated with microsatellite markers in fragmented populations of a tropical tree, *Carapa guianensis* (Meliaceae). *Molecular Ecology*. 8: 1585-1592.
- DIRZO, R. Y P. H. RAVEN. 2003. Global State of Biodiversity and Loss. *Annual Review of the Environment and Resources*. 28: 137-167.
- DOMÍNGUEZ-CASTELLANOS, Y. Y G. CEBALLOS. 2011. Variación Temporal y Espacial en la Estructura de la Comunidad de Pequeños Mamíferos en un Bosque Tropical Seco. *Revista Mexicana de Mastozoología Nueva época*. 1: 19-38.
- DOMÍNGUEZ, Y. Y G. CEBALLOS. 2005. Ratón espinoso. *Liomys pictus* (Thomas, 1893). En: Los Mamíferos Silvestres de México. Ceballos G. y G. Oliva (eds.). CONABIO-FCE. México. Pp. 629-631.
- DRUMMOND, A. J., M. A. SUCHARD, D. XIE Y A. RAMBAUT. 2012 Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7. *Molecular Biology and Evolution*. 29: 1969-1973.
- EISENBERG, J. F. 1963. The Behavior of heteromyid rodents. *University of California Publications in Zoology*. 69: 1-102.
- EIZIRIK, E., S. L. BONATTO, W. E. JOHNSON, P. G. CRAWSHAW JR., J. C. VIÉ, D. M. BROUSSET, S. J. O'BRIEN Y F. M. SALZANO. 1998. Phylogeographic Patterns and Evolution of the Mitochondrial DNA Control Region in Two Neotropical Cats (Mammalia, Felidae). *Molecular Evolution*. 47: 613-624.
- EXCOFFIER, L., P. SMOUSE Y J. QUATTRO. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*. 131: 479-491.
- EXCOFFIER, L. Y H. LISCHER. 2015. Arlequin ver. 3.5.2: a software for Population Genetics Data Analysis. Computational and Molecular Population Genetics Laboratory. University of Berne, Switzerland.

- FAHRIG, L. Y G. MERRIAM. 1994. Conservation of Fragmented Populations. *Conservation Biology*. 8(1): 50-59.
- FELSENSTEIN, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution*. 39: 783-791.
- FERIA, T. P., M. TRUJANO, A. M. MARTÍNEZ, J. LLORENTE, J. M. DALE, J. MUÑOZ. 2010. Efecto del cambio climático en la distribución de los lepidópteros mesoamericanos *Itaballia demophile centralis* Joicey & Talbot, 1928 y *Pieriballia viardi viardi* (Boisduval). En: Cambio Climático. Aproximaciones para el estudio de su efecto en la biodiversidad. Sánchez-Rojas, G., C. Ballesteros-Barrera. y N. P. Pavón (eds.). Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Pachuca, Hidalgo.
- FERRARI, L., M. VALENCIA-MORENO Y S. BRYAN. 2005. Magmatismo y tectónica en la Sierra Madre Occidental y su relación con la evolución de la margen occidental de Norteamérica. *Boletín de la Sociedad Geológica Mexicana*. 57(3): 227-285.
- GALICIA, L., A. GARCÍA-ROMERO, L. GÓMEZ-MENDOZA Y RAMÍREZ. 2007. Cambio de uso del suelo y degradación ambiental. *Ciencia*. 58: 50-59.
- GARCÍA-ESTRADA, C., M. L. ROMERO-ALMARAZ Y C. SÁNCHEZ-HERNÁNDEZ. 2002. Comparison of rodent communities in sites with different degrees of disturbance in deciduous forest of southeastern Morelos, Mexico. *Acta Zoológica Mexicana*. 85: 153-168.
- GARCÍA-MORALES, R., C. E. MORENO, E. I. BADANO, I. ZURIA, J. GALINDO-GONZÁLEZ, A. E. ROJAS-MARTÍNEZ Y E. S. ÁVILA-GÓMEZ. 2016. Deforestation Impacts on Bat Functional Diversity in Tropical Landscapes. PLoS ONE11 (12): e0166765. En: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0166765>.
- GARRIDO-GARDUÑO, O. TÉLLEZ-VALDÉS, S. MANEL Y E. VÁZQUEZ-DOMÍNGUEZ. 2016. Role of hábitat heterogeneity and landscape connectivity in shaping gene flow and spatial population structure of a dominant rodent species in a tropical dry forest. *Journal of Zoology*. 298: 293-302.
- GELVIZ-GELVEZ, S. M., N. M. PAVÓN, P. ILLOLDI-RANGEL, C. BALLESTEROS-BARRERA. 2014. Ecological niche modeling under climate change to select shrubs for ecological restoration in Central Mexico. *Ecological Engineering*. 74: 302-309.
- GENECODES, G. 2000. Sequencher[®]: version 4.1.4 gene codes corporation. *Ann Arbor, MI USA*.
- GERLACH, G. Y K. MUSOLF. 2000. Fragmentation of Landscape as a Cause for Genetic Subdivision in Bank Voles. *Conservation Ecology*. 14: 1066-1074.

- GERNHARD, T. 2008. New Analytic Results for Speciation Times in Neutral Models. *Bulletin of Mathematical Biology*. 70: 1082-1097.
- GODINEZ, E. G. Y S. GUERRERO. 2014. Los roedores de Jalisco, México: clave de determinación. *Therya*. 5(2): 633-678.
- GÓMEZ-TUENA, A., T. OROZCO-ESQUIVEL Y L. FERRARI. 2005. Petrogénesis ígnea de la Faja Volcánica Transmexicana. *Boletín de la Sociedad Geológica Mexicana*. 57(3): 227-285.
- GUEVARA, L., F. A. CERVANTES Y SÁNCHEZ-CORDERO. 2015. Riqueza, distribución y conservación de los topos y las musarañas (Mammalia, Eulipotyphla) de México. *Therya*. 6(1): 43-48.
- HAFNER J. C., J. E. LIGHT, D. J. HAFNER, M. S. HAFNER, E. REDDINGTON, D. S. ROGERS Y B. R. RIDDLE. 2007. Basal clades and molecular systematics of Heteromyid rodents. *Journal of Mammalogy*. 88(5): 1129-1145.
- HALL, R. E. 1981. The Mammals of North America. Second Edition. Wiley-Interscience Publication. United States of America. 1177 pp.
- HAMILTON, M. B. 2009. Population Genetics. Wiley-Blackwell. 422 pp.
- HEDRICK, P. 2011. Genetics of Populations. 3^{ra} edición. Massachusetts: Jones and Barlett publishers. United States of America.
- HERNÁNDEZ-BAÑOS, B. E., M. HONEY-ESCANDÓN, M. N. CORTÉS-RODRÍGUEZ Y G. GARCÍA D. 2007. Filogeografía de Aves Mexicanas. En: Ecología molecular. Pp. 467-495. Eguiarte, L. E., V. Souza y X. Aguirre (comps.). Secretaria de Medio Ambiente y Recursos Naturales. Instituto Nacional de Ecología. Universidad Nacional Autónoma de México. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad.
- HIJMANS, R. J., S. E. CAMERON, J. L. PARRA, P. G. JONES Y A. JARVIS. 2005. Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *International Journal of climatology*. 25: 1965-1978.
- INSTITUTO NACIONAL DE ECOLOGÍA (INE). 2000. Programa de Manejo Reserva de la Biosfera Sierra de Manantlán. México. 204 pp.
- INSTITUTO NACIONAL DE ESTADÍSTICA, GEOGRAFÍA E INFORMÁTICA (INEGI). 2014. Disponible en: <http://www.inegi.org.mx/est/contenidos/proyectos/ccpv/default.aspx>. Fecha de consulta: Mayo de 2016.
- JACKSON, S. F. Y K. J. GASTON. 2008. Land use change and the dependence of national priority species on protected areas. *Global Change Biology*. 14: 2132-2138.

- KLIMOVA, A., A. MUNGUÍA-VEGA, J. I. HOFFMAN Y M. CULVER. 2014. Genetic diversity and demography of two endangered captive pronghorn subspecies from the Sonoran Desert. *Journal of Mammalogy*. 95(6): 1263-1277.
- LIBRADO, P. Y ROZAS, J. 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*. 25: 1451-1452.
- LIZARDO, B. V. 2015. Distribución potencial de Phanaeini (Coleoptera: Scarabaeinae) en México y su posible modificación por el cambio en el uso del suelo. Tesis de Maestría en Ciencias Biológicas. Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México. México. 122 pp.
- LLANO, M. Y H. FERNÁNDEZ (comps). 2017. Análisis y propuestas para la conservación de la biodiversidad en México 1995- 2017. Ciudad de México. 120 pp.
- LOBO, J. M. 2000. ¿Es posible predecir la distribución geográfica de las especies basándonos en variables ambientales? En: Hacia un Proyecto CYTED para el Inventario y Estimación de la Diversidad Entomológica en Iberoamérica: PRIBES-2000. Martín-Piedra, F., J. J. Morrone y A. Melic (eds.). Monografías Tercer Milenio. SEA, Zaragoza. 1: 55-68.
- LÓPEZ-GONZÁLEZ, C., M. CORREA-RAMÍREZ Y D. F. GARCÍA-MENDOZA. 2014. Phylogeography of *Peromyscus schmidlyi*: an endemic of the Sierra Madre Occidental, Mexico. *Journal of Mammalogy*. 95(2): 254-268.
- MAASS, M., A. BÚRQUEZ, I. TREJO, D. VALENZUELA, M. A. GÓNZALEZ, M. RODRÍGUEZ, H. ARIAS. 2010. Amenazas. En: Diversidad, amenazas y áreas prioritarias para la conservación de las Selvas Secas del Pacífico de México Ceballos, G., L. Martínez, A. García, E. Espenosa, J. Bezaury Y R. Dirzo (eds.). FCE, CONABIO, CONANP, WWF-México, Ecociencia S.C., TELMEX. México. pp 321-346.
- MACGREGOR-FORS, I. 2008. Relation between habitat attributes and bird richness in a western Mexico suburb. *Landscape and Urban Planning*. 84: 92-98.
- MAESTRE, F. T. 2006. Análisis y modelización de datos espacialmente explícitos. *Ecosistemas*. 15(3): 1-6.
- MANEL, S., M. K. SCHWARTZ, G. LUIKART Y P. TABERLET. 2003. Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. *TRENDS in Ecology and Evolution*. 18(4): 189-197.
- MARTÍNEZ, C. S. T. 2009. Características demográficas y uso del hábitat de la rata algodónera *Sigmodon mascotensis* en Playa de Oro, Colima, México. Tesis de

Licenciatura. Facultad de Ciencias. Universidad Nacional Autónoma de México. 69 pp.

- MARTÍNEZ-CABRERA, H. I., S. R. S. CEVALLOS-FERRIZ Y I. POOLE. 2006. Fossil Woods from Early Miocene sediments of the El Cien Formation, Baja California Sur, México. *Review of Palaeobotany and Palynology*. 138: 141-163.
- MARTÍNEZ-CABRERA, H. I. Y S. R. S. CEVALLOS-FERRIZ. 2006. *Maclura* (Moraceae) wood from the Miocene of the Baja California Peninsula, Mexico: Fossil and biogeographic history of its closer allies. *Review of Palaeobotany and Palynology*. 140: 113-122.
- MAS, J. F., A. VELÁSQUEZ, J. REYES, R. MAYORGA-SAUCEDO, C. ALCÁNTARA, G. BOCCO, R. CASTRO, T. FERNÁNDEZ Y A. PÉREZ-VEGA. 2004. Assessing land use/cover changes: a nationwide multidecade spatial database for Mexico. *International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation*. 5(4): 249-338.
- MCGHEE, M. E. Y H. H. GENOWAYS. 1978. *Liomys pictus*. *Mammalian Species*, 83: 1-5.
- MEASEY, G. J. Y K. A. TOLLEY. 2011. Investigating the cause of the disjunct distribution of *Amietophrynus pantherinus*, the Endangered South African western leopard toad. *Conserv Genet*. 12: 61-70.
- METCALF, A. E., L. NUNNEY Y B. C. HYMAN. 2001. Geographic patterns of genetic differentiation within the restricted range of the endangered stephens' kangaroo rat *Dipodomys stephensi*. *Evolution*. 55(6): 1233-1244.
- MILES, L., A. C. NEWTON, R. S. DEFRIES, C. RAVILIOUS, I. MAY, S. BLYTH, V. KAPOV Y J. E. GORDON. 2006. A global overview of the conservation status of tropical dry forests. *Journal of Biogeography*. 33: 491-505.
- MONCRIEF, N. D., J. B. LACK, J. E. MALDONADO, K. L. BRYANT, C. W. EDWARDS Y R. A. VAN DEN BUSSCHE. 2012. General lack of phylogeographic structure in two sympatric, forest obligate squirrels (*Sciurus niger* and *S. carolinensis*). *Journal of Mammalogy*. 93: 1247-1264.
- MORRONE, J. J. 2005. Hacia una síntesis biogeográfica de México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*. 76(2): 207-252.
- MORZUNOV, S. P., J. E. ROWE, T. G. KSIAZEK, C. J. PETERS, S. C. JEOR Y S. T. NICHOL. 1998. Genetic Analysis of the Diversity and Origin of Hantaviruses in *Peromyscus leucopus* Mice in North America. *Journal of Virology*. 72(1): 57.

- MOSSMAN, A. C. Y P. M. WASER. 2001. Effects of habitat fragmentation on population genetic structure in the white-footed mouse (*Peromyscus leucopus*). *Canadian Journal of Zoology*. 79: 285-295.
- MÜLLER, J., K. MÜLLER, C. NEINHUIS AND D. QUANDT. 2005. PhyDE-Phylogenetic Data Editor. *Program distributed by the author*.
- MUSSER, G. G. Y M. D. CARLETON. 2005. Superfamily Muroidea. En: Mammal Species of the World. Wilson D. E. and D. A. Reeder (eds.). *The Johns Hopkins University Press*. Baltimore, USA. pp 894-1531.
- NEISWENTER, S. A. Y B. R. RIDDLE. 2010. Diversification of the *Perognathus flavus* species group in emerging arid grasslands of western North America. *Journal of Mammalogy*. 91: 348-362.
- NEISWENTER, S. A. Y B. R. RIDDLE. 2011. Landscape and climate effects on the evolutionary diversification of the *Perognathus fasciatus* species group. *Journal of Mammalogy*. 92: 982-993.
- ORTEGA-HUERTA M. A. Y T. PETERSON. 2004. Modelling spatial patterns of biodiversity for conservation prioritization in North-eastern Mexico. *Diversity and Distributions*. 10: 39-54.
- OSHIDA, T., J-K. LEE, L-K. LIN Y Y-J. CHEN. 2006. Phylogeography of Pallas's Squirrel in Taiwan: Geographical Isolation in an Arboreal Small Mammal. *Journal of Mammalogy*. 87(2): 247-254.
- PARRA-OLEA, G., E. MARTINEZ-MEYER Y G. PÉREZ-PONSE DE LEÓN. 2005. Forecasting Climate Change Effects on Salamander Distribution in the Highlands of Central Mexico. *Biotropica*. 37(2): 202-208.
- PATTON, J. L. 2005. Family Heteromyidae. En: Mammal Species of the World. Wilson D. E. and D. M. Reeder (eds.). *The Johns Hopkins University Press*. Baltimore, USA. Pp 844-858.
- PEAKALL, R., M. Ruibal, D. B. LINDENMAYER. 2003. Spatial Autocorrelation analysis offers new insights into gene flow in the Australian bush rat, *Rattus fuscipes*. *Evolution*. 57: 1182-1195.
- PEAKALL, R. Y B. LINDENMAYER. 2006. Genetic insights into population recovery following experimental perturbation in a fragmented landscape. *Biological Conservation*. 132: 520-532.

- PEARSON, R. G. Y T. P. DAWSON. 2003. Predicting the impacts of climate change on the distribution of species: are bioclimate envelope models useful? *Global Ecology and Biogeography*. 12: 361-371.
- PENNINGTON, R. T., M. LAVIN Y OLIVEIRA-FILHO. 2009. Woody Plant Diversity, Evolution, and Ecology in the Tropics: Perspectives from Seasonally Dry Tropical Forests. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*. 40: 437-457
- PETERSON, A. T., J. SOBERÓN, R. G. PEARSON, R. P. ANDERSON, E. MARTÍNEZ-MEYER, M. NAKAMURA Y M. B. ARAÚJO. 2011. Ecological Niches and Geographic Distributions. Monographs in Population Biology. Princeton University Press. Princeton, EE.UU.
- PETERSON, A. T., L. G. BALL Y K. P. COHOON. 2002. Predicting distributions of Mexican birds using ecological niche modelling methods. *Ibis* 144: E27-E32.
- PHILLIPS, S. J., M. DUDIK, R. E. SCHAPIRE. 2004. A maximum entropy approach to species distribution modeling. En: Proceedings of the 21st International Conference on Machine Learning, ACM Press, New York. Pp. 655-662.
- PHILLIPS, S. J., M. DUDIK, Y R. SCHAPIRE. 2008. A brief tutorial on Maxent. En: <http://www.cs.cmu.edu/afs/cs/user/aberger>.
- PHILLIPS, S. J., R.P. ANDERSON Y R. E. SCHAPIRE. 2006. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling*. 190: 231-259.
- POOR, A. 2005. Cricetidae. Animal Diversity Web. Disponible en: <http://animaldiversity.org/accounts/Cricetidae/>. Fecha de consulta: Marzo, 2017.
- PORTILLO-QUINTERO, C. A. Y SÁNCHEZ-AZOFEIFA. 2010. Extent and conservation of tropical dry forests in the Americas. *Biological Conservation*. 143: 144-155.
- POSADA, D., T. R. BUCKLEY. 2004. Model selection and model averaging in phylogenetics: Advantages ok Akaike Information Criterion and Bayesian approaches over likelihood ratio test. *Systematic Biology*. 53: 793-808.
- PRICE, M. V. Y O. J. REICHMAN. 1987. Distribution of seeds in sonoran desert soils: implications for Heteromyid rodent foraging. *Ecology*. 68(6): 1797-1811.
- PULLIAM, H. R. 2000. On the relationship between niche and distribution. *Ecology Letters*. 3: 349-361.
- RAMBAUT, A. Y DRUMMOND A. J. 2015. TreeAnnotator v1.8.2: MCMC Trace Analysis Tool.

- RAMÍREZ J. Y J. C. CHÁVEZ. 2005. Rata algondonera. *Sigmodon mascotensis* (Bailey, 1902). En: Los Mamíferos Silvestres de México. Ceballos G. y G. Oliva (eds.). CONABIO-FCE. México. Pp. 795-796.
- REED, D. H. Y R. FRANKHAM. 2003. Correlation between Fitness and Genetic Diversity. *Conservation Biology*. 17: 230-237.
- REID, F. Y E. VÁZQUEZ. 2016. *Heteromys pictus*. The IUCN Red List of Threatened Species 2016. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2016-2.RLTS.T12075A22225256.en>. Fecha de consulta: Noviembre, 2016.
- RIDDLE B. R., T. JEZKOVA, M. E. ECKSFUT, V. OLÁH-HEMMINGS Y L. N. CARRAWAY. 2014. Cryptic divergence and revised species taxonomy within the Great Basin pocket mouse, *Perognathus parvus* (Peale, 1848), species group. *Journal of Mammalogy*. 95(1): 9-25.
- RÍOS-MUÑOZ, C. A. Y NAVARRO-SIGÜENZA. 2009. Efectos del Cambio de uso de suelo en la disponibilidad hipotética de hábitat para los psitácidos de México. *Ornitología Neotropical*. 20: 491-509.
- RILEY, S. P. D., J. P. POLLINGER, R. M. SAUVAJOT, E. C. YORK, C. BROMLEY, T. K. FULLER Y R. K. WAYNE. 2006. A southern California freeway is a physical and social barrier to gene flow in carnivores. *Molecular Ecology*. 15: 1733-1741.
- ROBLES, B. R. 2009. Las unidades de manejo para la conservación de vida silvestre y el Corredor Biológico Mesoamericano México. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. Serie Acciones (2). México. 130 pp.
- RODRÍGUEZ-SOTO, C., O. MONROY-VILCHIS, L. MAIORANO, L. BOITANI, J. C. FALLER, M. A. BRIONES, R. NUÑEZ, O. ROSAS-ROSAS, G. CEBALLOS Y A. FALCUCCI. 2011. Predicting potential distribution of the jaguar (*Panthera onca*) in Mexico: identification of priority areas for conservation. *Diversity and Distributions*. 17: 350-361.
- ROMERO, A. M. L. 1993. Biología de *Liomys pictus*. Tesis de Doctorado. Facultad de Ciencias. Universidad Nacional Autónoma de México. México.
- ROSAS, C. J. 2014. La estructura genética del roedor *Osgoodomys banderanus* corresponde con su diversidad citotípica. Tesis de Maestría en Ciencias Biológicas. Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México. México. 90 pp.
- RZEDOWSKI, J. 1978. Vegetación de México. Limusa, Ciudad de México, México. 417 pp.

- RZEDOWSKI, J. 1990. Vegetación potencial. Iv.8.2. Atlas Nacional de México. Vol II. Escala 1: 4,000,000. Instituto de Geografía, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México.
- SÁNCHEZ, C. 2016. Lista de Mamíferos de la Región de Chamela Jalisco México. Estación de Biología Chamela. Instituto de Biología. UNAM. Disponible en: <http://www.ibiologia.unam.mx/ebchamela/www/mamiferos.htm>. Fecha de consulta: Septiembre, 2017.
- SÁNCHEZ-CORDERO, V., P. ILLOLDI-RANGEL, M. LINAJE, S. SARKAR, A. T. PETERSON. 2005a. Deforestation and extant distributions of Mexican endemic mammals. *Biological Conservation*. 126: 465-473.
- SÁNCHEZ-CORDERO, V., V. CIRELLI, M. MUNGUÍA Y S. SARKAR. 2005b. Place prioritization for biodiversity representation using ecological Niche modeling. *Biodiversity Informatics*. 2: 211-223.
- SÁNCHEZ-CORDERO, V., P. ILLOLDI-RANGEL Y M. LINAJE. 2009. Efecto del Cambio Climático y de la Deforestación en la Distribución de Especies Selectas de Vertebrados y del Género *Opuntia* incluidas en la NOM-059-SEMARNAT-2001 en México. SEMARNAT. 53 pp.
- SÁNCHEZ-CORDERO, V. Y E. MARTINEZ-MEYER. 2000. Museum specimen data predict crop damage by tropical rodents. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 97: 7074-7077.
- SÁNCHEZ-CORDERO, V. Y T. H. FLEMING. 1993. Ecology of tropical heteromyids. Pp. 596-617. En: *Biology of the Heteromyidae*. Genoways H. H. y J. H. Brown, (eds.). American Society of Mammalogists. Special Publication No. 10.
- SCHNEIDER, S. Y L. EXCOFFIER. 1999. Estimation of Past Demographic Parameters From the Distribution of Pairwise Differences When the Mutation Rates Vary Among Sites: Application to Human Mitochondrial DNA. *Genetics*. 152: 1079-1089.
- SCHNELL, G. D., M. L. ROMERO-ALMARAZ, S. T. MARTÍNEZ-CHAPITAL, C. SÁNCHEZ-HÉRNANDEZ, M. L. KENNEDY, T. L. BEST, M. C. WOOTEN Y R. D. OWEN. 2010. Habitat use and demographic characteristics of the west Mexican cotton rat (*Sigmodon mascotensis*). *Mammalia*. 74: 379-393.
- SCHWEIZER M., L. EXCOFFIER Y G. HECKEL. 2007. Fine-scale genetic structure and dispersal in the common vole (*Microtus arvalis*). *Molecular Ecology*. 16: 2463-2473.

- SIH, A., B. G. JONSSON, G. LUIKART. 2000. Habitat loss: ecological, evolutionary and genetic consequences. *Trends in Ecology and Evolution*. 15(4): 132-134.
- SOBERÓN, J. Y A. T. PETERSON. 2004. Biodiversity informatics: managing and applying primary biodiversity data. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B, Biological Sciences*. 359: 689-698.
- SOBERÓN, J. Y A. T. PETERSON. 2005. Interpretation of Models of Fundamental Ecological Niches and Species' Distributional Areas. *Biodiversity Informatics*. 2: 1-10.
- SPIELMAN, D., B. W. BROOK, D. A. BRISCOE Y R. FRANKHAM. 2004a. Does inbreeding and loss of genetic diversity decrease disease resistance? *Conservation Genetics*. 4: 501-514.
- SPIELMAN, D., B. W. BROOK Y R. FRANKHAM. 2004b. Most species are not driven to extinction before genetic factors impact them. *PNAS*. 101(42): 15261-15264.
- STEPPAN S. J., R. M. ADKINS Y J. ANDERSON. 2004. Phylogeny and Divergence-Date Estimates of Rapid Radiations in Muroid Rodents Based on Multiple Nuclear Genes. *Systematic Biology*. 53(4): 533-553.
- STORFER, A., M. A. MURPHY, J. S. EVANS, C. S. GOLDBERG, S. ROBINSON, S. F. SPEAR, R. DEZZANI, E. DELMELLE, L. VIERLING Y L. P. WAITS. 2007. Putting the 'landscape' in landscape genetics. *Heredity*. 98: 128-142.
- STUART, J. N. 2009. Rata algodonera (Género *Sigmodon*). Naturalista. Disponible en: <http://www.naturalista.mx/photos/58517>. Fecha de consulta: Noviembre, 2016.
- SUAREZ, V. A., D. T. BOLGER Y T. J. CASE. 1998. Effects of fragmentation and invasión on native ant communities in coastal southern California. *Ecology*. 79(6): 2041-2056.
- SUÁREZ-MOTA, M. E., J. L. VILLASEÑOR Y L. LÓPEZ-MATA. 2017. Dominios climáticos de la Sierra Madre Oriental y su relación con la diversidad florística. *Revista Mexica de Biodiversidad*. 88: 224-233.
- SWART, B. L., K. A. TOLLEY Y C. A. MATTHEE. 2009. Climate change drives speciation in the southern rock agama (*Agama atra*) in the Cape Floristic Region, South Africa. *Journal of Biogeography*. 36: 78-87.
- TAJIMA, F. 1983. Evolutionary relationship of DNA sequences in finite populations. *Genetics*. 105: 437-460.
- TAJIMA, F. 1989. Statistical Method for Testing the Neutral Mutation Hypothesis by DNA Polymorphism. *Genetics*. 123: 585-595.

- TAMURA, K., D. PETERSON, A. FILIPSKI Y S. KUMAR. 2013. MEGA 6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*. 30: 2725-2729.
- TÉLLEZ-VALDÉS, O., V. FARÍAS, P. DÁVILA-ARANDA, J. L. STEIN, R. LIRA-SAADE Y F. J. BOTELLO. 2010. Mammalian diversity in climatic domains for Tehuacán-Cuicatlán Biosphere Reserve, Mexico. *Revista Mexicana de Biodiversidad*. 81: 863-874.
- TEMPLETON, A. R. 1998. Nested clade analyses of phylogeographic data: testing hypotheses about gene flow and population history. *Molecular Ecology*. 7: 381-397.
- TEMPLETON, A. R., R. J. ROBERTSON, J. BRISSON Y J. STRASBURG. 2001. Disrupting evolutionary processes: the effect of habitat fragmentation on collared lizards in the Missouri Ozarks. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. USA. 98: 5426-5432.
- TIGAS, L. A., D. H. VAN VUREN, R. M. SAUVAJOT. 2002. Behavioral responses of bobcats and coyotes to hábitat fragmentation and corridors in an urban environment. *Biological Conservation*. 108: 299-306.
- TRAKHTENBROT, A. Y R. KADMON. 2006. Effectiveness of environmental cluster analysis in representing regional species diversity. *Conservation Biology*. 17: 846-853.
- TREJO, I. 2010. Las selvas secas del Pacífico mexicano. En: Diversidad, amenazas y áreas prioritarias para la conservación de las Selvas Secas del Pacífico de México Ceballos, G., L. Martínez, A. García, E. Espenosa, J. Bezaury Y R. Dirzo (eds.). FCE, CONABIO, CONANP, WWF-México, Ecociencia S.C., TELMEX. México. pp 41-51.
- TREJO, I. Y R. DIRZO. 2000. Deforestation of seasonally dry tropical forest: a national and local analysis in Mexico. *Biological Conservation*. 94: 133-142.
- TRIZIO, I., B. CRESTANELLO, P. GALBUSERA, L. A. WAUTERS, G. TOSI, E. MATTHYSEN Y H. C. HAUFFE. 2005. Geographical distance and physical barriers shape the genetic structure of Eurasian red squirrels (*Sciurus vulgaris*) in the Italian Alps. *Molecular Ecology*. 14: 469-481.
- VANDERGAST A. G., A. J. BOHONAK, D. B. WEISSMAN Y R. N. FISHER. 2007. Understanding the genetic effects of recent habitat fragmentation in the context of evolutionary history: phylogeography and landscape genetics of a southern

California endemic Jerusalem cricket (Orthoptera: Stenopelmatidae: *Stenopelmtus*). *Molecular Ecology*. 16: 977-992.

- VANDERGAST A. G., R. G. GILLESPIE Y G. K. RODERICK. 2004. Influence of volcanic activity on the population genetic structure of Hawaiian *Tetragnatha* spiders: fragmentation, rapid population growth and the potential for accelerated evolution. *Molecular Ecology*. 13: 1729-1743.
- VARGAS, V., D. VALENZUELA-GALVÁN Y R. E. ALCALÁ. 2012. Is genetic structure of the southern pygmy mouse *Baiomys musculus* (Cricetidae) related to human-induced spatial landscape heterogeneity in a tropical dry forest? *Genetica*. 140: 287-295.
- VÁZQUEZ-DOMÍNGUEZ, E. 2007. Filogeografía y vertebrados. En: Ecología molecular. Pp. 441-466. Eguiarte, L. E., V. Souza y X. Aguirre (comps.). Secretaria de Medio Ambiente y Recursos Naturales. Instituto Nacional de Ecología. Universidad Nacional Autónoma de México. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad.
- VÁZQUEZ-DOMÍNGUEZ, E., D. PIÑERO Y G. CEBALLOS. 1999. Linking heterozygosity, demography, y fitness of tropical populations of *Liomys pictus*. *Journal of Mammalogy*. 80(3): 810-822.
- VÁZQUEZ-DOMÍNGUEZ, E., G. CEBALLOS Y D. PIÑERO. 2002. Exploring the relation between genetic structure and hábitat heterogeneity in the rodent *Liomys pictus* from Chamela, Jalisco. *Acta Zoológica Mexicana (n.s.)*. 86: 17-28.
- VAZQUEZ, S. A. K. 2014. Diversidad β de cactáceas columnares en dominios climáticos de la Reserva de la Biosfera Tehuacán-Cuicatlán. Tesis de Licenciatura. Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México. México. 46 pp.
- VELÁZQUEZ, A., J. F. MAS, J. R. DÍAZ-GALLEGOS, R. MAYORGA-SAUCEDO, P. C. ALCÁNTARA, R. CASTRO, T. FERNÁNDEZ, G. BOCCO, E. EZCURRA Y J. L. PALACIO. 2002. Patrones y tasas de cambio de uso de suelo en México. *Gaceta Ecológica*. 62: 21-37.
- VIGILANT, L., M. STONEKING, H. HARPENDING, K. HAWKES Y A. C. WILSON. 1991. African Population and the Evolution of Human Mitochondrial DNA. *Science*. 253: 1503-1507.
- VILLA, R. B. Y F. A. CERVANTES. 2003. Los mamíferos de México. Grupo Editorial Iberoamericana e Instituto de Biología, UNAM. México. 140 pp.

- WILSON, D. E. Y D. M. REEDER (eds.). 2005. Mammal Species of the World. A Taxonomic and Geographic Reference. 3rd edition. Johns Hopkins University Press. 2, 142 pp. Disponible en: <http://www.bucknell.edu/msw3/browse.asp?s=y&id=12200001>.
- YAÑEZ-ARENAS, C., S. MANDUJANO, E. MARTÍNEZ-MEYER, A. PÉREZ-ARTEAGA Y A. GÓNZALEZ-ZAMORA. 2012. Modelación de la distribución potencial y el efecto del cambio de uso de suelo en la conservación de los ungulados silvestres del Bajo Balsas, México. *Therya*. 3(1): 67-79.
- YULE, G. 1925. A mathematical theory of evolution based on the conclusions of Dr. J. C. Willis. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B*. 213: 21-87.
- ZINK, R. M., A. E. KENSSEN, T. V. LINE Y R. C. BLACKWELL-RAGO. 2001. Comparative phylogeography of some aridland bird species. *The Condor*. 103: 1-10.
- ZINK, R. M. Y R. C. BLACKWELL-RAGO. 2000. Species limits and recent population history in the Curve-billed Thrasher. *The Condor*. 102: 881-886.

APÉNDICE 1

Liomys pictus

Pertenece a la familia Heteromyidae exclusiva de América, que incluye alrededor de 60 especies de ratas canguros, ratas y ratones de abazones, la mayoría de los cuales habitan en zonas áridas (Ceballos y Oliva, 2005).

Liomys pictus, también conocido como ratón espinoso o ratón de abazones es de tamaño mediano, que tiene el cuerpo y la cola de aproximadamente de la misma longitud. Presenta el pelaje hirsuto y de aspecto espinoso. La coloración dorsal es de tonos café-ocre y blanco o crema en el vientre; ambas partes están divididas por una línea ocre o amarilla en la parte lateral. La cola es bicolor, oscura en el dorso y clara en el vientre; está cubierta de pelo (Fig. 2). Presenta un par de abazones, que son pliegues de piel en las mejillas los cuales le permiten guardar semillas y transportarlas. El cráneo es estrecho y las bulas auditivas están bien desarrolladas (McGhee y Genoways, 1978; Hall, 1981; Ceballos y Miranda, 1986, 2000).



Figura 2. Ratón de abazones (*Liomys pictus*) capturado en localidad de Cofradía de Juárez, municipio de Armería, estado de Colima, México. Fotografía de Julieta Vargas Cuenca.

Es de hábitos nocturnos, territoriales y agresivos (Eisenberg, 1963). Tiene tendencia a la locomoción bípeda o saltatoria. Puede vivir sin beber agua, aunque necesita de alimentos que le proporcionen gran cantidad de ésta para poder mantener su metabolismo y regular su temperatura. Son granívoros, y su alimentación consiste principalmente de semillas de árboles y lianas, y con su actividad de dispersión y depredación de semillas contribuye al mantenimiento de la estructura de la vegetación (Matson y Christian, 1977; Sánchez-Cordero y Fleming, 1993). Sus madrigueras pueden

ser muy sencillas desde un pequeño túnel hasta las muy complejas formadas por un gran número de cámaras, nidos y túneles.

Es una especie que se distribuye desde el norte de Sonora hasta Centroamérica, en zonas con estacionalidad muy marcada. En México se encuentran en zonas áridas y semiáridas en la vertiente del Pacífico desde Sonora hasta Chiapas; en la vertiente del Golfo se le conoce en el extremo noroeste de Veracruz (Hall, 1981; McGhee y Genoways, 1978; Wilson y Reeder, 2005; Fig. 3). Se le ha registrado en los estados de Chiapas, Colima, Durango, Guerrero, Jalisco, Michoacán, México, Nayarit, Oaxaca, Sinaloa, Sonora, Veracruz. Se le encuentra en varios tipos de vegetación como selvas bajas, matorrales xerófilos, selvas espinosas, bosques de pino-encino, vegetación perturbada, cultivos y huertos. Desde el nivel del mar hasta 2045 msnm. Es una especie abundante por lo que no se encuentra en peligro de extinción (Matson y Christian, 1977; Ceballos, 1989; Ceballos y Miranda, 2000; Domínguez y Ceballos, 2005).



Figura 3. Distribución del ratón espinoso *Liomys pictus*. Mapa tomado de la IUCN (Reid y Vázquez, 2016).

Sigmodon mascotensis

Pertenece a la familia Cricetidae, esta es la familia de roedores de más amplia distribución mundial y se compone de alrededor de 681 especies de ratas y ratones, los cuales ocupan un amplio espectro de hábitats (Poor, 2005).

Sigmodon mascotensis, también conocida como rata algodónera, es una rata de tamaño grande. El pelaje del cuerpo es hirsuto y poseen una coloración muy característica. Presentan una mezcla de pelos negros que son largos y finos y pelos cafés gruesos y cortos que producen tonos que van de amarillentos a rojizos, hacia los lados y en las mejillas, dicha coloración palidece. El vientre es de color blanco-grisáceo, ya que la base de los pelos es gris oscuro y las puntas blancas. La cola es de menor longitud que la cabeza y el cuerpo, escamosa poco peluda, café por el dorso y clara por la parte ventral (Fig. 4). Las patas tienen pelos amarillentos a blancos. Las orejas son pequeñas y están cubiertas de pelo. Son muy similares a las ratas del género *Oryzomys* de las cuales se distinguen por presentar en la parte dorsal de las patas tres tipos de pelo.



Figura 4. Rata algodónera (*Sigmodon*). Fotografía tomada de Naturalista (Stuart, 2009).

Es una rata cuya alimentación es omnívora, la mayor parte de su dieta la constituyen las semillas, aunque llegan a alimentarse de materia vegetal como tallos y raíces, insectos y otros animales. Son ratas activas tanto en el día como en la noche. Se desplazan por caminos bien definidos que hacen en la vegetación. Sus madrigueras se localizan entre lo más denso de la vegetación, en las grietas de las rocas, en tocones, troncos y huecos de los árboles o bajo la superficie del suelo. La reproducción

aparentemente ocurre durante todo el año (Ceballos y Miranda, 1986, 2000; Ramírez y Chávez, 2005).

Se les puede encontrar en selvas bajas, bosques de pino y en áreas perturbadas. Son más comunes en algunos pastizales inducidos por el hombre y en cultivos anuales (como maíz). Se encuentra en altitudes que van del nivel del mar hasta 2550 msnm. Es una especie endémica de México, que se distribuye por la vertiente del Pacífico desde Nayarit y Zacatecas hasta Oaxaca (Hall, 1981). Se le ha registrado en los estados de Colima, Guerrero, Jalisco, Michoacán, México, Nayarit, Oaxaca, Zacatecas (Fig. 5).

Es una especie que no se encuentra en riesgo de extinción, ya que sobrevive en cultivos y otros ambientes perturbados (Ramírez y Chávez, 2005; Álvarez-Castañeda et al., 2016; Musser y Carleton, 2005).

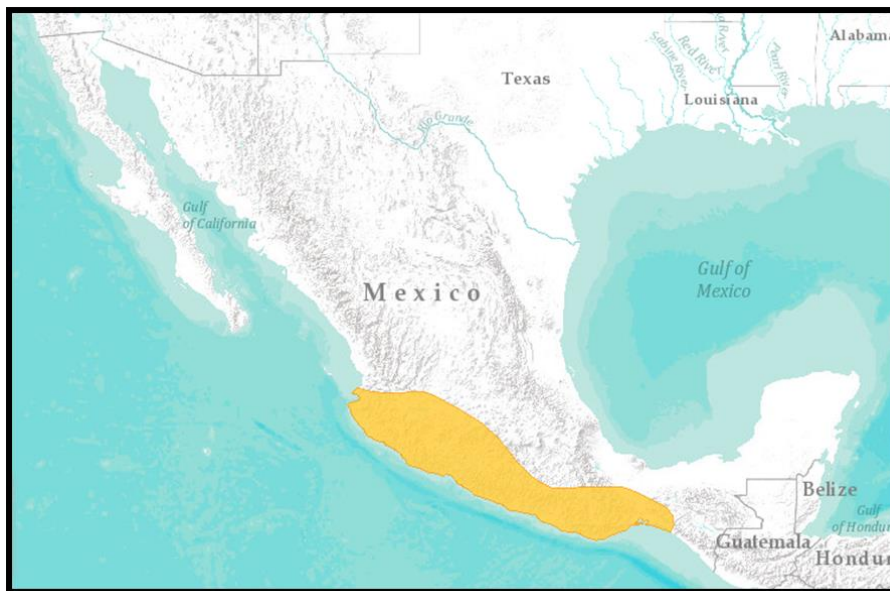


Figura 5. Distribución del rata *Sigmodon mascotensis*. Mapa tomado de la IUCN (Álvarez-Castañeda et al., 2016).

APÉNDICE 2

Listado obtenido de la CNMA de las especies registradas en el área de estudio.

NUM. CAT.	ESPECIE	PAIS	ESTADO	POBLADO	MUNICIPIO	DEC_X	DEC_Y
CNMA_12131	<i>Baiomys musculus</i>	MÉXICO	JALISCO	8 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-104.996667	19.526667
CNMA_14510	<i>Baiomys musculus</i>	MÉXICO	JALISCO	3 KM NW FRANCISCO VILLA	LA HUERTA	-104.988333	19.403889
CNMA_14511	<i>Baiomys musculus</i>	MÉXICO	JALISCO	5 KM NE BARRA DE NAVIDAD	CIHUATLAN	-104.648889	19.235833
CNMA_42937	<i>Baiomys musculus</i>	MÉXICO	JALISCO	PLAYA NEGRITOS, 1.1 KM SE CHAMELA	LA HUERTA	-105.079389	19.527611
CNMA_6076	<i>Baiomys musculus</i>	MÉXICO	JALISCO	AUTLAN DE NAVARRO	AUTLAN DE NAVARRO	-104.369444	19.770833
CNMA_46491	<i>Baiomys taylori</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 15 KM SE	LA HUERTA	-105.041192	19.507450
CNMA_28407	<i>Chaetodipus nelsoni</i>	MÉXICO	JALISCO	6 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-105.015833	19.526667
CNMA_27140	<i>Hodomys alleni</i>	MÉXICO	JALISCO	CHAMELA	LA HUERTA	-105.030000	19.504000
CNMA_46969	<i>Hodomys alleni</i>	MÉXICO	JALISCO	EL CHINO, 17.5 KM WSW, VILLA PURIFICACION	VILLA PURIFICACION	-104.766528	19.683306
CNMA_12013	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	8 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-104.996667	19.526667
CNMA_14245	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	7 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-105.006111	19.526667
CNMA_14260	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	6 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-105.015833	19.526667
CNMA_14273	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	3 KM NW FRANCISCO VILLA	LA HUERTA	-104.988333	19.403889
CNMA_14364	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	4 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-105.034722	19.526667
CNMA_14365	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	5 KM SE CHAMELA	LA HUERTA	-105.039167	19.494722
CNMA_14367	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	20 KM NW SAN PATRICIO	CIHUATLAN	-104.835278	19.352500
CNMA_14379	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	5 KM NE BARRA DE NAVIDAD	CIHUATLAN	-104.648889	19.235833
CNMA_14380	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	BARRA DE NAVIDAD	CIHUATLAN	-104.682778	19.204167
CNMA_14843	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	RANCHO EL PARAISO, 6 KM W ESTACION DE BIOLOGIA, IBUNAM	LA HUERTA	-105.072000	19.503000
CNMA_27638	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	KM 82 CARRETERA CHAMELA-PUERTO VALLARTA, 18 KM NW CHAMELA	LA HUERTA	-105.194167	19.641389
CNMA_27639	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	KM 82 CARRETERA CHAMELA-PUERTO VALLARTA, 18 KM NE CHAMELA	LA HUERTA	-104.951667	19.641389
CNMA_28240	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	3 KM N VILLA PURIFICACION	VILLA PURIFICACION	-104.601667	19.745833
CNMA_28253	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM	LA HUERTA	-105.050000	19.500000
CNMA_28269	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	ARROYO MADERAS, 10 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-104.977778	19.526667
CNMA_34932	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	19 KM N SAN PATRICIO MELAQUE	CIHUATLAN	-104.700556	19.396389
CNMA_4203	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	KM 82 CARRETERA CHAMELA-PUERTO VALLARTA, 18 KM NW CHAMELA	LA HUERTA	-105.194167	19.641389
CNMA_4215	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	3 KM NE ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM	LA HUERTA	-105.029722	19.518889
CNMA_42929	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 5.5 KM SE CHAMELA	LA HUERTA	-105.041889	19.498472
CNMA_42932	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 6.85 KM SE CHAMELA	LA HUERTA	-105.038472	19.491028
CNMA_42936	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 7.14 KM SE	LA HUERTA	-105.038278	19.489500
CNMA_46488	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 14 KM SE CHAMELA	LA HUERTA	-105.045597	19.504506
CNMA_6057	<i>Liomys pictus</i>	MÉXICO	JALISCO	AUTLAN DE NAVARRO	AUTLAN DE NAVARRO	-104.369444	19.770833
CNMA_1530	<i>Microtus mexicanus</i>	MÉXICO	JALISCO	33 KM SE AUTLAN DE NAVARRO	AUTLAN DE NAVARRO	-104.163611	19.565000
CNMA_12116	<i>Nyctomys sumichrasti</i>	MÉXICO	JALISCO	8 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-104.996667	19.526667
CNMA_14434	<i>Nyctomys sumichrasti</i>	MÉXICO	JALISCO	6 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-105.015833	19.526667
CNMA_28504	<i>Nyctomys sumichrasti</i>	MÉXICO	JALISCO	5 KM SE ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM	LA HUERTA	-105.016111	19.468056
CNMA_42939	<i>Nyctomys sumichrasti</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 5.5 KM SE CHAMELA	LA HUERTA	-105.041889	19.498472

NUM. CAT.	ESPECIE	PAIS	ESTADO	POBLADO	MUNICIPIO	DEC_X	DEC_Y
CNMA_42940	<i>Oligoryzomys fulvescens</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 5.5 KM SE CHAMELA	LA HUERTA	-105.041889	19.498472
CNMA_11993	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	8 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-104.996667	19.526667
CNMA_14387	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	7 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-105.006111	19.526667
CNMA_14389	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	6 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-105.015833	19.526667
CNMA_14406	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	5 KM SE CHAMELA	LA HUERTA	-105.039167	19.494722
CNMA_14416	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	4 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-105.034722	19.526667
CNMA_14417	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	4 KM SE CHAMELA	LA HUERTA	-105.045833	19.501111
CNMA_14418	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	3 KM NW FRANCISCO VILLA	LA HUERTA	-104.988333	19.403889
CNMA_14420	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	4 KM S CHAMELA	LA HUERTA	-105.060000	19.492000
CNMA_14421	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	4 KM NW FRANCISCO VILLA	LA HUERTA	-104.995000	19.410278
CNMA_14422	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	FRANCISCO VILLA	LA HUERTA	-104.968333	19.385000
CNMA_14424	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	5 KM NE BARRA DE NAVIDAD	CIHUATLAN	-104.648889	19.235833
CNMA_14428	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	BARRA DE NAVIDAD	CIHUATLAN	-104.682778	19.204167
CNMA_14431	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	TENACATITA	LA HUERTA	-104.873889	19.283611
CNMA_14432	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	SAN PATRICIO MELAQUE	CIHUATLAN	-104.700833	19.225000
CNMA_14848	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	RANCHO EL PARAISO, 6 KM W ESTACION DE BIOLOGIA, IBUNAM	LA HUERTA	-105.072000	19.503000
CNMA_27790	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	5 KM S CHAMELA	LA HUERTA	-105.057000	19.482000
CNMA_28001	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	1.6 KM N BARRA DE NAVIDAD	CIHUATLAN	-104.682778	19.218611
CNMA_34926	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	19 KM N SAN PATRICIO MELAQUE	CIHUATLAN	-104.700556	19.396389
CNMA_42944	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 7.13 KM SE	LA HUERTA	-105.037917	19.489444
CNMA_46492	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 15 KM SE	LA HUERTA	-105.041192	19.507450
CNMA_6061	<i>Oryzomys fulgens</i>	MÉXICO	JALISCO	AUTLAN DE NAVARRO	AUTLAN DE NAVARRO	-104.369444	19.770833
CNMA_42941	<i>Oryzomys melanotis</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 5.5 KM SE CHAMELA	LA HUERTA	-105.041889	19.498472
CNMA_42942	<i>Oryzomys melanotis</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 7.13 KM SE	LA HUERTA	-105.037917	19.489444
CNMA_12123	<i>Osgoodomys banderanus</i>	MÉXICO	JALISCO	CHAMELA, 8 KM E	LA HUERTA	-105.002381	19.532608
CNMA_14458	<i>Osgoodomys banderanus</i>	MÉXICO	JALISCO	6 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-105.015833	19.526667
CNMA_27636	<i>Osgoodomys banderanus</i>	MÉXICO	JALISCO	KM 82 CARRETERA CHAMELA-PUERTO VALLARTA, 18 KM NE	LA HUERTA	-105.163910	19.630453
CNMA_42947	<i>Osgoodomys banderanus</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 5 KM SE	LA HUERTA	-105.045000	19.502667
CNMA_42948	<i>Osgoodomys banderanus</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 4.75 KM SSE	LA HUERTA	-105.042278	19.516250
CNMA_42949	<i>Osgoodomys banderanus</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 5.15 KM SSE	LA HUERTA	-105.037083	19.513500
CNMA_42950	<i>Osgoodomys banderanus</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 5.25 KM SSE	LA HUERTA	-105.035972	19.509778
CNMA_42951	<i>Osgoodomys banderanus</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 5.5 KM SE	LA HUERTA	-105.041889	19.498472
CNMA_42952	<i>Osgoodomys banderanus</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 6.75 KM SE	LA HUERTA	-105.038000	19.490139
CNMA_42955	<i>Osgoodomys banderanus</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 6.85 KM SE	LA HUERTA	-105.038472	19.490194
CNMA_42970	<i>Osgoodomys banderanus</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 7.11 KM SE	LA HUERTA	-105.037544	19.489306
CNMA_42973	<i>Osgoodomys banderanus</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 7.13 KM SE	LA HUERTA	-105.037917	19.489444
CNMA_42980	<i>Osgoodomys banderanus</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 7.14 KM SE	LA HUERTA	-105.038278	19.489500
CNMA_42981	<i>Osgoodomys banderanus</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 7 KM SE	LA HUERTA	-105.037222	19.488278
CNMA_42982	<i>Osgoodomys banderanus</i>	MÉXICO	JALISCO	PLAYA NEGRITOS, 1 KM SSW CHAMELA	LA HUERTA	-105.080000	19.526667
CNMA_46495	<i>Osgoodomys banderanus</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 15 KM SE	LA HUERTA	-105.041192	19.507450
CNMA_27250	<i>Pappogeomys bulleri</i>	MÉXICO	JALISCO	4 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-105.034722	19.526667

NUM. CAT.	ESPECIE	PAIS	ESTADO	POBLADO	MUNICIPIO	DEC_X	DEC_Y
CNMA_28406	<i>Pappogeomys bulleri</i>	MÉXICO	JALISCO	6 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-105.015833	19.526667
CNMA_41923	<i>Pappogeomys bulleri</i>	MÉXICO	JALISCO	8.6 KM SW POR CARRETERA, LA HUERTA	LA HUERTA	-104.692778	19.430000
CNMA_1522	<i>Peromyscus hylocetes</i>	MÉXICO	JALISCO	32 KM SE AUTLAN DE NAVARRO	AUTLAN DE NAVARRO	-104.163611	19.565000
CNMA_17082	<i>Peromyscus hylocetes</i>	MÉXICO	JALISCO	SIERRA DE AUTLAN, PUERTO LOS MAZOS	AUTLAN DE NAVARRO	-104.369167	19.617222
CNMA_46303	<i>Peromyscus hylocetes</i>	MÉXICO	JALISCO	RESERVA DE LA BIOSFERA SIERRA DE MANANTLAN, 21 KM SSE EL CHANTE	AUTLAN DE NAVARRO	-104.107361	19.566556
CNMA_14459	<i>Peromyscus perfulvus</i>	MÉXICO	JALISCO	6 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-105.015833	19.526667
CNMA_14461	<i>Peromyscus perfulvus</i>	MÉXICO	JALISCO	4 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-105.034722	19.526667
CNMA_14464	<i>Peromyscus perfulvus</i>	MÉXICO	JALISCO	3 KM NW FRANCISCO VILLA	LA HUERTA	-104.988333	19.403889
CNMA_14502	<i>Peromyscus perfulvus</i>	MÉXICO	JALISCO	5 KM NE BARRA DE NAVIDAD	CIHUATLAN	-104.648889	19.235833
CNMA_14508	<i>Peromyscus perfulvus</i>	MÉXICO	JALISCO	BARRA DE NAVIDAD	CIHUATLAN	-104.682778	19.204167
CNMA_1517	<i>Peromyscus perfulvus</i>	MÉXICO	JALISCO	4.82 KM E BARRA DE NAVIDAD	CIHUATLAN	-104.636667	19.204167
CNMA_16031	<i>Peromyscus perfulvus</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM	LA HUERTA	-105.050000	19.500000
CNMA_36384	<i>Peromyscus perfulvus</i>	MÉXICO	JALISCO	KM 82 CARRETERA CHAMELA-PUERTO VALLARTA, 18 KM NE CHAMELA	LA HUERTA	-104.951667	19.641389
CNMA_38387	<i>Peromyscus perfulvus</i>	MÉXICO	JALISCO	3 KM NE ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM	LA HUERTA	-105.029722	19.518889
CNMA_42983	<i>Peromyscus perfulvus</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 7.15 KM SE	LA HUERTA	-105.038333	19.489611
CNMA_14447	<i>Peromyscus spicilegus</i>	MÉXICO	JALISCO	6 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-105.015833	19.526667
CNMA_14449	<i>Peromyscus spicilegus</i>	MÉXICO	JALISCO	CHAMELA	LA HUERTA	-105.073056	19.526667
CNMA_12117	<i>Reithrodontomys fulvescens</i>	MÉXICO	JALISCO	8 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-104.996667	19.526667
CNMA_1512	<i>Reithrodontomys sumichrasti</i>	MÉXICO	JALISCO	32 KM SSE AUTLAN DE NAVARRO	AUTLAN DE NAVARRO	-104.251667	19.501944
CNMA_46337	<i>Reithrodontomys sumichrasti</i>	MÉXICO	JALISCO	RESERVA DE LA BIOSFERA SIERRA DE MANANTLAN, 21 KM SSE EL CHANTE	AUTLAN DE NAVARRO	-104.107361	19.566556
CNMA_14524	<i>Sciurus colliaei</i>	MÉXICO	JALISCO	2 KM W FRANCISCO VILLA	LA HUERTA	-104.968056	19.403056
CNMA_14525	<i>Sciurus colliaei</i>	MÉXICO	JALISCO	1 KM W FRANCISCO VILLA	LA HUERTA	-104.977778	19.385000
CNMA_12136	<i>Sigmodon mascotensis</i>	MÉXICO	JALISCO	8 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-104.996667	19.526667
CNMA_42945	<i>Sigmodon mascotensis</i>	MÉXICO	JALISCO	PLAYA NEGRITOS, 1 KM SSW CHAMELA	LA HUERTA	-105.080000	19.526667
CNMA_6082	<i>Sigmodon mascotensis</i>	MÉXICO	JALISCO	AUTLAN DE NAVARRO	AUTLAN DE NAVARRO	-104.369444	19.770833
CNMA_12139	<i>Xenomys nelsoni</i>	MÉXICO	JALISCO	8 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-104.996667	19.526667
CNMA_14520	<i>Xenomys nelsoni</i>	MÉXICO	JALISCO	6 KM E CHAMELA	LA HUERTA	-105.015833	19.526667
CNMA_42984	<i>Xenomys nelsoni</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 4.75 KM SSE	LA HUERTA	-105.042278	19.516333
CNMA_42985	<i>Xenomys nelsoni</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 6.75 KM SE	LA HUERTA	-105.038000	19.490139
CNMA_42987	<i>Xenomys nelsoni</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 7 KM SE	LA HUERTA	-105.037222	19.488278
CNMA_42988	<i>Xenomys nelsoni</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 7.05 KM SE	LA HUERTA	-105.037722	19.488667
CNMA_42989	<i>Xenomys nelsoni</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 7.11 KM SE	LA HUERTA	-105.037667	19.489306
CNMA_42990	<i>Xenomys nelsoni</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 7.14 KM SE	LA HUERTA	-105.038333	19.489500
CNMA_42991	<i>Xenomys nelsoni</i>	MÉXICO	JALISCO	ESTACION DE BIOLOGIA CHAMELA, IBUNAM, 7.15 KM SE	LA HUERTA	-105.038333	19.489611

APÉNDICE 3

Listado de organismos y muestras colectadas durante las 6 salidas a campo en el estado de Jalisco. Selva baja caducifolia (SBC), selva mediana subperennifolia (SMS), bosque de encino (BE).

CNMA	No.FAC	S	GENERO	ESPECIE	PAIS	ESTADO	POBLADO	MUNICIPIO	LATD	LATM	LATS	LOND	LONM	LONS	ALTURA	FECHA	PR	TEJIDOS	MEDIDAS	PESO	OBSERVACIONES
47390	4978	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	59.9	104	45	59.5	327	14/09/2014	P/E	M,H,R,C	222-112-24-21	30	SMS
47388	4979	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	59.9	104	45	59.5	327	14/09/2014	P/E	M,H,R,C	223-108-26-22	30	SMS
47389	4980	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	59.9	104	45	59.5	327	14/09/2014	P/E	M,H,R,C	217-112-26-22	40	SMS
47391	4981	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>melanotis colimensis</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	41	44.5	104	46	14.7	331	14/09/2014	S/E	M	¿?	¿?	Cultivo
47392	4982	♀	<i>Oryzomys</i>	<i>melanotis colimensis</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	41	44.5	104	46	14.7	331	14/09/2014	P/E	M	227-121-29-18	¿?	Cultivo
47387	4983	♂	<i>Hodomys</i>	<i>alleni alleni</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	59.9	104	45	59.5	327	14/09/2014	P/E	M,H,R,C	(340)-140-43-31	120	SMS
47393	4984	♀	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	41	44.5	104	46	14.7	331	14/09/2014	P/E	M,H,R,C	262-111-36-22	72	Cultivo
47394	4985	♂	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	41	44.5	104	46	14.7	331	14/09/2014	P/E	M,H,R,C	280-123-35-23	110	Cultivo
47585	4846	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	37	20.6	104	26	23.5	400	14/01/2015	P/E	C,H,M,R	226-103-32-15	40	SBC
47598	4847	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	37	20.6	104	26	23.5	400	14/01/2015	P/E	C,H,M,R	215-102-27-17	30	SBC
47587	4848	♀	<i>Oryzomys</i>	<i>fulgens mexicanus</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	37	20.6	104	26	23.5	400	14/01/2015	P/E	C,H,M,R	213-113-31-16	26	SBC
47599	4849	♀	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	37	20.6	104	26	23.5	400	14/01/2015	P/E	C,H,M,R	240-120-27-22	44	SBC
47594	4850	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>melanotis colimensis</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	38	32.6	104	25	59.5	374	15/01/2015	P/E	C,H,M,R	222-110-30-20	33	SMS
47591	4851	♀	<i>Oryzomys</i>	<i>melanotis colimensis</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	38	48.2	104	25	56.1	419	15/01/2015	P/E	C,H,M,R	218-109-28-18	29	SMS
47592	4852	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>melanotis colimensis</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	38	48.2	104	25	56.1	419	15/01/2015	P/E	C,H,M,R	203-106-28-18	21	SMS
47593	4853	♀	<i>Oryzomys</i>	<i>melanotis colimensis</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	38	48.2	104	25	56.1	419	15/01/2015	P/E	C,H,M,R	173-96-27-18	13	SMS
47589	4854	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>melanotis colimensis</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	38	53	104	25	54.9	445	15/01/2015	P/E	C,H,M,R	244-135-30-19	26	SMS
47590	4855	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>melanotis colimensis</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	38	53	104	25	54.9	445	15/01/2015	P/E	C,H,M,R	221-112-28-21	31	SMS
47596	4856	♀	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	38	53	104	25	54.9	445	15/01/2015	P/E	C,H,M,R	234-116-26-21	38	SMS
47597	4857	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	38	53	104	25	54.9	445	15/01/2015	P/E	C,H,M,R	222-99-26-23	36	SMS
47576	4858	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	38	53	104	25	54.9	445	15/01/2015	P/E	C,H,M,R	161-74-28-12	17	SMS
47577	4859	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	38	53	104	25	54.9	445	15/01/2015	P/E	C,H,M,R	189-92-30-15	26	SMS
47578	4860	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	38	53	104	25	54.9	445	15/01/2015	P/E	C,H,M,R	165-84-29-14	20	SMS
47579	4861	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	38	53	104	25	54.9	445	15/01/2015	P/E	C,H,M,R	189-91-27-15	25	SMS
47580	4862	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	38	53	104	25	54.9	445	15/01/2015	P/E	C,H,M,R	177-85-27-14	25	SMS
47581	4863	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	38	53	104	25	54.9	445	15/01/2015	P/E	C,H,M,R	232-106-29-13	45	SMS
47582	4864	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	38	53	104	25	54.9	445	15/01/2015	P/E	C,H,M,R	(138)-20-27-15	39	SMS
47575	4865	♂	<i>Tlacuatzin</i>	<i>canescens canescens</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	37	20.6	104	26	23.5	400	15/01/2015	P/E	C,H,M,R	241-132-21-26	20	SBC
47583	4866	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	38	53	104	25	54.9	445	15/01/2015	P/E	C,H,M,R	179-89-28-15	19	SMS
47584	4867	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	38	33.8	104	25	59.2	382	15/01/2015	P/E	C,H,M,R	242-121-30-19	44	Cultivo
47588	4868	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>melanotis colimensis</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	38	55.1	104	25	56.6	396	16/01/2015	P/E	C,H,M,R	203-116-27-18	21	SMS
47595	4869	♀	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	38	55.1	104	25	56.6	396	16/01/2015	P/E	C,H,M,R	215-104-26-23	26	SMS
47586	4870	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>fulgens mexicanus</i>	México	Jalisco	El Zapotillo	Casimiro Castillo	19	38	46.3	104	26	0.2	390	16/01/2015	P/E	C,H,M,R	284-153-37-18	40	Cultivo
47538	4871	♂	<i>Reithrodontomys</i>	<i>fulvescens nelsoni</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	42	49.4	104	47	21.1	375	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	172-98-27-16	15	Cultivo
47508	4872	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	42	49.4	104	47	21.1	375	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	218-100-32-15	37	Cultivo
47535	4873	♂	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	42	49.4	104	47	21.1	375	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	117-44-20-11	11	Cultivo
47536	4874	♂	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	42	49.4	104	47	21.1	375	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	121-48-18-12	10	Cultivo
47537	4875	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	42	49.4	104	47	21.1	375	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	127-44-18-14	16	Cultivo

CNMA	No.FAC	S	GENERO	ESPECIE	PAIS	ESTADO	POBLADO	MUNICIPIO	LATD	LATM	LATS	LOND	LONM	LONS	ALTURA	FECHA	PR	TEJIDOS	MEDIDAS	PESO	OBSERVACIONES
47521	4876	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>fulgens mexicanus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	42	49.4	104	47	21.1	375	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	265-137-33-17	49	Cultivo
47522	4877	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>fulgens mexicanus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	42	49.4	104	47	21.1	375	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	(271)-135-33-17	76	Cultivo
47525	4878	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>melanotis colimensis</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	178-77-28-20	37	SMS
47526	4879	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>melanotis colimensis</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	232-127-28-21	36	SMS
47527	4880	♀	<i>Oryzomys</i>	<i>melanotis colimensis</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	228-115-28-21	39	SMS
47528	4881	♀	<i>Oryzomys</i>	<i>melanotis colimensis</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	209-120-27-20	31	SMS
47540	4882	♀	<i>Reithrodontomys</i>	<i>fulvescens nelsoni</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	168-87-20-14	14	SMS
47519	4883	♂	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	109-35-18-13	14	SMS
47520	4884	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	135-53-16-15	12	SMS
47529	4885	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	198-104-28-20	27	SMS
47530	4886	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	203-107-28-20	32	SMS
47531	4887	♀	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	225-110-26-20	31	SMS
47532	4888	♀	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	187-97-26-19	24	SMS
47533	4889	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	200-103-26-20	25	SMS
47534	4890	♀	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	230-115-26-22	40	SMS
47509	4891	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	190-95-28-13	23	SMS
47510	4892	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	224-113-30-13	33	SMS
47511	4893	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	235-115-29-16	33	SMS
47512	4894	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	225-110-28-13	31	SMS
47513	4895	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	(198)-85-30-12	22	SMS
47514	4896	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	236-109-28-15	45	SMS
47515	4897	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	233-104-27-13	38	SMS
47516	4898	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	40	54.3	104	45	58.3	339	17/01/2015	P/E	C,H,M,R	245-109-30-15	46	SMS
47517	4899	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	41	44.5	104	46	14.7	331	18/01/2015	P/E	C,H,M,R	135-55-16-14	15	Cultivo
47518	4900	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	41	44.5	104	46	14.7	331	18/01/2015	P/E	C,H,M,R	118-45-16-14	13	Cultivo
47523	4901	♀	<i>Oryzomys</i>	<i>fulgens mexicanus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	41	44.5	104	46	14.7	331	18/01/2015	P/E	C,H,M,R	232-122-32-17	31	Cultivo
47504	4902	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	41	44.5	104	46	14.7	331	18/01/2015	P/E	C,H,M,R	213-104-30-14	40	Cultivo
47505	4903	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	41	44.5	104	46	14.7	331	18/01/2015	P/E	C,H,M,R	235-112-29-15	34	Cultivo
47541	4904	♀	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	41	44.5	104	46	14.7	331	18/01/2015	P/E	C,H,M,R	220-97-35-20	50	Cultivo
47542	4905	♂	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	41	44.5	104	46	14.7	331	18/01/2015	P/E	C,H,M,R	265-121-36-20	62	Cultivo
47543	4906	♀	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	41	44.5	104	46	14.7	331	18/01/2015	P/E	C,H,M,R	240-120-33-20	53	Cultivo
47544	4907	♂	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	41	44.5	104	46	14.7	331	18/01/2015	P/E	C,H,M,R	254-106-35-20	75	Cultivo
47539	4908	♂	<i>Reithrodontomys</i>	<i>fulvescens nelsoni</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	41	11.5	104	46	11.1	318	18/01/2015	P/E	C,H,M,R	170-94-22-16	11	Cultivo
47524	4909	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>fulgens mexicanus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	41	11.5	104	46	11.1	318	18/01/2015	P/E	C,H,M,R	226-118-30-16	25	Cultivo
47506	4910	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	41	11.5	104	46	11.1	318	18/01/2015	P/E	C,H,M,R	201-97-30-15	21	Cultivo
47507	4911	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	41	11.5	104	46	11.1	318	18/01/2015	P/E	C,H,M,R	(150)-12-30-15	51	Cultivo
49545	4912	♀	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	41	11.5	104	46	11.1	318	18/01/2015	P/E	C,H,M,R	263-114-35-21	80	Cultivo
49546	4913	♀	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	41	11.5	104	46	11.1	318	18/01/2015	P/E	C,H,M,R	260-116-38-20	88	Cultivo
49547	4914	♂	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	El Chino	Villa Purificación	19	41	11.5	104	46	11.1	318	18/01/2015	P/E	C,H,M,R	280-125-40-21	69	Cultivo
49574	4915	♀	<i>Reithrodontomys</i>	<i>fulvescens nelsoni</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	37	19.5	104	52	34.6	324	19/01/2015	P/E	C,H,M,R	158-88-20-16	10	SBC
47569	4916	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	37	19.5	104	52	34.6	324	19/01/2015	P/E	C,H,M,R	236-115-27-23	41	SBC
47570	4917	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	37	19.5	104	52	34.6	324	19/01/2015	P/E	C,H,M,R	234-118-28-23	34	SBC
47571	4918	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	37	19.5	104	52	34.6	324	19/01/2015	P/E	C,H,M,R	244-121-28-22	43	SBC

CNMA	No.FAC	S	GENERO	ESPECIE	PAIS	ESTADO	POBLADO	MUNICIPIO	LATD	LATM	LATS	LOND	LONM	LONS	ALTURA	FECHA	PR	TEJIDOS	MEDIDAS	PESO	OBSERVACIONES
47572	4919	♀	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	37	19.5	104	52	34.6	324	19/01/2015	P/E	C,H,M,R	249-119-26-23	40	SBC
47548	4920	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	37	19.5	104	52	34.6	324	19/01/2015	P/E	C,H,M,R	220-108-30-13	38	SBC
47549	4921	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	37	19.5	104	52	34.6	324	19/01/2015	P/E	C,H,M,R	225-111-30-16	45	SBC
47550	4922	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	37	19.5	104	52	34.6	324	19/01/2015	P/E	C,H,M,R	242-125-29-16	37	SBC
47573	4923	♀	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	37	19.5	104	52	34.6	324	19/01/2015	P/E	C,H,M,R	236-108-25-21	31	SBC
47558	4924	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	37	19.5	104	52	34.6	324	19/01/2015	P/E	C,H,M,R	131-50-18-13	14	SBC
47556	4925	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	36	35.7	104	52	35.6	308	20/01/2015	P/E	C,H,M,R	229-124-29-17	31	SBC
47557	4926	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	36	35.7	104	52	35.6	308	20/01/2015	P/E	C,H,M,R	(216)-91-31-18	46	SBC
47568	4927	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>melanotis colimensis</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	36	35.7	104	52	35.6	308	20/01/2015	P/E	C,H,M,R	222-122-27-21	35	SBC
47551	4928	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	36	41.1	104	52	50.1	314	20/01/2015	P/E	C,H,M,R	226-101-29-19	50	Pastizal
47552	4929	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	36	41.1	104	52	50.1	314	20/01/2015	P/E	C,H,M,R	213-111-28-17	36	Pastizal
47553	4930	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	36	41.1	104	52	50.1	314	20/01/2015	P/E	C,H,M,R	214-119-29-17	38	Pastizal
47554	4931	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	36	41.1	104	52	50.1	314	20/01/2015	P/E	C,H,M,R	(151)-35-31-19	44	Pastizal
47555	4932	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	36	41.1	104	52	50.1	314	21/01/2015	P/E	C,H,M,R	232-113-29-17	45	Pastizal
47567	4933	♀	<i>Oryzomys</i>	<i>fulgens mexicanus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	36	41.1	104	52	50.1	314	21/01/2015	P/E	C,H,M,R	221-121-29-16	36	Pastizal
47559	4934	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	36	41.1	104	52	50.1	314	21/01/2015	P/E	C,H,M,R	102-43-17-13	9	Pastizal
47560	4935	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	36	41.1	104	52	50.1	314	21/01/2015	P/E	C,H,M,R	124-49-17-13	11	Pastizal
47561	4936	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	36	41.1	104	52	50.1	314	21/01/2015	P/E	C,H,M,R	119-52-17-13	11	Pastizal
47562	4937	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	36	41.1	104	52	50.1	314	21/01/2015	P/E	C,H,M,R	135-53-18-15	18	Pastizal
47563	4938	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	36	41.1	104	52	50.1	314	21/01/2015	P/E	C,H,M,R	107-41-17-13	10	Pastizal
47564	4939	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	36	41.1	104	52	50.1	314	21/01/2015	P/E	C,H,M,R	122-48-17-13	13	Pastizal
47565	4940	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	36	41.1	104	52	50.1	314	21/01/2015	P/E	C,H,M,R	114-45-16-13	12	Pastizal
47566	4941	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	La Mesa	La Huerta	19	36	41.1	104	52	50.1	314	21/01/2015	P/E	C,H,M,R	115-48-17-13	11	Pastizal
47493	5022	♂	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	Lo Arado	Casimiro Castillo	19	38	37.3	104	32	32.1	358	05/04/2015	P/E	C,H,M,R	282-133-35-21	80	BE
47494	5023	♂	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	Lo Arado	Casimiro Castillo	19	37	36.7	104	31	52	298	05/04/2015	P/E	C,H,M,R	294-137-37-23	92	Cultivo
47491	5024	♂	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	Lo Arado	Casimiro Castillo	19	37	36.7	104	31	52	298	06/04/2015	P/E	C,H,M,R	110-44-15-12	10	Cultivo
47492	5025	♂	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	Lo Arado	Casimiro Castillo	19	37	36.7	104	31	52	298	06/04/2015	P/E	C,H,M,R	113-45-17-13	9	Cultivo
47495	5026	♂	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	Lo Arado	Casimiro Castillo	19	37	36.7	104	31	52	298	06/04/2015	P/E	C,H,M,R	277-117-40-23	84	Cultivo
47489	5027	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Lo Arado	Casimiro Castillo	19	37	40.3	104	32	30.5	329	06/04/2015	P/E	C,H,M,R	175-80-27-11	17	BE
47490	5028	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Lo Arado	Casimiro Castillo	19	37	40.3	104	32	30.5	329	06/04/2015	P/E	C,H,M,R	236-120-35-16	39	BE
47501	5029	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Carizillo	La Huerta	19	35	36.9	104	51	4.7	320	07/04/2015	P/E	C,H,M,R	(194)-82-25-25	37	SBC
47496	5030	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Carizillo	La Huerta	19	35	36.9	104	51	4.7	320	07/04/2015	P/E	C,H,M,R	226-114-30-16	34	SBC
47497	5031	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Carizillo	La Huerta	19	35	36.9	104	51	4.7	320	07/04/2015	P/E	C,H,M,R	244-108-30-16	49	SBC
47498	5032	♂	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	El Carizillo	La Huerta	19	35	36.9	104	51	4.7	320	07/04/2015	P/E	C,H,M,R	130-56-20-13	10	SBC
47499	5033	♂	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	El Carizillo	La Huerta	19	35	36.9	104	51	4.7	320	07/04/2015	P/E	C,H,M,R	125-48-19-15	12	SBC
47500	5034	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	El Carizillo	La Huerta	19	35	36.9	104	51	4.7	320	07/04/2015	P/E	C,H,M,R	121-46-21-15	12	SBC
47502	5035	♀	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Carizillo	La Huerta	19	35	36.9	104	51	4.7	320	07/04/2015	P/E	C,H,M,R	172-83-25-20	16	SBC
47503	5036	♂	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	El Carizillo	La Huerta	19	35	36.9	104	51	4.7	320	07/04/2015	P/E	C,H,M,R	277-120-37-25	90	SBC
47480	5037	♀	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	34	34.3	104	47	57.8	224	08/04/2015	P/E	C,H,M,R	223-113-26-23	31	SBC
47481	5038	♀	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	34	34.3	104	47	57.8	224	08/04/2015	P/E	C,H,M,R	230-107-26-22	43	SBC
47482	5039	♀	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	34	34.3	104	47	57.8	224	08/04/2015	P/E	C,H,M,R	(192)-72-25-21	37	SBC
47483	5040	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	34	34.3	104	47	57.8	224	08/04/2015	P/E	C,H,M,R	219-108-25-24	31	SBC
47484	5041	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	34	34.3	104	47	57.8	224	08/04/2015	P/E	C,H,M,R	236-109-27-22	40	SBC

CNMA	No.FAC	S	GENERO	ESPECIE	PAIS	ESTADO	POBLADO	MUNICIPIO	LATD	LATM	LATS	LOND	LONM	LONS	ALTURA	FECHA	PR	TEJIDOS	MEDIDAS	PESO	OBSERVACIONES
47485	5042	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	34	34.3	104	47	57.8	224	08/04/2015	P/E	C,H,M,R	220-105-28-25	33	SBC
47486	5043	♀	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	34	34.3	104	47	57.8	224	08/04/2015	P/E	C,H,M,R	213-100-24-22	24	SBC
47467	5044	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	34	34.3	104	47	57.8	224	08/04/2015	P/E	C,H,M,R	260-122-29-15	56	SBC
47468	5045	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	34	34.3	104	47	57.8	224	08/04/2015	P/E	C,H,M,R	223-106-30-14	41	SBC
47469	5046	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	34	34.3	104	47	57.8	224	08/04/2015	P/E	C,H,M,R	240-121-32-17	48	SBC
47487	5047	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	33	1.1	104	46	35.9	241	09/04/2015	P/E	C,H,M,R	218-105-26-22	36	SBC
47488	5048	♀	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	33	1.1	104	46	35.9	241	09/04/2015	P/E	C,H,M,R	219-99-27-25	43	SBC
47474	5049	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	33	1.1	104	46	35.9	241	09/04/2015	P/E	C,H,M,R	226-115-29-17	40	SBC
47475	5050	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	33	1.1	104	46	35.9	241	09/04/2015	P/E	C,H,M,R	230-126-30-18	37	SBC
47478	5051	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	33	1.1	104	46	35.9	241	09/04/2015	P/E	C,H,M,R	224-124-27-19	33	SBC
47477	5052	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	33	1.1	104	46	35.9	241	09/04/2015	P/E	C,H,M,R	210-108-28-17	28	SBC
47470	5053	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	34	34.3	104	47	57.8	224	09/04/2015	P/E	C,H,M,R	236-115-30-18	33	SBC
47471	5054	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	34	34.3	104	47	57.8	224	09/04/2015	P/E	C,H,M,R	211-113-28-15	30	SBC
47472	5055	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	34	34.3	104	47	57.8	224	09/04/2015	P/E	C,H,M,R	213-110-28-16	36	SBC
47473	5056	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	34	34.3	104	47	57.8	224	09/04/2015	P/E	C,H,M,R	206-111-29-16	26	SBC
47478	5057	♀	<i>Oryzomys</i>	<i>melanotis colimensis</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	34	34.3	104	47	57.8	224	09/04/2015	P/E	C,H,M,R	245-136-26-22	36	SBC
47479	5058	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>melanotis colimensis</i>	México	Jalisco	Agua Zarquita	La Huerta	19	34	34.3	104	47	57.8	224	09/04/2015	P/E	C,H,M,R	231-129-26-21	29	SBC
47719	5059	♀	<i>Reithrodontomys</i>	<i>fulvescens nelsoni</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	45.9	104	36	51.2	324	24/07/2015	P/E	C,H,M,R	156-82-19-14	11	Pastizal
47720	5060	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>fulgens mexicanus</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	45.9	104	36	51.2	324	24/07/2015	P/E	C,H,M,R	268-132-31-22	64	Pastizal
47721	5061	♂	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	45.9	104	36	51.2	324	24/07/2015	P/E	C,H,M,R	306-138-36-21	140	Pastizal
47722	5062	♀	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	45.9	104	36	51.2	324	24/07/2015	P/E	C,H,M,R	307-138-36-22	130	Pastizal
47723	5063	♀	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	45.9	104	36	51.2	324	24/07/2015	P/E	C,H,M,R	297-133-33-21	115	Pastizal
47717	5064	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	45.9	104	36	51.2	324	24/07/2015	P/E	C,H,M,R	128-54-17-14	14	Pastizal
47713	5065	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	45.9	104	36	51.2	324	24/07/2015	P/E	C,H,M,R	223-114-27-14	38	Pastizal
47718	5066	♀	<i>Hodomys</i>	<i>alleni alleni</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	45.9	104	36	51.2	324	24/07/2015	P/E	C,H,M,R	285-131-38-27	86	Pastizal
47714	5067	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	45.9	104	36	51.2	324	24/07/2015	P/E	C,H,M,R	220-117-30-16	35	SBC/ Pastizal
47715	5068	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	45.9	104	36	51.2	324	24/07/2015	P/E	C,H,M,R	225-120-30-15	37	SBC/ Pastizal
47716	5069	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	45.9	104	36	51.2	324	24/07/2015	P/E	C,H,M,R	225-121-29-15	36	SBC/ Pastizal
47705	5070	♂	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	45.9	104	36	51.2	324	24/07/2015	P/E	C,H,M,R	131-51-17-14	14	SBC/ Pastizal
47701	5071	♂	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	45.9	104	36	51.2	324	24/07/2015	P/E	C,H,M,R	125-57-17-13	12	SBC
47696	5072	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	45.9	104	36	51.2	324	24/07/2015	P/E	C,H,M,R	218-110-28-16	31	SBC
47697	5073	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	45.9	104	36	51.2	324	24/07/2015	P/E	C,H,M,R	231-123-28-15	33	SBC
47698	5074	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	45.9	104	36	51.2	324	24/07/2015	P/E	C,H,M,R	209-11-22-14	27	SBC
47699	5075	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	45.9	104	36	51.2	324	24/07/2015	P/E	C,H,M,R	209-107-28-15	31	SBC
47700	5076	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	45.9	104	36	51.2	324	24/07/2015	P/E	C,H,M,R	198-105-27-14	22	SBC
47702	5077	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	57.9	104	36	56.8	304	25/07/2015	P/E	C,H,M,R	(210)-108-29-12	27	Pastizal
47703	5078	♂	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	57.9	104	36	56.8	304	25/07/2015	P/E	C,H,M,R	280-127-38-22	120	Pastizal
47704	5079	♂	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	57.9	104	36	56.8	304	25/07/2015	P/E	C,H,M,R	280-118-39-18	86	Pastizal
47706	5080	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	53	104	37	24.6	302	25/07/2015	P/E	C,H,M,R	205-109-29-11	30	SBC
47707	5081	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	53	104	37	24.6	302	25/07/2015	P/E	C,H,M,R	223-125-28-16	31	SBC
47710	5082	♂	<i>Hodomys</i>	<i>alleni alleni</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	53	104	37	24.6	302	25/07/2015	P/E	C,H,M,R	290-133-41-22	100	SBC
47711	5083	♂	<i>Hodomys</i>	<i>alleni alleni</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	53	104	37	24.6	302	25/07/2015	P/E	C,H,M,R	316-140-40-26	105	SBC
47712	5084	♀	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	53	104	37	24.6	302	25/07/2015	P/E	C,H,M,R	290-125-36-22	105	SBC

CNMA	No.FAC	S	GENERO	ESPECIE	PAIS	ESTADO	POBLADO	MUNICIPIO	LATD	LATM	LATS	LOND	LONM	LONS	ALTURA	FECHA	PR	TEJIDOS	MEDIDAS	PESO	OBSERVACIONES
47708	5085	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	53	104	37	24.6	302	25/07/2015	P/E	C,H,M,R	204-102-29-15	22	SBC
47709	5086	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Totole	La Huerta	19	28	53	104	37	24.6	302	25/07/2015	P/E	C,H,M,R	233-119-30-16	36	SBC
47664	5087	♀	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	222-108-24-21	30	SBC
47665	5088	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	(169)-49-23-25	38	SBC
47666	5089	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	228-108-27-21	42	SBC
47667	5090	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	(177)-72-28-22	29	SBC
47668	5091	♀	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	229-110-27-22	32	SBC
47669	5092	♀	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	228-115-28-21	33	SBC
47648	5093	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	225-105-31-17	49	SBC
47649	5094	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	245-122-30-18	41	SBC
47650	5095	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	231-116-32-17	33	SBC
47651	5096	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	225-109-30-15	37	SBC
47652	5097	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	225-114-28-16	33	SBC
47653	5098	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	221-116-32-15	36	SBC
47654	5099	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	241-123-30-19	33	SBC
47655	5100	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	216-110-29-14	31	SBC
47656	5101	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	224-113-30-16	44	SBC
47657	5102	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	228-101-31-16	38	SBC
47670	5103	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>fulgens mexicanus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	268-142-30-17	64	SBC
47658	5104	♂	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	127-57-11-14	14	SBC
47659	5105	♂	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	122-49-14-13	12	SBC
47660	5106	♂	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	122-50-17-15	12	SBC
47661	5107	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	132-56-11-13	14	SBC
47662	5108	♂	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	127-53-16-15	13	SBC
47663	5109	♂	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	53.4	104	42	45.1	223	26/07/2015	P/E	C,H,M,R	116-52-17-13	12	SBC
47674	5110	♀	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	49	104	42	9.2	271	27/07/2015	P/E	C,H,M,R	311-142-37-23	110	Pastizal
47675	5111	♂	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	49	104	42	9.2	271	27/07/2015	P/E	C,H,M,R	311-141-34-23	120	Pastizal
47676	5112	♀	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	49	104	42	9.2	271	27/07/2015	P/E	C,H,M,R	290-140-33-21	35	Pastizal
47677	5113	♂	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	49	104	42	9.2	271	27/07/2015	P/E	C,H,M,R	296-131-36-23	110	Pastizal
47678	5114	♂	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	49	104	42	9.2	271	27/07/2015	P/E	C,H,M,R	338-157-39-2	145	Pastizal
47679	5115	♀	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	49	104	42	9.2	271	27/07/2015	P/E	C,H,M,R	(257)-102-34-22	93	Pastizal
47671	5116	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	49	104	42	9.2	271	27/07/2015	P/E	C,H,M,R	331-122-29-16	36	Pastizal
47672	5117	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	49	104	42	9.2	271	27/07/2015	P/E	C,H,M,R	251-132-29-21	46	Pastizal
47673	5118	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	Las Juntas	La Huerta	19	25	49	104	42	9.2	271	27/07/2015	P/E	C,H,M,R	131-52-17-15	15	Pastizal
47680	5119	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Apazolco	La Huerta	19	22	3.9	104	53	48.2	93	28/07/2015	P/E	C,H,M,R	331-124-30-18	36	Pastizal
47681	5120	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Apazolco	La Huerta	19	22	3.9	104	53	48.2	93	28/07/2015	P/E	C,H,M,R	241-129-31-18	40	Pastizal
47682	5121	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Apazolco	La Huerta	19	22	3.9	104	53	48.2	93	28/07/2015	P/E	C,H,M,R	217-114-29-16	37	Pastizal
47683	5122	♀	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	Apazolco	La Huerta	19	22	3.9	104	53	48.2	93	28/07/2015	P/E	C,H,M,R	305-143-36-23	110	Pastizal
47485	5123	♀	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	Apazolco	La Huerta	19	21	15.3	104	54	12.5	65	29/07/2015	P/E	C,H,M,R	300-140-36-21	110	Pastizal
47684	5124	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>fulgens mexicanus</i>	México	Jalisco	Apazolco	La Huerta	19	21	15.3	104	54	12.5	65	29/07/2015	P/E	C,H,M,R	278-150-33-17	47	Pastizal
47686	5125	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Apazolco	La Huerta	19	21	16.8	104	54	14.1	81	29/07/2015	P/E	C,H,M,R	222-121-30-17	31	SBC
47687	5126	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Apazolco	La Huerta	19	21	16.8	104	54	14.1	81	29/07/2015	P/E	C,H,M,R	224-114-28-16	36	SBC
47688	5127	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Apazolco	La Huerta	19	21	16.8	104	54	14.1	81	29/07/2015	P/E	C,H,M,R	241-128-29-16	42	SBC

CNMA	No.FAC	S	GENERO	ESPECIE	PAIS	ESTADO	POBLADO	MUNICIPIO	LATD	LATM	LATS	LOND	LONM	LONS	ALTURA	29/07/2015	PR	TEJIDOS	MEDIDAS	PESO	OBSERVACIONES
47689	5128	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Apazulco	La Huerta	19	21	16.8	104	54	14.1	81	29/07/2015	P/E	C,H,M,R	239-127-30-15	40	SBC
47690	5129	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Apazulco	La Huerta	19	21	16.8	104	54	14.1	81	29/07/2015	P/E	C,H,M,R	239-126-30-15	40	SBC
47691	5130	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Apazulco	La Huerta	19	21	16.8	104	54	14.1	81	29/07/2015	P/E	C,H,M,R	220-113-29-14	37	SBC
47692	5131	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Apazulco	La Huerta	19	21	16.8	104	54	14.1	81	29/07/2015	P/E	C,H,M,R	227-112-29-15	41	SBC
47693	5132	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Apazulco	La Huerta	19	21	16.8	104	54	14.1	81	29/07/2015	P/E	C,H,M,R	238-128-29-16	38	SBC
47694	5133	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Apazulco	La Huerta	19	21	16.8	104	54	14.1	81	29/07/2015	P/E	C,H,M,R	235-125-30-16	40	SBC
47695	5134	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Apazulco	La Huerta	19	21	16.8	104	54	14.1	81	29/07/2015	P/E	C,H,M,R	241-123-29-16	47	SBC
47640	5135	♂	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	22	55.7	104	57	5.8	33	30/07/2015	P/E	C,H,M,R	123-44-12-13	12	Pastizal
47641	5136	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	22	55.7	104	57	5.8	33	30/07/2015	P/E	C,H,M,R	133-53-17-13	13	Pastizal
47642	5137	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>fulgens mexicanus</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	22	55.7	104	57	5.8	33	30/07/2015	P/E	C,H,M,R	279-140-34-16	65	Pastizal
47643	5138	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>fulgens mexicanus</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	22	55.7	104	57	5.8	33	30/07/2015	P/E	C,H,M,R	284-139-34-15	85	Pastizal
47639	5139	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	22	55.7	104	57	5.8	33	30/07/2015	P/E	C,H,M,R	237-121-30-12	38	Pastizal
47644	5140	♀	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	22	55.7	104	57	5.8	33	30/07/2015	P/E	C,H,M,R	278-120-36-17	87	Pastizal
47645	5141	♂	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	22	55.7	104	57	5.8	33	30/07/2015	P/E	C,H,M,R	287-122-38-20	100	Pastizal
47646	5142	♀	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	22	55.7	104	57	5.8	33	30/07/2015	P/E	C,H,M,R	220-96-33-18	44	Pastizal
47647	5143	♀	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	22	55.7	104	57	5.8	33	30/07/2015	P/E	C,H,M,R	241-110-34-17	53	Pastizal
47638	5144	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>fulgens mexicanus</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	23	14.8	104	57	10.8	44	31/07/2015	P/E	C,H,M,R	292-160-34-16	66	SBC
47627	5145	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	23	14.8	104	57	10.8	44	31/07/2015	P/E	C,H,M,R	259-129-32-15	48	SBC
47628	5146	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	23	14.8	104	57	10.8	44	31/07/2015	P/E	C,H,M,R	215-107-29-13	33	SBC
47629	5147	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	23	14.8	104	57	10.8	44	31/07/2015	P/E	C,H,M,R	222-108-31-15	37	SBC
47630	5148	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	23	14.8	104	57	10.8	44	31/07/2015	P/E	C,H,M,R	228-110-34-17	42	SBC
47631	5149	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	23	14.8	104	57	10.8	44	31/07/2015	P/E	C,H,M,R	238-119-32-16	46	SBC
47632	5150	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	23	14.8	104	57	10.8	44	31/07/2015	P/E	C,H,M,R	(240)-116-33-17	43	SBC
47633	5151	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	23	14.8	104	57	10.8	44	31/07/2015	P/E	C,H,M,R	241-126-33-16	40	SBC
47634	5152	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	23	14.8	104	57	10.8	44	31/07/2015	P/E	C,H,M,R	236-117-34-17	46	SBC
47635	5153	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	23	14.8	104	57	10.8	44	31/07/2015	P/E	C,H,M,R	225-115-32-13	37	SBC
47636	5154	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	23	14.8	104	57	10.8	44	31/07/2015	P/E	C,H,M,R	245-113-31-15	53	SBC
47637	5155	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Zapata	La Huerta	19	23	14.8	104	57	10.8	44	31/07/2015	P/E	C,H,M,R	(200)-79-31-15	48	SBC
48004	5367	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Lázaro Cardenas	Cihuatlán	19	19	54.9	104	42	46.5	136	19/11/2015	P/E	C,H,M,R	253-132-30-16	49	SBC
48005	5368	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Lázaro Cardenas	Cihuatlán	19	19	54.9	104	42	46.5	136	19/11/2015	P/E	C,H,M,R	248-139-31-17	33	SBC
48015	5369	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	Lázaro Cardenas	Cihuatlán	19	19	54.9	104	42	46.5	136	19/11/2015	P/E	C,H,M,R	120-47-16-14	12	SBC
48000	5370	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Lázaro Cardenas	Cihuatlán	19	20	13.8	104	42	13.9	156	19/11/2015	P/E	C,H,M,R	201-104-29-18	23	SBC
48001	5371	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Lázaro Cardenas	Cihuatlán	19	20	13.8	104	42	13.9	156	19/11/2015	P/E	C,H,M,R	186-98-28-17	19	SBC
48014	5372	♂	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	Lázaro Cardenas	Cihuatlán	19	20	14.1	104	42	20.9	186	19/11/2015	P/E	C,H,M,R	122-46-17-13	12	Pastizal
48002	5373	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Lázaro Cardenas	Cihuatlán	19	20	14.1	104	42	20.9	186	19/11/2015	P/E	C,H,M,R	242-122-28-17	19	Pastizal
48003	5374	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Lázaro Cardenas	Cihuatlán	19	20	14.1	104	42	20.9	186	19/11/2015	P/E	C,H,M,R	(159)-38-30-17	44	Pastizal
47994	5375	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Lázaro Cardenas	Cihuatlán	19	20	49.7	104	42	7.5	173	20/11/2015	P/E	C,H,M,R	234-116-29-15	41	SBC
47995	5376	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Lázaro Cardenas	Cihuatlán	19	20	49.7	104	42	7.5	173	20/11/2015	P/E	C,H,M,R	218-107-29-20	35	SBC
47996	5377	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Lázaro Cardenas	Cihuatlán	19	20	49.7	104	42	7.5	173	20/11/2015	P/E	C,H,M,R	237-125-31-20	37	SBC
47997	5378	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Lázaro Cardenas	Cihuatlán	19	20	49.7	104	42	7.5	173	20/11/2015	P/E	C,H,M,R	239-126-30-22	33	SBC
47998	5379	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Lázaro Cardenas	Cihuatlán	19	20	49.7	104	42	7.5	173	20/11/2015	P/E	C,H,M,R	(240)-123-30-17	38	SBC
47999	5380	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Lázaro Cardenas	Cihuatlán	19	20	49.7	104	42	7.5	173	20/11/2015	P/E	C,H,M,R	254-139-31-19	45	SBC
48022	5381	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	Lázaro Cardenas	Cihuatlán	19	20	49.7	104	42	7.5	173	20/11/2015	P/E	C,H,M,R	229-118-26-22	34	SBC

CNMA	No.FAC	S	GENERO	ESPECIE	PAIS	ESTADO	POBLADO	MUNICIPIO	LATD	LATM	LATS	LOND	LONM	LONS	ALTURA	FECHA	PR	TEJIDOS	MEDIDAS	PESO	OBSERVACIONES
48023	5382	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	Lázaro Cardenas	Cihuatlán	19	20	49.7	104	42	7.5	173	20/11/2015	P/E	C,H,M,R	229-112-26-23	40	SBC
48024	5383	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Naranjo	Cuahutitlán de García Barragán	19	26	41.6	104	28	12.1	618	21/11/2015	P/E	C,H,M,R	222-99-26-20	25	BE
48020	5384	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Naranjo	Cuahutitlán de García Barragán	19	26	41.6	104	28	12.1	618	21/11/2015	P/E	C,H,M,R	229-120-29-19	35	BE
48025	5385	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Refugio	Cuahutitlán de García Barragán	19	21	23.9	104	33	7.9	468	22/11/2015	P/E	C,H,M,R	226-112-27-22	37	SBC/BE
48026	5386	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Refugio	Cuahutitlán de García Barragán	19	21	23.9	104	33	7.9	468	22/11/2015	P/E	C,H,M,R	225-102-25-20	30	SBC/BE
48027	5387	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Refugio	Cuahutitlán de García Barragán	19	21	23.9	104	33	7.9	468	22/11/2015	P/E	C,H,M,R	221-105-28-22	39	SBC/BE
48028	5388	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Refugio	Cuahutitlán de García Barragán	19	21	23.9	104	33	7.9	468	22/11/2015	P/E	C,H,M,R	225-101-27-21	27	SBC/BE
48029	5389	♂	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	El Refugio	Cuahutitlán de García Barragán	19	21	23.9	104	33	7.9	468	22/11/2015	P/E	C,H,M,R	226-113-26-21	38	SBC/BE
48006	5390	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Refugio	Cuahutitlán de García Barragán	19	21	23.9	104	33	7.9	468	22/11/2015	P/E	C,H,M,R	256-139-30-15	43	SBC/BE
48007	5391	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	El Refugio	Cuahutitlán de García Barragán	19	21	23.9	104	33	7.9	468	22/11/2015	P/E	C,H,M,R	234-129-31-14	35	SBC/BE
48016	5392	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	El Refugio	Cuahutitlán de García Barragán	19	21	23.9	104	33	7.9	468	22/11/2015	P/E	C,H,M,R	(99)-18-18-14	15	SBC/BE
48008	5393	♂	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	Casa Blanca	Cuahutitlán de García Barragán	19	25	45.4	104	25	27.6	609	23/11/2015	P/E	C,H,M,R	133-51-17-15	16	Cultivo
48018	5394	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>melanotis colimensis</i>	México	Jalisco	Casa Blanca	Cuahutitlán de García Barragán	19	25	45.4	104	25	27.6	609	23/11/2015	P/E	C,H,M,R	245-135-27-21	34	Cultivo
48009	5395	♂	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	Casa Blanca	Cuahutitlán de García Barragán	19	25	24.9	104	25	10	623	23/11/2015	P/E	C,H,M,R	126-50-18-13	12	SBC
48010	5396	♂	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	Casa Blanca	Cuahutitlán de García Barragán	19	25	24.9	104	25	10	623	23/11/2015	P/E	C,H,M,R	111-43-17-13	11	SBC
48011	5397	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	Casa Blanca	Cuahutitlán de García Barragán	19	25	24.9	104	25	10	623	23/11/2015	P/E	C,H,M,R	127-50-18-15	15	SBC
48012	5398	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	Casa Blanca	Cuahutitlán de García Barragán	19	25	24.9	104	25	10	623	23/11/2015	P/E	C,H,M,R	(118)-41-16-15	12	SBC
48013	5399	♀	<i>Baiomys</i>	<i>musculus musculus</i>	México	Jalisco	Casa Blanca	Cuahutitlán de García Barragán	19	25	24.9	104	25	10	623	23/11/2015	P/E	C,H,M,R	121-50-17-14	17	SBC
48021	5400	♀	<i>Osgoodomys</i>	<i>banderanus banderanus</i>	México	Jalisco	Casa Blanca	Cuahutitlán de García Barragán	19	25	24.9	104	25	10	623	23/11/2015	P/E	C,H,M,R	231-121-25-23	36	SBC
48017	5401	♀	<i>Oryzomys</i>	<i>fulgens mexicanus</i>	México	Jalisco	Casa Blanca	Cuahutitlán de García Barragán	19	25	24.9	104	25	10	623	23/11/2015	P/E	C,H,M,R	241-127-29-18	35	SBC
48019	5402	♂	<i>Oryzomys</i>	<i>melanotis colimensis</i>	México	Jalisco	Casa Blanca	Cuahutitlán de García Barragán	19	25	24.9	104	25	10	623	23/11/2015	P/E	C,H,M,R	207-116-27-19	23	SBC
47988	5403	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Casa Blanca	Cuahutitlán de García Barragán	19	25	24.9	104	25	10	623	23/11/2015	P/E	C,H,M,R	217-110-28-16	37	SBC
47989	5404	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Casa Blanca	Cuahutitlán de García Barragán	19	25	24.9	104	25	10	623	23/11/2015	P/E	C,H,M,R	249-132-30-18	37	SBC
47990	5405	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Casa Blanca	Cuahutitlán de García Barragán	19	25	24.9	104	25	10	623	23/11/2015	P/E	C,H,M,R	210-107-28-17	30	SBC
47991	5406	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Casa Blanca	Cuahutitlán de García Barragán	19	25	24.9	104	25	10	623	23/11/2015	P/E	C,H,M,R	233-125-29-17	36	SBC
47992	5407	♀	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Casa Blanca	Cuahutitlán de García Barragán	19	25	24.9	104	25	10	623	23/11/2015	P/E	C,H,M,R	252-133-29-18	40	SBC
47993	5408	♂	<i>Liomys</i>	<i>pictus pictus</i>	México	Jalisco	Casa Blanca	Cuahutitlán de García Barragán	19	25	24.9	104	25	10	623	23/11/2015	P/E	C,H,M,R	(202)-82-30-18	46	SBC

APÉNDICE 4

Matriz de distancias construida con secuencias del gen mitocondrial región control de la especie *L. pictus*, bajo el modelo de sustitución de nucleótidos de dos parámetros de Kimura (Kimura, 1980). *Secuencias tomadas de Genbank.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
<i>D. novemcinctus*</i>	1																													
<i>D. novemcinctus2*</i>	2	0.111																												
<i>L. pictus</i> CH2_P1	3	0.908	0.912																											
<i>L. pictus</i> CH3_P1	4	0.917	0.912	0.002																										
<i>L. pictus</i> 4858_P2	5	0.898	0.901	0.011	0.013																									
<i>L. pictus</i> 4859_P2	6	0.898	0.901	0.011	0.013	0.000																								
<i>L. pictus</i> 4860_P2	7	0.924	0.910	0.013	0.015	0.011	0.011																							
<i>L. pictus</i> 4861_P2	8	0.906	0.910	0.009	0.011	0.006	0.006	0.017																						
<i>L. pictus</i> 4891_P3	9	0.908	0.912	0.000	0.002	0.011	0.011	0.013	0.009																					
<i>L. pictus</i> 4892_P3	10	0.906	0.910	0.009	0.011	0.011	0.011	0.017	0.004	0.009																				
<i>L. pictus</i> 4893_P3	11	0.940	0.944	0.013	0.015	0.015	0.015	0.013	0.013	0.013	0.013																			
<i>L. pictus</i> 4894_P3	12	0.906	0.910	0.009	0.011	0.011	0.011	0.017	0.004	0.009	0.000	0.013																		
<i>L. pictus</i> 4928_P4	13	0.908	0.912	0.000	0.002	0.011	0.011	0.013	0.009	0.000	0.009	0.013	0.009																	
<i>L. pictus</i> 4929_P4	14	0.940	0.935	0.015	0.017	0.017	0.017	0.015	0.015	0.015	0.015	0.002	0.015	0.015																
<i>L. pictus</i> 4930_P4	15	0.917	0.921	0.002	0.004	0.013	0.013	0.015	0.011	0.002	0.011	0.015	0.011	0.002	0.017															
<i>L. pictus</i> 4931_P4	16	0.908	0.912	0.000	0.002	0.011	0.011	0.013	0.009	0.000	0.009	0.013	0.009	0.000	0.015	0.002														
<i>L. pictus</i> 5027_P5	17	0.926	0.930	0.006	0.009	0.013	0.013	0.015	0.011	0.006	0.011	0.011	0.011	0.006	0.013	0.009	0.006													
<i>L. pictus</i> 5028_P5	18	0.940	0.944	0.013	0.015	0.015	0.015	0.013	0.013	0.013	0.013	0.013	0.000	0.013	0.013	0.002	0.015	0.013	0.011											
<i>L. pictus</i> 5044_P6	19	0.940	0.944	0.013	0.015	0.015	0.015	0.013	0.013	0.013	0.013	0.013	0.000	0.013	0.013	0.002	0.015	0.013	0.011	0.000										
<i>L. pictus</i> 5045_P6	20	0.926	0.930	0.004	0.006	0.011	0.011	0.013	0.009	0.004	0.009	0.009	0.009	0.004	0.011	0.006	0.004	0.002	0.009	0.009										
<i>L. pictus</i> 5049_P6	21	0.908	0.921	0.009	0.011	0.015	0.015	0.022	0.009	0.009	0.013	0.017	0.013	0.009	0.020	0.011	0.009	0.011	0.017	0.017	0.009									
<i>L. pictus</i> 5050_P6	22	0.908	0.912	0.000	0.002	0.011	0.011	0.013	0.009	0.000	0.009	0.013	0.009	0.000	0.015	0.002	0.000	0.006	0.013	0.013	0.004	0.009								
<i>L. pictus</i> 5051_P6	23	0.908	0.912	0.000	0.002	0.011	0.011	0.013	0.009	0.000	0.009	0.013	0.009	0.000	0.015	0.002	0.000	0.006	0.013	0.013	0.004	0.009	0.000							
<i>L. pictus</i> 5052_P6	24	0.915	0.919	0.013	0.015	0.011	0.011	0.017	0.004	0.013	0.009	0.013	0.009	0.013	0.015	0.015	0.013	0.015	0.013	0.013	0.013	0.013	0.013	0.013						
<i>L. pictus</i> 5072_P7	25	0.917	0.921	0.002	0.004	0.009	0.009	0.011	0.011	0.002	0.011	0.011	0.011	0.002	0.013	0.004	0.002	0.004	0.011	0.011	0.002	0.011	0.002	0.002	0.015					
<i>L. pictus</i> 5073_P7	26	0.917	0.921	0.002	0.004	0.009	0.009	0.011	0.011	0.002	0.011	0.011	0.011	0.002	0.013	0.004	0.002	0.004	0.011	0.011	0.002	0.011	0.002	0.002	0.015	0.000				
<i>L. pictus</i> 5074_P7	27	0.908	0.912	0.000	0.002	0.011	0.011	0.013	0.009	0.000	0.009	0.013	0.009	0.000	0.015	0.002	0.000	0.006	0.013	0.013	0.004	0.009	0.000	0.000	0.013	0.002	0.002			
<i>L. pictus</i> 5075_P7	28	0.926	0.930	0.006	0.009	0.013	0.013	0.015	0.011	0.006	0.011	0.011	0.011	0.006	0.013	0.009	0.006	0.000	0.011	0.011	0.002	0.011	0.006	0.006	0.015	0.004	0.004	0.006		
<i>L. pictus</i> 5093_P8	29	0.899	0.903	0.004	0.006	0.009	0.009	0.015	0.006	0.004	0.006	0.015	0.006	0.004	0.017	0.006	0.004	0.011	0.015	0.015	0.009	0.013	0.004	0.004	0.011	0.006	0.006	0.004	0.011	
<i>L. pictus</i> 5094_P8	30	0.917	0.921	0.002	0.004	0.013	0.013	0.015	0.006	0.002	0.006	0.011	0.006	0.002	0.013	0.004	0.002	0.004	0.011	0.011	0.002	0.006	0.002	0.002	0.011	0.004	0.004	0.002	0.004	0.006

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	
<i>L. pictus</i> 5095_P8	31	0.926	0.930	0.004	0.006	0.011	0.011	0.013	0.009	0.004	0.009	0.009	0.009	0.004	0.011	0.006	0.004	0.002	0.009	0.009	0.000	0.009	0.004	0.004	0.013	0.002	0.002	0.004	0.002	0.009	0.002
<i>L. pictus</i> 5096_P8	32	0.908	0.912	0.000	0.002	0.011	0.011	0.013	0.009	0.000	0.009	0.013	0.009	0.000	0.015	0.002	0.000	0.006	0.013	0.013	0.004	0.009	0.000	0.000	0.013	0.002	0.002	0.000	0.006	0.004	0.002
<i>L. pictus</i> 5119_P9	33	0.917	0.921	0.002	0.004	0.013	0.013	0.011	0.011	0.002	0.011	0.011	0.011	0.002	0.013	0.004	0.002	0.009	0.011	0.011	0.006	0.011	0.002	0.002	0.011	0.004	0.004	0.002	0.009	0.006	0.004
<i>L. pictus</i> 5120_P9	34	0.926	0.930	0.004	0.006	0.011	0.011	0.013	0.009	0.004	0.009	0.009	0.009	0.004	0.011	0.006	0.004	0.002	0.009	0.009	0.000	0.009	0.004	0.004	0.013	0.002	0.002	0.004	0.002	0.009	0.002
<i>L. pictus</i> 5121_P9	35	0.908	0.912	0.000	0.002	0.011	0.011	0.013	0.009	0.000	0.009	0.013	0.009	0.000	0.015	0.002	0.000	0.006	0.013	0.013	0.004	0.009	0.000	0.000	0.013	0.002	0.002	0.000	0.006	0.004	0.002
<i>L. pictus</i> 5125_P9	36	0.926	0.930	0.004	0.006	0.011	0.011	0.013	0.009	0.004	0.009	0.009	0.009	0.004	0.011	0.006	0.004	0.002	0.009	0.009	0.000	0.009	0.004	0.004	0.013	0.002	0.002	0.004	0.002	0.009	0.002
<i>L. pictus</i> 5145_P10	37	0.917	0.921	0.002	0.004	0.009	0.009	0.011	0.011	0.002	0.011	0.011	0.011	0.002	0.013	0.004	0.002	0.004	0.011	0.011	0.002	0.011	0.002	0.002	0.015	0.000	0.000	0.002	0.004	0.006	0.004
<i>L. pictus</i> 5146_P10	38	0.924	0.937	0.013	0.015	0.024	0.024	0.022	0.017	0.013	0.013	0.017	0.013	0.013	0.020	0.015	0.013	0.015	0.017	0.017	0.013	0.013	0.013	0.013	0.017	0.015	0.015	0.013	0.015	0.017	0.011
<i>L. pictus</i> 252_P11	39	0.908	0.912	0.004	0.006	0.013	0.013	0.015	0.006	0.004	0.006	0.011	0.006	0.004	0.013	0.006	0.004	0.006	0.011	0.011	0.004	0.009	0.004	0.004	0.011	0.006	0.006	0.004	0.006	0.004	0.002
<i>L. pictus</i> 253_P11	40	0.917	0.921	0.002	0.004	0.013	0.013	0.015	0.006	0.002	0.006	0.011	0.006	0.002	0.013	0.004	0.002	0.004	0.011	0.011	0.002	0.006	0.002	0.002	0.011	0.004	0.004	0.002	0.004	0.006	0.000
<i>L. pictus</i> 254_P11	41	0.917	0.921	0.002	0.004	0.013	0.013	0.015	0.006	0.002	0.006	0.011	0.006	0.002	0.013	0.004	0.002	0.004	0.011	0.011	0.002	0.006	0.002	0.002	0.011	0.004	0.004	0.002	0.004	0.006	0.000
<i>L. pictus</i> 255_P11	42	0.926	0.930	0.004	0.006	0.011	0.011	0.013	0.009	0.004	0.009	0.009	0.009	0.004	0.011	0.006	0.004	0.002	0.009	0.009	0.000	0.009	0.004	0.004	0.013	0.002	0.002	0.004	0.002	0.009	0.002
<i>L. pictus</i> 265_P12	43	0.906	0.910	0.009	0.011	0.009	0.009	0.020	0.002	0.009	0.006	0.015	0.006	0.009	0.017	0.011	0.009	0.011	0.015	0.015	0.009	0.009	0.009	0.009	0.006	0.011	0.011	0.009	0.011	0.006	0.006
<i>L. pictus</i> 266_P12	44	0.935	0.940	0.006	0.009	0.013	0.013	0.015	0.011	0.006	0.011	0.011	0.011	0.006	0.013	0.009	0.006	0.004	0.011	0.011	0.002	0.011	0.006	0.006	0.015	0.004	0.004	0.006	0.004	0.011	0.004
<i>L. pictus</i> 278_P13	45	0.924	0.910	0.013	0.015	0.011	0.011	0.004	0.017	0.013	0.017	0.013	0.017	0.013	0.015	0.015	0.013	0.015	0.013	0.013	0.013	0.022	0.013	0.013	0.017	0.011	0.011	0.013	0.015	0.015	0.015
<i>L. pictus</i> 279_P13	46	0.915	0.919	0.015	0.017	0.013	0.013	0.002	0.020	0.015	0.020	0.015	0.020	0.015	0.017	0.017	0.015	0.017	0.015	0.015	0.015	0.024	0.015	0.015	0.020	0.013	0.013	0.015	0.017	0.017	0.017
<i>P. flavus</i> 1*	47	2.195	2.195	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165
<i>P. flavus</i> 2*	48	1.752	1.752	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165
<i>D. heermanni</i> 1*	49	1.458	1.458	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250
<i>D. heermanni</i> 2*	50	1.458	1.458	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250
<i>D. merriami</i> 1*	51	1.645	1.645	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208
<i>D. merriami</i> 2*	52	1.502	1.502	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194
<i>C. intermedius</i> 1*	53	1.121	1.121	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193
<i>C. intermedius</i> 2*	54	1.077	1.077	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179
<i>C. permix</i> 1*	55	1.077	1.077	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192
<i>C. permix</i> 2*	56	1.077	1.077	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192
<i>C. eremicus</i> 1*	57	1.036	1.036	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178
<i>C. eremicus</i> 2*	58	1.036	1.036	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178
<i>C. penicillatus</i> 1*	59	1.077	1.077	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192
<i>C. penicillatus</i> 2*	60	1.077	1.077	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192

	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60		
<i>L. pictus</i> 5095_P8	31																															
<i>L. pictus</i> 5096_P8	32	0.004																														
<i>L. pictus</i> 5119_P9	33	0.006	0.002																													
<i>L. pictus</i> 5120_P9	34	0.000	0.004	0.006																												
<i>L. pictus</i> 5121_P9	35	0.004	0.000	0.002	0.004																											
<i>L. pictus</i> 5125_P9	36	0.000	0.004	0.006	0.000	0.004																										
<i>L. pictus</i> 5145_P10	37	0.002	0.002	0.004	0.002	0.002	0.002																									
<i>L. pictus</i> 5146_P10	38	0.013	0.013	0.011	0.013	0.013	0.013	0.015																								
<i>L. pictus</i> 252_P11	39	0.004	0.004	0.006	0.004	0.004	0.004	0.006	0.013																							
<i>L. pictus</i> 253_P11	40	0.002	0.002	0.004	0.002	0.002	0.002	0.004	0.011	0.002																						
<i>L. pictus</i> 254_P11	41	0.002	0.002	0.004	0.002	0.002	0.002	0.004	0.011	0.002	0.000																					
<i>L. pictus</i> 255_P11	42	0.000	0.004	0.006	0.000	0.004	0.000	0.002	0.013	0.004	0.002	0.002																				
<i>L. pictus</i> 265_P12	43	0.009	0.009	0.011	0.009	0.009	0.009	0.011	0.017	0.006	0.006	0.006	0.009																			
<i>L. pictus</i> 266_P12	44	0.002	0.006	0.009	0.002	0.006	0.002	0.004	0.013	0.006	0.004	0.004	0.002	0.011																		
<i>L. pictus</i> 278_P13	45	0.013	0.013	0.011	0.013	0.013	0.013	0.011	0.022	0.015	0.015	0.015	0.013	0.020	0.015																	
<i>L. pictus</i> 279_P13	46	0.015	0.015	0.013	0.015	0.015	0.015	0.013	0.024	0.017	0.017	0.017	0.015	0.022	0.017	0.006																
<i>P. flavus</i> 1*	47	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165																
<i>P. flavus</i> 2*	48	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.165	0.021															
<i>D. heermani</i> 1*	49	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.222	0.208														
<i>D. heermani</i> 2*	50	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.250	0.222	0.208	0.000													
<i>D. merriami</i> 1*	51	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.208	0.165	0.139	0.102	0.102												
<i>D. merriami</i> 2*	52	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.194	0.179	0.166	0.090	0.090	0.022											
<i>C. intermedius</i> 1*	53	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.193	0.235	0.234	0.332	0.332	0.248	0.248										
<i>C. intermedius</i> 2*	54	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.179	0.236	0.235	0.348	0.348	0.249	0.234	0.011									
<i>C. pernix</i> 1*	55	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.234	0.233	0.330	0.330	0.278	0.278	0.032	0.043								
<i>C. pernix</i> 2*	56	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.234	0.233	0.330	0.330	0.278	0.278	0.032	0.043	0.000							
<i>C. eremicus</i> 1*	57	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.248	0.247	0.328	0.328	0.293	0.293	0.043	0.055	0.011	0.011						
<i>C. eremicus</i> 2*	58	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.178	0.248	0.247	0.328	0.328	0.293	0.293	0.043	0.055	0.011	0.011	0.000					
<i>C. penicillatus</i> 1*	59	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.234	0.233	0.330	0.330	0.278	0.278	0.032	0.043	0.000	0.000	0.011	0.011				
<i>C. penicillatus</i> 2*	60	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.192	0.234	0.233	0.330	0.330	0.278	0.278	0.032	0.043	0.000	0.000	0.011	0.011	0.000			

APÉNDICE 5

Base de datos de *Liomys pictus* obtenida de diversas fuentes digitales y de los registros obtenidos en campo para la elaboración de modelos de nicho ecológico.

COLECCIÓN	GENERO	ESPECIE	DEC_X	DEC_Y
CAS	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-104.52532000	21.01301000
CAS	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-104.38758000	19.69930000
CAS	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-103.74526000	19.22835000
CAS	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-97.76416000	17.20305000
CAS	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-97.70471000	17.23722000
CAS	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-97.24444000	16.10583000
CAS	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-97.12860000	16.20527000
CAS	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-97.09083000	16.12361000
CAS	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-97.08694000	16.16666000
CAS	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-97.08166000	16.09694000
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.19416660	19.64138880
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.13725000	21.50102777
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.13422220	21.48013888
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.12433330	21.47986111
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.11461110	21.34616666
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.10838890	21.34738888
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.10600000	21.48419444
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.09445600	19.56832100
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.09299999	21.06733333
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.09263890	21.05139444
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.05000000	19.50000000
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.04570010	19.49286460
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.04559700	19.50450600
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.04188880	19.49847220
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.03916660	19.49472220
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.03847220	19.49102770
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.03827770	19.48950000
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.03472220	19.52666660
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.02972220	19.51888880
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.01583330	19.52666660
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.00611110	19.52666660
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-104.99666660	19.52666660
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-104.98833330	19.40388880
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-104.97777770	19.52666660
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-104.95494700	19.38002000
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-104.95300000	19.38744444
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-104.95166660	19.64138880
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-104.95161111	19.38213888
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-104.90391666	19.35466666
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-104.89672222	19.36775000
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-104.88058330	19.61141660
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-104.87655550	19.60991660
CNMA	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-104.87627770	19.62208330
FMNH	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-102.35083000	19.08806000
FMNH	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-95.13250000	17.73583330
FMNH	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-94.35166670	16.47916670
IPN	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-106.45047700	23.32808200
IPN	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-106.42740900	23.30551100
IPN	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-106.40339800	23.30931000
IPN	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-105.12481500	21.65726000
IPN	<i>Liomys</i>	<i>pictus</i>	-104.87163800	20.76175000

Base de datos de *Sigmodon mascotensis* obtenida de diversas fuentes digitales y de los registros obtenidos en campo para la elaboración de modelos de nicho ecológico.

COLECCION	GENERO	ESPECIE	DEC_X	DEC_Y
ASNHC	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-104.00741500	18.94214800
ASNHC	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-103.84642200	18.98135900
ASNHC	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-103.78570800	19.32347100
ASNHC	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-103.77912200	19.05391500
ASNHC	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-103.75488300	19.09154200
ASNHC	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-103.66706300	19.34963900
ASNHC	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-103.15499100	19.77850900
CAS	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-97.07611000	16.40138000
CAS	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-96.80889000	17.24805000
CNMA	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-105.08000000	19.52666700
CNMA	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-105.04559720	19.50450550
CNMA	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-104.99666700	19.52666700
CNMA	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-104.95161110	19.38213888
CNMA	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-104.90347220	19.35425000
CNMA	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-104.89672220	19.36775000
CNMA	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-104.77075000	19.69569400
CNMA	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-104.70255560	19.43027777
CNMA	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-104.62350000	19.48138888
CNMA	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-104.61577780	19.48275000
CNMA	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-104.61422220	19.47941666
CNMA	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-104.85130560	19.59358333
CNMA	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-104.78919440	19.71372222
CNMA	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-104.77075000	19.69569444
CNMA	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-104.76975000	19.68652777
CNMA	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-104.54225000	19.64369444
CNMA	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-104.53111110	19.62686111
CNMA	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-104.99666660	19.52666660
CNMA	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-105.08000000	19.52666700
CNMA	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-104.36944440	19.77083330
FMNH	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-91.92388890	17.38055560
FMNH	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-99.63750000	17.50500000
FMNH	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-99.50083330	17.55138890
FMNH	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-102.77167000	20.35083000
FMNH	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-94.35166670	16.47916670
FMNH	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-105.77833000	22.83389000
IPN	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-102.22749700	18.00808700
IPN	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-94.48270800	16.31481600
IPN	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-100.68734800	18.36199700
IPN	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-100.04346200	18.83373700
IPN	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-99.36928400	17.56769400
IPN	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-102.35679700	19.21072100
IPN	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-100.90778300	18.64710200
IPN	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-103.18540700	18.75140600
IPN	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-99.65513900	18.23863400
IPN	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-103.43421800	19.52576100
IPN	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-100.65674300	19.17435000
IPN	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-103.75111600	21.85963600
IPN	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-102.78296300	20.37197600
IPN	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-102.83389400	20.34944600
IPN	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-103.45355200	19.47456500
IPN	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-103.46049700	19.46716000
IPN	<i>Sigmodon</i>	<i>mascotensis</i>	-102.06541100	18.11788100

APÉNDICE 6

Variables bioclimáticas que se utilizarán en la elaboración de los modelos de nicho ecológico.

Clave	Variable
BIO 1	Temperatura media anual
BIO 2	Oscilación de la temperatura diurna
BIO 3	Isotermalidad
BIO 4	Temperatura estacional
BIO 5	Temperatura máxima promedio del mes más caliente
BIO 6	Temperatura mínima promedio del mes más frío
BIO 7	Rango de temperatura anual
BIO 8	Temperatura media del cuatrimestre más lluvioso
BIO 9	Temperatura media del cuatrimestre más seco
BIO 10	Temperatura promedio del cuatrimestre más caliente
BIO 11	Temperatura promedio del cuatrimestre más frío
BIO 12	Precipitación anual
BIO 13	Precipitación del mes más lluvioso
BIO 14	Precipitación del mes más seco
BIO 15	Precipitación estacional
BIO 16	Precipitación del cuatrimestre más lluvioso
BIO 17	Precipitación del cuatrimestre más seco
BIO 18	Precipitación del cuatrimestre mes más caliente
BIO 19	Precipitación del cuatrimestre más frío