



**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO  
DE MORELOS**

---

---

**CENTRO DE INVESTIGACIÓN EN  
BIODIVERSIDAD Y CONSERVACIÓN**

**REVALUACIÓN TAXONÓMICA DEL RATÓN NEGRUZCO *Peromyscus  
fervus* (RODENTIA: CRICETIDAE) POR MEDIO DE MORFOMETRÍA Y  
MODELOS DE NICHO ECOLÓGICO**

**TESIS**

**QUE PARA OBTENER EL GRADO DE:**

**MAESTRA EN BIOLOGÍA INTEGRATIVA DE  
LA BIODIVERSIDAD Y LA CONSERVACIÓN**

**PRESENTA:**

**BIÓL. NANCY IZCHEL LÓPEZ ARRIAGA**

**DIRECTORA: DRA. ELIZABETH ARELLANO ARENAS  
CODIRECTOR: DR. LÁZARO GUEVARA LÓPEZ**



**CUERNAVACA, MORELOS.**

**MAYO, 2022**

## **AGRADECIMIENTOS**

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por la beca otorgada de febrero 2020 a enero 2022.

A mi directora de tesis, la Dra. Elizabeth Arellano Arenas, por haber dirigido este proyecto de investigación, agradezco profundamente su apoyo no sólo como maestra también como amiga. Gracias por siempre guiarme y motivarme.

A mi codirector de tesis, el Dr. Lázaro Guevara, por haber aceptado codirigir este proyecto, gracias por todo su apoyo y por estar al pendiente de mis dudas sobre el modelado de nicho.

A mis síndos, el Dr. Francisco X. González Cozatl y la M. en C. Cirene Gutiérrez Blando por sus comentarios y consejos que me dieron durante la maestría para que mi proyecto se desarrollara correctamente.

Al Dr. José Antonio Guerrero y la Dra. Evelyn Patricia Ríos por haber aceptado ser parte de mi comisión revisora y por sus valiosos comentarios que me permitieron mejorar mi proyecto.

A la colección de mamíferos del CIByC por las facilidades otorgadas para consultar ejemplares y poder fotografiarlos.

A la Dra. Rachel Mercado Vallejo por haberme otorgado fotografías de los especímenes que me faltaban para aumentar mi tamaño de muestra.

A Daryl Cruz y Daily Martínez por ayudarme cuando tenía dudas en mi proyecto.

A la coordinación del MBIByC: C. P. Claudia Avilés y el Dr. Raúl Alcalá por todo su apoyo en los trámites académicos.

A mi familia y amigos que me acompañaron durante este proyecto y me brindaron su apoyo.

# ÍNDICE DE CONTENIDO

---

RESUMEN .....	1
ABSTRACT .....	2
1.- INTRODUCCIÓN.....	3
2.- ANTECEDENTES .....	5
2.1 Descripción taxonómica de <i>Peromyscus furvus</i> .....	5
2.2 Situación taxonómica de <i>Peromyscus furvus</i> .....	6
2.3 Taxonomía integrativa.....	11
2.4 Morfometría geométrica .....	12
2.5 Morfometría geométrica de roedores en México .....	13
2.6 Modelado de nicho ecológico.....	14
2.7 Modelado de nicho ecológico en la taxonomía.....	16
3.- JUSTIFICACIÓN .....	17
4.- OBJETIVOS.....	18
4.1 Objetivo general .....	18
4.2 Objetivos específicos .....	18
5.- HIPÓTESIS .....	18
6.-METODOLOGÍA.....	18
6.1 Revisión de material biológico y datos de colecta .....	18
6.2 Análisis de Morfometría Geométrica .....	19
6.3 Análisis de Nicho Ecológico .....	23
7.- RESULTADOS .....	27
7.1 Morfometría geométrica .....	27
7.2 Modelos de nicho ecológico .....	36
8.- DISCUSIÓN .....	39
8.- CONCLUSIÓN.....	45
9.- PERSPECTIVAS .....	45
10.-BIBLIOGRAFÍA.....	46
Anexo 1. ....	57
Anexo 2. ....	61

---

## ÍNDICE DE FIGURAS

---

Figura 1. Hembra adulta de <i>P. furvus</i> ; cráneo y mandíbula de <i>P. furvus</i> .....	6
Figura 2. Relaciones evolutivas de las poblaciones que forman las cinco ESU'S en <i>P. furvus</i> basados en citocromo b mitocondrial.....	8
Figura 3. Predicción del modelo de nicho ecológico para <i>P. furvus</i> basados en datos de ocurrencia e información para 14 variables climáticas y tres geológicas con el método GARP.....	9
Figura 4. Relaciones evolutivas de las poblaciones de <i>P. furvus</i> basados en ND3-ND4 mitocondrial.....	10
Figura 5. Diagrama BAM.....	15
Figura 6. Configuración de marcas y semimarcas para la vista ventral del cráneo.....	20
Figura 7. Configuración de marcas y semimarcas para la vista lateral de la mandíbula...	21
Figura 8. Poblaciones de <i>Peromyscus furvus</i> que se utilizaron para el modelado de nicho ecológico.....	24
Figura 9. Delimitación del área de estudio a partir de un buffer alrededor de los puntos de presencia de <i>Peromyscus furvus</i> .....	25
Figura 10. Gráfica de PC de la vista ventral del cráneo de <i>P. furvus</i> .....	29
Figura 11. Gráfica de PC de la vista lateral de la mandíbula de <i>P. furvus</i> .....	30
Figura 12. Gráfica de CV de la vista ventral del cráneo de los tres grupos comparados.....	32
Figura 13. Gráfica de CV de la vista lateral de la mandíbula de los tres grupos comparados.....	33
Figura 14. Gráfica de dispersión en tres dimensiones de las variables climáticas (BIO5, BIO6, BIO14) de la distribución potencial de <i>P. furvus</i> .....	36
Figura 15. Modelo de la distribución potencial actual de <i>P. furvus</i> .....	37
Figura 16. Distribución potencial actual y durante el UMG de <i>P. furvus</i> sensu lato de acuerdo con CCSM.....	38
Figura 17. Distribución potencial actual y durante el UMG de <i>P. furvus</i> sensu lato de acuerdo con MIROC.....	38
Figura 18. Posibles barreras en la distribución potencial actual de <i>P. furvus</i> .....	43

---

## **ÍNDICE DE CUADROS**

---

Tabla 1. Descripción de las marcas y semimarcas de la configuración para la vista ventral del cráneo.....	21
Tabla 2. Descripción de las marcas y semimarcas de la configuración para la vista lateral de la mandíbula.....	22
Tabla 3. Resultados de los análisis de regresión (forma vs tamaño) dentro de cada los grupos.....	28
Tabla 4. Resultados del análisis de varianza de la forma de las estructuras.....	34
Tabla 5. Resultados del análisis de varianza del tamaño del centroide las estructuras.....	34
Tabla 6. Resultados de la prueba F de Goodall comparando a los grupos de forma pareada.....	35

---



## RESUMEN

*Peromyscus furvus* es una especie de ratón que se distribuye en el bosque mesófilo de montaña a lo largo de la Sierra Madre Oriental y el noroeste de la Sierra Madre del Sur (Sierra Mazateca). Su taxonomía ha sido sujeta a varios cambios históricos y permanece en debate. Primero, fue descrita como tres especies diferentes: *P. latirostris*, *P. angustirostris* y *P. furvus*. Sin embargo, posteriormente algunos autores consideraron a *P. furvus* como una especie politípica y todas esas especies se convirtieron en subespecies de *P. furvus*, aunque otros estudios aún la consideran como una especie monotípica. Todos estos problemas taxonómicos han comenzado a resolverse gracias a los análisis filogenéticos que se han hecho con diferentes genes, pero señalando la presencia de especies crípticas dentro de *P. furvus* (*sensu lato*), pero estos no han sido conclusivos. Por lo anterior, en esta tesis se evaluó la variación en la forma del cráneo y la mandíbula entre tres subespecies de *P. furvus* y la población de Puerto de la Soledad, con técnicas de morfometría geométrica y la estimación de distribución geográfica potencial en el presente y en el Último Máximo Glacial (UMG), para encontrar posibles barreras geográficas a través del tiempo. En conjunto, ambas líneas de evidencia tienen el objetivo de hacer una reevaluación taxonómica lo más completa posible para *P. furvus*. Los análisis morfométricos indican que los cráneos de los dos subespecies y los individuos de Puerto de la Soledad se diferencian significativamente en su forma, específicamente en el *foramen magnum* y el arco cigomático. Además, de acuerdo con los modelos de nicho ecológico, se observan cambios notables en la distribución potencial de este roedor entre el presente y en el pasado, además de posibles barreras entre los grupos que no estaban durante el UMG. En conclusión, la morfometría geométrica y el modelado de nicho apoyan la separación de la población de Puerto de la Soledad de la Sierra Mazateca como una especie diferente de *P. furvus*. Para *P. f. latirostris* aunque no se pudo incluir en el análisis morfométrico, el modelado al presente muestran una discontinuidad en su distribución potencial que no existía en el pasado que pone en duda su estado taxonómico. Por último, la morfometría geométrica apoya la separación de *P. f. angustirostris* y *P. f. furvus*, pero el modelado de nicho no generó evidencia suficiente que sustenten su separación.

Palabras clave: Modelos de nicho ecológico, morfometría geométrica, *Peromyscus furvus* y taxonomía.





## ABSTRACT

*Peromyscus furvus* is a species of mouse that is distributed in the montane cloud forest throughout the Sierra Madre Oriental and the northwest of the Sierra Madre del Sur (Sierra Mazateca). Its taxonomy has been subject to several historical changes. It was first described as three different species: *P. latirostris*, *P. angustirostris*, and *P. furvus*. Later, some authors considered *P. furvus* as a polytypic species and all these species became subspecies of *P. furvus*. Nevertheless, there are others researches who consider it as a monotypic species. The researchers have recently started to tackle all these taxonomic problems thanks to the phylogenetic analysis that has been carried out with different genes and has indicated the presence of cryptic species within *P. furvus*. However, these studies have not been conclusive. For this reason, in this thesis, the variation in the shape of the skull and jaw between three subspecies of *P. furvus* and the population of Puerto de la Soledad was evaluated with geometric morphometrics techniques, and the ecological niche of *P. furvus* was estimated, at the present and the Last Glacial Maximum (LGM), through ecological niche modeling to find possible geographic barriers with the aim of presenting different lines of evidence, this allows to make a taxonomic reassessment as complete as possible. Morphometric analysis indicates that the skulls of mice from two subspecies and Puerto de la Soledad mice differ significantly in their shape, specifically in the *foramen magnum* and zygomatic bone. In addition, according to the ecological niche modelling, we observe differences in the potential distribution between the present and the past, as well as possible barriers between the groups that were not present during the LGM. Therefore, we can conclude that geometric morphometrics and niche modeling confirm the classification of the population of Puerto de la Soledad in Sierra Mazateca as different species of *P. furvus*. For *P.f. latirostris*, although it could not be included in the morphometric analysis, the current modeling shows a discontinuity in its potential distribution that did not exist in the past. This would explain the separation of this species from the rest of *P.furvus*. Finally, geometric morphometrics supports the separation of *P. f. angustirostris* and *P. f. furvus*, whereas niche modelling did not generate enough evidence to confirm their separation.

Keywords: Ecological niche models, geometric morphometrics, *Peromyscus furvus* y taxonomy.





## 1.- INTRODUCCIÓN

El Convenio de Diversidad Biológica de la Organización de las Naciones Unidas 1992 establece que la biodiversidad es toda la variedad de la vida, por lo que bajo este concepto se deben incluir todos los diferentes niveles de la organización biológica. Es decir que se debe abarcar no solo todas las especies de plantas, animales, hongos y microorganismos que viven en cualquier espacio determinado, sino también a su variabilidad genética, a los ecosistemas de los cuales forman parte, y a los paisajes o regiones en donde se ubican. Así mismo, deben ser considerados todos sus procesos ecológicos y evolutivos (Klein *et al.* 2009).

A pesar de que las estimaciones sobre sus dimensiones son cada vez más precisas, sigue habiendo incógnitas sobre la verdadera magnitud de la biodiversidad en cuanto a número de especies (i. e. el déficit Linneano; Wilson 1988). Paralelamente, el deterioro ambiental, la fragmentación de los hábitats naturales y la introducción de especies exóticas en algunas áreas, así como otras actividades humanas, tiene como consecuencia que una parte importante de la biodiversidad se esté perdiendo antes de ser al menos detectada (WWF 2020).

En la descripción de la biodiversidad participa la taxonomía, disciplina con la que se identifica, describe, clasifica y da nombre a las especies (Dayrat 2005; Bickford *et al.* 2007; Padial *et al.* 2010). Para llevar a cabo acciones de conservación de la biodiversidad, la tarea taxonómica es de suma importancia ya que la delimitación taxonómica precisa es determinante en la conservación efectiva de la especie objetivo. Una identificación errónea puede conducir a sobreestimar o subestimar la riqueza de especies de un área, lo que implicaría un sesgo para cualquier plan de conservación (Ely *et al.* 2017).

Afortunadamente, hoy en día existe la oportunidad de incorporar nuevos datos, teorías y métodos sobre el estudio del origen y la evolución de las especies, así como estrategias que permitan delimitarlas de una manera más precisa (Padial *et al.* 2010). Entre los grandes avances en la sistemática de mamíferos se encuentra







el cada vez más común descubrimiento de especies crípticas, las cuales son dos o más especies, morfológicamente similares, que no han sido descritas porque son muy similares por lo que han sido clasificadas como una sola (Pfenninger y Schwenk 2007). Anteriormente, estos errores de identificación y clasificación ocurrían con frecuencia porque la taxonomía se basaba solo en datos morfológicos y patrones de distribución. La falta de detección de estas entidades lleva a una subestimación de la diversidad de especies (González-Cózatl *et al.* 2009), particularmente en grupos muy diversos como el de los roedores (Orden Rodentia). En México, este Orden cuenta con 245 especies, que corresponde a poco menos del 50% del total de especies de mamíferos en el país (564 especies; Sánchez-Cordero *et al.* 2014).

Actualmente, los marcadores moleculares han permitido describir de manera más precisa a la diversidad de roedores en México. Sobre todo, los marcadores de secuencias de ADN mitocondrial (ADNmt) los cuales han sido los más utilizados en filogenias de mamíferos en las últimas décadas (Ortega y Maldonado 2020). Como prueba de esto se encuentran muchos trabajos que con el uso de datos genéticos han detectado la existencia de más de una especie en lo que se creía era una sola (Carleton *et al.* 2002; Matocq 2002; Amman y Bradley 2004; Bradley *et al.* 2004; Arellano *et al.* 2005; Hafner *et al.* 2005; Hardy *et al.* 2013).

El ratón negruzco, *Peromyscus fuvvus*, representa un caso potencial de un grupo de especies crípticas de roedores, ya que estudios basados en datos moleculares han indicado la presencia de más de una especie, pero estos resultados no han sido conclusivos porque sugieren que se necesitan más estudios con diferentes genes y con otro tipo de técnicas (Harris y Rogers 1999; Harris *et al.* 2000; Ávila-Valle *et al.* 2011). Hoy en día existen datos y herramientas complementarias que contribuyen a la detección de especies crípticas. Por ejemplo, la morfometría geométrica se ha utilizado para determinar diferencias en tamaño y forma entre poblaciones y especies cercanamente relacionadas (Espinoza *et al.* 2011; Nava-García 2016; Vallejo *et al.* 2017). Por su parte, el modelado de nichos ecológicos es una herramienta que permite la caracterización de los requerimientos ambientales de las especies y la circunscripción de sus distribuciones potenciales (Peterson *et al.*





2011), por lo que su contribución en la delimitación taxonómica de especies y mecanismos de especiación ha sido evidente (Raxworthy *et al.* 2007; Martínez-Gordillo *et al.* 2010; Tocchio *et al.* 2014). Ambos enfoques, en conjunto, podrían ayudar a la reevaluación del estado taxonómico de *P. furvus* y brindar información sobre los procesos evolutivos que han contribuido a su diversificación en México.

## 2.- ANTECEDENTES

### 2.1 Descripción taxonómica de *Peromyscus furvus*

*Peromyscus furvus* (Cricetidae) es una especie con coloración dorsal negruzca con los costados ligeramente más claros, pelaje lanudo y opaco, región ventral grisácea y cola más corta que el cuerpo no claramente bicolor (Fig. 1). Se caracteriza por su gran tamaño comparado con el resto de las especies del género con las que es simpátrica. La longitud total va de 248 a 282 mm y la del cráneo de 31.5 a 36 mm (Álvarez-Castañeda *et al.* 2015). Lo que distingue a esta especie es su rostro muy amplio con nasales inflados en la parte anterior, además de una región interorbital en forma de reloj de arena. *Peromyscus furvus* es una especie endémica de México. Tiene una distribución altamente asociada a los bosques mesófilos de montaña en una elevación que va de los 2260 a 2960 msnm, a lo largo de una delgada franja en la Sierra Madre Oriental que conecta con la Faja Volcánica Transmexicana y en la Sierra Mazateca en Oaxaca (Allen y Chapman 1897; Dalquest 1950; Hall y Álvarez 1961; Huckaby 1980; Hall 1981).

Rogers y Skoy (2010) mencionan cierta variación morfológica dentro de la especie: los individuos al norte de su distribución (Xilitla, San Luis Potosí) son más grandes y las poblaciones de la porción media (Metepéc y Zacualpan en Hidalgo y Veracruz, respectivamente) son los más pequeños en general; mientras que los de la población de Xalapa, Veracruz son de tamaño intermedio. Sin embargo, los autores no proporcionan medidas que respalden esta observación. Del mismo modo, Huckbany (1980) señaló que los ejemplares de Xilitla tienen los nasales más expandidos que el resto de las poblaciones de la especie.





Figura 1. A) Hembra adulta de *P. fuvvus* en campo, Xalapa, Veracruz. B) Cráneo y mandíbula de un individuo adulto de *P. fuvvus*. Fuente: Rogers y Skoy (2010).

## 2.2 Situación taxonómica de *Peromyscus fuvvus*

La taxonomía de la especie ha tenido varios cambios históricos. Inicialmente, las poblaciones que integran este grupo fueron reconocidas como tres especies distintas: *P. fuvvus* (Allen y Chapman 1897) de Xalapa, Veracruz y sus alrededores, junto con otras poblaciones de las montañas de este estado y de las tierras altas del norte de Puebla; *P. latirostris* (Dalquest 1950) de Xilitla, San Luis Potosí, restringido a un área limitada al norte de su distribución; y, por último, *P. angustirostris* (Hall y Álvarez 1961) de Zacualpan, Veracruz y sus alrededores. Posteriormente, algunos autores reconocieron a *P. fuvvus* como una sola especie, pero con una condición politípica ya que se propusieron tres subespecies para el grupo: *P. f. latirostris*, *P. f. fuvvus* y *P. f. angustirostris* (Musser 1964; Hooper 1968).

Más tarde, Goodwin (1969) describió a especímenes de *Peromyscus* de cinco poblaciones de Oaxaca, como *P. melanocarpus*. Años después, Huckbany (1980) asignó a los especímenes de una de esas poblaciones, llamada Puerto de la Soledad (Teotitlán) como *P. fuvvus* y además apoyó la postura de Hall (1971) de no reconocer subespecies, pero sí señaló que existen ligeras diferencias en el tamaño entre poblaciones y que, además, los de San Luis Potosí tienen nasales extendidos en mayor grado que el resto. No obstante, en los siguientes años se consideró a *P. fuvvus* como una especie monotípica (Hall 1971; Huckaby 1980; Carleton 1989).





debido a que las diferencias morfológicas anteriormente reportadas se debían a diferencias entre individuos, la edad y la estacionalidad (Harris y Rogers 1999).

El uso de datos moleculares para tratar de evaluar la sistemática de este taxón generó diferentes hipótesis sobre la posición taxonómica de sus poblaciones, cuyos resultados dependían del gen que se utilizaba. Por un lado, Harris y Rogers (1999), utilizaron datos de aloenzimas para evaluar la variación genética en siete poblaciones a lo largo de la distribución de *P. fuvvus*. Aunque encontraron cierta divergencia en las poblaciones de Xalapa, Veracruz y Puerto de la Soledad, Oaxaca, los análisis filogenéticos de parsimonia mostraron que las poblaciones anteriormente reconocidas como *P. angustirostris*, *P. fuvvus* y *P. latirostris* no eran grupos monofiléticos dentro de *P. fuvvus* (*sensu lato*), por lo que concluyeron que se trataba de una especie monotípica como lo reconocieron Hall (1981) y Carleton (1989).

Un año después, Harris *et al.* (2000), a partir de secuencias del gen mitocondrial citocromo *b* (*cyt b*) estimaron la filogeografía de *P. fuvvus*. En este análisis incluyeron representantes de ocho poblaciones: una sola población de la unidad de distribución del norte (población 5), cuatro poblaciones de la unidad central (poblaciones 1, 2, 4 y 8) y tres de la unidad sur (poblaciones 3, 6 y 7). Sus resultados mostraron un alto grado de diferenciación genética entre la población 7 (Puerto de La Soledad, Oaxaca) y el resto de las poblaciones de *P. fuvvus*, lo que planteaba dudas sobre la pertenencia de esta población a *P. fuvvus*. cabe destacar que se trataba de una región donde no se tenía registro de la especie. También se observó cierta diferenciación en la población 5 (Xilitla, San Luis Potosí), que representa a la subespecie *P. f. latirostris*; mientras que el resto de las poblaciones parecían corresponder a una sola unidad (Fig.2). Con base en sus resultados, señalaron que dentro de *P. fuvvus* (*sensu lato*) parece haber cinco unidades evolutivas significativas (ESU's por sus siglas en inglés). Cada una de las poblaciones 3, 5, 6 y 7 parecen representar una ESU diferente, mientras que las poblaciones 1, 2, 4 y 8 (la unidad central de distribución) comprenden una sola ESU (Fig. 2).



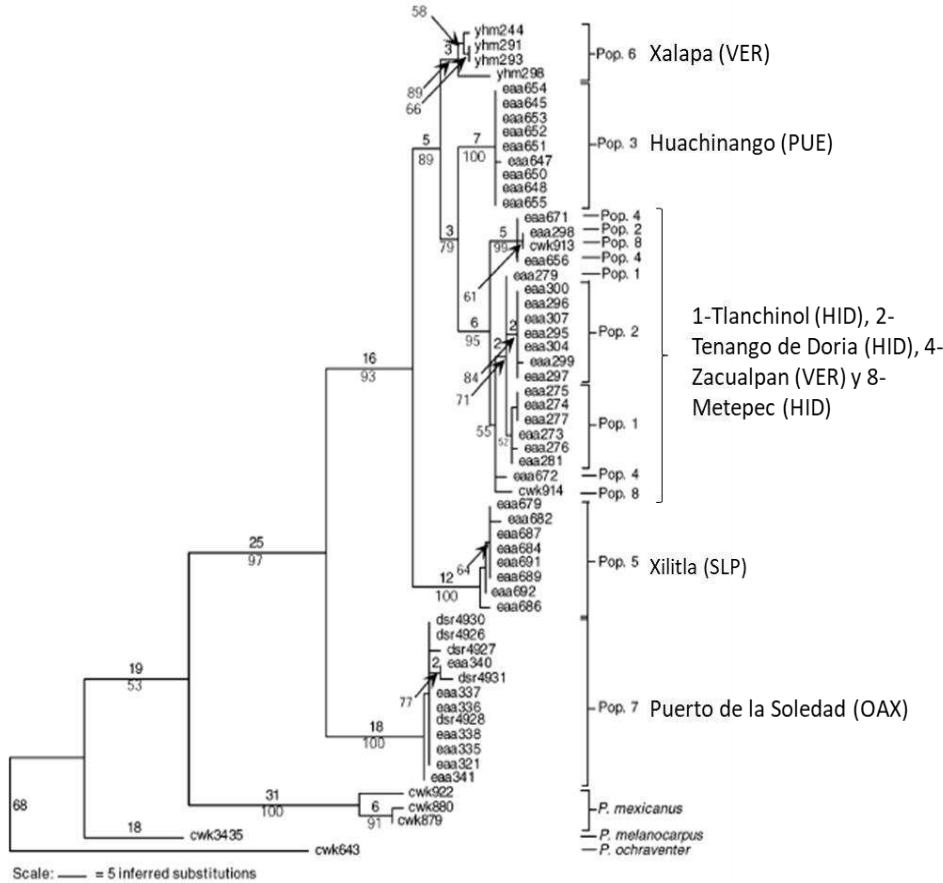


Figura 2. Relaciones evolutivas de las poblaciones que forman las cinco ESU'S en *Peromyscus fuvvus*, basados en el gen mitocondrial citocromo *b* (Modificado de Harris *et al.* 2000).

Martínez-Gordillo *et al.* (2010), basándose en el análisis de Harris *et al.* (2000) agruparon a las poblaciones en tres unidades: norte, centro y sur. Con base en un análisis de modelado de nicho ecológico, los autores concluyeron que cada una de estas unidades tiene su propio nicho ecológico, por lo que podrían tratarse como linajes independientes (Fig. 3).



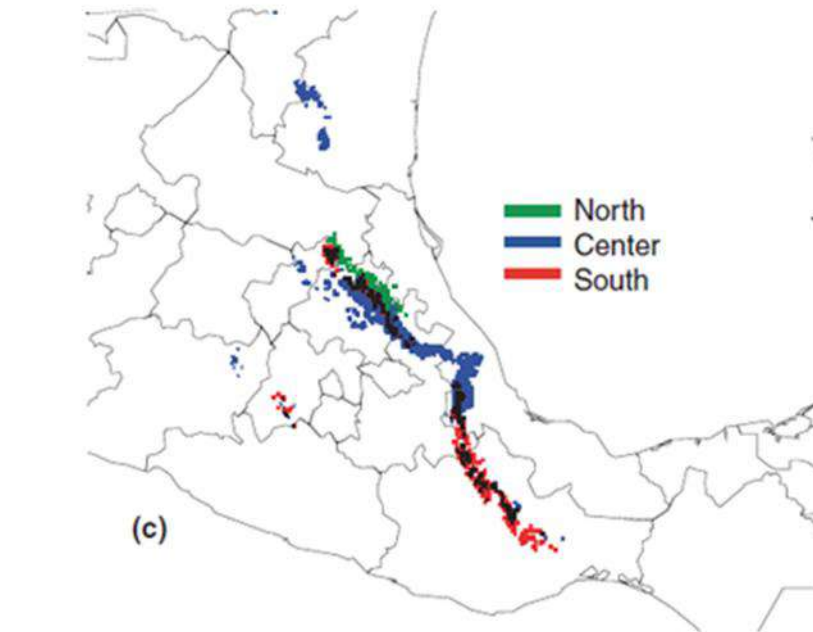


Figura 3. Predicción geográfica del modelo de nicho ecológico para *Peromyscus fuvvus* basados en datos de presencia e información de 14 variables climáticas y tres geológicas con el método GARP (Martínez-Gordillo *et al.* 2010)

Posteriormente, Ávila-Valle *et al.* (2011) evaluaron la variación de 19 poblaciones de *P. fuvvus* utilizando datos de los genes mitocondriales ND3-ND4 y medidas craneales. Sus resultados sugieren una importante segregación de las poblaciones en dos clados principales: uno al norte (Xilitla, San Luis Potosí y Santa Inés, Querétaro) y otros al centro-sur (poblaciones restantes; Fig. 3). Sin embargo, aunque los resultados morfométricos de medidas craneales muestran un cierto grado de diferenciación entre las poblaciones del norte y las de Oaxaca, no detectaron la presencia de especies crípticas y sugieren que la morfometría geométrica podría ser útil para distinguir las sutilezas morfológicas entre ellas. En dicho trabajo se concluye que *P. fuvvus* es un complejo de dos especies (*P. fuvvus* y *P. latirostris*). Sin embargo, no se hace ninguna aclaración con respecto a las poblaciones de Puerto de la Soledad, Oaxaca, a pesar de la larga distancia genética





que sugiere representar un linaje independiente, como lo señalaron Harris y Rogers (1999) y Harris *et al.* (2000).

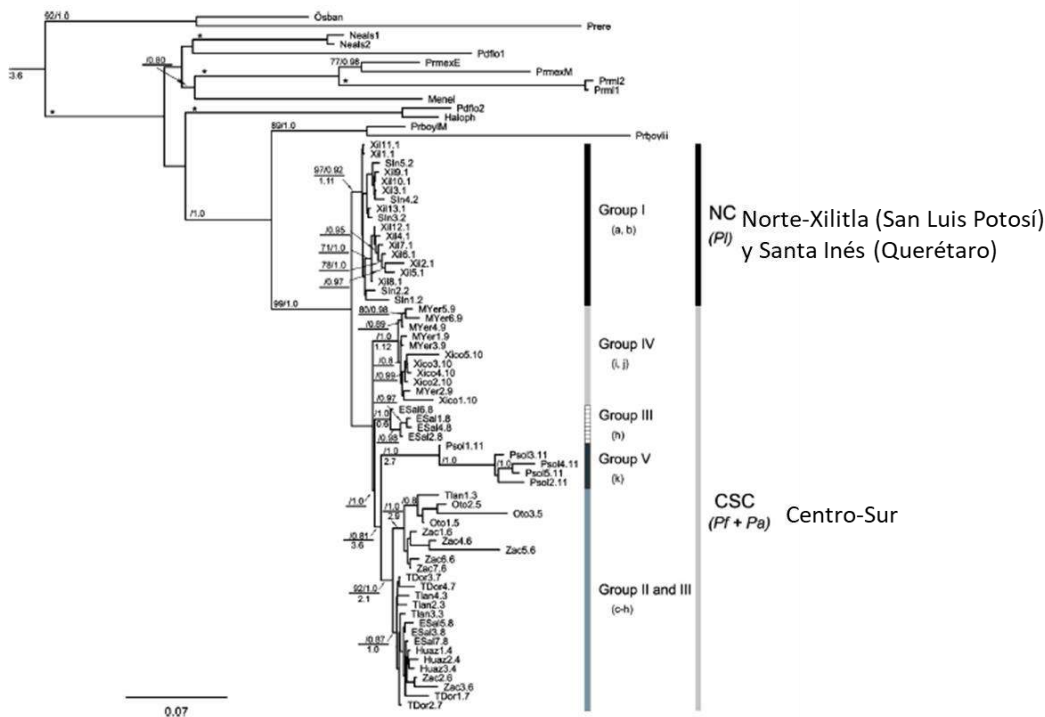


Figura 4. Relaciones evolutivas de las poblaciones de *Peromyscus furvus* basados en los genes mitocondriales ND3-ND4. Tomado y modificado de Ávila-Valle *et al.* (2011).

Recientemente Cruz-Gómez *et al.* (2021), cuestionaron el estado monotípico de *P. furvus sensu lato*, para esto, agruparon a la especie en cuatro grupos genéticos: GG1 (*P. latirostris*) de San Luis Potosí y Querétaro; GG2 (*P. angustirostris*), de Hidalgo, Puebla y Veracruz; GG3 (*P. furvus*) del centro de Veracruz y GG4 de Puerto de la Soledad, Oaxaca.

Debido a que los trabajos de Harris *et al.* (2000) y Ávila-Valle *et al.* (2011) propusieron dos escenarios distintos con el uso de diferentes genes: el primero con Puerto de la Soledad, Oaxaca como el más divergente del resto de *P. furvus* y el





segundo nos dice que en realidad es Xilitla, San Luis Potosí el más divergente. Cruz-Gómez *et al.* (2021) decidieron utilizar cuatro genes mitocondriales (Cytb y ND3-ND4L-ND4) con las respectivas bases de datos por separado y combinadas. Esto para estimar arboles filogenéticos basados en tres métodos: inferencia bayesiana, máxima verosimilitud y máxima parsimonia. Además, llevaron a cabo análisis de divergencia genética dentro y entre grupos genéticos y construyeron redes de haplotipos. De acuerdo con sus resultados, los autores rechazan la hipótesis de que *P. fuvvus sensu lato* sea una especie monotípica e indican que comprenden tres especies: *P. latirostris*, *P. fuvvus* y una especie nueva de Puerto de la Soledad, además de dos subespecies dentro de *P. fuvvus*: *P. f. fuvvus* y *P. f. angustirostris*.

### 2.3 Taxonomía integrativa

Desde hace muchos años, los taxónomos han integrado diferentes métodos para evaluar el estado taxonómico de las especies y tomar una decisión más precisa sobre su descripción y delimitación (Smith *et al.* 1995; Malta *et al.* 1999; Shaw y Allen 2000; Bena 2001; Baker *et al.* 2003; García-Paris *et al.* 2003; Finlay 2004)

Tomando en cuenta estos antecedentes, en el 2005, Dayrat, propone el concepto de “taxonomía integrativa”, el cual es un enfoque integrador de la taxonomía en la que múltiples líneas de evidencia de diferentes conjuntos de caracteres (por ejemplo, morfológicos, genéticos, ecológicos, etc.) se analizan para identificar linajes evolutivos con la finalidad de describir y delimitar a la biodiversidad desde múltiples y complementarias perspectivas.

Este concepto ha sido apoyado por diferentes autores y se ha aplicado para la descripción de especies de diferentes grupos taxonómicos incluyendo a los mamíferos (Juste *et al.* 2012; Fan *et al.* 2017; Görföl y Gábor 2018; Teta y Díaz-Nieto 2019; Giarla *et al.* 2021). A pesar de que algunos aspectos de dicho enfoque han sido criticados por diferentes autores (Valdecasas *et al.* 2005; Wheler 2008), todos están de acuerdo en que la taxonomía se beneficia del conocimiento avanzado de diferentes disciplinas. Por lo tanto, resulta adecuado una reevaluación







taxonómica de *Peromyscus furvus sensu lato* desde un enfoque de la taxonomía integrativa.

#### 2.4 Morfometría geométrica

La morfometría geométrica surgió en la década de los 80's como la "fusión empírica de la biología con la geometría" (Bookstein 1982) ya que comprende el estudio de la forma en un espacio bi o tridimensional, a partir del desplazamiento de un conjunto de puntos morfométricos o "*landmarks*" (Van der Molen *et al.* 2007). La morfometría geométrica permite estudiar los cambios morfológicos, así como la descripción, análisis e interpretación cuantitativa de la forma y tamaño de los organismos o de alguna de sus estructuras utilizando análisis estadísticos multivariados.

En contraste, la morfometría tradicional, utiliza variables lineales como medidas, distancias, ángulos o proporciones, con las que se obtienen un conjunto de datos, descriptores de forma, que se analizan por métodos estadísticos multivariados (Rohlf y Marcus 1993; Zelditch *et al.* 2004).

En este tipo de morfometría, las variables tienen una alta correlación con el tamaño, a pesar de los métodos de corrección que existen (Rohlf y Marcus 1993). Por otro lado, dentro de la morfometría geométrica existen dos conceptos fundamentales: la forma (*shape*), que es una propiedad geométrica de un objeto que permanece después de remover los efectos de la escala, la rotación y la traslación (Kendall 1977; Bookstein 1996) y el tamaño, que está definido por el tamaño del centroide, que constituye una estimación geométrica de la dimensión de un objeto en todas las direcciones respecto a su centro de gravedad (Bookstein 1991). En la morfometría geométrica es posible evaluar la forma y el tamaño por separado sin perder información sobre la relación entre ellos debido a que son características biológicas que están íntimamente ligadas (Zelditch *et al.* 2004).

Los análisis de morfometría geométrica utilizan dos conceptos para los análisis, uno es la homología biológica y el otro es la localización geométrica. La primera hace referencia a la correspondencia biológica de determinadas estructuras o partes entre individuos (Bookstein 1986), mientras que la localización geométrica se refiere





a la configuración espacial en dos o tres dimensiones de estas estructuras o partes (Klingenberg y Monteiro 2005). Por último, permite obtener una forma promedio que representa a todos los miembros de cada población lo que ayuda a realizar comparaciones y observar en las rejillas las deformaciones de cada estructura (Toro *et al.* 2010).

## 2.5 Morfometría geométrica de roedores en México

La morfometría geométrica es una herramienta que actualmente se utiliza en estudios con roedores en diferentes áreas de estudio. Para la taxonomía ha sido de gran utilidad para encontrar patrones de variación intraespecíficos en la forma de los cráneos y mandíbulas de las especies que no son detectables con medidas lineales, lo cual contribuye al descubrimiento de especies crípticas dentro del orden Rodentia (Yazdi *et al.* 2012; Astúa *et al.* 2015, Martínez *et al.* 2016, Khemiri *et al.* 2016, Alhajeri *et al.* 2021).

En México se han realizado estudios donde se hace uso de la morfometría geométrica para determinar diferencias entre grupos, poblaciones o especies de ratones. Por ejemplo, Mayares (2012), la utilizó para estimar la variación en *Reithrodontomys sumichrasti*, confirmando que existe variación entre algunas de sus poblaciones, la cual reflejaba parcialmente los agrupamientos obtenidos con datos moleculares. En su trabajo se fortalece la propuesta de que las muestras del sureste mexicano deben reconocerse como otra especie.

Otro ejemplo es el estudio de Nava-García (2016), quien evaluó la sistemática de *Reinthrodontomys megalotis* a partir de marcadores moleculares y morfométricos. Con métodos de morfometría geométrica y análisis multivariados determinó que existe poca variación morfológica en la forma del cráneo y la mandíbula. Además, señaló que la vista ventral del cráneo es la estructura ósea que mejor recupera las relaciones filogenéticas y, por lo tanto, coincide con la historia evolutiva de la especie.





También se ha hecho uso de la morfometría geométrica para describir la variación entre especies, como en el estudio de Vallejo *et al.* (2017), en el analizaron los patrones de variación morfológica y diferenciación en cráneo y mandíbula entre y dentro de las especies del género *Megadontomys*. En este trabajo se reconocieron tres morfotipos en el género, que coinciden con la delimitación de las tres especies descritas. Particularmente, se reportaron diferencias en la forma de cráneos y mandíbulas entre las especies, siendo *M. cryophilus* y *M. thomasi* los más divergentes. Además, se reconoció la existencia de dos grupos dentro de *M. thomasi*, lo que respalda su reconocimiento como unidades significativas evolutivas sugeridas previamente con datos moleculares (Vallejo y González-Cózatl 2012).

Además, esta técnica ha servido, en conjunto con la evidencia molecular, para el descubrimiento de especies crípticas dentro del género *Peromyscus*, como lo hicieron Bradley *et al.* (2014), quienes, con evidencia morfométrica, cariotípica y molecular indicaron que los especímenes de la región de la Sierra Madre Occidental de Nayarit de *P. boylii* representan una especie no descrita de *Peromyscus*.

## 2.6 Modelado de nicho ecológico

El modelado de nicho ecológico es una herramienta comúnmente utilizada para caracterizar los requerimientos ambientales de las especies e identificar las áreas geográficas adecuadas para su distribución potencial utilizando algoritmos matemáticos, lo cual permite explorar la divergencia ecológica y geográfica entre poblaciones o especies (Warren *et al.* 2008; Anderson 2012). Ha sido ampliamente usado para inferir sobre los límites de especies, los mecanismos de especiación y el conservadurismo de nicho ecológico (Raxworthy *et al.* 2007; Peterson *et al.* 2011, Tocchio *et al.* 2014).

Durante las últimas dos décadas, este tipo de análisis se ha fortalecido a partir del desarrollo de tecnologías informáticas enfocadas en el desarrollo de algoritmos, *software* y paqueterías de acceso (Mota-Vargas *et al.* 2019).





Para entender la base teórica del su funcionamiento, Soberón y Peterson (2005) desarrollaron un esquema conocido como el “diagrama BAM”, el cual se fundamenta en la intersección de tres subconjuntos o factores en la geografía (Fig.5). El primer factor, el círculo A representa a las condiciones abióticas, el círculo B a las condiciones bióticas, y el círculo M es el área de accesibilidad geográfica para la especie. El área donde se interceptan los tres factores pertenece al área teóricamente ocupada por la especie ( $G_o$ ). Por otro lado, el área de intersección entre las condiciones bióticas y abióticas adecuadas, pero no accesible para la especie, corresponde con un área de potencial invasión ( $G_i$ ), mientras que la suma de  $G_o$  y  $G_i$  corresponde con la distribución potencial de la especie o  $G_p$  (Fig. 5). Por lo que, el modelado de nicho ecológico tiene como propósito la estimación de  $G_p$  de tal manera que, estos modelos podrían predecir condiciones ambientalmente óptimas, incluyendo donde se encuentra la especie, más las regiones que históricamente no han sido accesibles, pero que potencialmente podría ocupar la especie (Soberón y Peterson, 2005).

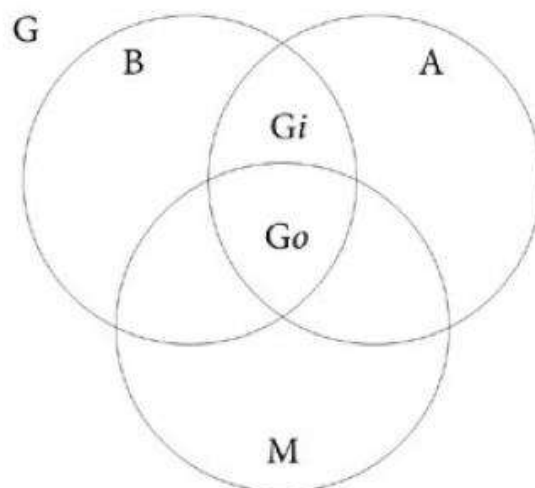


Figura 5. Diagrama BAM que representa las condiciones bióticas (B), abióticas (A) y de accesibilidad o movimiento (M) para las especies y que determinan sus distribuciones geográficas. Tomado de Soberón y Peterson (2005).





## 2.7 Modelado de nicho ecológico en la taxonomía

El modelado de nicho ecológico se ha utilizado como herramienta para resolver problemas taxonómicos de diferentes grupos de organismos como Martínez-Gordillo *et al.* (2010), quienes utilizaron un algoritmo genético para la producción de conjuntos de reglas (GARP) para modelar el nicho ecológico como un medio de inferir la divergencia ecológica en poblaciones alopátricas de roedores mexicanos para los cuales la identidad taxonómica era incierta. Entre esas especies se encontraban dos del género *Peromyscus*, incluida *P. fuvvus*, de los cuales agruparon sus poblaciones en tres grupos (norte, centro y sur) y sus resultados respaldaron la conclusión de que el grupo del norte tiene un nicho diferente de las unidades restantes. Asimismo, las poblaciones más al sur también mostraron una diferenciación ecológica significativa.

Otro ejemplo, es el trabajo de Zhang *et al.* (2014) quienes modelaron el nicho ecológico de las subespecies de geckos tokay de Asia: *Gecko gecko gecko* y *G. g. azhari*, para obtener información adicional sobre la distinción taxonómica de estas dos entidades. Detectaron una significativa diferenciación de nicho entre ambas subespecies, lo que contribuyó a la información genética y morfológica, que sugiere que deben de considerarse como dos especies distintas.

Minoli *et al.* (2014) evaluaron la precisión de los análisis morfométricos tradicionales y de modelado de nicho ecológico más comunes, para detectar diferencias entre cinco especies de lagartos de la Patagonia del complejo de especies *Liolaemus fitzingerii*. Basándose en sus resultados, apoyan parcialmente la hipótesis de que las especies pueden diferenciarse mediante análisis morfométricos clásicos, además, encontraron un fuerte apoyo a la hipótesis de que estos taxones pueden diferenciarse a través de sus nichos climáticos.

Aunque comparar los nichos ecológicos de las especies por medio de una prueba de identidad de nicho ha sido de gran utilidad para poner a prueba hipótesis sobre el estado taxonómico de las especies basadas en otro tipo de evidencias (Debandi *et al.* 2012; Blair *et al.* 2013; Zhang *et al.* 2014; Pelletier *et al.* 2015). También es posible utilizar el modelado de nicho para detectar posibles barreras geográficas





que podría jugar un papel importante en el mantenimiento de poblaciones aisladas y, por lo tanto, su diferenciación fenotípica y genética (Wright 1943; Slatkin 1987; Bohonak 1999).

Si los modelos de nicho son transferidos a escenarios climáticos pasados (e.g. a través de los ciclos glaciales-interglaciales del Cuaternario), es posible inferir la posible historia de conectividad, fragmentación y aislamiento de las poblaciones (Guevara, 2019), lo cual es importante para evaluar el estado taxonómico de las especies.

Actualmente, existen trabajos en que hacen uso de paleodistribuciones por medio del modelado de nicho para analizar el papel de los cambios en la distribución potencial de las especies a través del tiempo en su diferenciación y delimitación (Chen y Lou 2019, León-Tapia 2021; León-Tapia *et al.* 2021).

### 3.- JUSTIFICACIÓN

La delimitación taxonómica de las poblaciones de *Peromyscus furvus* ha sido problemática a lo largo de su historia taxonómica. Los recientes análisis filogenéticos han señalado la existencia de especies crípticas dentro de la especie, por lo que resulta importante utilizar un enfoque de taxonomía integrativa (Dayrat 2005). Así, se espera generar, información taxonómica sólida y estable que pueda contribuir a la conservación de *P. furvus*, la cual aunque no está en una categoría de riesgo, presenta una insuficiencia de datos (Castro-Arellano y Vázquez 2019) y el Gobierno Mexicano no la incluye en ninguna categoría de amenaza (SEMARNAT 2002; 2010). Además, *P. furvus (sensu lato)* se distribuye en uno de los ecosistemas más vulnerables y amenazados del país, el bosque mesófilo de montaña (Sánchez-Ramos y Dirzo 2014). Bajo el concepto de la taxonomía integrativa (Dayrat 2005), en este trabajo se utilizarán herramientas modernas de morfometría y modelado de nicho ecológico, así como una mayor cantidad de datos obtenidos en los últimos años, para determinar si alguna de las subespecies de *P. furvus sensu lato* (*P. f. latirostris*, *P. f. angustirostris* y *P. f. furvus*) y la población de





Puerto de la Soledad se diferencian en su morfología además de detectar cambios en su distribución potencial a través del tiempo.

## 4.- OBJETIVOS

### 4.1 Objetivo general

Evaluar la delimitación taxonómica de las subespecies de *P. fuvvus sensu lato* y la población de Puerto de la Soledad mediante el uso de morfometría geométrica y modelado de nicho ecológico.

### 4.2 Objetivos específicos

- Evaluar la variación en forma del cráneo y la mandíbula entre *P. f. fuvvus*, *P. f. angustifostris* y los individuos de Puerto de la Soledad con técnicas de morfometría geométrica.
- Detectar posibles barreras geográficas en la distribución de *P. fuvvus sensu lato*, mediante la estimación de su distribución potencial en el presente y en el Último Máximo Glacial.

## 5.- HIPÓTESIS

Si los grupos comparados representan especies cripticas se verá reflejado en aislamiento geográfico prolongado, además, mostrará diferencias significativas en la forma de su cráneo y mandíbula.

## 6.-METODOLOGÍA

### 6.1 Revisión de material biológico y datos de colecta

Se realizó una búsqueda en la base de datos del Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad de México (SNIB) y de la *Global Biodiversity Information Facility* (GBIF), de ejemplares de las poblaciones de la distribución total de *P. fuvvus* en colecciones científicas (Anexo 1). Los especímenes empleados en los análisis





morfométricos se encuentran depositados en la Colección de Mamíferos del Centro de Investigación en Biodiversidad y Conservación (CMC) de la Universidad Autónoma del Estado de Morelos y en la Colección Nacional de Mamíferos (CNMA) de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM).

Como grupos de comparación, se tomaron en cuenta los cuatro grupos genéticos que utilizaron Cruz-Gómez *et al.* (2021), los cuales incluyen a las subespecies de *P. furvus sensu lato*: *P. f. latirostris*, *P. f. angustirostris* y *P. f. furvus*, además de la población de Puerto de la Soledad, Oaxaca.

## 6.2 Análisis de Morfometría Geométrica

Se tomaron fotografías de la vista ventral del cráneo y lateral de la mandíbula, ya que estudios previos con roedores han demostrado que el análisis de estas estructuras permite detectar variación intraespecífica, incluso a escala microgeográfica (Sans-Fuentes *et al.* 2009). Además, este método permite visualizar gráficamente las diferencias individuales o grupales, así como las variaciones presentes dentro de una población (Rohlf y Marcus 1993). Se consideraron individuos adultos con la finalidad de evitar variaciones ontogénicas que puedan influir en la forma (Monteiro y Reis 1999), los cuales fueron identificados por la presencia y grado de desgaste del tercer molar (Hooper 1957).

Sobre las fotografías se digitalizaron 20 puntos anatómicos de referencia (*landmarks*) en la vista ventral del cráneo y 11 puntos en vista lateral de la mandíbula. La posición de cada marca fue elegida consultando trabajos previos que trabajaron con especies del género *Peromyscus* (Lorenzo 2015; Nava 2016), bajo el supuesto de que estos puntos son homólogos entre individuos (Zeldich *et al.* 2004). Asumiendo que el cráneo y la mandíbula son estructuras que presentan simetría bilateral, sólo se colocaron marcas en un lado de la estructura. En dichas estructuras también se colocaron semimarcas (*semilandmarks*) para tener una mejor cobertura de su forma. Las semimarcas son una serie de puntos que se ubican a lo largo de una curva donde no hay puntos anatómicos de referencia discretos (Bookstein 1997) (Figuras 6 y 7, tablas 1 y 2).







Las marcas y semimarcas se digitalizaron con los programas TPSdig, previo a este paso se digitalizan peines y abanicos con el programa MakeFan8 (Sheets 2014). Una vez hecho lo anterior, se realizó un análisis de superposición de Procrustes Generalizado y se deslizaron las semimarcas con el método de distancias Procrustes para obtener las coordenadas procrustes y el tamaño del centroide en el módulo CoordGen8 (Sheets 2014) y en Tpsrelw32 (Rolph 2019). Además de un análisis de regresión en MorphoJ (Klingenberg 2011) para determinar si el tamaño del cráneo influye en la forma del mismo.

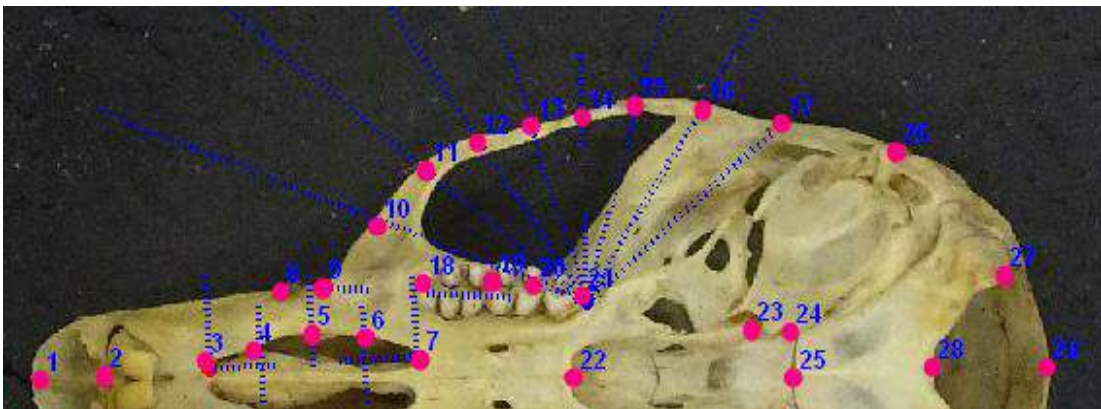


Figura 6. Configuración de marcas y semimarcas para la vista ventral del cráneo.





Tabla 1. Descripción de las marcas y semimarcas de la configuración para la vista ventral del cráneo.

1. Extremo anterior del nasal
2. Base de los incisivos
3. Extremo anterior del foramen incisivo
4-6. Semimarcas del foramen incisivo
7. Extremo posterior del foramen incisivo
8. Extremos exteriores de las suturas premaxilar-maxilar
9. Margen entre el maxilar y el cigomático
10-16. Semimarcas del arco zigomático
17. Extremo posterior del arco cigomático
18. Punto más anterior de la fila molar
19. Unión entre el 1º molar y el 2º molar
20. Unión entre el 2º molar y el 3º molar
21. Proceso pterigoideo externo
22. Margen posterior del palatino
23. Huesecillo de la fosa mesopterigoidea
24. Extremo del basiesfenoides
25. Basiesfenoides
26. Bula timpánica
27. Borde superior del foramen magnum
28. Extremo anterior del foramen magnum
29. Extremo posterior del foramen magnum



Figura 7. Configuración de marcas y semimarcas para la vista lateral de la mandíbula.





Tabla 2. Descripción de las marcas y semimarcas de la configuración para la vista lateral de la mandíbula.

1. Margen ventral de la apertura del alveolo de los incisivos
8. Extremo caudal del proceso angular
11. Margen posterior del cóndilo mandibular
12. Margen anterior del cóndilo mandibular
13. Punto de máxima curvatura interna del proceso coronoide
14. Proceso coronoide
17. Borde anterior del tercer molar
18. Borde anterior del segundo molar
19. Borde anterior del primer molar
20. Sobre la base de los molares y el diastema
21. Margen dorsal de la apertura del alveolo de los incisivos
2-7, 15-16. Semimarcas

Una vez realizada la Superposición Procrustes y el deslizamiento de las semimarcas, se evaluó el dimorfismo sexual respecto a la forma con una prueba F de Goodall mediante el programa Twogroups8 (Sheets, 2014). Posteriormente, se llevó a cabo un Análisis de Componentes Principales (ACP) con el programa PCAGen8 (Sheets, 2014). El ACP construye variables que pueden usarse para describir y ordenar la variación entre individuos dentro de una muestra. Finalmente, se realizó un Análisis de Variables Canónicas (AVC), para esto se hizo una reducción de variables debido a que el número de individuos por grupo es menor que el número de variables morfométricas. Esta reducción de variables implicó utilizar los primeros 15 componentes principales del cráneo y 9 de la mandíbula, en el programa CVAGen8 (Sheets 2014).

Como grupos a priori para el AVC se utilizaron los individuos de las subespecies *P. f. angustirostris*, *P. f. fuvus* y los individuos de Puerto de la Soledad, Oaxaca. Por falta de ejemplares, no se pudo incluir a la subespecie *P. f. latirostris*. En ambos análisis se generaron rejillas de deformación mediante la función de *Thin-plate Spline*, exageradas a 2, para observar mejor el cambio en la forma de las estructuras





analizadas en cada extremo de los ejes respecto a la configuración consenso (Bookstein 1991).

Posteriormente, se realizaron dos análisis de varianza por estructura, el primero para estimar si hay diferencias en la forma entre los grupos y el segundo para estimar si hay diferencias del tamaño del centroide entre los grupos, estos análisis se hicieron con los paquetes Geomorph versión 4.03 (Adams *et al.* 2022) de la plataforma estadística R 4.1.3 (R Core Team 2022). Finalmente se hicieron pruebas de F de Goodall mediante el programa Twogroups8 (Sheets 2014) para comparar la forma de los tres grupos comparándolos de forma pareada.

### **6.3 Análisis de Nicho Ecológico**

La estimación del nicho ecológico se realizó con el método de máxima entropía en el programa Maxent v. 3.4.0, que consiste en encontrar la distribución de probabilidad de la máxima entropía (la distribución más extendida o cercana a la uniforme), sujeta a restricciones impuestas por la información disponible con respecto a la distribución observada de las especies y las condiciones ambientales en el área de estudio (Elith *et al.* 2006; Phillips *et al.* 2006; Pearson *et al.* 2007).

Para la obtención de los modelos, se tomaron como puntos de presencia las coordenadas de sitios de recolecta de los ejemplares examinados en las colecciones científicas consultadas. Se utilizaron las mismas poblaciones de sus análisis filogenéticos y se agregaron las más cercanas a éstas para ampliar el número de muestra por cada unidad (Fig.8)



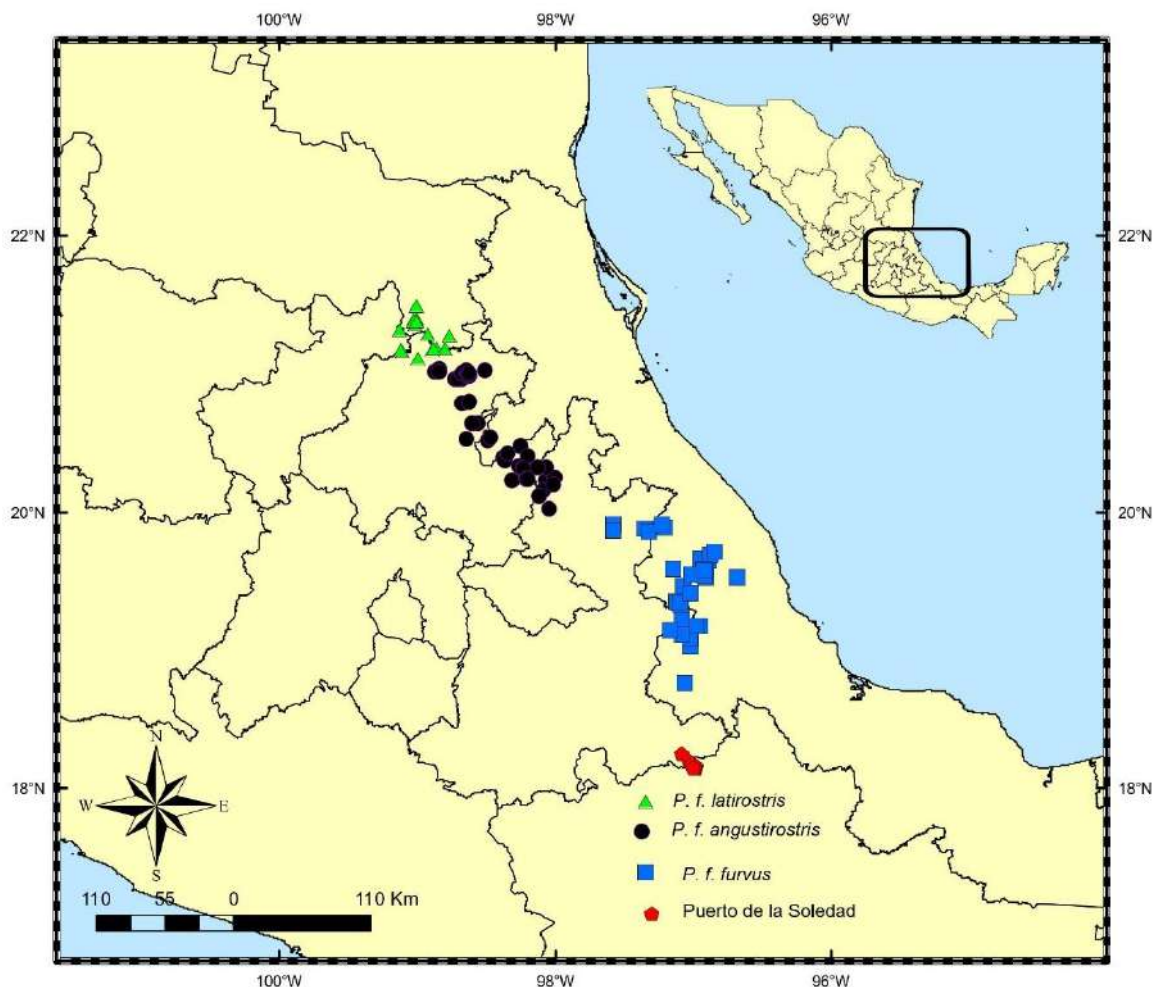


Figura 8. Poblaciones de *Peromyscus furvus* (Anexo 1) que se utilizaron para el modelado de nicho ecológico agrupadas en cuatro grupos. Fuente: Elaboración propia.

Una vez obtenidos los datos de presencia de *P. furvus*, con un total de 115 registros, se redujo el número de puntos para evitar el sesgo de muestreo eliminando aquellas localidades que tuvieran cercanía de 10 km o menos, quedando un total de 45 registros. Este procedimiento se realizó con el paquete SPTHIN en R (Aiello-Lammens *et al.* 2019).

Después, se delimitó el área de estudio a un margen de 0.5 grados UTM que abarca todos los registros por medio de un buffer (Figura 9). A partir de esta área se obtuvieron 30,000 puntos de trasfondo con coordenadas.



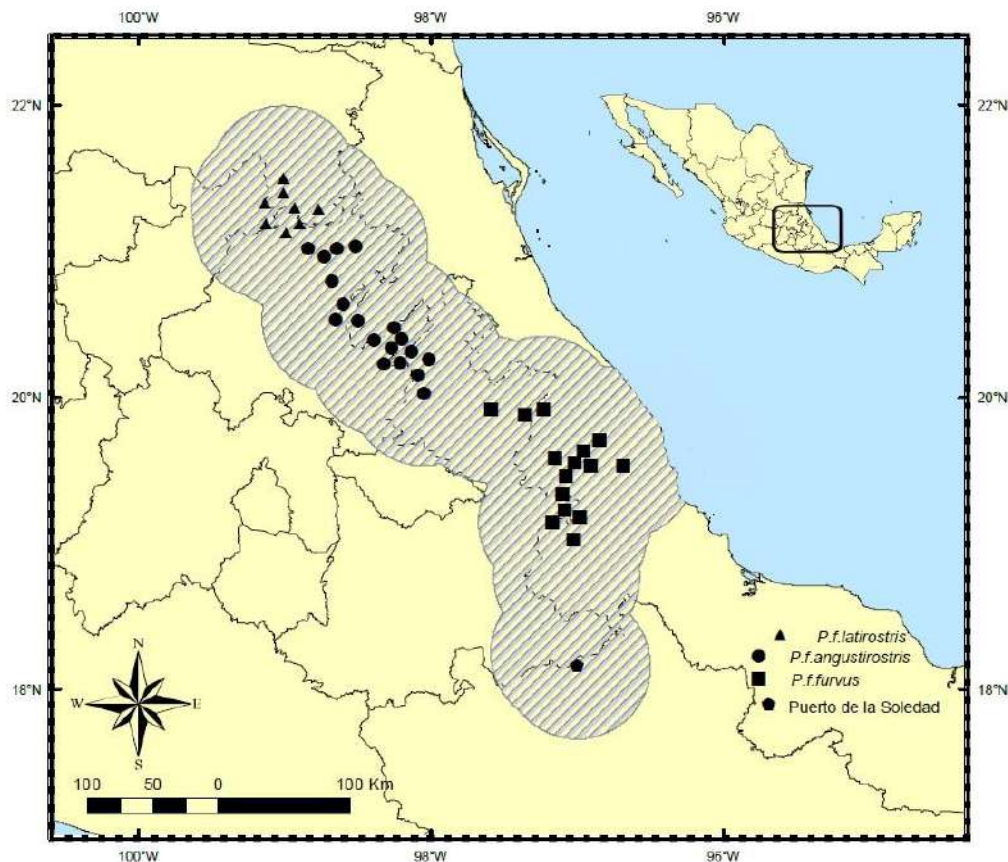


Figura 9. Delimitación del área de estudio a partir de un buffer alrededor de los puntos de presencia de *Peromyscus furvus* después del adelgazamiento de los datos. Fuente:

Elaboración propia.

Además, como predictores de distribución se utilizaron 6 variables bioclimáticas de la base de datos de Worldclim2 (Fick y Hijmans 2017): BIO 01 (temperatura media anual), BIO 05 (temperatura máxima del mes más cálido), BIO 06 (temperatura mínima del mes más frío), BIO 12 (precipitación anual), BIO 13 (precipitación del mes más húmedo), BIO 14 (precipitación del mes más seco). La selección de dichas variables fue debido que se ha demostrado que son ecológicamente informativas para especies de bosques nublados de montaña (Guevara *et al.* 2018). Estas variables bioclimáticas se trabajaron con una resolución de 30 segundos ( $\approx 1 \text{ km}^2$ ). También se descargaron las mismas variables para el Último Máximo Glacial a una resolución de 2.5 minutos.





Posteriormente, se utilizó el coeficiente de correlación de Pearson para eliminar a las variables bioclimáticas correlacionadas para evitar el problema de la multicolinealidad entre variables (Mota-Vargas *et al.*, 2019). El análisis de correlación mostró que, de las 6 variables bioclimáticas, 4 estaban altamente correlacionadas ( $>0.8$ ): BIO1, BIO5, BIO12 y BIO13. Por lo tanto, sólo se utilizaron la BIO5 (temperatura máxima del mes más cálido), BIO6 (temperatura mínima del mes más frío) y BIO14 (precipitación del mes más seco). Una vez elegidas las variables bioclimáticas, estos valores se agregaron a los puntos de presencias y de trasfondo para los análisis posteriores. Estos procedimientos se hicieron con el programa ArcGIS 10.8 (ESRI, 2020).

Como análisis exploratorio para comparar entre los grupos, se obtuvo un diagrama de tres dimensiones para visualizar la dispersión en los valores de las variables climáticas para todos los puntos de presencia.

Se estimaron 15 modelos con diferentes combinaciones de clases de entidades y multiplicadores de regularización con el paquete ENMeval en R (Muscarella *et al.* 2014). Se eligió el modelo con el delta AICc más bajo (Información de Akaike Criterio corregido para tamaños de muestra pequeños).

Para obtener la distribución potencial de *P.furvus* durante el Último Máximo Glacial, se utilizaron dos estimaciones de Modelos de Circulación Global (GCM): el Modelo del Sistema Climático Comunitario (CCSM3; Collins *et al.* 2006) y el Modelo Interdisciplinario para Investigación sobre el clima (MIROC-ESM; Hasumi y Emori 2004). Las curvas de respuesta fueron extrapoladas usando el método sin restricción. Por último, se convirtió la salida de los modelos a una predicción binaria de áreas adecuadas (0 = inadecuado; 1 = adecuado) (Guevara 2018; Guevara y Sánchez-Cordero 2018) utilizando la igualdad de sensibilidad y especificidad del entrenamiento para evaluar las tasas de omisión (Liu *et al.* 2005).







## 7.- RESULTADOS

### 7.1 Morfometría geométrica

Se fotografiaron un total 172 cráneos y 204 mandíbulas, agrupadas en tres grupos. El primero que representa a la subespecie *P. f. angustirostris* con 45 cráneos y 43 mandíbulas; el segundo a *P. f. furvus* con 83 cráneos y 52 mandíbulas y el tercero a Puerto de la Soledad, Oaxaca con 42 cráneos y 95 mandíbulas.

#### Dimorfismo sexual

La prueba F de Goodall para la vista ventral del cráneo y la mandíbula indicó que no hay diferencias significativas entre hembras y machos (Cráneo:  $F= 0.8$ ,  $df= 54$ ,  $9288$ ,  $P=0.84$ , distancia entre medias:  $0.0039$ ; Mandíbula:  $F= 1.36$ ,  $df= 38$ ,  $7752$ ,  $p=0.06$ , distancia entre medias:  $0.0098$ ). Por lo tanto, ambos sexos se trabajaron conjuntamente en los análisis posteriores.

#### Análisis de regresión

Los análisis de regresión para la vista ventral y lateral de la mandíbula por grupos mostraron que hay un efecto significativo del tamaño en la forma en casi todos los grupos. Sin embargo, este efecto representa menos del 10% por grupo (Tabla 3), por lo tanto, se descarta un efecto alométrico en la muestra analizada.







Tabla 3. Resultados de los análisis de regresión (forma vs tamaño) dentro de cada los grupos.

	<b>GRUPO</b>	<b>p</b>	<b>r<sup>2</sup></b>
<b>CRÁNEO</b>	<i>P. f. angustirostris</i>	0.23	0.06473
	<i>P. f. furvus</i>	0.001**	0.08379
	Puerto de la Soledad	0.001**	0.05494
<b>MANDÍBULA</b>	<i>P. f. angustirostris</i>	0.001**	0.09189
	<i>P. f. furvus</i>	0.003**	0.06356
	Puerto de la Soledad	0.001**	0.04982





## Análisis de componentes principales

En la vista ventral del cráneo, el componente principal 1 (PC1) explica el 15.06% de la variación total, en tanto que el componente 2 (PC2) explica el 10.76%. Un total de 15 componentes principales explican el 80% de la variación explicada. La gráfica de dispersión de los datos ejemplifica cómo se ordenan los individuos en relación a estos dos componentes. La Figura 10 muestra los patrones de variación correspondiente para cada componente, así como las rejillas de deformación para cada extremo de los ejes respecto a la configuración consenso.

En las rejillas de deformación los vectores con mayor desplazamiento fueron los que se encuentran en la región posterior del cráneo y en menor grado en la parte anterior, principalmente en el *foramen magnum* y en los nasales.

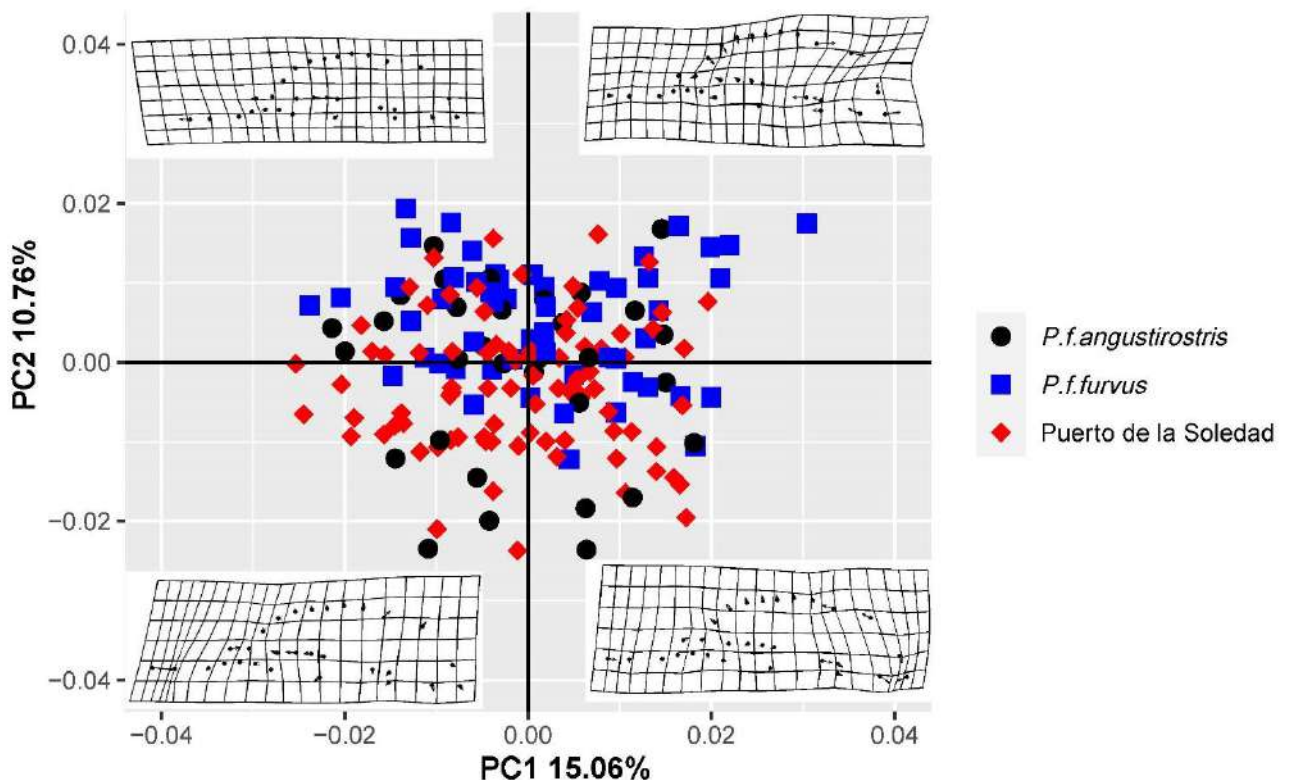


Figura 10. Gráfica de PCA de la vista ventral del cráneo de *Peromyscus furvus*. Se muestran las rejillas de deformación con 2 grados de exageración para cada extremo de los ejes de los primeros dos componentes principales.





En la vista lateral de la mandíbula, el componente principal 1 (PC1) explica el 30.85% de la variación total, en tanto que el componente principal 2 (PC2) explica el 14.20%. Un total de 9 componentes principales explican el 80% de la variación explicada. La gráfica de dispersión de los datos ejemplifica cómo se ordenan los individuos en relación a estos dos componentes. La Figura 11 muestra los patrones de variación correspondiente para cada componente, así como las gradillas de deformación para cada extremo de los ejes respecto a la configuración consenso.

En las gradillas de deformación, los vectores con mayor desplazamiento fueron los que se encuentran en los extremos del proceso coronoide y angular de la mandíbula.

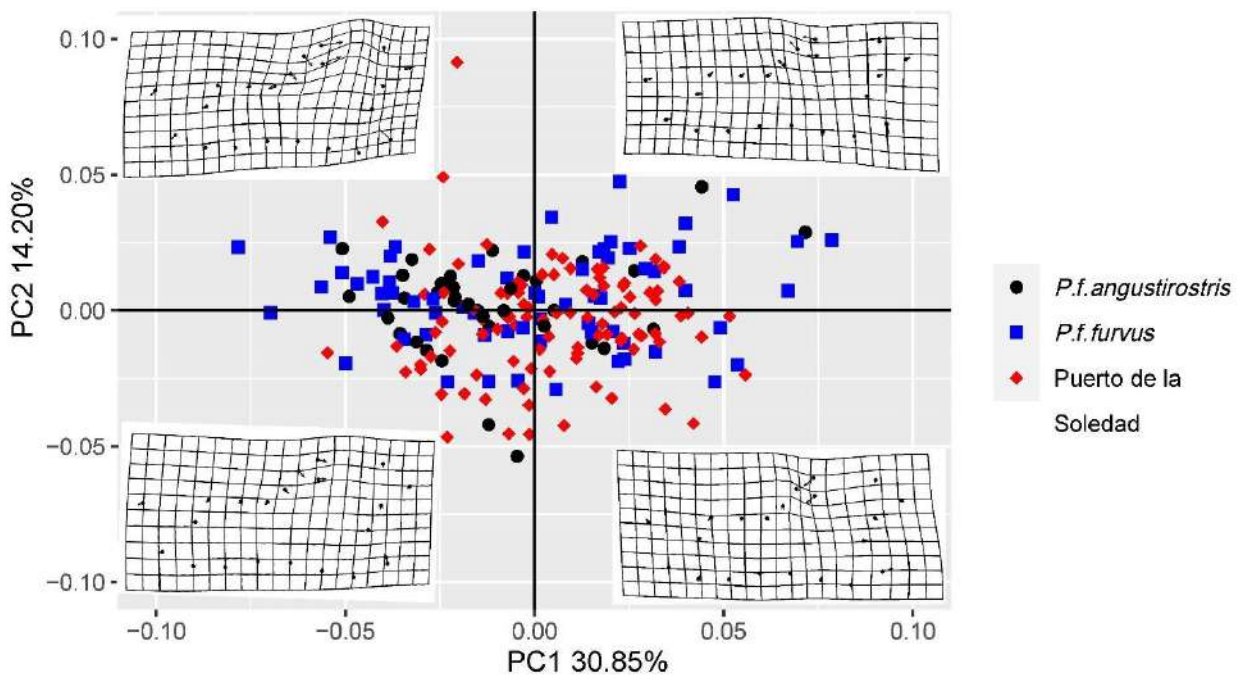


Figura 11. Gráfica de PCA de la mandíbula de *Peromyscus furvus*. Se muestran las rejillas de deformación con 2 grados de exageración para cada extremo de los ejes de los primeros dos componentes principales.





### Análisis de variables canónicas

Los resultados obtenidos con el CVA para la vista ventral del cráneo indicaron dos variables canónicas identificadas: CV1:  $\lambda = 0.5433$ ,  $P = < 0.001$ ; CV2:  $\lambda = 0.7979$  y  $P = < 0.001$  y un porcentaje de asignación del 65.6% (Anexo 2). En la gráfica de la Figura 12, se puede observar que *P. f. angustirostris* y Puerto de la Soledad se separan, mientras que *P. f. furvus* se traslapa con los dos anteriores.

Las gradillas de deformación para los dos extremos de los ejes del CV1 y CV2 muestra un mayor desplazamiento en la región posterior y media del cráneo, principalmente en el *foramen magnum* y el arco cigomático. Las gradillas donde se observan más deformaciones están en el primer, tercer y cuarto cuadrante. La gradilla del primer cuadrante, en donde se encuentran la mayoría de los individuos de *P. f. angustirostris*, se observa que el arco cigomático está más abierto hacia afuera, el espacio entre la placa cigomática y el maxilar es más delgado y el *foramen magnum* está más reducido. Por otro lado, en los cuadrantes tres y cuatro se puede observar la forma de la mayoría de *P. f. furvus* los cuales tienen un arco cigomático más abierto hacia adentro y un *foramen magnum* más amplio.



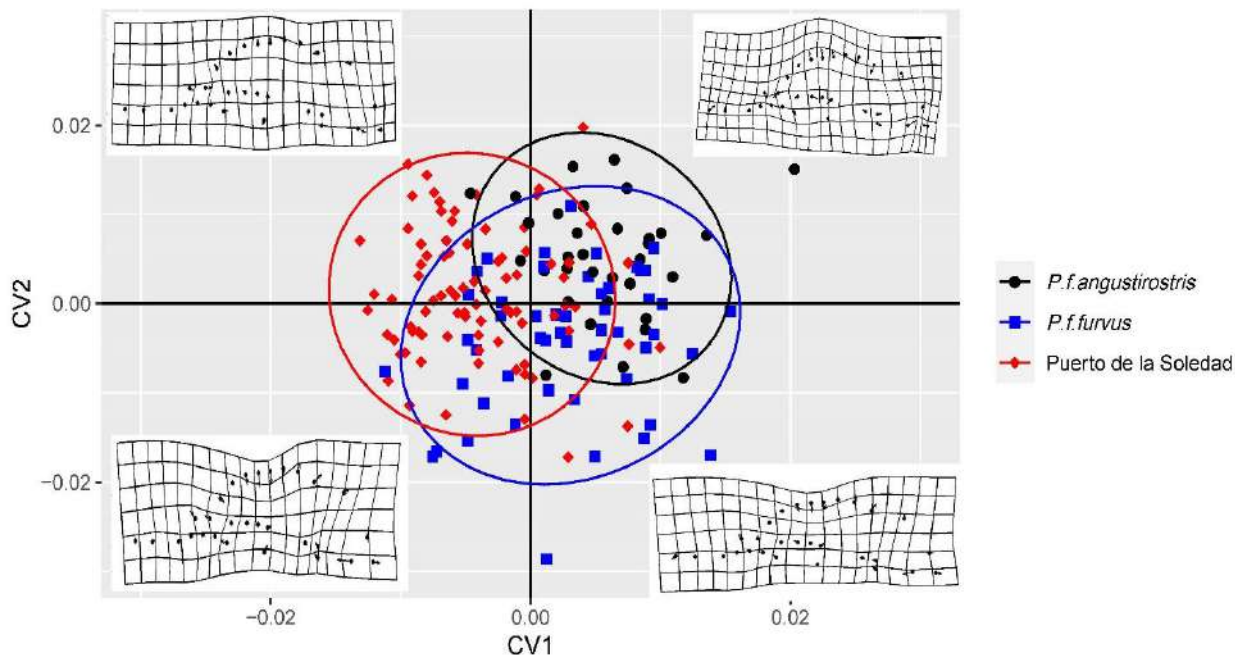


Figura 12. Gráfica de CV de la vista ventral del cráneo de los tres grupos comparados. Se muestran las gradillas de deformación con 2 grados de exageración para cada extremo de los ejes de las dos variables canónicas.

En la vista lateral de la mandíbula, los resultados obtenidos con el CVA indicaron dos variables canónicas: CV1:  $\lambda = 0.5022$ ,  $P < 0.001$ ; CV2:  $\lambda = 0.8832$  y  $P < 0.001$  con un porcentaje de asignación del 64.6% (Anexo 2). En la gráfica de la Figura 13, se puede observar cómo los tres grupos se separan ligeramente, aunque hay ciertas zonas en donde se traslapan. La gradilla de deformación para los dos extremos de los ejes del CV1 y CV2 muestran un mayor desplazamiento en el proceso coronóide y en el proceso angular de la mandíbula. Las rejillas donde se observan más deformaciones están en el primer y tercer cuadrante. En el primer cuadrante esta una gran parte de los individuos de Puerto de la Soledad y se observa que el extremo del proceso coronóide se dobla un ligeramente hacia adentro. Mientras





que, en el tercer cuadrante, donde está la mayoría de *P. f. angustirostris*, la forma del proceso coronoide se extiende hacia afuera

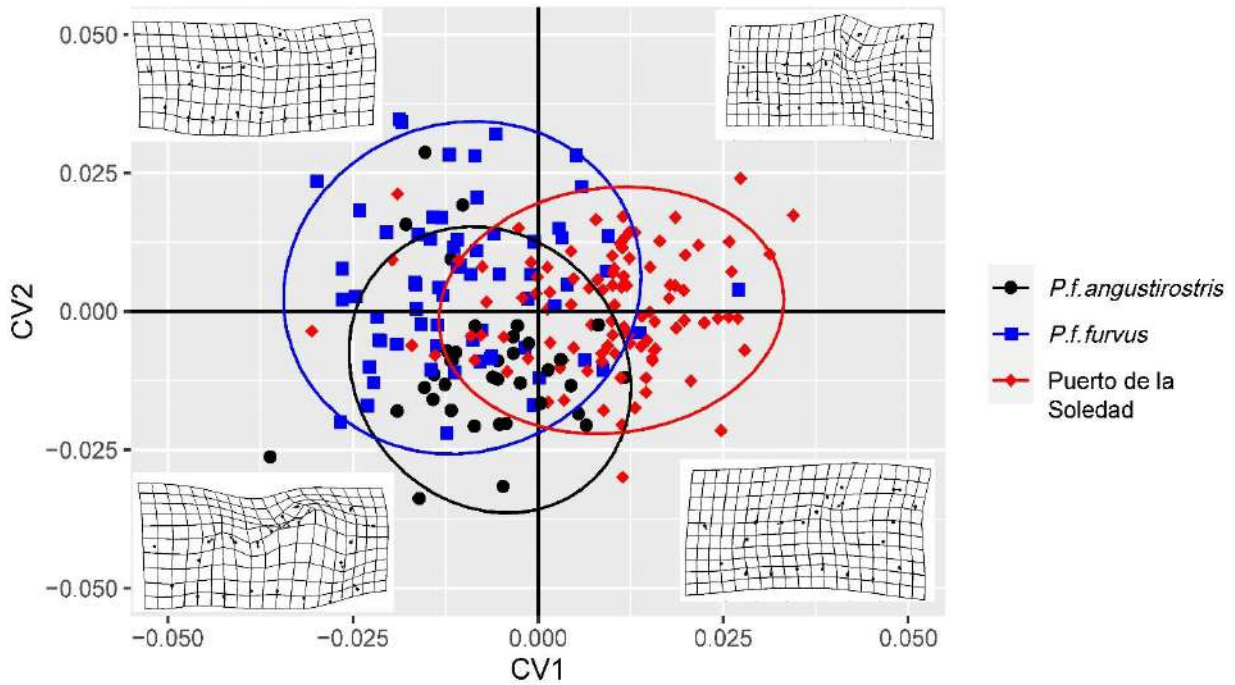


Figura 13. Gráfica de CV de la vista lateral de la mandíbula de los tres grupos comparados. Se muestran las gradillas de deformación con 2 grados de exageración para cada extremo de los ejes de las dos variables canónicas.





**Análisis inferenciales entre grupos**

Análisis de varianza

Los resultados de los análisis de varianza mostraron sí hay diferencias en la forma del cráneo y de la mandíbula entre grupos, lo mismo ocurre con el tamaño del centroide (Tablas 4 y 5).

Tabla 4. Resultados del análisis de varianza de la forma de las estructuras (distancias Procrustes).

FORMA							
Vista ventral del cráneo							
	gl	SS	CM	r <sup>2</sup>	F	Z	p
<b>Grupos</b>	2	0.005207	0.00260345	0.03696	3.2431	4.7772	0.001**
<b>Error</b>	169	0.135667	0.00080277	0.96304			
<b>Total</b>	172	0.140874					
Vista ventral de la Mandíbula							
	gl	SS	CM	r <sup>2</sup>	F	Z	p
<b>Grupos</b>	2	0.02449	0.0122441	0.05091	5.3909	5.887	0.001**
<b>Error</b>	201	0.45652	0.0022713	0.94909			
<b>Total</b>	204	0.48101					

Tabla 5. Resultados del análisis de varianza del tamaño del centroide las estructuras.

CENTROIDE							
Vista ventral del cráneo							
	gl	SS	CM	r <sup>2</sup>	F	Z	p
<b>Grupos</b>	2	434516	217258	0.07616	6.925	2.8843	0.002**
<b>Error</b>	168	5270681	31373	0.92384			
<b>Total</b>	172	5705197					
Vista lateral de la mandíbula							
	gl	SS	CM	r <sup>2</sup>	F	Z	p
<b>Grupos</b>	2	996965	498482	0.15637	18.628	4.7692	0.001**
<b>Error</b>	201	5378729	26760	0.84363			
<b>Total</b>	204	6375694					





Las pruebas F de Goodall comparando por pares a los tres grupos, indican que la forma de las estructuras de ningún grupo es parecida entre ellos (Tabla 6).

Tabla 6. Resultados de la prueba F de Goodall comparando a los grupos de forma pareada.

<b>Vista del cráneo</b>			
	F	gl	p
<b><i>P. f. angustirostris</i> vs <i>P. f. furtus</i></b>	2.06	54.00, 3996.00	<0.0001***
<b><i>P. f. angustirostris</i> vs Puerto de la Soledad</b>	4.7	54.00, 6264.00	<0.0001***
<b><i>P. f. furtus</i> vs Puerto de la Soledad</b>	7.51	54.00, 8208.00	<0.0001***
<b>Vista lateral de la mandíbula</b>			
	F	gl	p
<b><i>P. f. angustirostris</i> vs <i>P. f. furtus</i></b>	2.85	38.00, 3496.00	<0.0001***
<b><i>P. f. angustirostris</i> vs Puerto de la Soledad</b>	6.2	38.00, 6612.00	<0.0001***
<b><i>P. f. furtus</i> vs Puerto de la Soledad</b>	6.2	38.00, 6612.00	<0.0001***







## 7.2 Modelos de nicho ecológico

El análisis exploratorio mostró que los valores de las variables climáticas donde habitan *P. f. latirostris* y Puerto de la Soledad se diferencian entre ellos, en cambio, los valores de *P. f. angustirostris* y *P. f. furvus* se traslapan ligeramente con los otros. Además, *P. f. latirostris* habita en áreas con mayor temperatura y humedad que el resto (Fig.14).

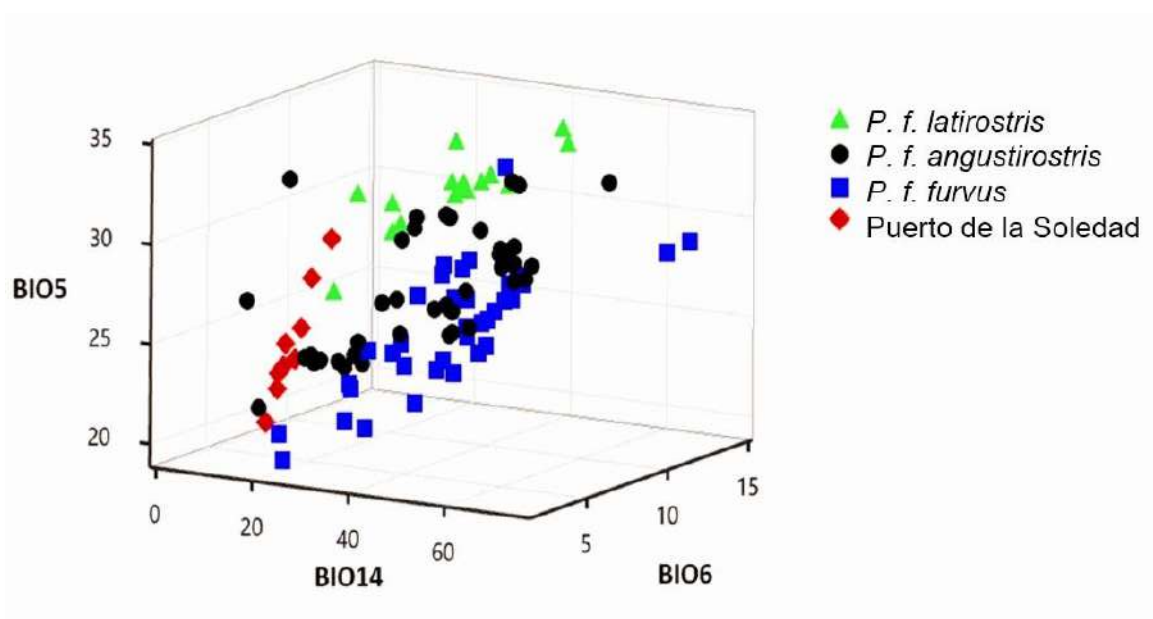


Figura 14. Gráfica de dispersión en tres dimensiones de las variables climáticas (BIO5, BIO6, BIO14) de la distribución potencial de *Peromyscus furvus* (*sensu lato*).

De los 15 modelos que se generaron, se seleccionó el modelo LQ1 como el modelo idóneo por tener el valor de delta AICc más bajo (0), lo cual indica que no hay diferencia en la puntuación AIC entre el mejor modelo y el modelo que se compara (Warren y Seifert 2011). También se midió el valor del área bajo la curva (AUC, por sus siglas en inglés) de la característica operativa del receptor (ROC) como una medida de la capacidad para discriminar áreas adecuadas frente a no adecuadas, el cual fue de 0.846 por lo que se considera un buen modelo (>0.5) .





Cuando este modelo es proyectado a la actualidad, muestra que las partes medias y altas de la Sierra Madre Oriental (de color rojo y naranja) tienen las condiciones ambientales más favorables para *P. furvus* (*sensu lato*) (Fig.15)

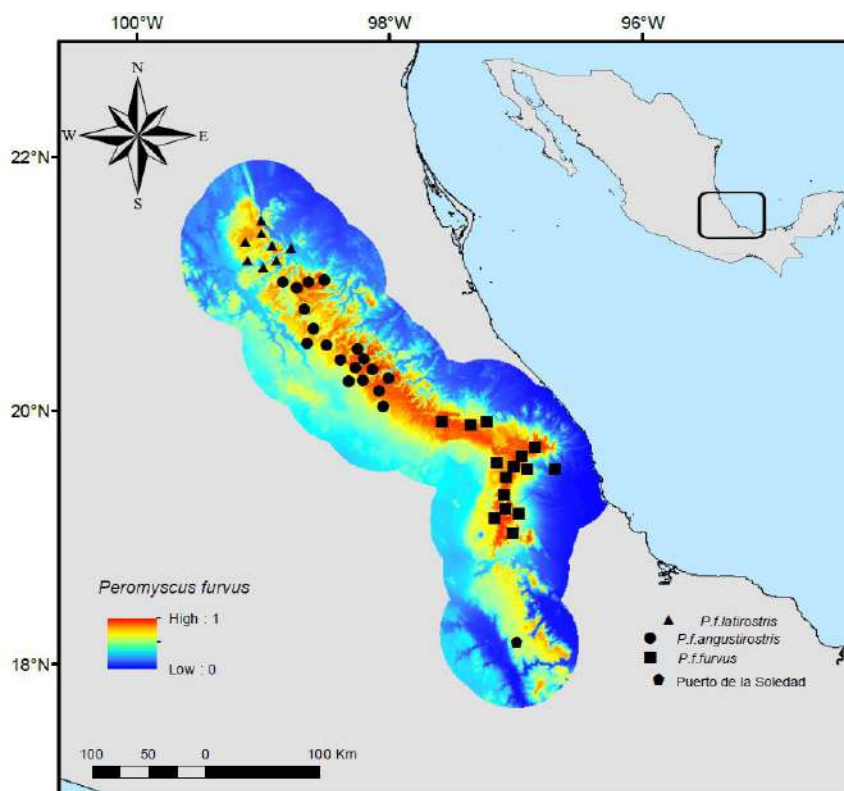


Figura 15. Modelo de la distribución potencial actual de *P. furvus*, los colores indican la idoneidad del modelo, desde el valor más bajo 0 (azul) hasta el más alto (rojo).

Por otro lado, al comparar la distribución potencial de *P. furvus sensu lato* actual y durante el UMG se puede observar que, en ambos modelos (MIROC y CCSM), la distribución potencial de la especie era más amplia que en el presente, llegando incluso a las costas del Golfo de México. Además, la distribución en el UMG no era continua, ya que se pueden observar ciertas partes fragmentadas que se podría interpretar como barreras. En la parte norte, la subespecie *P. f. latirostris* está separada de *P. f. angustirostris* y en la parte sur, la población de Puerto de la Soledad (Sierra Mazateca) está separada de *P. f. furvus* (Figs. 16 y 17).



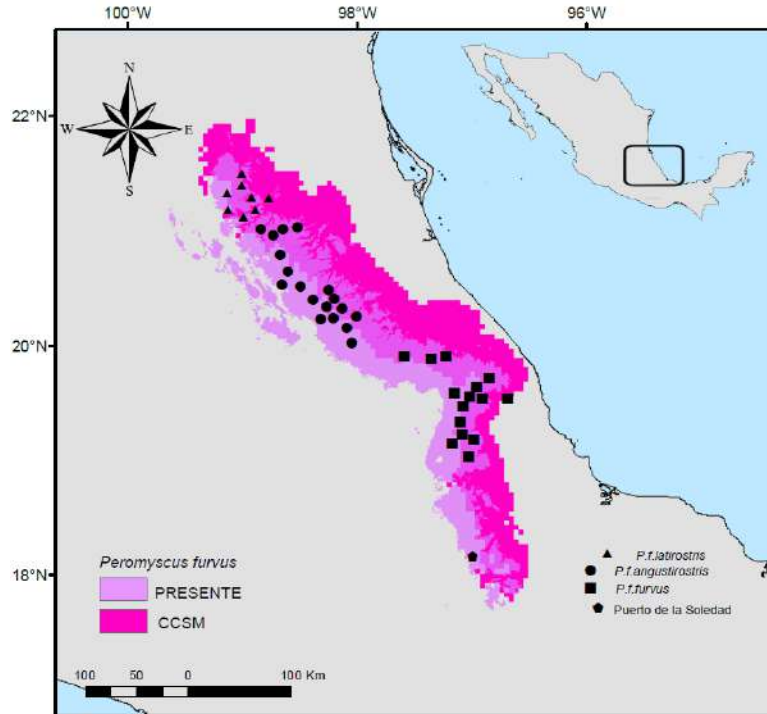


Figura 16. Distribución potencial actual y durante el UMG de *Peromyscus furvus sensu lato* de acuerdo con el Modelo del Sistema Climático Comunitario (CCSM).

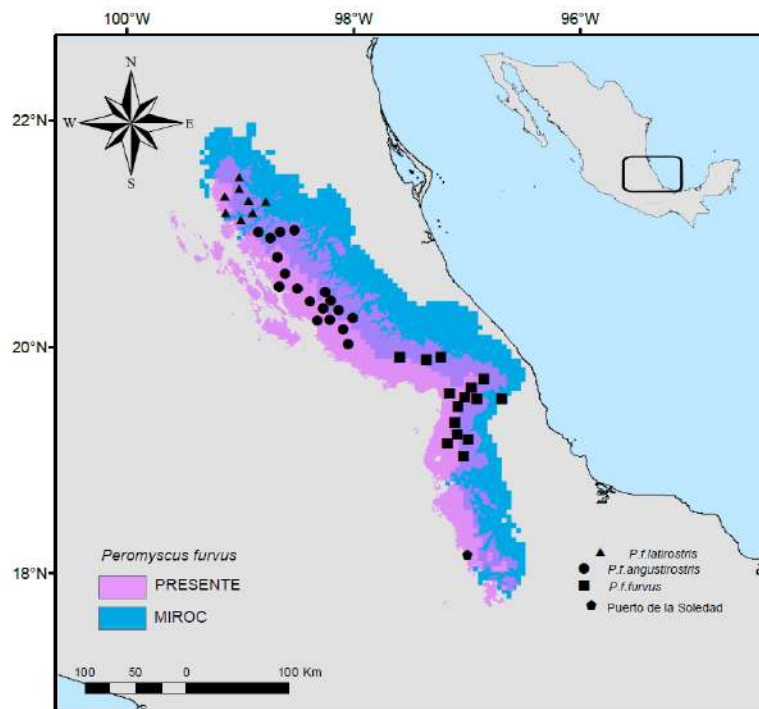


Figura 17. Distribución potencial actual y durante el UMG de *Peromyscus furvus sensu lato* de acuerdo con el Modelo Interdisciplinario para Investigación sobre el clima (MIROC).





## 8.- DISCUSIÓN

La morfometría geométrica demostró ser una herramienta útil para detectar variación morfológica en el cráneo y mandíbula de los grupos analizados. En el caso de la vista ventral del cráneo, las gradillas de deformación del análisis de variables canónicas señalan que la mayor variación se encuentra en los extremos del *foramen magnum*, en la placa y arco cigomático. En el caso de la mandíbula, fue en el proceso coronoide donde se observó mayor variación.

En el caso del *foramen magnum*, al ser el área donde se inserta las primeras vértebras, su variación puede estar relacionada con la forma en la que los ratones mueven la cabeza durante la locomoción y la captura de alimento (Dumont *et al.* 2016).

El arco cigomático, por su parte, es una estructura de gran importancia en el cráneo de los mamíferos, debido a su intercepción con diferentes unidades relacionadas con funciones fisiológicas como: las vías respiratorias, las órbitas y sobre todo con la función masticatoria (Márquez *et al.* 2017). Son especialmente importantes los arcos cigomáticos, pues forma la viga en donde se inserta el músculo macetero, el cual es un importante abductor de la mandíbula (Smith y Grosse 2016). También, esta estructura ha sido de gran importancia para identificar diferencias que contribuyen al reconocimiento de grupos taxonómicos (Dechow y Wang 2016). En varios estudios de roedores se ha mostrado que la forma de esta estructura, puede variar incluso dentro de una especie, debido a la influencia de diferentes variables ambientales a las que están expuestos (Monteiro *et al.* 2003; Carvalhaes *et al.* 2019; Mizerovská, *et al.* 2019; Kang, *et al.* 2020).

En el dentario, regiones como el proceso coronoide, sitios de inserción de los músculos temporal y macetero (indispensables para la masticación), han mostrado que su forma suele ser más variable al comparar mandíbulas de un mismo grupo taxonómico en roedores (Monteiro *et al.* 2003; Michaux *et al.* 2008; Alhajeri *et al.* 2020).





Una de las explicaciones de la variación en esta estructura es que se trata de una respuesta a diferentes especializaciones de dietas (Anthwal *et al.* 2015), debido a que la disponibilidad de alimentos en diferentes ambientes puede conducir a diferencias morfológicas en la mandíbula entre poblaciones de la misma especie, es decir, a través de la plasticidad fenotípica (West y King 2018).

En ambas estructuras se detectaron sutiles diferencias entre los grupos, sin embargo, se ha señalado que la vista ventral del cráneo tiene una mayor señal taxonómica y filogenética debido a su relación con la función auditiva, soporte de la cabeza, puntos de origen de los músculos masticatorios entre otros, que proporcionan diferentes líneas de evidencia de sus relaciones filogenéticas (Camul y Polly 2005).

Lo anterior podría explicar la razón de que en las gráficas de variables canónicas de la forma de la mandíbula los grupos no se diferencian tanto como en la vista ventral del cráneo (Figuras 12 y 13). Esto debido a que la mandíbula tiene una señal filogenética menor que el cráneo y es más propensa a la variación ecofenotípica, es decir, es una estructura cuya forma esta influenciada por el ambiente. Otros autores han señalado que la forma de la mandíbula puede adaptarse a la dieta de los roedores, favoreciendo su función biomecánica (Renaud y Auffray 2010; Anderson *et al.* 2014; Kryštufek *et al.* 2019).

Los resultados de los análisis inferenciales de la forma y tamaño del centroide de las estructuras apoyan el reconocimiento de *P. f. furvus*, *P. f. angustirostris* y a la población de Puerto de la Soledad (Sierra Mazateca) como especies diferentes. Sin embargo, es necesario analizar las poblaciones de *P. f. latirostris* para tener un panorama completo de la variación morfológica a lo largo de la distribución y así poder detectar con mayor confianza a todas las posibles especies crípticas dentro de *P. furvus*.

Por otro lado, modelar el nicho ecológico de *P. furvus* (sensu lato) en el presente y en el Último Máximo Glacial (UGM) resultó de gran apoyo para tomar decisiones sobre la taxonomía de las poblaciones de *P. furvus* teniendo como base una filogenia, análisis morfométricos y el análisis de nicho de *P. furvus* de Martínez-





Gordillo *et al.* (2010) Esta herramienta ya se ha utilizado en otros estudios taxonómicos para poder delimitar especies y para la explicación de mecanismos de especiación (Raxworthy *et al.* 2007, Martínez-Gordillo *et al.* 2010, Zhang *et al.* 2014, Tocchio *et al.* 2014).

En el modelo de nicho ecológico y la distribución geográfica potencial actual de *Peroysmus fuvvus* se puede observar que el área con las mejores condiciones ambientales para la especie es el sistema montañoso de la Sierra Madre Oriental, el cual es el que está siendo ocupado por las tres subespecies de *Peromyscus fuvvus* (Figura 15). Algunas barreras geográficas que se observan a lo largo de esta provincia son, en la parte del norte, el río Moctezuma en el oriente del estado de Querétaro y los ríos Amajac y Claro en el estado de Hidalgo, por otro lado, en el sur, el río Blanco que separa esta provincia con la Sierra Mazateca. Estas corresponden con barreras para otras especies de roedores de la familia Cricetidae (Guevara y Sánchez-Cordero 2018; León-Paniagua y Guevara 2019).

Al transferir el modelo de nicho al Último Máximo Glacial, de acuerdo con las dos simulaciones utilizadas, la distribución potencial de *P. fuvvus* también estaba en el sistema montañoso de la Sierra Madre Oriental, pero más expandida que en el presente, llegando incluso a las costas del Golfo de México.

Diferentes autores han señalado que, durante el UMG, las especies de los bosques mesófilos de montaña, se desplazaron hacia altitudes más bajas en respuesta a las condiciones frías y áridas de este periodo, buscando condiciones más húmedas (Toledo 1982; Lessa *et al.* 2003; Ramírez-Barahona y Eguiarte 2013; Ornelas 2019) Además, Guevara (2020), indicó que este desplazamiento no fue sólo altitudinal, sino que también las especies se movieron longitudinal y latitudinalmente hacia laderas más húmedas, como las que se encuentran cerca del mar, lo cual coincide con la distribución al pasado de *P. fuvvus* obtenida en el presente trabajo que llega cerca de las costas de Veracruz.

Teniendo en cuenta estos antecedentes, además de los previos estudios de modelado de nicho con especies de mamíferos que se distribuyen en el bosque mesófilo con la misma distribución de *P. fuvvus* (Guevara y Sánchez-Cordero 2018;





León-Paniagua y Guevara 2019), se podría plantear la posibilidad que, durante el UMG, las poblaciones de *P. furvus sensu lato* tuvieron mayor contacto al desplazarse hacia abajo y a las laderas costeras, hasta que las condiciones ambientales cambiaron cuando comenzó este periodo interglacial y las poblaciones se separaron, además de la aparición de posibles barreras que impidió el flujo de genes entre poblaciones.

En la distribución potencial actual, se observan posibles barreras entre los grupos que no se observan durante el UMG. *P. f. latirostris*, está separado de *P. f. angustirostris* por los tres ríos y cañones de Moctezuma, Amajac y Claro. También, Puerto de la Soledad, de la Sierra Mazateca, está separado del resto por el río Blanco (Figura 18). Estos ríos se han interpretado como barreras de otras especies de mamíferos como las musarañas de orejas pequeñas (género *Cryptotis*) y los ratones arbóreos (género *Habromys*) que tienen una distribución en el bosque mesófilo de montaña parecido a *P. furvus* (Guevara y Sánchez-Cordero 2018; León-Paniagua y Guevara 2019); en ambos trabajos se señaló que dichas barreras jugaron un papel importante en la divergencia de linajes entre las poblaciones. Por lo tanto, la aparición de dichas barreras durante este periodo interglacial pudo haber impedido el contacto entre las poblaciones de *P. furvus*, lo que derivó en que estos grupos comenzaran a diferenciarse genética y morfológicamente.



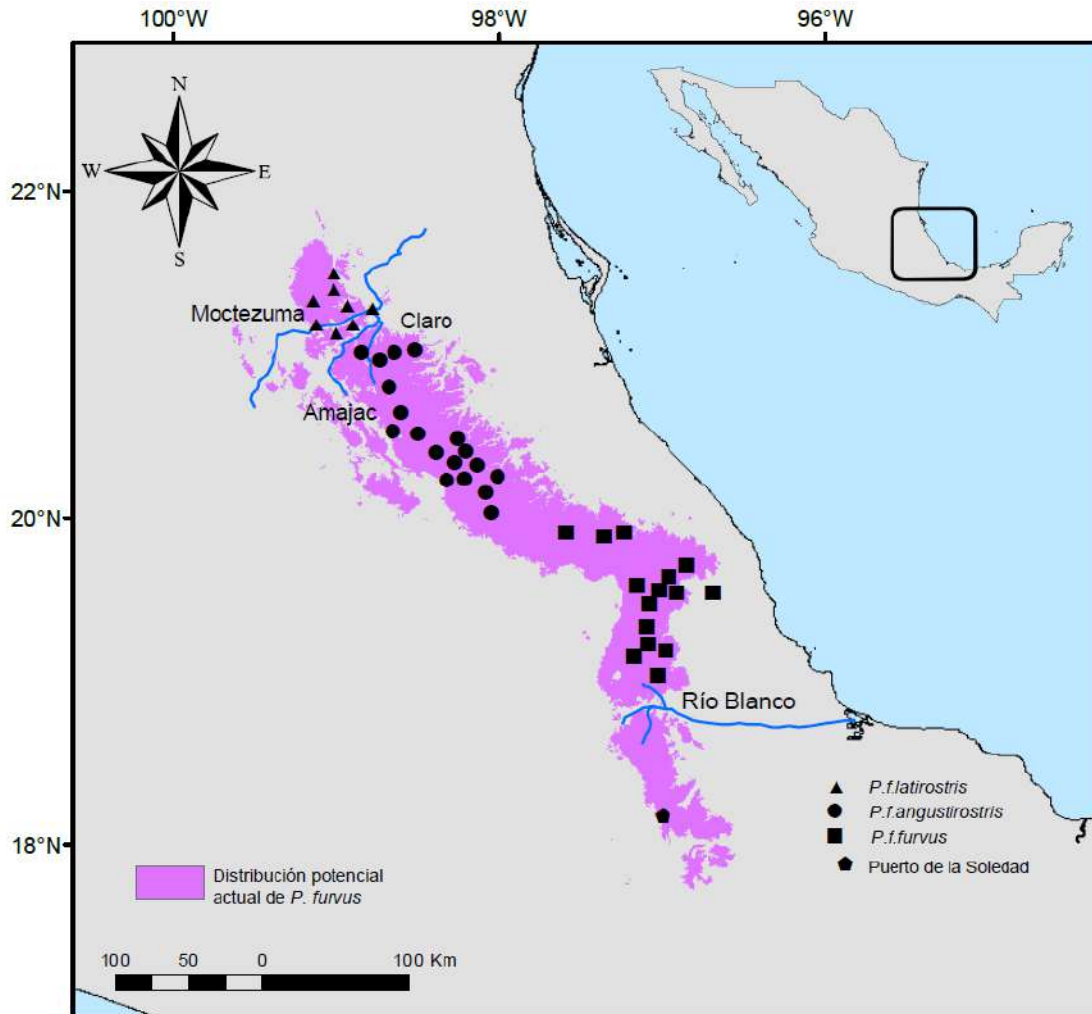


Figura 18. Posibles barreras en la distribución potencial actual de *P. furvus*

En las filogenias de Harris *et al.* (2000) y Ávila-Valle *et al.* (2011), los autores coinciden en que el clado que incluyen a las poblaciones del norte, que representan a *P. f. latirostris*, se debe considerar como una especie diferente. Si bien este grupo no pudo incluirse en el análisis morfométrico, al modelar la distribución potencial actual de *P. furvus*, se observa que este grupo está separado de *P. f. angustirostris* y *P. f. furvus* (Figuras 16 y 17) y tiene una distancia genética K2P de 4.2% respecto a los otros grupos (Cruz-Gómez *et al.* 2021). Por lo tanto, se esperaría una diferencia morfométrica significativa al resto de los grupos como lo muestra el modelado de nicho (Martínez-Gordillo *et al.* 2010) y los análisis filogenéticos (Harris *et al.* 2000; Ávila-Valle *et al.* 2011; Cruz-Gómez *et al.* 2021) provocados posiblemente por cambios en su distribución potencial a través del tiempo.







Para los individuos de Puerto de la Soledad (Sierra Mazateca) , la cual fue un registro reciente para *P. f. furvus*, la morfometría mostró que su cráneo y mandíbula sí se diferencian de *P. f. angustirostris* y de *P. f. furvus*. Además, su distribución potencial actual muestra que el Río Blanco podría ser una barrera entre sus poblaciones con respecto a las de *P. f. furvus*. Estos resultados son congruentes a los análisis filogenéticos en donde la distancia genética de Tamura y Nei (1993), obtenida de Puerto de la Soledad es de 7.1 % (Harris *et al.* 2000) y 7.5 % de distancia genética K2P (Kimura 1980) (Cruz-Gómez *et al.* 2021).

De acuerdo con el criterio de Baker y Bradley (2006) una distancia genética de 2KP en el gen mitocondrial *Cytb* entre 2.8 y 10.8% es lo suficientemente alto para considerar una especie críptica, sin embargo, también hacen hincapié de que estos datos deben ser apoyados con otro tipo de evidencia. En Cruz- Gómez *et al.* (2021), la población de Puerto de la Soledad y *P. f. latirostris* obtuvieron distancias K2P de 7.5 y 4.2 %, respectivamente, que junto con los resultados de la morfometría geométrica y del modelado de nicho ecológico de Martínez-Gordillo *et al.* 2010 y este trabajo apoyan el reconocimiento de dos linajes diferentes *P. f. furvus*.

En cuanto a *P. f. angustirostris* y *P. f. furvus*, la distribución potencial actual y pasada, muestran que no existe ninguna barrera geográfica evidente que impida el flujo de genes. Por otro lado, al compararlos a través de la morfometría geométrica, la prueba F de Goodall indica que sí son diferentes (Tablas 4 y 5). Esto coincide con la interpretación de las filogenias reportadas para *P. f. furvus*, que, aunque sí encuentran cierta separación entre estos grupos, no es tan evidente como con Puerto de la Soledad y con *P. f. latirostris*.

Por lo tanto, en este trabajo, la morfometría geométrica y el modelado de nicho en el presente y en el UMG apoyan la separación de las poblaciones de la Sierra Mazateca como una especie diferente de *P. f. furvus*. Para *P. f. latirostris*, aunque no se pudo incluir en el análisis morfométrico, el modelado la presente muestra una discontinuidad en su distribución potencial que no existía en el pasado, lo que sugiere la separación de esta población del resto solo durante eventos interglaciales como el actual. Por último, la morfometría geométrica apoya la separación de *P. f.*





*angustirostris* y *P. f. furvus*, pero el modelado de nicho y los mapas de distribución potencial no sugieren aislamiento geográfico prolongado. Es importante considerar otros tipos de escenarios climáticos posibles del UMG y diferente resolución espacial para conocer si estos hallazgos se mantienen (Guevara *et al.* 2018).

## 8.- CONCLUSIÓN

- Este trabajo apoya con datos morfométricos el reconocimiento de *P. f. angustirostris*, *P. f. furvus* y la población de Puerto de la Soledad de la Sierra Mazateca como especies diferentes.
- La mayor variación en el cráneo de los grupos analizados se localiza en el hueso cigomático, el foramen magnum y en el proceso coronoide de la mandíbula.
- El modelado de nicho ecológico permitió observar la distribución potencial de *P. furvus* durante el UMG el cual era más extenso que en el presente.
- Se detectaron posibles barreras que separan a *P. f. latirostris* y la población de Puerto de la Soledad del resto de las poblaciones lo cual explicaría que estos dos sean genéticamente más diferentes del resto.

## 9.- PERSPECTIVAS

Se espera poder incluir a la subespecie *P. f. latirostris* a los análisis morfométricos para compararlo con los otros grupos y tener los resultados morfométricos completos de *P. furvus sensu lato*, además de incluir pruebas de señal filogenética en la forma del cráneo de los grupos.





## 10. BIBLIOGRAFÍA

- Adams, D., Collyer, M., Kaliontzopoulou A. y Baken, E. (2022). Geomorph: Geometric Morphometric Analyses of 2D/3D Landmark Data. R package version 4.0.3. <https://CRAN.R-project.org/package=geomorph>
- Aiello-Lammens, M. E., Boria, R. A., Radosavljevic, A., Vilela, B., y Anderson, R. P. (2019). spThin: An R package for spatial thinning of species occurrence records for use in ecological niche models. *Ecography*, 38(5), 541-545. <https://doi.org/10.1111/ecog.01132>
- Allen, J. A. y Chapman, F. M. (1897). On a collection of mammals from Jalapa and Las Vigas, state of Veracruz, Mexico. *New York: American Museum of Natural History*, 13(9), 197-208. <http://hdl.handle.net/2246/1521>
- Alhajeri, B. H. (2021). A geometric morphometric analysis of geographic mandibular variation in the dwarf gerbil *Gerbillus nanus* (Gerbillinae, Rodentia). *Journal of Mammalian Evolution*, 28, 469-480. <https://doi.org/10.1007/s10914-020-09530-9>
- Álvarez-Castañeda, S.T., Álvarez, T., González-Ruíz, N. (2015) *Guía para Identificar los Mamíferos de México*. Asociación Mexicana de Mastozoología y Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste.
- Amman, B. R. y Bradley, R. D. (2004). Molecular evolution in *Baiomys* (Rodentia: Sigmodontinae): evidence for a genetic subdivision in *B. musculus*. *Journal of Mammalogy*, 85(1), 162-165. [https://doi.org/10.1644/1545-1542\(2004\)085<0162:MEIBRS>2.0.CO;2](https://doi.org/10.1644/1545-1542(2004)085<0162:MEIBRS>2.0.CO;2)
- Anderson, R. P. (2012). Harnessing the world's biodiversity data: promise and peril in ecological niche modeling of species distributions. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1260(1), 66-80. <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2011.06440.x>
- Anderson, P., Renaud, S. y Rayfield, E. (2014). Adaptive plasticity in the mouse mandible. *BMC Evolutionary Biology*, 14, 85. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-14-85>.
- Anthwal, N., Peters, H. y Tucker, A. S. (2015). Species specific modifications of mandible shape reveal independent mechanisms for growth and initiation of the coronoid. *EvoDevo*, 6(35), 5. <https://doi.org/10.1186/s13227-015-0030-6>
- Arellano, E., González-Cózatl, F. X. y Rogers, D. S. (2005). Molecular systematics of Middle American harvest mice subgenus *Aporodon*, genus *Reithrodontomys*, estimated by mitochondrial cytochrome *b* gene sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 37(2), 529-540. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2005.07.021>
- Astúa, D., Bandeira, I., Geise, L. (2015). Cranial morphometric analyses of the cryptic rodents species *Akodon cursor* and *Akodon montensis* (Rodentia, Sigmodontinae). *Oecologia Australis*, 19(1), 143-157. <https://doi.org/10.4257/oeco.2015.1901.09>
- Ávila-Valle, Z., Castro-Campillo, A., León-Paniagua, L., Salgado-Ugalde, I., Navarro-Sigüenza, A., Hernández-Baños, B. E. y Ramírez-Pulido, J. (2011). Geographic variation and molecular evidence of the blackish deer mouse complex (*Peromyscus furvus*, Rodentia: Muridae). *Mammalian Biology*, 77, 166-177. <https://doi.org/10.1016/j.mambio.2011.09.008>
- Baker, R. J., y Bradley, R. D. (2006). Speciation in mammals and the genetic species concept. *Journal of Mammalogy*, 87(4), 643-662. <https://doi.org/10.1644/06-MAMM-F-038R2.1>





- Bena, G. (2001). Molecular phylogeny supports the morphologically based taxonomic transfer of the “medicagoid” *Trigonella* species to the genus *Medicago* L. *Plant Systematics and Evolution*, 229, 217-236. <https://doi.org/10.1007/s006060170012>.
- Bickford, D., Lohman, D. J., Navjot, S. S., Ng, P. K. L., Meier, R., Winker, K., Ingram, K. K., Das, I. (2006). Cryptic species as a window on diversity and conservation. *Trends in Ecology & Evolution*, 22(3), 148-155. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2006.11.004>
- Blair, M. E., Sterling, E. J., Dusch, M., Raxworthy, C. J., Pearson, R. G. (2013). Ecological divergence and speciation between lemur (*Eulemur*) sister species in Madagascar. *Journal of Evolutionary Biology*, 26(8), 1790-1801. <https://doi.org/10.1111/jeb.12179>
- Bohonak, A. J. (1999). Dispersal, gene flow, and population structure. *The Quarterly Review of Biology*, 74(1), 21-45. <https://doi.org/10.1086/392950>
- Bookstein, F. L. (1982). Foundations of morphometrics. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 13, 451-470. <https://doi.org/10.1146/annurev.es.13.110182.002315>
- Bookstein, F. L. (1986). Size and shape spaces for landmark data in two dimensions. *Statistical Science*, 1, 181-242. <https://doi.org/10.1214/ss/1177013696>
- Bookstein, F. L. (1991). *Morphometric tools for landmark data: Geometry and Biology*. Cambridge University Press.
- Bookstein, F. L. (1996). Combining the tools of geometric morphometrics. En: L. F. Marcus, M. Corti, A. Loy, G. J. P. Naylor, y D. Slice (Eds). *Advances in morphometrics* (pp.131-151). Plenum Press.
- Bookstein, F. L. (1997). Landmark methods for forms without landmarks: Morphometrics of group differences in outline shape. *Medical Image Analysis*, 1(3), 225-243. [https://doi.org/10.1016/S1361-8415\(97\)85012-8](https://doi.org/10.1016/S1361-8415(97)85012-8)
- Bradley, R. D., Menendez-Harclerode, F., Hamilton, J. M. y Ceballos, G. (2004). A new species of *Reithrodontomys* from Guerrero México. Occasional Papers, Museum of Texas Tech University, 231, 1-12
- Bradley, R. D., Ordóñez-Garza, N., Sotero-Caio, C. G., Huynh, H. M., Kilpatrick, C. W., Iñiguez-Dávalos, I. L., Schmidly, D. J. (2014). Morphometric, karyotypic, and molecular evidence for a new species of *Peromyscus* (Cricetidae: Neotominae) from Nayarit, México. *Journal of Mammalogy*, 95(1), 176-186. <https://doi.org/10.1644/13-MAMM-A-217>
- Carleton, M. D. (1989). Systematics and evolution. En G. L. Kirkland y J. N. Layne (Eds). *Advances in the Study of Peromyscus (Rodentia)* (pp. 7-141). Lubbock: Texas Tech University Press.
- Carleton, M. D., Sánchez, O. y Urbano-Vidales, G. (2002). A new species of *Habromys* (Muroidea: Neotominae) from Mexico. With generic review of species definitions and remarks on diversity patterns among Mesoamerican small mammals restricted to humid montane forest. *Proceedings of the Biological Society of Washington*, 115(3), 488-533. <https://repository.si.edu/handle/10088/18667>
- Carvalhoes, J. G., Cordeiro-Estrela, P., Hohl, L. S. L., Vilela, R. V., D'Andrea, P. S., Rocha-Barbosa, O. (2019). Variation in the skull morphometry of four taxonomic units of *Thrichomys*(Rodentia: Echimyidae), from different Neotropicalbiomes. *Journal of Morphology*, 280(3), 436-445. <https://doi.org/10.1002/jmor.20955>





- Castro-Arellano, I. y Vázquez, E. (2019). *Peromyscus furvus*. The IUCN Red List of Threatened Species 2019. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2019-3.RLTS.T16661A22359896.en>.
- Caumul, R. y Polly, P. D. (2005). Phylogenetic and environmental components of morphological variation: skull, mandible, and molar shape in marmots (*Marmota*, Rodentia). *Evolution*, 59(11), 2460-2472. <https://doi.org/10.1111/j.0014-3820.2005.tb00955.x>
- Chen, T. Y. y Lou, A. R. (2019). Phylogeography and paleodistribution models of a widespread birch (*Betula platyphylla* Suk.) across East Asia: Multiple refugia, multidirectional expansion, and heterogeneous genetic pattern. *Ecology and evolution*, 9, 7792-7807. <https://doi.org/10.1002/ece3.5365>
- Collins, W. D., Bitz, C. M., Blackmon, M. L., Bonan, G. B., Bretherton, C. S., Carton, J. A., Chang, P., Doney, S. C., Hack, J. J., Henderson, T. B., Kiehl, J. T., Large, W. G., McKenna, D. S., Santer, B. D., Smith, R. D. (2006). The community climate system model version 3 (CCSM3). *Journal of Climate*, 19, 2122-2143. <https://doi.org/10.1175/JCLI3761.1>
- Cruz-Gómez, A., Castro-Campillo, A., Ávila-Valle, Z. A., León-Paniagua, L., Ramírez-Sánchez, M. y Ramírez-Pulido, J. (2021). Rejection of the monotypic status of *Peromyscus furvus* (Rodentia: Cricetidae), with consequences for its species group. *THERYA*, 12(2), 347-367. <https://doi.org/10.12933/therya-21-1122>
- Dalquest, W. W. (1950). Records of mammals from the Mexican State of San Luis Potosí. *Occasional papers of the Museum of Zoology, University of Michigan*, 23, 1-15. <https://digitalcommons.lsu.edu/opmns>
- Dayrat, B. (2005). Toward integrative taxonomy. *Biological Journal Linnean Society*, 85, 407-415. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2005.00503.x>.
- Debandi, G., Corbalán, V., Scolaro, J. A. y Roig-Juñent, S. A. (2012). *Austral Ecology*, 37(3), 392-400. <https://doi.org/10.1111/j.1442-9993.2011.02295.x>
- Dechow, P. C., Wang, Q. (2016). Development, structure, and function of the zygomatic bones: what is new and why do we care?. *The Anatomical Record*, 299(2), 1611-1615. <https://doi.org/10.1002/ar.23480>.
- Dumont, W., Wall, C. E., Botton-Divet, L., Goswami, A., Peigne, S., Fabre, A. C. (2016). Do functional demands associated with locomotor habitat, diet, and activity pattern drive skull shape evolution in musteloid carnivorans?. *Biological Journal of the Linnean Society*, 117, 858-878. <https://doi.org/10.1111/bij.12719>.
- Elith, J., Graham, C. H., Anderson, R. P., Dudík, M., Ferrier, S., Guisan, A., Hijmans, R. J., Huettmann, F., Leathwick, J. R., Lehmann, A., Li, J., Lohmann, L. G., Loiselle, B. A., Manion, G., Moritz, C., Nakamura, M., Nakazawa, Y., Overton, J. M., Townsend Peterson, A., Phillips, S. J., Richardson, K., Scachetti-Pereira, R., Schapire, R. E., Soberón, J., S., Williams, S., Wisz, M. S. y Zimmermann, N. E. (2006). Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. *Ecography*, 29(2), 129-151. <https://doi.org/10.1111/j.2006.0906-7590.04596.x>.
- Ely, C. V., De Loreto Bordignon, S. A., Trevisan, R., y Boldrini, I. I. (2017). Implications of poor taxonomy in conservation. *Journal for Nature Conservation*, 36, 10-13. <https://doi.org/10.1016/j.jnc.2017.01.003>.





- Environmental Systems Research Institute (ESRI) (2020). ArcGIS Release 10.8. Redlands, C. A.
- Espinoza, J., Lorenzo, C. y Ríos, E. (2011). Variación morfológica y morfométrica de *Heteromys desmarestianus* en Chiapas, México. *Therya*, 2(2), 139-154. <https://doi.org/10.12933/therya-11-34>.
- Fan, P. F., He, K., Chen, X., Ortiz, A., Zhang, B., Zhao, C., Li, Y., Zhang, H. B., Kimock, C. Wang, W., Groves, C., Turvey, S. T., Roos, C., Helgen, K. M. y Jiang, X. (2017). Description of a new species of *Hoolock gibbon* (Primates: Hylobatidae) based on integrative taxonomy. *American Journal of Primatology*, 79(5), e22631 <https://doi.org/10.1002/ajp.22631>.
- Fick, S.E. y Hijmans, R. J. (2017). WorldClim 2: Mew 1km spatial resolution climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology*, 37 (12), 4302-4315. <https://doi.org/10.1002/joc.5086>
- Finlay, B. J. (2004). Protist taxonomy: an ecological perspective. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London*, 359, 599-610. <https://doi.org/10.1098/rstb.2003.1450>.
- García-Paris, M., Alcobendas, M., Buckley, D., Wake, D. B. (2003). Dispersal of viviparity across contact zones in Iberian populations of fire salamanders (*Salamandra*) inferred from discordance of genetic and morphological traits. *Evolution*, 57, 129-143. <https://doi.org/10.1111/j.0014-3820.2003.tb00221.x>.
- Giarla, T. C., Demos, T. C., Monadjem, A., Hutterer, R., Dalton, D., Mamba, M. L., Roff, E. A., Mosher, F. M., Mikeš, V., Kofron, C. P. y Peterhans, J. C. K. (2021). Integrative taxonomy and phylogeography of *Colomys* and *Nilopegamys* (Rodentia: Murinae), semi-aquatic mice of Africa, with descriptions of two new species. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 192(1), 206-235. <https://doi.org/10.1093/zoolinnean/zlaa108>.
- Global Biodiversity Information Facility (GBIF) (2020). *Peromyscus furvus*. [https://www.gbif.org/occurrence/search?taxon\\_key=2438033](https://www.gbif.org/occurrence/search?taxon_key=2438033).
- Górfól, T. y Gábor, C. (2018). Integrative taxonomy places Asian species of *Falsistrellus* (Chiroptera: Vespertilionidae) into *Hypsugo*. *Mammalian Biology*, 93, 56-63. <https://doi.org/10.1016/j.mambio.2018.08.004>.
- Guevara, L., Gerstner, B. E., Kass, J. M., y Anderson, R. P. (2018). Toward ecologically realistic predictions of species distributions: A cross-time example from tropical montane cloud forests. *Global Change Biology*, 24(4), 1511-1522. <https://doi.org/10.1111/gcb.13992>.
- Guevara, L., Sánchez-Cordero, V. (2018). Patterns of morphological and ecological similarities of small-eared shrews (Soricidae, *Cryptotis*) in tropical montane cloud forests from Mesoamerica. *Systematics and Biodiversity*, 16(6), 551-564. <https://doi.org/10.1080/14772000.2018.1470582>.
- Guevara, L. (2019). Paleodistribution modelling for planning the growth of natural history collections. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 90, e902953. <https://doi.org/10.22201/ib.20078706e.2019.90.2953>





- Guevara, L. (2020). Altitudinal, latitudinal, and longitudinal responses of cloud forest species to Quaternary glaciations in the northern Neotropics. *Biological Journal of the Linnean Society*, 130(3), 615-625. <https://doi.org/10.1093/biolinnean/blaa070>.
- González-Cózatl, F. X., Rogers, D. S. y Arellano-Arenas, E. (2009). Diversidad críptica en la CNMA: descubriendo nuevas especies de roedores mexicanos. En: F. A. Cervantes, J. Vargas-Cuenca, J. y Y. Hortelano Moncada. *60 años de la CNMA del Instituto de Biología UNAM* (pp.55-64).
- Hafner, M. S., Light, J. E., Hafner, D. J., Brant, S. V., Spradling, T. A. y Demastes, J. W. (2005) Cryptic species in the Mexican pocket gopher *Cratogeomys merriami*. *Journal of Mammalogy*, 86(6), 1095-1108. <https://doi.org/10.1644/05-MAMM-A-064R1.1>.
- Hall, E. R. (1971). Variation in the blackish deer mouse, *Peromyscus furvus*. *Annals of the Institute of Biology*, 39, 149-154.
- Hall, E. R. (1981). *The mammals of North America*, segunda edición. John Wiley and Sons.
- Hall, E. R. y Álvarez, T. (1961). A new species of mouse (*Peromyscus*) from northwestern Veracruz, México. *Proceedings of the Biological Society of Washington*, 74, 203-206.
- Hardy, D. K., González-Cozatl, F. X., Arellano, E. y Rogers, D. S. (2013). Molecular phylogenetics and phylogeographic structure of Sumichrast's harvest mouse (*Reithrodontomys sumichrasti*: Family Cricetidae) based on mitochondrial and nuclear DNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 68(2), 282-292. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2013.03.028>.
- Harris, D. y Rogers, D. S. (1999). Species limits and phylogenetic relationships among populations of *Peromyscus furvus*. *Journal of Mammalogy*, 80(2), 530-544. <https://doi.org/10.2307/1383299>.
- Harris, D., Rogers, D. S. y Sullivan, J. (2000). Phylogeography of *Peromyscus furvus* (Rodentia; Muridae) based on cytochrome-b sequence data. *Molecular Ecology*, 9, 2129-2135. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2000.01135.x>.
- Hasumi, H. y Emori, S. (2004). K-1 coupled GCM (MIROC) description: Center for Climate System Research, University of Tokyo.
- Hooper, E. T. (1957). Dental patterns in mice of the genus *Peromyscus*. *Miscellaneous Publications, Museum of Zoology, University of Michigan*, 99, 1-59.
- Hooper, E. T. (1968). Habitats and food of amphibious mice of the genus *Rheomys*. *Journal of Mammalogy*, 49(3), 550-553. <https://doi.org/10.2307/1378230>
- Huckaby, D. G. (1980) Species limits in the *Peromyscus mexicanus* group (Mammalia: Rodentia: Muroidea). *Contributions in Science, Los Angeles Co. Museum of Natural History*, 326, 1-24.
- Juste, J., Benda, P., García-Mudarra, J. L. e Ibañez C. (2013) Phylogeny and systematics of Old World serotine bats (genus *Eptesicus*, Vespertilionidae, Chiroptera): an integrative approach. *Zoologica Scripta*, 42(5), 441-457. <https://doi.org/10.1111/zsc.12020>.







- Kang, Y., Su, J., Yao, B., Weihong, J., Hegab, I. M., Hanafy, A. M. y Zhang, D. (2020). Geometric morphometric analysis of the plateau zokor (*Eospalax baileyi*) revealed significant effects of environmental factors on skull variations. *Zoology*, 140, 125779. <https://doi.org/10.1016/j.zool.2020.125779>.
- Kendall, D. G. (1977). The diffusion of shape. *Advances in Applied Probability*, 9(3), 428-30. <https://doi.org/10.2307/1426091>
- Khemiri, H., Colangelo, P., Chetoui, M. B. y Noura, S. (2016). Skull size and shape variation in *Psammomys* spp. (Rodentia, Gerbillinae) from Tunisia, with emphasis on the impact of allometric variation on species recognition. *African zoology*, 51(3), 145-152. <https://hdl.handle.net/10520/EJC196538>.
- Kimura, M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 16, 111-120. <https://doi.org/10.1007/BF01731581>.
- Klein, C., Wilson, K., Watts, M., Stein, J., Berry, S., Carwardine, J., Smith, M.S. B, Mackey, B. y Possingham, H. (2009). Incorporating ecological and evolutionary processes into continental-scale conservation planning. *Ecological Applications*, 19(1), 206-217. <https://doi.org/10.1890/07-1684.1>
- Klingenberg, C. P. (2011). MORPHOJ: an integrated software package for geometric morphometrics. *Molecular Ecology*, 11(2), 353-357. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02924.x>
- Klingenberg, C. P. y Monteiro, L. R. (2005). Distances and directions in multidimensional shape spaces: implications for morphometric applications. *Systematic Biology*, 54(4), 678-688. <https://doi.org/10.1080/10635150590947258>.
- Kryštufek, B., Janžekovič, F., Shenbrot, G., Ivajnsič, D. y Klenovšek, T. (2019). Phenotypic plasticity under desert environment constraints: mandible variation in the dwarf fat-tailed jerboa, *Pygeretmus pumilio* (Rodentia: Dipodidae). *Canadian Journal of Zoology*, 97(10), 940-951. <https://doi.org/10.1139/cjz-2019-0029>.
- León-Paniagua, L., y Guevara, L. (2019). Quaternary range-shifts of arboreal rodents of the genus *Habromys* (Cricetidae, Neotominae) in Mesoamerica and their evolutionary consequences. *Mammalian Biology*, 94, 4-10. <https://doi.org/10.1016/j.mambio.2018.10.005>.
- León-Tapia, M. A. (2021). Environmental niche differentiation and paleodistribution of the rare montane woodrats of the genus *Nelsonia* (Rodentia: Cricetidae). *Mammalian Biology*, 101, 521-530. <https://doi.org/10.1007/s42991-021-00130-5>
- León-Tapia, M. A., Rico, Y., Fernández, J. A., Arellano, I. y Espinosa de los Monteros, A. (2021). Role of Pleistocene climatic oscillations on genetic differentiation and evolutionary history of the Transvolcanic deer mouse *Peromyscus hylocetes* (Rodentia: Cricetidae) throughout the Mexican central highlands. *Journal of zoological systematics and evolutionary research*, 59(8), 2481-2499. <https://doi.org/10.1111/jzs.12541>







- Lessa, E. P., Cook, J. A. y Patton, J. L. (2003). Genetic footprints of demographic expansion in North America, but not Amazonia, during the Late Quaternary. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 100(18), 10331-10334. <https://doi.org/10.1073/pnas.1730921100>
- Liu, C., Berry, P. M., Dawson, T. P. y Pearson, R. G. (2005). Selecting thresholds of occurrence in the prediction of species distributions. *Ecography*, 28(3), 385-393. <https://doi.org/10.1111/j.0906-7590.2005.03957.x>.
- Lorenzo, A. D. (2015). *Variación morfométrica aplicada a la identificación taxonómica de Peromyscus levipes y P. melanophrys en el estado de Morelos*. [Tesis de licenciatura] Facultad de Ciencias Biológicas, UAEM.
- Malta, E. J., Draisma, S. y Kamermans, P. (1999). Freefloating ulva in the southwest Netherlands: species or morphotypes? a morphological, molecular and ecological comparison. *European Journal of Phycology*, 34(5), 443-454. <https://doi.org/10.1080/09541449910001718801>.
- Matocq, M. D. (2002). Morphological and molecular analysis of a contact zone in the *Neotoma fuscipes* species complex. *Journal of Mammalogy*, 83(3), 866-883. [https://doi.org/10.1644/1545-1542\(2002\)083<0866:MAMAOA>2.0.CO;2](https://doi.org/10.1644/1545-1542(2002)083<0866:MAMAOA>2.0.CO;2).
- Mayares, D. (2012). *Variación intraespecífica de Reithrodontomys sumichrasti (Rodentia: Cricetidae) con base en un análisis de morfometría geométrica* [Tesis de licenciatura]. Facultad de Ciencias Biológicas, UAEM.
- Martínez-Gordillo, D., Rojas-Soto, O. y Espinosa de los Monteros, A. (2010). Ecological niche modelling as an exploratory tool for identifying species limits: an example based on Mexican muroid rodents. *Journal of Evolutionary Biology*, 23, 259-270. <https://doi.org/10.1111/j.1420-9101.2009.01897.x>.
- Martínez, P. A. y Bidau, C. J. (2016). Are-assessment of Rensch's rule in tuco-tucos (Rodentia: Ctenomyidae: *Ctenomys*) using a phylogenetic approach. *Mammalian Biology*, 81(1), 67-72. <https://doi.org/10.1016/j.mambio.2014.11.008>.
- Márquez, S., Pagano, A. S., Schwartz, J. S., Curtis, A., Delman, B. N., Lawson, W. y Laitman, J. T. (2017). Toward understanding the mammalian zygoma: insights from comparative anatomy, growth and development, and morphometric analysis. *The Anatomical Record*, 300(1), 76-151. <https://doi.org/10.1002/ar.23485>.
- Michaux, J., Hautier, L., Simonin, T. y Vianey-Liaud, M. (2008). Phylogeny, adaptation and mandible shape in Sciuridae (Rodentia, Mammalia). *Mammalia*, 72, 286-296. <https://doi.org/10.1515/MAMM.2008.049>.
- Minoli, I., Morando, M. y Ávila, L. J. (2014). Integrative taxonomy in the *Liolaemus fitzingerii* complex (Squamata: Liolaemini) based on morphological analyses and niche modeling. *Zootaxa*, 3856(4), 501-528. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.3856.4.3>.
- Mizerovská, D., Mikula, O., Meheretu, Y., Bartáková, V., Bryjová A., Kostin, D.S., Šumbera, R., Lavrenchenko, L.A. y Bryja, J. (2019). Integrative taxonomic revision of the Ethiopian endemic rodent genus *Stenocephalemys* (Muridae: Murinae: *Praomyini*) with the description of two new species. *The Journal of Vertebrate Biology*, 69(2), 20031.





- Monterio, L. R. y Reis, S. F. (1999). *Principios de Morfometría Geométrica*. Holos Editora.
- Monteiro, L. R., Duarte, L. C. y Reis, S. F. (2003). Environmental correlates of geographical variation in the skull and mandible shape of the punaré rat, *Thricomys apereoides* (Rodentia: Echimyidae). *The Journal of Zoology London*, 261(1), 47-57. <https://doi.org/10.1017/S0952836903003893>.
- Mota-Vargas, C., Encarnación-Luévano, A., Ortega-Andrade, H. M., Prieto-Torres, D. A., Peña-Peniche, A. y Rojas-Soto, O. R. (2019). Una breve introducción a los modelos de nicho ecológico. En: C. N. Moreno (Ed). *La biodiversidad en un mundo cambiante: Fundamentos teóricos y metodológicos para su estudio* (pp.39-63). Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo/Libermex.
- Muscarella, R., Galante, P. J., Soley-Guardia, M., Boria, R. A., Kass, J. M., Uriarte, M., y Anderson, R. P. (2014). ENMeval: An R package for conducting spatially independent evaluations and estimating optimal model complexity for Maxent ecological niche models. *Methods in Ecology and Evolution*, 5(11), 1198-1205. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12261>.
- Musser, G. G. (1964). Notes on geographic distribution, habitat, and taxonomy of some Mexican mammals. *Occasional papers of the Museum of Zoology, University of Michigan*, 636, 1-22.
- Nava-García, E. (2016). Sistemática de *Reithrodontomys megalotis* a partir de datos moleculares y morfométricos [Tesis de doctorado en Ciencias Naturales]. UAEM.
- Organización de las Naciones Unidas (1992). Convenio sobre diversidad biológica.
- Ornelas, J. F., Ortiz-Rodríguez, A. E., Ruiz-Sánchez, E., Sosa, V. y Pérez-Farrera, M. A. (2019). Ups and downs: genetic differentiation among populations of the *Podocarpus* (Podocarpaceae) species in Mesoamerica. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 138, 17-30. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2019.05.025>.
- Ortega, J. y Maldonado, J. E. (2020). *Conservation Genetics in Mammals. Integrative Research Using Novel Approaches*. Center for Conservation Genomics Smithsonian Conservation Biology Institute. <https://doi.org/10.1007/978-3-030-33334-8>.
- Padial, J. M., Miralles, A., De la Riva, I. y Vences, M. (2010). The integrative future of taxonomy. *Frontiers in Zoology*, 7(16), 747-756. <https://doi.org/10.1186/1742-9994-7-16>.
- Pearson, R. G., Raxworthy, C. J., Nakamura, M. y Peterson, A. T. (2007). Predicting species' distributions from small numbers of occurrence records: a test case using cryptic geckos in Madagascar. *Journal of Biogeography*, 34(1), 102-107. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2699.2006.01594.x>.
- Pelletier, T. A., Crisafulli, C., Wagner, S., Zellmer, A. J. y Carstens, B. C. (2015). Historical Species Distribution Models Predict Species Limits in Western *Plethodon* Salamanders. *Systematic Biology*, 64(6), 909-925. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syu090>
- Peterson, A. T. (2011). Ecological niche conservatism: a time-structured review of evidence. *Journal of Biogeography*, 38, 817-827. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2699.2010.02456.x>.





- Pfenninger, M. y Schwenk, K. (2007). Cryptic animal species are homogeneously distributed among taxa and biogeographical regions. *BMC Evolutionary Biology*, 7(121). <https://doi.org/10.1186/1471-2148-7-121>.
- Phillips, S. J., Anderson, R. P. y Schapire, R. E. (2006). Maximum entropy modelling of species geographic distributions. *Ecological Modeling*, 190, 231-259. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2005.03.026>.
- Ramírez-Barahona, S. y Eguiarte, L. E. (2013). The role of glacial cycles in promoting genetic diversity in the Neotropics: the case of cloud forests during the Last Glacial Maximum. *Ecology and Evolution*, 3(3), 725-738. <https://doi.org/10.1002/ece3.483>.
- Raxworthy, C. J., Ingram, C. M., Rabibisoa, N. y Pearson, R. G. (2007). Applications of ecological niche modeling for species delimitation: a review and empirical evaluation using day geckos (*Phelsuma*) from Madagascar. *Systematic Biology*, 56(6), 907-923. <https://doi.org/10.1080/10635150701775111>.
- R Core Team (2022). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>.
- Renaud, S. y Auffray J. C. (2010). Adaptation and plasticity in insular evolution of the house mouse mandible. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 48 (2), 138-150. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0469.2009.00527.x>.
- Slatkin, M. (1987). Gene flow and the geographic structure of natural populations. *Science*, 236(4803), 787-792. <https://doi.org/10.1126/ciencia.3576198>
- Rohlf, F. J. y Marcus, L. F. (1993). A revolution morphometrics. *Trends in Ecology & Evolution*, 8(4), 129-132.
- Rohlf, F. J. (2019). TpsRelw32 (Version 1.7). Department of Ecology and Evolution, State University of New York at Stony Brook.
- Rogers, D. S. y Skoy, S. A. (2011). Mammalian Species: *Peromyscus furvus* (Rodentia: Cricetidae) 43(888):209-215. <https://doi.org/10.1644/888.1>.
- Sánchez-Cordero V., Botello, J., Flores-Martínez, J., Gómez-Rodríguez, R. A., Guevara, L., Gutiérrez-Granados, G., Rodríguez-Moreno, A. (2014). Biodiversidad de Chordata (Mammalia) en México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 85(1), 496-504. <https://doi.org/10.7550/rmb.31688>.
- Sánchez-Ramos G. y Dirzo R. (2014). El bosque mesófilo de montaña: un ecosistema prioritario amenazado. En: M. Gual-Díaz y A. Rendón-Correa (Eds). *Bosques Mesófilos de Montaña en México: Diversidad, Ecología y Manejo* (pp. 109-139). Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad.
- Sans-Fuentes, M. A., Ventura, J., López-Fuster, M. J. y Corti, M. (2009). Morphological variation in house mice from the robertsonian polymorphism area of Barcelona. *Biological Journal of Linnean Society*, 97(3), 555-570. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2009.01237.x>.
- SEMARNAT. (2002). Norma Oficial Mexicana NOM-59-ECOL-2001, Protección ambiental - especies nativas de México y de flora y fauna silvestres - categorías de riesgo y especificaciones para su inclusión, exclusión o cambio - lista de especies en riesgo. Diario Oficial de la Federación. México 6 de marzo de 2002, pp. 1-81.





- SEMARNAT. (2010). Norma Oficial Mexicana NOM-059-ECOL-2010, Protección ambiental - especies nativas de México y de flora y fauna silvestres - categorías de riesgo y especificaciones para su inclusión, exclusión o cambio - lista de especies en riesgo. Diario Oficial de la Federación. México 30 de diciembre de 2010, pp. 1-78.
- Shaw, A. J., Allen, B. (2000). Phylogenetic relationships, morphological incongruence, and geographic speciation in the Fontinalaceae (Bryophyta). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 16(2), 225-237. <https://doi.org/10.1006/mpev.2000.0786>.
- Sheets, D. (2014). IMP Morphometrics Software. Software tools for the analysis of shape using Geometric Morphometric Methods. <http://www3.canisius.edu/~sheets/moremorph.html>.
- Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad de México (SNIB) (S.f.) Descarga de ejemplares SNIB. <https://www.snib.mx/ejemplares/descarga/>.
- Smith, A. B., Paterson, G. L. J. y Lafay, B. (1995) Ophiuroid phylogeny and higher taxonomy: morphological, molecular and palaeontological perspectives. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 114(2), 213-243. <https://doi.org/10.1006/zjls.1995.0024>.
- Smith, A. y Grosse, I. (2016). The biomechanics of zygomatic arch shape. *The Anatomical Record*, 299, 1734-1752. <https://doi.org/10.1002/ar.23484>.
- Soberón, J. M. y Peterson, A. T. (2005). Interpretation of models of fundamental ecological niches and species' distributional areas. *Biodiversity Informatics*, 2, 1-10. <https://doi.org/10.17161/bi.v2i0.4>.
- Tamura, K. y Nei, M. (1993). Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial-DNA in humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution*, 10(3), 512-526. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040023>.
- Teta, P. y Díaz-Nieto, J. F. (2019). How integrative taxonomy can save a species from extinction: The supposedly extinct mouse opossum *Cryptonanus ignitus* (Díaz, Flores and Barquez, 2000) is a synonym of the living *C. chacoensis* (Tate, 1931). *Mammalian Biology*, 96, 73-80.
- Tocchio, L. J., Gurgel-Gonçalves, R., Escobar, L. E. y Peterson, A. T. (2014). Niche similarities among white-eared opossums (Mammalia, Didelphidae): is ecological niche modelling relevant to setting species limits?. *Zoologica Scripta*, 44(1), 1-10. <https://doi.org/10.1111/zsc.12082>.
- Toledo, V. M. (1982). Pleistocene changes of vegetation in tropical Mexico. En G. T. Prance (Ed.), *Biological diversification in the tropics: Proceedings, fifth international symposium of the Association for Tropical Biology* (pp. 93-111). Columbia University Press.
- Toro, I. M., Manríquez, S. G. y Suazo, G. I. (2010). Morfometría geométrica y el estudio de las formas biológicas: de la morfología descriptiva a la morfología cuantitativa. *International Journal of Morphology*, 28(4), 977-990. <http://dx.doi.org/10.4067/S0717-95022010000400001>.
- Valdecasas, A. G., Williams, D. y Wheeler, Q. D. (2008). 'Integrative taxonomy' then and now: a response to Dayrat (2005). *Biological Journal of the Linnean Society*, 93, 211-216. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2007.00919.x>.
- Vallejo, R. M. y González-Cózatl, F. X. (2012). Phylogenetic affinities and species limits within the genus *Megadontomys* (Rodentia: Cricetidae) based on mitochondrial sequence data. *Journal Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 50(1), 67-75. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0469.2011.00634.x>.





- Vallejo, R., Guerrero, J. A. y González-Cózatl, F. X. (2017). Patterns of Differentiation and Disparity in Cranial Morphology in Rodent Species of the genus *Megadontomys* (Rodentia: Cricetidae). *Zoological Studies*, 56, 1-15. <https://doi/10.6620/ZS.2017.56-14>.
- Van Der Molen, S., Abadías, N. M. y González, R. (2007) Introducción a la Morfometría Geométrica: curso teórico-práctico. Centro Nacional Patagónico.
- Warren, D. L., Glor, R. E., y Turelli, M. (2008). Environmental niche equivalency versus conservatism: quantitative approaches to niche evolution. *Evolution*, 62(11), 2868-2883. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.2008.00482.x>.
- Warren, D. L. y Seifert, S. N. (2011). Ecological niche modeling in Maxent: the importance of model complexity and the performance of model selection criteria. *Ecological Applications*, 21(2), 335-342. <https://doi.org/10.1890/10-1171.1>.
- West, A. G. y King, C. M. (2018) Variation in mandible shape and body size of house mice *Mus musculus* in five separate New Zealand Forest habitats. *New Zealand Journal of Zoology*, 45(2), 136-153. <https://doi.org/10.1080/03014223.2017.1411955>.
- Wheeler, Q. D. (2008). Introductory: toward the new taxonomy. *Taylor and Francis Group*, 1-17.
- Wilson, E. O. (1988). *Biodiversity*, primera edición. National Academy Press.
- Wright, S. (1943). Isolation by distance. *Genetics*, 28(2), 114-138. <https://doi.org/10.1093/genética/28.2.114>
- WWF 2020. Living Planet Report 2020 - Bending the curve of biodiversity loss. Almond, R.E.A., Grooten M. y Petersen, T. (Eds). WWF, Gland, Switzerland.
- Yazdi, F. T., Adriaens, D. y Darvish, J. (2012) Geographic pattern of cranial differentiation in the Asian Midday Jird *Meriones meridianus* (Rodentia: Muridae: Gerbillinae) and its taxonomic implications. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 50(2), 157-164. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0469.2011.00642.x>.
- Zhang, Y., Chen, C., Li, L., Zhao, C., Chen, W. y Huang, Y. (2014). Insights from ecological niche modeling on the taxonomic distinction and niche differentiation between the blackspotted and red-spotted tokay geckoes (*Gekko gecko*). *Ecology and Evolution*, 4(17), 3383-3394. <https://doi.org/10.1002/ece3.1183>.
- Zelditch, M. L., Swiderski, D. L., Sheets, H. D. y Fink, W. L. (2004). *Geometric Morphometrics for Biologists*. Elsevier Academy Press.







**Anexo 1.** Poblaciones de *P. fuvvus* registradas en colecciones científicas. Rojo: se utilizaron cráneos y mandíbulas, azul: sólo se usaron mandíbulas, verde: sólo se usaron cráneos, negro: no se incluyeron en los análisis morfométricos.

GRUPO	ESTADO	MUNICIPIO	LOCALIDAD	X	Y	NÚMERO DE INDIVIDUOS	COLECCIÓN
1	San Luis Potosí	Xilitla	1 Km N Apetzco	-99.009	21.403	1	ENCB Colección Mastozoológica
1	San Luis Potosí	Xilitla	10 Km N Apetzco	-99.009	21.493	1	ENCB Colección Mastozoológica
1	San Luis Potosí	Matlapa	11 Km S, 8 Km W Xilitla	-98.931	21.289	31	UAMI Colección de Mamíferos
1	San Luis Potosí	Tamazunchale	6 Km Ne Tamazunchale	-98.774	21.279	11	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
1	San Luis Potosí	Tamazunchale	8 Km Nw Xilitla	-98.863	21.19	6	ENCB Colección Mastozoológica
1	San Luis Potosí	Xilitla	Apetzco, 0.5 Km N, 2 Km W Xilitla	-99.026	21.393	4	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
1	San Luis Potosí	Xilitla	Apetsco	-99.01	21.393	2	KUBI Mammalogy Collection
1	San Luis Potosí	Xilitla	Miramar Grande	-99.032	21.381	2	LSU Louisiana State University, Museum of Natural Science
1	San Luis Potosí	Xilitla	3.5 Rd.Mi Sw Xilitla, 740m	-99.021	21.363	1	UMMZ University of Michigan, Museum of Zoology
1	San Luis Potosí	Xilitla	Grande Miramar	-99.032	21.381	22	LSU Louisiana State University, Museum of Natural Science
1	San Luis Potosí	Xilitla	Xilitla	-99.007	21.386	1	UMMZ University of Michigan, Museum of Zoology
1	San Luis Potosí	Tamazunchale	Las Pozas, 1 Km N Xilitla	-98.808	21.183	1	ENCB Colección Mastozoológica
1	San Luis Potosí	Xilitla	6 Mi W Of Ahuacatlan	-99.138	21.321	3	LSU Louisiana State University, Museum of Natural Science
1	Querétaro	Landa De Matamoros	El Pemoche	-99.109	21.164	10	MZFC Colección Mastozoológica
1	Querétaro	Landa De Matamoros	Santa Ines S, 2.5 Km Nw	-99.126	21.178	16	MZFC Colección Mastozoológica
2	Hidalgo	Tlanchinol	3.5 Km Nw Tlanchinol	-98.679	21.013	2	CNMA Colección Nacional de Mamíferos
2	Hidalgo	Tlanchinol	3.8 Km Nne Tlanchinol	-98.645	21.02	1	CNMA Colección Nacional de Mamíferos
2	Hidalgo	Tlanchinol	5.3 Km E Tlanchinol	-98.627	20.987	9	CNMA Colección Nacional de Mamíferos
2	Hidalgo	Tenango De Doria	21 Km Ne Metepec (Por Carretera)	-98.24	20.315	15	CMC Colección de Mamíferos del CIByC
2	Hidalgo	Agua Blanca De Iturbide	Río Chifón, 9.7 Km Ene Crucero Los Tules, Camino A	-98.385	20.401	17	CMC Colección de Mamíferos del CIByC
2	Hidalgo	Agua Blanca De Iturbide	5 Km Ene Crucero Los Tules, Camino	-98.365	20.383	8	CMC Colección de Mamíferos del CIByC
2	Hidalgo	Tlanchinol	0.5 Km S, 6 Km W Otongo	-98.681	20.964	8	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
2	Hidalgo	Lolotla	1 Km S, 3.5 Km W Otongo	-98.732	20.971	5	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
2	Hidalgo	Tlanchinol	1 Km S, 6 Km W Otongo	-98.706	20.965	12	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
2	Hidalgo	Zacualtipan De Angeles	1.2 Km S, 8.4 Km E Zacualtipan	-98.569	20.649	8	ENCB Colección Mastozoológica
2	Hidalgo	Tepehuacan De Guerrero	1.5 Km N Chilijapan	-98.878	21.019	6	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
2	Hidalgo	Chapulhuacan	2 Km N Chapulhuacan	-98.896	21.179	4	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
2	Hidalgo	Xochicoatlan	2 Km N Xochicoatlan	-98.678	20.796	11	ENCB Colección Mastozoológica
2	Hidalgo	San Bartolo Tutotepec	2 Km N, 2 Km W San Bartolo Tutoltepec	-98.254	20.486	3	ENCB Colección Mastozoológica





GRUPO	ESTADO	MUNICIPIO	LOCALIDAD	X	Y	NÚMERO DE INDIVIDUOS	COLECCIÓN
2	Hidalgo	Tepehuacan De Guerrero	3 Km N Tepehuacan de Guerrero	-98.849	21.04	2	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
2	Hidalgo	Chapulhuacan	3 Km S Santa Ana De Allende	-98.995	21.117	5	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
2	Hidalgo	Xochicoatlan	3.5 Km Se Tianguistengo	-98.626	20.806	2	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
2	Hidalgo	Tlanchinol	3.7 Km E Tlanchinol	-98.623	20.988	1	CNMA Colección Nacional de Mamíferos
2	Hidalgo	Tepehuacan De Guerrero	4 Km N Tepehuacan de Guerrero	-98.841	21.019	3	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
2	Hidalgo	Tlanchinol	4 Km N, 1.5 Km E Tlanchinol	-98.645	21.021	2	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
2	Hidalgo	Tlanchinol	4 Km Ne Tlanchinol	-98.648	21.033	22	ENCB Colección Mastozoológica
2	Hidalgo	Tenango De Doria	Cabañas 0.6 Km Rumbo A 5 De Mayo	-98.238	20.334	13	MZFC Colección Mastozoológica
2	Hidalgo	Huejutla De Reyes	Huazalingo 10 Km Nw	-98.519	21.036	6	MZFC Colección Mastozoológica
2	Hidalgo	Tenango De Doria	El Ciño	-98.247	20.336	10	MZFC Colección Mastozoológica
2	Hidalgo	Tenango De Doria	El Potrero	-98.232	20.321	24	MZFC Colección Mastozoológica
2	Hidalgo	Chapulhuacan	Jaros	-98.888	21.184	1	MZFC Colección Mastozoológica
2	Hidalgo	Tenango De Doria	El Texmal	-98.266	20.341	2	MZFC Colección Mastozoológica
2	Hidalgo	Metepec	Metepec	-98.321	20.237	1	UMMZ University of Michigan, Museum of Zoology
2	Hidalgo	Tenango De Doria	Rancho 'El Gosco'	-98.238	20.329	3	MZFC Colección Mastozoológica
2	Hidalgo	San Bartolo Tutotepec	San Bartolo Tutotepec	-98.201	20.408	6	MZFC Colección Mastozoológica
2	Hidalgo	Tlanchinol	Tlanchinol	-98.64	20.997	27	TTU Texas Tech University
2	Hidalgo	San Agustin Metzquititlan	12 Km S Zacualtipan	-98.653	20.535	1	TTU Texas Tech University
2	Hidalgo	Tlanchinol	Tehuettlan	-98.629	21.007	14	TTU Texas Tech University
2	Hidalgo	Zacualtipan De Angeles	4 Km N Zacualtipan	-98.603	20.644	8	TTU Texas Tech University
2	Veracruz	Huayacocotla	2mi Se Huayacocotla (Hwy 51), 6500ft	-98.498	20.525	4	UMMZ University of Michigan, Museum of Zoology
2	Veracruz	Zacualpan	Zacapualpan	-98.349	20.432	6	KUNHM Kansas University Natural History Museum, University of Kansas
2	Veracruz	Huayacocotla	Huayacocotla (Carr.51)	-98.475	20.542	4	UMMZ University of Michigan, Museum of Zoology
2	Puebla	Huachinango	8 Km N Huachinango	-98.066	20.24	2	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
2	Puebla	Zacatlan	8 Km N Huachinango	-98.05	20.034	6	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
2	Puebla	Xicotepec	El Salto	-98.011	20.261	7	MZFC Colección Mastozoológica
2	Puebla	Huachinango	Huachinango, 5.44 Km Sw	-98.088	20.159	9	ENCB Colección Mastozoológica
2	Puebla	Juan Galindo	Huachinango; 3 Km N, 3 Km E	-98.023	20.204	3	ENCB Colección Mastozoológica
3	Veracruz	Xico	Matalapa.	-97.079	19.472	13	CMC Colección de Mamíferos del CIByC
3	Veracruz	Ixhuacan De Los Reyes	El Rinconcito, 2 Km Al Sur Desde Conasupo Por La	-97.119	19.345	11	CMC Colección de Mamíferos del CIByC





GRUPO	ESTADO	MUNICIPIO	LOCALIDAD	X	Y	NÚMERO DE INDIVIDUOS	COLECCIÓN
3	Veracruz	Acajete	3.4 Km Sw De La Desviación A Mazatepec (Carretera Xalapa-	-97.018	19.559	38	CMC Colección de Mamíferos del CIByC
3	Puebla	Honey	0.2 Km N Honey	-98.213	20.242	3	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Puebla	Honey	1 Km E Honey	-98.208	20.245	2	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Puebla	Chichiquila	1 Km Sw Huascaleca	-97.09	19.233	4	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Puebla	Tlacuilotepec	1.5 Km N Tlacuilotepec	-98.067	20.326	4	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Puebla	Coyomeapan	1.5 Km Se Quimixtlan	-97.088	18.254	13	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Puebla	Hueytamalco	3 Km Ne San Juan Acateno	-97.35	19.883	3	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Puebla	Teziutlan	3 Km Nw San Juan Acateno	-97.358	19.888	2	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Puebla	Pahuatlan	4 Km Ne Pahuatlan	-98.133	20.324	3	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Puebla	Coyomeapan	5 Km Nw Puerto De La Soledad	-97.034	18.198	1	CNMA Colección Nacional de Mamíferos
3	Puebla	Zacapoaxtla	5.5 Km N Zacapoaxtla	-97.59	19.917	2	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Puebla	Teziutlan	9 Km Ne Teziutlan	-97.328	19.869	2	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Puebla	Zacapoaxtla	Apulco, 5.5 Km N Zacapoaxtla	-97.59	19.917	6	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Puebla	Huauhinango	7.3mi By Road Sw Huauchinango, 6800ft	-98.119	20.123	32	UMMZ University of Michigan, Museum of Zoology
3	Puebla	Zacapoaxtla	Zacapoaxtla	-97.588	19.872	1	UMMZ University of Michigan, Museum of Zoology
3	Veracruz	Ixhuacan De Los Reyes	1 Km W Ixhuacan De Los Reyes	-97.13	19.354	13	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Veracruz	Naolinco	1 Km W Naolinco	-96.889	19.659	3	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Veracruz	Tlacolulan	1 Km W Tlacolulan	-96.958	19.667	13	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Veracruz	Banderilla	1.5 Km Se Banderillas	-96.91	19.576	6	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Veracruz	Jilotepec	2 Km N, 2 Km W Jilotepec	-96.958	19.641	5	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Veracruz	Ixhuacan De Los Reyes	2 Km Nw Ixhuacan De Los Reyes	-97.101	19.342	23	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Veracruz	Coscomatepec	3 Km N, 3.5 Km E Coscomatepec	-97.031	19.101	25	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Veracruz	Atzalan	3 Km Ne San Juan Acateno	-97.217	19.9	8	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Veracruz	Coscomatepec	3.5 Km S 2 Km E Coscomatepec	-97.029	19.038	3	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Veracruz	Jilotepec	4 Km N Jilotepec	-96.919	19.6	3	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Veracruz	Naolinco	4 Km N Naolinco	-96.881	19.696	5	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Veracruz	Huatusco	5 Km N Huatusco	-96.959	19.181	2	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Veracruz	Landero Y Coss	5 Km N, 3 Km E Naolinco	-96.851	19.715	1	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Veracruz	Jalacingo	5 Km Sw Tlapacoyan	-97.233	19.917	12	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Veracruz	Coscomatepec	5.5 Km N, 6 Km E Coscomatepec	-97.026	19.094	13	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Veracruz	Banderilla	8 Km Sw Naolinco	-96.935	19.6	16	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa







GRUPO	ESTADO	MUNICIPIO	LOCALIDAD	X	Y	NÚMERO DE INDIVIDUOS	COLECCIÓN
3	Veracruz	Perote	Valsequillo	-97.154	19.592	2	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
3	Veracruz	Xico	Matlalapa, Cerro De La Cruz	-97.078	19.475	8	CMC Colección de Mamíferos del CIByC
3	Veracruz	Huatusco	1.9 Km AIN De Las Cañadas (Eco	-96.983	19.188	5	CMC Colección de Mamíferos del CIByC
3	Veracruz	bhuacan De Los Reyes	Agua Bendita Hacia Buena Vista A 250 M Al Este Del Camino.	-97.099	19.351	8	CMC Colección de Mamíferos del CIByC
3	Veracruz	Alto Lucero De Gutierrez Barrios	4 Km N, 7.5 Km W Actopan	-96.688	19.539	4	ENCB Colección Mastozoológica
3	Veracruz	Xalapa	Xalapa	-96.909	19.538	5	MVZ-UCB Museum of Vertebrate Zoology, University of California, Berkeley
3	Veracruz	Xalapa	Xalapa	-96.928	19.541	17	NMNH-SI National Museum of Natural History, Smithsonian Institution
3	Veracruz	Xico	Xico	-97.028	19.421	42	KUNHM Kansas University Natural History Museum, University of Kansas
3	Veracruz	Calchahuaco	Bernardo, 1 Mile Calchahuaco	-97.085	19.121	3	CAS-MAM Mammalogy Collection
3	Veracruz	Banderilla	xalapa, 5 Km N	-96.928	19.585	7	KUNHM Kansas University Natural History Museum, University of Kansas
3	Veracruz	Calchahuaco	Teopantitla, 1.5 Km E Atotonilco	-97.172	19.15	5	ENCB Colección Mastozoológica
3	Veracruz	Catemaco	Tabanca	-95.003	18.379	2	TTU Texas Tech University
4	Oaxaca	Teotitlan De Flores Magon	1.5 Km S Puerto De La Soledad	-96.998	18.152	27	CNMA Colección Nacional de Mamíferos
4	Oaxaca	Teotitlan De Flores Magon	3 Km Nw Puerto De La Soledad	-97.02	18.185	13	CNMA Colección Nacional de Mamíferos
4	Oaxaca	Teotitlan De Flores Magon	Camino A San Bernardino, 1 Km Se Puerto De La	-96.991	18.159	7	CNMA Colección Nacional de Mamíferos
4	Oaxaca	Teotitlan De Flores Magon	Puerto De La Soledad	-96.998	18.166	10	CNMA Colección Nacional de Mamíferos
4	Oaxaca	Teotitlan De Flores Magon	Puerto De La Soledad	-97.008	18.175	29	CNMA Colección Nacional de Mamíferos
4	Oaxaca	Teotitlan De Flores Magon	0.5 Km Carretera Puerto De La	-96.996	18.161	7	CNMA Colección Nacional de Mamíferos
4	Oaxaca	Teotitlan De Flores Magon	Camino A San Bernardino, 1 Km Se Puerto De La	-96.991	18.159	7	CNMA Colección Nacional de Mamíferos
4	Oaxaca	Teotitlan De Flores Magon	1.5 Km Carretera Puerto De La	-97.001	18.154	8	CNMA Colección Nacional de Mamíferos
4	Oaxaca	Santiago Comaltepec	2.5 Km N, 1 Km E La Esperanza	-96.39	17.587	52	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
4	Oaxaca	Teotitlan De Flores Magon	Puerto De La Soledad	-96.998	18.166	3	OAXMA Colección Mastozoológica
4	Oaxaca	Teotitlan De Flores Magon	Puerto De La Soledad	-96.983	18.153	27	MZFC Colección Mastozoológica
4	Oaxaca	Teotitlan De Flores Magon	Puerto Soledad	-97.008	18.158	6	MZFC Colección Mastozoológica
4	Oaxaca	Santiago Comaltepec	5 Km S, 3 Km W La Esperanza	-96.405	17.594	25	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
4	Oaxaca	Santiago Comaltepec	5 Km S, 3 Km W La Esperanza	-96.405	17.594	17	UAMI Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa
4	Oaxaca	Teotitlan De Flores Magon	2 Km Carretera Puerto De La	-97.003	18.151	3	CNMA Colección Nacional de Mamíferos





**Anexo 2.** Porcentajes de asignación entre grupos basado en las puntuaciones de las variables canónicas.

CRÁNEO	<i>P. f. angustirostris</i>	<i>P. f. furvus</i>	Puerto de la Soledad, Sierra Mazateca
<i>P. f. angustirostris</i>	63.33%	21.20%	15.50%
<i>P. f. furvus</i>	18.50%	66.60%	14.93%
Puerto de la Soledad, Sierra Mazateca	15.30%	4.70%	80%

MANDÍBULA	<i>P. f. angustirostris</i>	<i>P. f. furvus</i>	Puerto de la Soledad, Sierra Mazateca
<i>P. f. angustirostris</i>	78.90%	13.10%	8.00%
<i>P. f. furvus</i>	30%	50%	20%
Puerto de la Soledad, Sierra Mazateca	11.45%	11.45%	77.10%





UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL  
ESTADO DE MORELOS



Cuernavaca, Morelos a 16 de mayo del 2022

**Coordinación Académica  
Maestría en Biología Integrativa de la  
Biodiversidad y la Conservación  
Presente**

Como integrante de la Comisión Revisora y después de haber evaluado la tesis titulada "REVALUACIÓN TAXONÓMICA DEL RATÓN NEGRUZCO *Peromyscus fuvvus* (RODENTIA: CRICETIDAE) POR MEDIO DE MORFOMETRÍA Y MODELOS DE NICHOS ECOLÓGICO" de la alumna **Nancy Izchel López Arriaga**, con número de matrícula **10036695**, aspirante al grado de Maestra en Biología Integrativa de la Biodiversidad y la Conservación, expreso mi decisión eligiendo la opción:

( X ) Otorgo el voto por considerar que la tesis reúne los requisitos para ser presentada y defendida en el examen de grado.

( ) No otorgo el voto aprobatorio por considerar que la tesis no está lista para ser presentada y defendida en el examen de grado.

ATENTAMENTE

*firma electrónica*

**Dra. Elizabeth Arellano Arenas**

C.c.p. Archivo electrónico



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL  
ESTADO DE MORELOS

Se expide el presente documento firmado electrónicamente de conformidad con el ACUERDO GENERAL PARA LA CONTINUIDAD DEL FUNCIONAMIENTO DE LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MORELOS DURANTE LA EMERGENCIA SANITARIA PROVOCADA POR EL VIRUS SARS-COV2 (COVID-19) emitido el 27 de abril del 2020.

El presente documento cuenta con la firma electrónica UAEM del funcionario universitario competente, amparada por un certificado vigente a la fecha de su elaboración y es válido de conformidad con los LINEAMIENTOS EN MATERIA DE FIRMA ELECTRÓNICA PARA LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE ESTADO DE MORELOS emitidos el 13 de noviembre del 2019 mediante circular No. 32.

### Sello electrónico

**ELIZABETH ARELLANO ARENAS | Fecha:2022-05-16 17:29:45 | Firmante**

QsbL8Gh0gakglTvkgm99tpBeFDtbg2E2EVCfr7YU7TRBjZR6lwJHP8bWTU+I9UHiwHucm53Bub8uDpcmnLNxIPa1n6x9IUb9pAPDjIUspIfMq3M6fFlun3alRFWN7GBj+Bxaf83wXtli08OVzNj9SyDMssiki73B9uEqSb55MB7y2fNedntZqOrkzWg8KUpZs7cca4oLteG9eZQGJGHv1RkAg8l2pzV4wJvtr1IFXDnSdAyYpgyBDHsBKdoplLHC0OssGM1oV/M8MI3fbkrEDQK209DFQjUCUddllIKWh3K6f00UoMqacAQ/osTCsE+oJAWKr1QSIIEgv8yCFphOrg==

Puede verificar la autenticidad del documento en la siguiente dirección electrónica o escaneando el código QR ingresando la siguiente clave:



[Wdlqp9lrv](#)

<https://efirma.uaem.mx/noRepudio/jppqyVccMaFlze7qnvbx8hMyGuJUO7P8>



Fecha: 09 de mayo de 2022

**Coordinación Académica  
Maestría en Biología Integrativa de la  
Biodiversidad y la Conservación  
Presente**

Como integrante de la Comisión Revisora y después de haber evaluado la tesis titulada "REVALUACIÓN TAXONÓMICA DEL RATÓN NEGRUZCO *Peromyscus furvus* (RODENTIA: CRICETIDAE) POR MEDIO DE MORFOMETRÍA Y MODELOS DE NICHOS ECOLÓGICOS" de la alumna **Nancy Izchel López Arriaga**, con número de matrícula **10036695**, aspirante al grado de Maestra en Biología Integrativa de la Biodiversidad y la Conservación, expreso mi decisión eligiendo la opción:

(X) Otorgo el voto por considerar que la tesis reúne los requisitos para ser presentada y defendida en el examen de grado.

( ) No otorgo el voto aprobatorio por considerar que la tesis no está lista para ser presentada y defendida en el examen de grado.

Atentamente



---

**Dr. Lázaro Guevara López**

Se expide el presente documento firmado electrónicamente de conformidad con el ACUERDO GENERAL PARA LA CONTINUIDAD DEL FUNCIONAMIENTO DE LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MORELOS DURANTE LA EMERGENCIA SANITARIA PROVOCADA POR EL VIRUS SARS-COV2 (COVID-19) emitido el 27 de abril del 2020.

El presente documento cuenta con la firma electrónica UAEM del funcionario universitario competente, amparada por un certificado vigente a la fecha de su elaboración y es válido de conformidad con los LINEAMIENTOS EN MATERIA DE FIRMA ELECTRÓNICA PARA LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE ESTADO DE MORELOS emitidos el 13 de noviembre del 2019 mediante circular No. 32.

### Sello electrónico

LAZARO GUEVARA LÓPEZ | Fecha:2022-05-09 10:47:38 | Firmante

clqzalU7CJmsTt3Fdp5J3KWDdeqeq+j/ERmbhx1Ofx86Ax3MrFFmK4TbExDyN6CkaJMj2UThUP4DUNWU165J0vv+EGcpJ3x5I6sCkNEYM1zBPvqED+tnOIMUqOJzfY8a9irT4+M+Xh3GluVHDlwXaZTJufUTuyBSN4fBQRUNWFD5pGfWSGJjydlRVvbUPwuhTMZuPeJDDqPy3mbET5aetWI3WLOJBqE5zLQINy2hwbYECXcUYUzVA/IT2lyKSAGf9+oTkZWhhp  
tBdyPxs1bpITZN+IORY1JBbLKEPxP6Nyb31xcFwEuS3j433BgUy0vvgyuYpkyax0LUzyA6YbU1dA==

Puede verificar la autenticidad del documento en la siguiente dirección electrónica o  
escaneando el código QR ingresando la siguiente clave:



[sn9rZIYbK](#)

<https://efirma.uaem.mx/noRepudio/ZZPG7pjhrbdWf5BJA08ckQGJWkCQIJ6i>



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL  
ESTADO DE MORELOS



Cuernavaca, Morelos, 5 de mayo de 2022

**Coordinación Académica  
Maestría en Biología Integrativa de la  
Biodiversidad y la Conservación  
Presente**

Como integrante de la Comisión Revisora y después de haber evaluado la tesis titulada "REVALUACIÓN TAXONÓMICA DEL RATÓN NEGRUZCO *Peromyscus fuvus* (RODENTIA: CRICETIDAE) POR MEDIO DE MORFOMETRÍA Y MODELOS DE NICHOS ECOLÓGICO" de la alumna **Nancy Izchel López Arriaga**, con número de matrícula **10036695**, aspirante al grado de Maestra en Biología Integrativa de la Biodiversidad y la Conservación, expreso mi decisión eligiendo la opción:

(  ) Otorgo el voto por considerar que la tesis reúne los requisitos para ser presentada y defendida en el examen de grado.

(  ) No otorgo el voto aprobatorio por considerar que la tesis no está lista para ser presentada y defendida en el examen de grado.

Atentamente

(FIRMA ELECTRÓNICA)  
**Dr. Francisco Xavier González Cózatl**





UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL  
ESTADO DE MORELOS

Se expide el presente documento firmado electrónicamente de conformidad con el ACUERDO GENERAL PARA LA CONTINUIDAD DEL FUNCIONAMIENTO DE LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MORELOS DURANTE LA EMERGENCIA SANITARIA PROVOCADA POR EL VIRUS SARS-COV2 (COVID-19) emitido el 27 de abril del 2020.

El presente documento cuenta con la firma electrónica UAEM del funcionario universitario competente, amparada por un certificado vigente a la fecha de su elaboración y es válido de conformidad con los LINEAMIENTOS EN MATERIA DE FIRMA ELECTRÓNICA PARA LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE ESTADO DE MORELOS emitidos el 13 de noviembre del 2019 mediante circular No. 32.

### Sello electrónico

**FRANCISCO XAVIER GONZALEZ COZATL | Fecha:2022-05-05 12:18:25 | Firmante**

scqcCCHYlftlr1HT+pqj77IStafiKnqEKh0N3V++RV3zpCdSXxWuuwabPnZn7vdohNd0wVvYiiXzbKxSICqExFy1MDsXkaz3MOENKaPAh0KC5m66RB/GflzpAcs7URby0DUC3UFC  
DQhD9nhALFTqxOeHOuhPrCZxIJrwRouUNTPdLdNJ0am8s00U4ZrY5PAxT+y2OUh6FDSNLivg9cD0ixefnBLXYqQ7zYHImD4E3BKGOVO/bCNPVrvlh+YIRRMbugda3664M7  
ZDd1fga2VVmm6/AfG5wb9AptqD7VhfZquykoXBteoDkHZ2R8oHUDDpFzs9/X36U4F/UUmD71YQ==

Puede verificar la autenticidad del documento en la siguiente dirección electrónica o  
escaneando el código QR ingresando la siguiente clave:



1XyfPDprB

<https://efirma.uaem.mx/noRepudio/4Mqvpqn0zw9b945sVn6diro03M8KGnBd>







Ciudad de México a 30 de marzo de 2022.

**Coordinación Académica  
Maestría en Biología Integrativa de la  
Biodiversidad y la Conservación  
Presente**

Como integrante de la Comisión Revisora y después de haber evaluado la tesis titulada “REVALUACIÓN TAXONÓMICA DEL RATÓN NEGRUZCO *Peromyscus furvus* (RODENTIA: CRICETIDAE) POR MEDIO DE MORFOMETRÍA Y MODELOS DE NICHOS ECOLÓGICO” de la alumna **Nancy Izchel López Arriaga**, con número de matrícula **10036695**, aspirante al grado de Maestra en Biología Integrativa de la Biodiversidad y la Conservación, expreso mi decisión eligiendo la opción:

(  ) Otorgo el voto por considerar que la tesis reúne los requisitos para ser presentada y defendida en el examen de grado.

(  ) No otorgo el voto aprobatorio por considerar que la tesis no está lista para ser presentada y defendida en el examen de grado.

Atentamente

---

M. en C. Cirene Gutiérrez Blando

Se expide el presente documento firmado electrónicamente de conformidad con el ACUERDO GENERAL PARA LA CONTINUIDAD DEL FUNCIONAMIENTO DE LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MORELOS DURANTE LA EMERGENCIA SANITARIA PROVOCADA POR EL VIRUS SARS-COV2 (COVID-19) emitido el 27 de abril del 2020.

El presente documento cuenta con la firma electrónica UAEM del funcionario universitario competente, amparada por un certificado vigente a la fecha de su elaboración y es válido de conformidad con los LINEAMIENTOS EN MATERIA DE FIRMA ELECTRÓNICA PARA LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE ESTADO DE MORELOS emitidos el 13 de noviembre del 2019 mediante circular No. 32.

### Sello electrónico

**CIRENE GUTIÉRREZ BLANDO | Fecha:2022-03-30 23:52:04 | Firmante**

rX98fY4l7qjHdxVzQyMqnuNZFTex14MCz20xuUXHCDytD0sVPplW22yK05Lh+wMRo4Lpvmqr1+jcWW+VjywgQ9p+OgM4QkhsXRsoF+BR0qsuiuffKSIUGbclWpRyzubnuhMDjnQg17eRAaW2kH55BRW2oe63awrqSWfHBQ67P2HLxZeMYXLvkNlx/uNN+6X1bTLkpORK9NcrinKjJtRJOxyJnSKwsSghecTtt20eYlknvb1ERglyn+R+kMtj+1jSrm9kAs1Hr5U4A0qA0PyL8htq+jAj18TmaMlke9DGI9humhet4GNK0obk5tjJelpek3DtmShqhQ5wDB8ypeLsNcA==

Puede verificar la autenticidad del documento en la siguiente dirección electrónica o escaneando el código QR ingresando la siguiente clave:



[dvsyafK8B](#)

<https://efirma.uaem.mx/noRepudio/rqwrHa6gez78Tn7bOHCbTi04UOc0jfJ0>



UANL

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN

FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS

LABORATORIO DE MASTOZOLOGÍA "DR. BERNARDO VILLA RAMÍREZ"

Fecha: 6 de mayo de 2022

**Coordinación Académica  
Maestría en Biología Integrativa de la  
Biodiversidad y la Conservación  
Presente**

Como integrante de la Comisión Revisora y después de haber evaluado la tesis titulada "REVALUACIÓN TAXONÓMICA DEL RATÓN NEGRUZCO *Peromyscus furvus* (RODENTIA: CRICETIDAE) POR MEDIO DE MORFOMETRÍA Y MODELOS DE NICHOS ECOLÓGICOS" de la alumna **Nancy Izchel López Arriaga**, con número de matrícula **10036695**, aspirante al grado de Maestra en Biología Integrativa de la Biodiversidad y la Conservación, expreso mi decisión eligiendo la opción:

( X ) Otorgo el voto por considerar que la tesis reúne los requisitos para ser presentada y defendida en el examen de grado.

( ) No otorgo el voto aprobatorio por considerar que la tesis no está lista para ser presentada y defendida en el examen de grado.

Atentamente

**Dra. Evelyn Patricia Ríos Mendoza**



Se expide el presente documento firmado electrónicamente de conformidad con el ACUERDO GENERAL PARA LA CONTINUIDAD DEL FUNCIONAMIENTO DE LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MORELOS DURANTE LA EMERGENCIA SANITARIA PROVOCADA POR EL VIRUS SARS-COV2 (COVID-19) emitido el 27 de abril del 2020.

El presente documento cuenta con la firma electrónica UAEM del funcionario universitario competente, amparada por un certificado vigente a la fecha de su elaboración y es válido de conformidad con los LINEAMIENTOS EN MATERIA DE FIRMA ELECTRÓNICA PARA LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE ESTADO DE MORELOS emitidos el 13 de noviembre del 2019 mediante circular No. 32.

### Sello electrónico

**EVELYN PATRICIA RIOS MENDOZA | Fecha:2022-05-10 22:41:52 | Firmante**

ak+qjiMXf0uSRAG0RYWZGLf0sfOTany5zk+/2V6ShpmGr8qot8W0TIGHN9NJwANzVlt2d1EsX1qecjcD80d/YADwIBL7I/R9P6hCJwb1FO0MnieGtOp1HyZ/q1OSZsBx+GZSvSU6s2+5eDOn1UXhAVokDdqz69ozXdQDN7wd4s9xFSqBD35f14dNOPJIL402/k3K2WphV+cND9ltYbReZFKKQSD8O08Dov7I/kh8gJQW4+qDoZ3xbKckqmdQ0yB2WKoCRYIE4aQRKO8arCSH6LOp4popKITF2pDoBv4iSmPqWFh9QRrFDLTVBzAjlVaKu+5/AZsqVZmL81wVDFA==

Puede verificar la autenticidad del documento en la siguiente dirección electrónica o escaneando el código QR ingresando la siguiente clave:



[cXy0ExOIB](#)

<https://efirma.uaem.mx/noRepudio/wxEHylyC6p1pvPdE7Igu6Noi166qP7M9>



*Fecha: 13 de mayo de 2022*

**Coordinación Académica  
Maestría en Biología Integrativa de la  
Biodiversidad y la Conservación  
Presente**

Como integrante de la Comisión Revisora y después de haber evaluado la tesis titulada “REVALUACIÓN TAXONÓMICA DEL RATÓN NEGRUZCO *Peromyscus fuvvus* (RODENTIA: CRICETIDAE) POR MEDIO DE MORFOMETRÍA Y MODELOS DE NICHOS ECOLÓGICO” de la alumna **Nancy Izchel López Arriaga**, con número de matrícula **10036695**, aspirante al grado de Maestra en Biología Integrativa de la Biodiversidad y la Conservación, expreso mi decisión eligiendo la opción:

( X ) Otorgo el voto por considerar que la tesis reúne los requisitos para ser presentada y defendida en el examen de grado.

(   ) No otorgo el voto aprobatorio por considerar que la tesis no está lista para ser presentada y defendida en el examen de grado.

Atentamente

Firma Electrónica

---

**Dr. José Antonio Guerrero Enríquez**



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL  
ESTADO DE MORELOS

Se expide el presente documento firmado electrónicamente de conformidad con el ACUERDO GENERAL PARA LA CONTINUIDAD DEL FUNCIONAMIENTO DE LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE MORELOS DURANTE LA EMERGENCIA SANITARIA PROVOCADA POR EL VIRUS SARS-COV2 (COVID-19) emitido el 27 de abril del 2020.

El presente documento cuenta con la firma electrónica UAEM del funcionario universitario competente, amparada por un certificado vigente a la fecha de su elaboración y es válido de conformidad con los LINEAMIENTOS EN MATERIA DE FIRMA ELECTRÓNICA PARA LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE ESTADO DE MORELOS emitidos el 13 de noviembre del 2019 mediante circular No. 32.

### Sello electrónico

JOSE ANTONIO GUERRERO ENRIQUEZ | Fecha:2022-05-13 12:12:19 | Firmante

D7as/7MWP6z0jPBjszlXk6y+03FE6ZSL7FzePtDrkj5v7KORbm6b044b4WolJSveoQtJEDv7iJ7G+sevtynJgSilze3cQICen2/GFBdHPkIQrSpE/x/oJfcuHRI3cVAkNY7Asr4RLvg09JF  
rWQxPWsprMsajfACUs5RQBfyco/7TH4kBBanh7k5YIz6NLz9V5ADJHtGHaSY5AQ39xoUDJg46fP9hoZPyDte4KdDlclVbaQRRpED4oGHt+ymZF2euydzt2/v7NteJa7u2hxp9+uH  
/jYTFRvol+iiYLIgbbB6dLGXnTsd6+MZ7MgvKvm4JRbRpANwsYAG8nmK4WWLBoQ==

Puede verificar la autenticidad del documento en la siguiente dirección electrónica o  
escaneando el código QR ingresando la siguiente clave:



[qbdXKTP2c](#)

<https://efirma.uaem.mx/noRepudio/dLp13LtkFF2macEQZPzcZuHhujRwCww2>

