1. Los datos fueron preparados de acuerdo a lo establecido en GitHub/Modeling/dataprep\_06082014.R. En resumen los datos fueron verificados hasta municipio para todas las fuentes de datos con excepción de 1) eBird, el cual no incluye el campo de municipio y 2) Sheffield and Norwegian University, el cual no fue verificado ya que son datos provenientes de GPS. La tabla para entrada en mxParallel.R
2. mxParallel.R fue corrido de acuerdo a GitHub/Modeling/modelrun\_06082014.R
3. Los modelos fueron convertidos a PNG de acuerdo a GitHub/Modeling/log\_convert2PNG\_08092014.R.
4. Por alguna razón los KMZ no fueron generados por el anterior paso (solo KML y PNG por separado) asi que se creo un script para comprimir los KML y PNG por especie. El código es GitHub/Modeling/generateKMZ.R.
5. Finalmente, los metadatos fueron generados usando GitHub/Modeling/batchGenerateMetadata.R.
6. Los archivos de salida están en la máquina virtual GIC y en el espacio NAS asignado a biomodelos, bajo Modelos/06082014.
7. Se uso el script log\_changeCSVheaders\_08092014.R para cambiar los headers de todos los CSV los cuales fueron guardados en Modelos/06082014/CSV.