

150  
2e1



# UNIVERSIDAD NACIONAL AUTONOMA DE MEXICO

FACULTAD DE CIENCIAS

## DETERMINACION DEL CARIOTIPO DE *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis* (RODENTIA - MURIDAE)

### T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TITULO DE  
B I O L O G O  
P R E S E N T A :  
ISRAEL RAMIREZ RIVERA



FACULTAD DE CIENCIAS  
U.N.A.M.



M. en C. Carolina Müdspacher Ziehl

FACULTAD DE CIENCIAS  
SECCION ESCOLAR  
1998

TESIS CON  
FALLA DE ORIGEN

259839



Universidad Nacional  
Autónoma de México



**UNAM – Dirección General de Bibliotecas**  
**Tesis Digitales**  
**Restricciones de uso**

**DERECHOS RESERVADOS ©**  
**PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL**

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

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



UNIVERSIDAD NACIONAL  
AVANZADA DE  
MEXICO

M. en C. Virginia Abrín Batule  
Jefe de la División de Estudios Profesionales de la  
Facultad de Ciencias  
Presente

Comunicamos a usted que hemos revisado el trabajo de Tesis:

Determinación del Cariotipo de *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis*

realizado por Ramírez Rivera Israel

con número de cuenta 8433491-0 , pasante de la carrera de Biología

Dicho trabajo cuenta con nuestro voto aprobatorio.

Atentamente

Director de Tesis

Propietario M. en C. Carolina Müdespacher Ziehl

Propietario M. en C. Alma Guadalupe Arellano Meneses

Propietario Dra. Judith Guzmán Rincón

Suplente M. en C. Francisco Javier Martínez Ramón

Suplente M. en C. Francisco Javier Olvera Ramírez

*Müdespacher*  
*Arellano*  
*Guzmán*  
*Martínez*  
*Olvera*

Consejo Departamental de Biología  
*[Firma]*  
M. EN C. ALEJANDRO MARTINEZ MENA

DEPARTAMENTO  
DE BIOLOGIA

**En memoria de mi Abuelita....**

**A mis padres Ma. Esther y Domingo  
con todo mi amor y agradecimiento,  
por el apoyo y la comprensión que  
siempre me han dado.**

**A mis hermanos Alvaro y Araceli  
con cariño, por su compañía y compartir  
lo mejor de la vida.**

**A todos mis sobrinos, con aprecio  
deseándoles todo lo mejor en la  
vida.**

**Ade Misael con aprecio por su compañía  
y apoyo en los momentos más indicados.**

**Con afecto a Isela, Adrián, Javier, Mireya, Víctor  
Irene, Angélica, Beatriz, Maribel muchos, y muchos  
más por tenerlos como amigos**

**Y a todos mis familiares compartir con ellos toda mi alegría.**

## **AGRADECIMIENTOS**

**Agradezco de la manera más atenta a los integrantes del jurado: M. en C. Carolina Múdespacher Zielh, M. en C. Alma Guadalupe Arellano Meneses, Dra. Judith Guzmán Rincón, M. en C. Francisco Javier Ramón Martínez, M. en C. Francisco Javier Ramírez Olvera, por sus valiosos comentarios, sugerencias e ideas, lo que contribuyó a mejorar esta tesis.**

**De manera especial doy las gracias a la M. en C. Carolina Mudespacher Zielh y a la maestra Irma E. Lira Galera, por la asesoría y las facilidades de realizar el presente trabajo en su laboratorio de Citogenética animal de la UAM-I.**

**Doy en especial un reconocimiento y gracias a la M. en C. Alma Guadalupe Arellano Meneses por sus valiosos comentarios y sugerencias, así como por brindarme su tiempo y paciencia en la revisión e impresión final de este trabajo.**

**A la MISP. Gloria Ruíz Guzmán, por su amistad y estímulo constante. Además por sus sugerencias e ideas lo que contribuyó a mejorar el presente trabajo.**

**Al biólogo Matías Coronel por la captura de los ratones de campo utilizados en este trabajo.**

**A Raúl Ramos Silva, por su cooperación en la captura de imágenes por computadora, e impresión de las mismas.**

**Así también doy las gracias a las siguientes personas por su cordial amabilidad de tendernos la mano y la facilidad de trabajar en sus laboratorios en los momentos más difíciles.**

**A la Dra. Ana Flisser, por su amistad y apoyo incondicional.**

**Al Dr. Manuel Uribe por su amabilidad, y disponibilidad en cualquier momento.**

## RESUMEN

En éste trabajo se estableció el cariotipo del ratón de campo *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis*, subespecie que se localiza en el estado de Chiapas.

Los ejemplares se colectaron en el centro piscícola "La Pesca" Coapilla, Chiapas 1650 m (17° 07'49'' N y 93 ° 10'10''W).

Para su estudio se utilizaron campos mitóticos de tejido de médula ósea, obteniéndose los siguientes resultados: número diploide de 40, número fundamental de 76 con diferencia sexual XX/XY.

La fórmula cromosómica es de 12 pares de metacéntricos, 4 pares de submetacéntrico, y 3 pares de subtelocéntricos. El cromosoma X es metacéntrico y el cromosoma Y es submetacéntrico. Todos los cromosomas son birrámeos.

Se presenta una comparación cariotípica de *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis* con los reportados de *Reithrodontomys sumichrasti nerterus*, (2n= 42, NF= 80) de Jalisco, México (Engstrom *et al.* 1981) y el de *Reithrodontomys sumichrasti australis* (2n= 40, NF= 76) de Costa Rica (Carleton y Myers, 1979).

Esta investigación permitió encontrar diferencias y homologías a nivel de número cromosómico (2n), número fundamental (NF) y morfología de los cromosomas entre *R. s. nerterus*, *R. s. australis* y la descrita en éste trabajo.

# CONTENIDO

Agradecimientos.....	i
Resumen .....	iii
I.- Introducción.....	1
1. El cromosoma y su clasificación.....	2
2. Cariotipo e idiograma.....	3
3. Simetría y asimetría del cariotipo.....	4
4. Fusiones y fisiones Robertsonianas.....	5
5. La aplicación de la citogenética a los estudios biosistemáticos.....	5
II.- Antecedentes.....	7
1. Taxonomía del género <i>Reithrodontomys</i> .....	10
2. Distribución y endemismo de las subespecies de <i>R. sumichrasti</i> .....	11
3. Estudios citogenéticos en <i>Reithrodontomys sumichrasti</i> .....	16
III.- Objetivos.....	18
IV.- Materiales y métodos.....	19
1. Colecta.....	19
2. Obtención de cromosomas.....	22
3. Elaboración del cariotipo.....	24
V.- Resultados y discusión.....	29
1. Análisis de la técnica.....	29
2. Análisis de los resultados obtenidos.....	31
3. Determinación del cariotipo de <i>Reithrodontomys sumichrasti dorsalis</i> .....	45
4. Análisis y comparación de los cariotipos de <i>Reithrodontomys sumichrasti dorsalis</i> , con el reportado de <i>Reithrodontomys sumichrasti nerterus</i> , y el de <i>Reithrodontomys sumichrasti australis</i> .....	49
VI.- Conclusión.....	67
Glosario.....	69
Bibliografía.....	70



## I. INTRODUCCIÓN

En el mundo que nos rodea observamos una gran variedad de seres vivos, desde las bacterias unicelulares hasta los pluricelulares como las plantas, hongos y animales. De éstos últimos se cree que hay en la actualidad más de un millón de especies diferentes, siendo el número de individuos incontable. Desde que el hombre ha tenido el interés de conocer todo aquello que le rodea, se hizo evidente la diversidad de los seres vivos, desde lo microscópico hasta lo que observamos a simple vista, en caracteres como: la estructura, fisiología, tamaño, forma, color, y los hábitos de los animales, entre otros (Romer, 1980).

Por medio de los avances en la investigación científica el ser humano ha llegado a conocer que dentro de ésta gran gama de formas vivientes, se comparten muchas propiedades, entre las cuales se tiene su composición bioquímica, la cual consiste en una serie de elementos relacionados entre sí, como lo son el hidrógeno, carbono, nitrógeno, y oxígeno, los cuales al combinarse dan como resultado, entre otros a dos tipos fundamentales de moléculas como son las proteínas y los ácidos nucleicos (Fried, 1990). Aunque todos los tipos de biomoléculas son importantes, los ácidos nucleicos (DNA y RNA) y las proteínas lo son en particular. Su trascendencia se debe al hecho de que ambos tipos de moléculas son informativas, es decir, almacenan en su estructura química las instrucciones que determinan lo que ocurre en la célula (Dreyfus, 1991). El ácido desoxirribonucleico (DNA), constituye el centro coordinador de un conjunto de complicados procesos bioquímicos, que permiten el mantenimiento de la vida y la transmisión de la herencia. Esta información se almacena y se copia en los cromosomas, que contienen genes (de la palabra griega *gennán*, "engendrar") (Bohinski, 1991). Un gen, en cualquiera de sus formas alélicas específicas, se define como una secuencia lineal de bases suficientes para codificar una sola proteína (Ayala y

Kiger, 1984). En el curso de la evolución, éstas unidades han llegado a diferenciarse en modos de transmisión, tamaño, complejidad molecular, número, y particularmente en la constitución genética, lo que caracteriza a cada especie. Por ejemplo, el animal que tiene menor número de cromosomas es el nemátodo *Ascaris megalocephala* (*Parascaris equorum*) variedad *univalens* con 2 cromosomas somáticos, y aquel con un número cromosómico mayor corresponde a la mariposa *Lisandra atlantica*  $2n = 446$  (Sáez y Cardoso, 1978).

## 1.- EL CROMOSOMA Y SU CLASIFICACIÓN

El cromosoma es una molécula de ácido desoxirribonucleico y los genes individuales son segmentos de la molécula intacta de DNA (Bohinski, 1991).

Usando en sentido genérico el término "cromosoma," comprende las unidades heredables genéticamente compuestas, de los virus, las bacterias, de las plantas y de los animales superiores (Dreyfus, 1991). En los eucariontes, los cromosomas son numerosas estructuras lineales con aspecto de barra y su ADN está asociado íntimamente con proteínas llamadas histonas. Un conjunto de ocho moléculas de histona (dos moléculas de cada una H2A, H2B, H3, H4) conforman una unidad llamada nucleosoma, alrededor de la cual se enrollan segmentos de ADN de varios cientos de pares de bases de largo (Alberts, *et al.* 1989). Los dímeros H2A-H2B están sujetos a cada terminal expuesta del tetrámero H3-H4. La histona H1 juega un papel clave en el siguiente nivel de estructuración del cromosoma, al servir como puente entre los diferentes nucleosomas. La H1 está localizada en la parte externa del nucleosoma, cerca del DNA enlazante, donde interacciona con las subunidades H2A del núcleo, hay una histona H1 por nucleosoma. El cromosoma está formado en su totalidad por unidades nucleosómicas repetidas (Strayer, 1990). Los cromosomas eucarióticos existen como pares homólogos (son

diploides) durante la mayor parte del ciclo de vida del organismo, de manera que su expresión génica está sujeta a la modulación resultante de la interacción de un gen con otro (Fried, 1990). Cada cromosoma se distingue de los demás según varios criterios como la longitud relativa, la posición de una estructura llamada centrómero que divide al cromosoma en dos brazos de longitud variable, o por la presencia de pequeñas extensiones terminales de material cromatínico llamados "satélites", eucromatina y heterocromatina (Stansfield, 1992).

Los cromosomas se clasifican en cuatro tipos de acuerdo con la morfología que presentan durante la metafase y la anafase media, según Levan, *et al.* (1964), Sáez y Cardoso (1978) en:

- 1) metacéntricos con ambos brazos iguales en forma de V.
- 2) submetacéntricos con brazos desiguales en forma de J.
- 3) acrocéntrico o subtlocéntricos, con el centrómero ubicado en posición subterminal que da lugar a que se forme un brazo muy corto.
- 4) telocéntricos, con el centrómero ubicado en un extremo denominado proximal, lo que les da aspecto bastoniforme, de modo que el cromosoma tiene un solo brazo.

## 2.- CARIOTIPO E IDIOGRAMA

El conjunto cromosómico de cada especie tiene un número particular y una morfología característica llamado cariotipo y los genes ocupan el mismo locus (sitio o posición) de un cromosoma determinado. El número, tamaño, y formas de los cromosomas en la metafase constituyen el cariotipo (Darnell, *et al.* 1990).

Todos los organismos poseen un número cromosómico estable y de igual manera sus cromosomas presentan un tamaño y forma constantes estos factores, que se consideran como constantes cromosómicas son característicos y distintivos en cada especie (Hienz, 1975, Sáez y Cardoso, 1978).

El conocimiento de los rasgos del cariotipo tales como número cromosómico, número fundamental, idiograma, longitud y morfología de los cromosomas, además de el uso de patrones de bandeo a partir de la década pasada, son un recurso para diferenciar poblaciones. El idiograma es una representación de cada cromosoma por una línea o barra en la que se indica la posición relativa del centrómero, la localización de satélite, cromómeros y otras marcas citológicas (si existen). Esta representación diagramática del cariotipo se integra con la información de varias células (García, 1990).

El número fundamental, es definido como el número total de brazos en el complemento haploide, sin considerar a los cromosomas sexuales (Fernández, 1986).

### **3.- SIMETRÍA Y ASIMETRÍA DEL CARIOTIPO**

En estudios sobre la evolución ocurrida en cromosomas de plantas o de animales se busca la manera de conocer las tendencias y los grados de los cambios sufridos en estas estructuras. La simetría de un cariotipo es la condición en la que los cromosomas son aproximadamente del mismo tamaño y poseen, además, un cinetocoro medio o submedio. Un cambio a asimetría puede ocurrir por cambio de posición del centrómero, de central o subterminal o terminal, o bien mediante la acumulación de diferencias en tamaño relativo entre cromosomas por translocaciones no recíprocas, de forma que el cariotipo sea más heterogéneo. Estas dos tendencias pueden o no ser simultáneas (García, 1990).

#### **4.- FUSIONES Y FISIONES ROBERTSONIANAS**

Las fusiones son translocaciones de brazos casi enteros de cromosomas telo o acrocéntricos con fracturas muy cerca o en el mismo centrómero, lo que da origen a un cromosoma metacéntrico y a un pequeño fragmento céntrico que tiende a ser eliminado. De este modo se incorpora un tipo nuevo de cromosomas al mismo tiempo que se produce una disminución del número de cromosomas del cariotipo de una especie. Las fisiones o disociaciones consisten en el reemplazo de dos acrocéntricos por un metacéntrico, ya sea por simple fisión del centrómero del metacéntrico para originar dos telo o acrocéntricos, o bien por disociación de un metacéntrico grande y un fragmento céntrico donador que se translocan para formar dos acrocéntricos (Sáez y Cardoso, 1978).

#### **5.- LA APLICACIÓN DE LA CITOGENÉTICA EN LOS ESTUDIOS BIOSISTEMATICOS**

Las especies son importantes porque representan un nivel de integración básico en la naturaleza viviente (Mayr, 1957), porque proveen las bases para describir la diversidad natural y los procesos que operan en la naturaleza y que son la unidad básica de las clasificaciones taxonómicas y en sí mismas, y son un instrumento o herramienta para caracterizar la diversidad orgánica (Levin, 1979).

Un aspecto importante de las especies naturales es la variabilidad que ocurre dentro de la especie, la cual no se encuentra distribuida al azar, sino más bien existen poblaciones locales, comúnmente más o menos aisladas de sus vecinas, con rasgos distintivos en los caracteres variables de la especie, resultando conjuntos que pueden considerarse como subespecies (Mettler y Gregg, 1972).

Cabe destacar que la Sistemática tiene como objetivo ubicar ordenada y naturalmente a cada especie animal o vegetal, revelando las relaciones de parentesco o filogenia que existen o hayan existido entre las especies vivientes y las especies extintas e interpretando la naturaleza y la coherencia del proceso evolutivo. Con ello, las investigaciones citogenéticas se unen a los análisis de la Anatomía, Fisiología, Paleontología, y Bioquímica entre otras, para el desarrollo de la Taxonomía y Sistemática moderna (Durán, 1981).

El conjunto de cromosomas al igual que los caracteres fenotípicos se ha modificado gradualmente en el transcurso de la evolución, por las presiones selectivas del medio (Dobzhansky, *et al.* 1980).

La especiación o formación de nuevas especies, es un proceso básico de sobrevivencia de las poblaciones puesto que constituye un mecanismo que aísla combinaciones genéticas armónicas con el fin de que se puedan manifestar en individuos mejor adaptados al medio (Cid, 1976).

El estudio de la evolución es particularmente útil para dividir los organismos en grupos, porque revela cómo esos organismos están emparentados cronológica y morfológicamente entre sí. Uno de los métodos que permite el análisis de la evolución, es el estudio de las características de los complementos cromosómicos, que pueden proporcionar información acerca de las probables trayectorias que han seguido las especies a través del tiempo y del espacio, entre los distintos grupos biológicos (Crusafont, 1976).

## II.- ANTECEDENTES

Por su extensión territorial México ocupa el decimocuarto lugar en el mundo, es diez veces menor que la Unión Soviética, que ocupa el primer lugar, y cinco veces menor que Estados Unidos o Canadá, segundo y tercero respectivamente. Sin embargo México por su geografía terrestre presenta una gran variedad de hábitats. La riqueza biológica de nuestro país responde, en parte a un fenómeno biogeográfico ya conocido por naturalistas como Darwin, o Wallace: "el número de especies por unidad de superficie se incrementa hacia las áreas de baja latitud y disminuye hacia las altas latitudes". Así, una hectárea de territorio de clima tropical presenta por lo común un número mucho mayor de especies que una hectárea en clima templado o frío; fenómeno que, salvo algunas excepciones, se repite tanto en la distribución latitudinal de los principales grupos y organismos como en los diferentes continentes (Rzedowski, 1978).

La respuesta guarda relación con el que México se encuentre en la intersección de dos reinos o dominios biogeográficos, el Neártico y el Neotropical que se encuentran y se sobreponen justamente en territorio mexicano, dotándolo de un doble conjunto de especies: uno constituido por especies de origen o afinidad boreal que por lo común ocupan y dominan las porciones montañosas, con climas templados y fríos, y otro conformado por especies de afinidad tropical que habitan las partes bajas o medias, con climas cálidos secos o húmedos (Raven, 1969).

La riqueza de especies de nuestro territorio responde a la multiplicación de organismos provenientes del norte (especies neárticas), y del sur (especies neotropicales) que alguna vez invadieron y colonizaron los hábitats de lo que hoy conocemos como México. En México, la notable presencia de cadenas montañosas a lo largo y ancho de su territorio, y la existencia de 30 cumbres de

más de 3000 metros de altitud sobre el nivel del mar provoca una variación inusitada de hábitats (Lazcano, 1986).

Pueden hallarse regiones desérticas con menos de 50 mm de lluvia al año y porciones donde la precipitación anual es de más de cinco metros, selvas tropicales húmedas; zacatonales alpinos; bosque de coníferas y sabanas. De la misma manera, se distinguen hasta 45 tipos diferentes de vegetación, que en conjunto conforman grandes zonas ecológicas terrestres. La flora y la fauna mexicana no son notables sólo por su riqueza en especies, sino también por su gran número de endemismos de vertebrados terrestres (Villalobos, 1990).

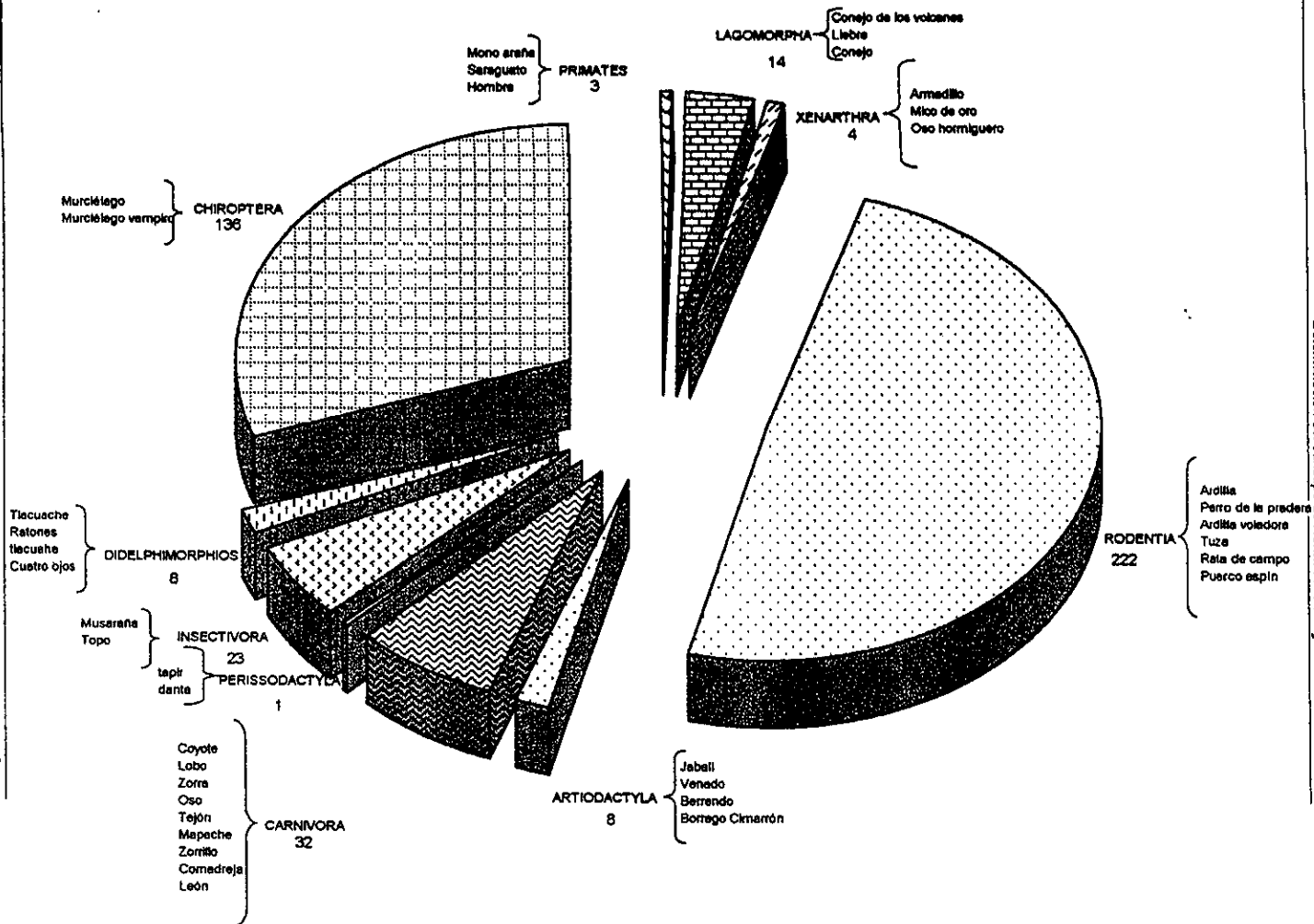
En México se reportan 450 especies de mamíferos y es el país en América con mayor riqueza. Brasil cuenta con 349 especies, Perú tiene 359 y Colombia 358, siendo estos los países latinoamericanos que más se acercan al nuestro en su diversidad mastofaunística (Ramírez-Pulido, *et al.* 1996).

En México están representados 10 órdenes de mamíferos terrestres. El número de especie para cada uno es el siguiente (figura 1): los roedores, con 222 especies constituyen el orden más diverso, los quirópteros con 136; los carnívoros con 32; los insectívoros con 23; los lagomorfos con 14; los artiodáctilos con 8; los didelphimorfios con 8; los xenarthros con 4; los primates con 3; y los perisodáctilos con una sola especie (Ramírez-Pulido, *et al.* 1996).

Además de su biodiversidad, otra característica que enriquece a la mastofauna mexicana es el hecho que de las 450 especies mexicanas, 140 son endémicas (entendiéndose por endémicas aquellas especies que viven en estado silvestre y que son exclusivas del territorio nacional). Esto da un porcentaje de 32% de especies exclusivas de la República Mexicana (Ramírez-Pulido, *et al.* 1996)



FIGURA 1. Ordenes de Mamíferos Presentes en México y el Número de Especies Incluidos en cada uno



Dentro de los mamíferos, a nivel global los roedores son el grupo más abundante tanto en cantidad como en diversidad, debido a que han tenido una radiación adaptativa muy extensa, como lo muestran las 2021 especies agrupadas en 29 familias y 443 géneros (Wilson y Reeder, 1993). En México, este orden representa aproximadamente el 50% de las especies de mamíferos.

### 1) TAXONOMÍA DEL GÉNERO *Reithrodontomys*

El género *Reithrodontomys*, roedor de la familia Muridae, se conoce en depósitos del Pleistoceno de Norte América (Alvarez, 1966). Su rango de altitud se extiende desde abajo del nivel del mar, hasta cerca de 3000 metros en las montañas de México y Centro América (Hooper, 1952).

Ecológicamente sus hábitats son muy variados: desiertos arenosos, bosques tropicales hasta bosques fríos de coníferas, por lo que su extensión geográfica es amplia, encontrándose en el noroeste de Norte América bajando hacia Centro América, llegando hasta Colombia y Ecuador (Hooper, 1952).

El género *Reithrodontomys* se divide en dos subgéneros: *Reithrodontomys* y *Aporodon*, dentro del primero se agrupan 18 especies, la mayoría de las cuales están representadas en México.

Las especies del Altiplano Mexicano han sido de gran interés porque esta región es, particularmente, el punto de origen y centro de distribución del subgénero *Reithrodontomys* propuesto por Hooper (1952) y ha sido de gran importancia durante la evolución del género.

La especie *Reithrodontomys sumichrasti* está conformada por tres grupos, el más norteño desde Jalisco a Veracruz, llegando hasta Oaxaca. El segundo grupo

va desde Chiapas hasta el norte de Nicaragua y el tercero se distribuye entre Costa Rica y Panamá.

## **2) DISTRIBUCIÓN Y ENDEMISMO DE LAS SUBESPECIES DE *Reithrodontomys sumichrasti***

La amplia distribución de *Reithrodontomys sumichrasti*, nos permite encontrarlo en terrenos montañosos en el centro y sur de México, como en la zona Central, desde la Sierra de Autlán y el Nevado de Colima, Jalisco, y Amoles, Querétaro, en el sur del Volcán de Chiriquí, Panamá, en el Volcán Tajumulco, Guatemala y Altos Escasú Costa Rica. La mayoría de casos reportados en forma general son dentro del rango de 1500 - 2800 metros (Hooper, 1952).

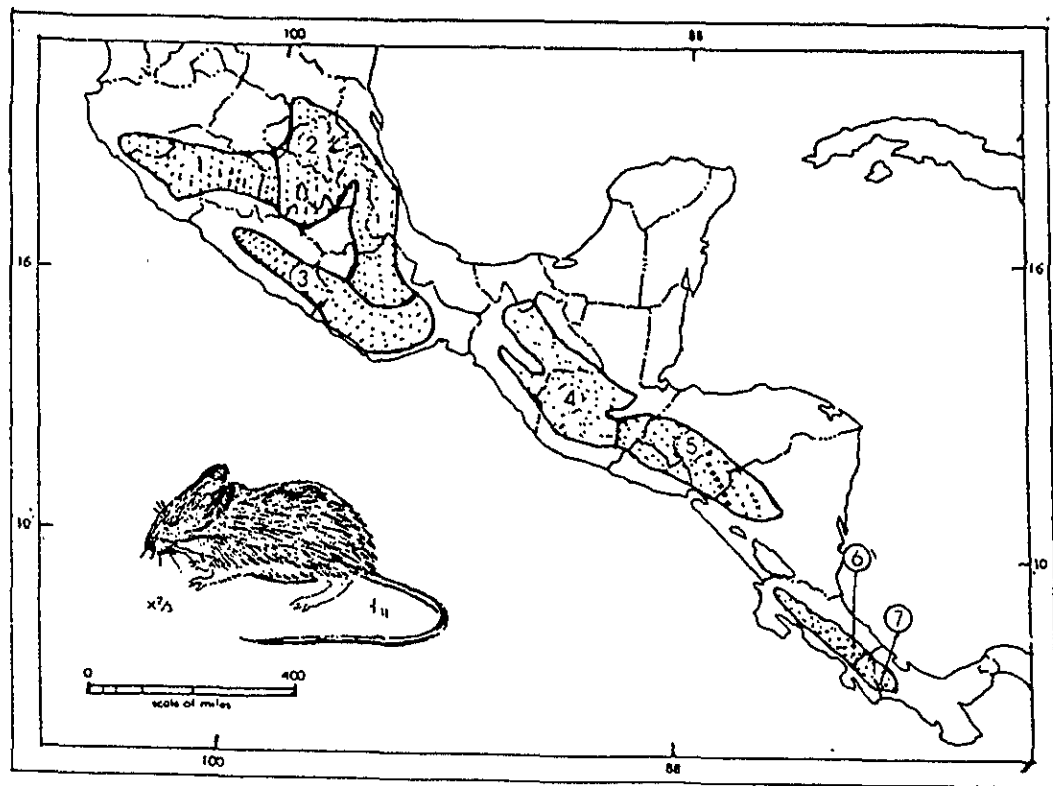
Dentro de la especie se tiene reportado la distribución de 7 subespecies las cuales son: *R. s. nerterus*, *R. s. sumichrasti*, *R. s. luteolus*, *R. s. dorsalis*, *R. s. modestus*, *R. s. australis*, *R. s. vulcanius*.

En la Fig. 2, se presenta la distribución de las 7 subespecies de *Reithrodontomys sumichrasti* y sus características se presentan a continuación (Hall, 1981).

### **(1) *Reithrodontomys sumichrasti nerterus***

Se distribuye en montañas del suroeste, en los estados de Jalisco, en el este de Macho de Agua, en el extremo este de Michoacán. Se localiza a una altitud de 1600 metros en Uruapan, Michoacán, y 2900 metros en el Nevado de Colima Jalisco, (Hooper, 1952).

FIGURA 2 Ubicación geográfica de las subespecies de *Reithrodontomys sumichrasti* (Hall, 1981).



- |                             |                          |                           |                           |
|-----------------------------|--------------------------|---------------------------|---------------------------|
| 1. <i>R. s. nerterus</i>    | 3. <i>R. s. luteolus</i> | 5. <i>R. s. modestus</i>  | 7. <i>R. s. vulcanius</i> |
| 2. <i>R. s. sumichrasti</i> | 4. <i>R. s. dorsalis</i> | 6. <i>R. s. australis</i> |                           |

**(2) *Reithrodontomys sumichrasti sumichrasti***

Se distribuye en montañas del sudeste de México en Veracruz, Puebla, Hidalgo, Querétaro, México, Distrito Federal y Oaxaca. Se localiza a una altitud de alrededor de 1200 metros, en Orizaba, Veracruz, y 2900 metros en la proximidad de San Bartolomé, cerca de la Ciudad de México (Hooper, 1952).

**(3) *Reithrodontomys sumichrasti luteolus***

Se distribuye en la Sierra Madre del Sur de Guerrero y Oaxaca. Se conoce en una extensión entre Omilteme, Guerrero, y la proximidad de Ozolotepec, Oaxaca. Se localiza a una altitud de 1520 metros en Juquila y 3000 metros en las montañas cerca de Ozolotepec (Hooper, 1952).

**(4) *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis***

Se distribuye en las montañas de Chiapas y Guatemala. Se conoce en una extensión de Pueblo Nuevo, Chiapas, y en el sudeste de la proximidad de Salamá y San Rafael, Guatemala.

Se localiza a una altitud de 1300 metros en las Margaritas, Chiapas y aproximadamente a 4000 metros en el Volcán Tajumulco, Guatemala.

*Reithrodontomys sumichrasti dorsalis* se encuentra en una extensa variedad de hábitats desde lo subtropical hasta terrenos montañosos. Se encuentra en praderas laderas, zonas rocosas, pastizales, y disperso en bosques de pino - roble, pino - encino, en maleza y hierbas a lo largo de arroyos y charcas, tiene una abundante propagación en bosques sombreados. La oscura coloración dorsal es el carácter principal para el diagnóstico de *R. s. dorsalis*, distinguiéndose éste de todas las razas vecinas de la especie (Hooper, 1952).

**(5) *Reithrodontomys sumichrasti modestus***

Se distribuye en las tierras altas continentales de El Salvador, Honduras, y noroeste de Nicaragua. Se conoce su distribución desde Los Esesmiles, El Salvador, y Monte Verde, Honduras, en el este de la proximidad de Jinotega y San Rafael del Norte, Nicaragua. Se localiza a una altura sobre el nivel de mar de 1370 metros en Monte Verde y 2440 metros en los Esesmiles (Hooper, 1952).

**(6) *Reithrodontomys sumichrasti australis***

Se distribuye en la Cordillera Central y Cordillera de Talamanca en Costa Rica. Su distribución esta confinada en El Volcán de Irazú y en otras montañas cerca de San José, Costa Rica (Hooper, 1952).

**(7) *Reithrodontomys sumichrasti vulcanius***

Se localiza en las altas montañas del oeste de Panamá y probablemente en el extremo este de Costa Rica. Se conoce únicamente en las proximidades del Volcán de Chiriquí, a 1340 metros sobre el nivel de mar y en pastizales en los costados del Volcán hasta 3470 metros en la cúspide (Hooper, 1952).

En esta tesis se trabajó con la subespecie *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis* la cual tiene la siguiente clasificación (Wilson y Reeder, 1993):

Reino : Animalia  
Phylum : Chordata  
Suphylum : Vertebrata  
Clase : Mammalia  
Orden : Rodentia  
Suborden : Sciurognathi  
Familia : Muridae  
Subfamilia : Sigmodontinae  
Género : *Reithrodontomys* (Giglioli, 1874)  
Subgénero : *Reithrodontomys*  
Especie : *sumichrasti* (Saussure, 1861)  
Subespecie : *dorsalis*

### 3) ESTUDIOS CITOGENÉTICOS EN *Reithrodontomys sumichrasti*.

La especie *Reithrodontomys sumichrasti* es polimórfica (Hall, 1981). El polimorfismo fenotípico, comprende componentes estructurales que pueden ser definidos, medidos y clasificados (distribución y matices de colores, peso, altura y longitud, número de estructuras particulares), esto define la diversidad de formas de una subespecie. El cariotipo de la especie presenta cierto grado de polimorfismo cariotípico, como lo muestran los trabajos de diferentes autores, como se puede observar en la TABLA 1. Carleton y Myers (1979), y Engstrom, *et al.* (1981), quienes reportan que el número cromosómico diploide para el taxón varía de 38 a 52 cromosomas incluyendo el par sexual, así como el número de brazos de 48 a 80 respectivamente. Carleton y Myers (1979), proponen una hipótesis tentativa concerniente a una relación evolutiva entre los ratones de campo del género *Reithrodontomys* basado en los cariotipos. Estos autores proponen que el cariotipo ancestral está conformado por cromosomas acrocéntricos en su mayoría, como se muestra en los cariotipos de *R. humulis* y *R. fulvences*. Lo que se observa en los grupos más recientes o contemporáneos es una tendencia a la reducción de  $2n$  y el aumento de brazos cromosómicos. Esta característica cariotípica, junto con el polimorfismo fenotípico hacen del taxón un excelente candidato para estudios de convergencia o divergencia del género como lo mencionan Carleton y Myers, (1979).



TABLA 1. DATOS CROMOSÓMICOS DE 5 SP Y 6 SUBSP DEL GÉNERO  
*Reithrodontomys*

Especies de <i>Reithrodontomys</i>	Número Diploide	Número Fundamental	Autosomas		Sexuales		Fuente
			Bi.	Mo.	X	Y	
<i>R. raviventris</i>	38	72	36	0	SM	ST	Shellhammer, 1967.
<i>R. megalotis</i>	42	80	40	0	SM	ST	Blanks y Shellhammer, 1968
<i>R. megalotis saturatus</i>	40	76	38	0	SM	ST	Uribe Alcocer, <i>et al.</i> 1979
<i>R. montanus</i>	38	72	36	0	M	ST	Robbins y Baker, 1980
<i>R. mexicanus</i>	52	52	2	48	T	T	Carleton y Myers, 1979
<i>R. fulvescens aurantius</i>	50	48	0	48	ST	T	Hsu y Bemischke, 1968
<i>R. fulvescens toltecus</i>	50	48	0	48	SM	ST	Fernández Aguilar, 1986
<i>R. humulis</i>	51	60?	10?	40?	?	?	Carleton y Myers, 1979
<i>R. sumichrasti nerterus</i>	42	80	40	0	SM?	SM?	Engstrom, <i>et al.</i> 1981
<i>R. sumichrasti australis</i>	40	76	38	0	M	SM	Carleton y Myers, 1979
<i>R. sumichrasti dorsalis</i>	40	76	38	0	M	SM	Presente estudio

Bi. Cromosomas birrámeos

Mo. Cromosomas monorrámeos

### III.- OBJETIVOS

1).El propósito de este trabajo es determinar el cariotipo de la subespecie: *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis* en cuanto a el número diploide (2n), el número fundamental (NF) y la clasificación cromosómica

2).Comparar el cariotipo de *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis* con los cariotipos de *R. s. australis* reportados por Carleton y Myers (1979) y el de *R. s. nerterus* citado por Engstrom, *et al.* (1981).

## IV.- MATERIALES Y MÉTODOS

### 1. COLECTA

La región de Coapilla es una extensión pequeña de bosque de coníferas y encino, es señalada como una de las islas de vegetación conservada. Mencionada por la **CONABIO** por su alta diversidad de lepidópteros con poblaciones relictas, especies de aves, anfibios, y reptiles endémicas y en peligro de extinción (CONABIO/PRONATURA/ WWF/ FMCN/ USAID/ TNC/INE) 1997.

Cabe mencionar que esta región es prioritaria para la conservación en México (Fig. 3).

Los ejemplares de *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis*, fueron colectados, en un bosque de pino - encino, en el centro Piscícola "La Pesca", Municipio de Coapilla. Chiapas, 1650 m. ( $17^{\circ} 7' 49''$  N y  $93^{\circ} 10' 10''$  W) (fig. 4).

Las capturas se llevaron acabo con trampas plegables de aluminio "Sherman" para roedores pequeños, utilizando avena como cebo. El área se caracteriza por presentar una topografía ondulada con suelo profundo, arcilloso y de color rojizo, con una capa de hojarasca no mayor a 5 cm.

El bosque es un manchón aislado, que colinda al N con la laguna Verde, al W con campo de cultivo, al S con un camino de terracería y se continúa con el bosque al W y al NW con el pastizal y las instalaciones del centro piscícola. El manchón es de forma rectangular aproximadamente con una longitud E-W de 200 metros, y de ancho de 30 a 50 metros en dirección N-S.

Los ratones se obtuvieron en el ecotono que forma el pastizal y el manchón de *Pinus-Quercus*. El estrato arbóreo alcanza los 20 metros de altura, las copas no

FIGURA 3. REGIONES PRIORITARIAS PARA LA CONSERVACIÓN  
(CONABIO/ PRONATURA/ WWF/ FMCN/ USAID/ TNC/ INE)



Determinación del campo de Rethrodontomys sumichrasti dorsalis

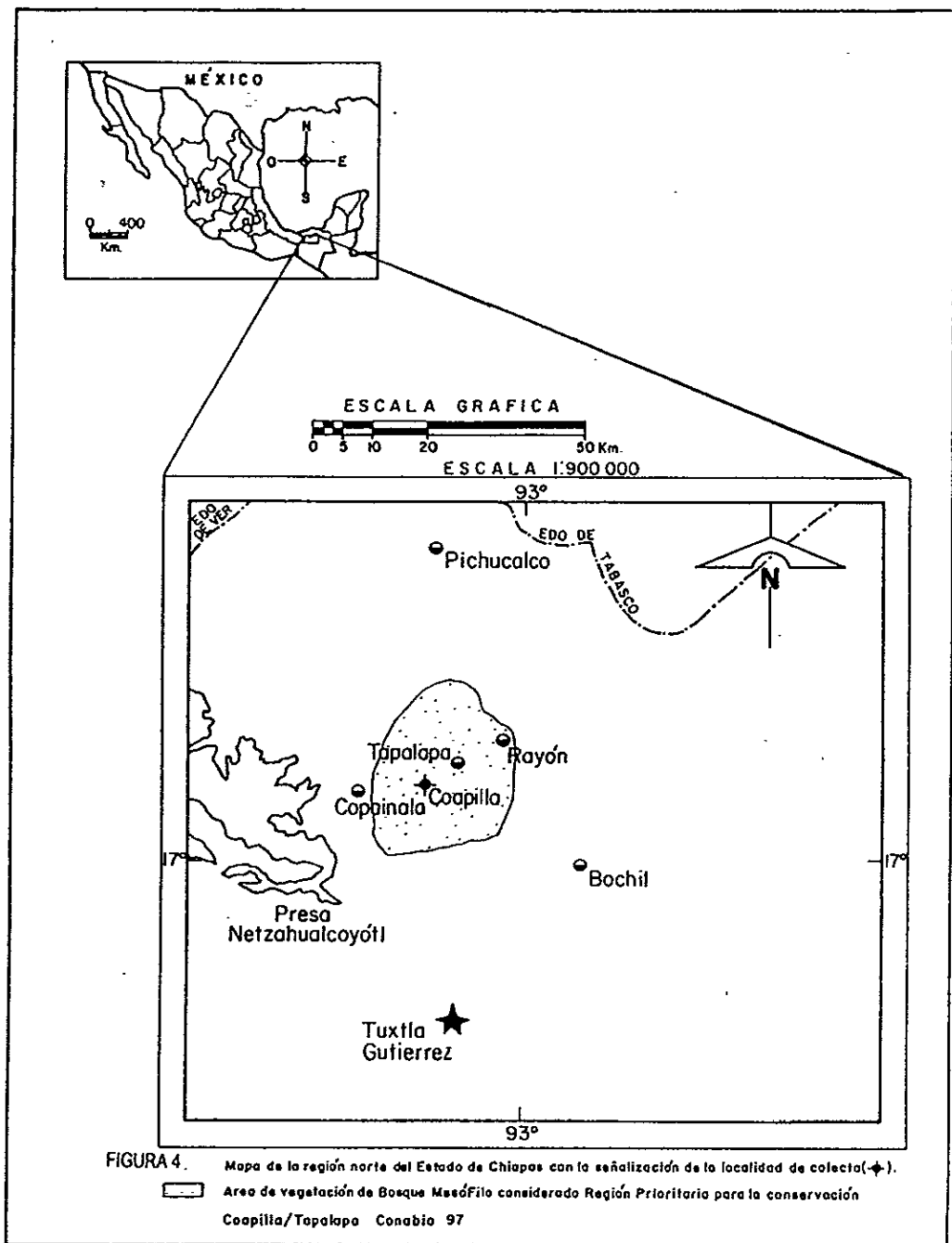


FIGURA 4. Mapa de la región norte del Estado de Chiapas con la señalización de la localidad de colecta (◆).  
 [Shaded Area] Área de vegetación de Bosque Mesófilo considerado Región Prioritaria para la conservación  
 Coapilla/Topalapa Conabio 97

forman un estrato continuo. Existe un estrato medio de 5 a 10 metros de alto formado principalmente por árboles de *Pinus* y *Liquidambar*.

También hay un estrato arbustivo muy desarrollado de 1 a 2 metros de altura, sobre todo a orillas del bosque donde fueron colectados los ejemplares. Esta zona esta dominada por *Rubus* (Zarzamora).

Se obtuvieron 12 ejemplares: 7 machos y 5 hembras, los cuales fueron transportados vivos al laboratorio de Citogenética animal de departamento de Biología de la UAM-I donde se realizó el procesamiento de los ejemplares.

## 2. OBTENCIÓN DE CROMOSOMAS

Para la obtención de los cromosomas se utilizó tejido de crecimiento rápido, como lo es la médula ósea que presenta normalmente un número elevado de células en división.

**A) TÉCNICA CITOGÉNÉTICA.** La técnica empleada fue la reportada por Baker y Qumsiyeh, 1988, modificada de acuerdo a los requerimientos de la especie estudiada, la cual se desglosa a continuación:

**B) PRETRATAMIENTO:** Cincuenta minutos antes de ser sacrificado el ratón, se le inyectó por vía intraperitoneal una solución de colchicina al 0.5 % en una relación peso/volumen, de 0.1 ml., por cada gramo de peso del animal. Esto es con el fin de detener la división celular en metafase, dado que la colchicina inhibe la polimerización de los microtúbulos del huso acromático, impidiendo que los cromosomas emigren hacia los polos (García, 1990).

**C) OBTENCIÓN DEL MATERIAL CELULAR:** Transcurrido el tiempo de pretratamiento se sacrificó al animal por dislocamiento de cuello, después se

realizó una incisión abdominal y se extrajeron los fémures, a partir de los cuales se obtuvo el material celular de la siguiente manera. Se cortaron las epífisis de los fémures, y con una jeringa para insulina se inyectó KCL en una concentración de 0.056 M, en la cavidad medular del hueso, obteniendo una suspensión celular en un tubo de ensaye, que se homogenizó con un mezclador rápido (Mixer) de movimientos vibratorios.

**D) INCUBACIÓN DEL MATERIAL CELULAR:** La suspensión celular con KCL se dejó reposar y se incubó a 37° C durante 20 minutos, esto es con el fin de provocar un choque hipotónico que permitió la entrada de líquidos, induciendo el rompimiento de las membranas celulares. Cabe mencionar que las células en metafase se observan claramente conforme avanza el tiempo de la incubación en la solución hipotónica, y al término del cual se pueden observar claramente los cromosomas dentro de la célula.

**E) CENTRIFUGADO DEL MATERIAL CELULAR:** Al transcurrir el tiempo de incubación se procedió a centrifugar la suspensión celular, en una centrifuga clínica a 800 r.p.m. durante 8 minutos. Después se retiró el sobrenadante dejando en el tubo 1 ml., del mismo.

**F) FIJACIÓN DEL MATERIAL CELULAR:** Durante el tiempo en que las células se incubaron, se preparó la solución fijadora que consta de una mezcla de metanol - ácido acético en una proporción de 3:1 v/v (solución de Carnoy). Para que la fijación celular se lleve a cabo con un mejor resultado, el fijador se refrigeró durante 30 minutos mínimo antes de ser utilizado. Experimentalmente se detectó una mayor eficacia, utilizando fijador de preparación reciente. Después de desechar la mayor parte del sobrenadante, se dejó aproximadamente 1 ml., antes de tocar el botón celular, y con una pipeta Pauster se tomó fijador (metanol - ácido acético) y

sé resuspendió el botón celular en un mezclador rápido. Esto es para que cada célula se fije independiente y no se llegue a formar un conglomerado. Para limpiar el botón de restos celulares y tejido, se efectuaron de 3 a 4 centrifugadas con cambios de fijador en cada una. En la última centrifugación se dejó en el tubo de ensayo 1.5 ml., del sobrenadante, para resuspender el botón celular.

**G) ELABORACIÓN DE PREPARACIONES:** De la suspensión se gotearon de 4 a 5 gotas sobre un portaobjetos previamente lavado y desengrasado en alcohol y puesto en el refrigerador. Las preparaciones se dejaron secar al aire.

**H) TINCIÓN:** La tinción de las células con cromosomas mitóticos en las laminillas se realizó con Giemsa (marca Sigma), en una solución de 36 ml., de agua destilada por 4 ml., de colorante, durante 15 minutos aproximadamente.

**I) ANÁLISIS DE PREPARACIONES:** Las preparaciones ya teñidas se revisaron en un microscopio de campo claro con objetivos de 10x, 40x, y 100x respectivamente. Se analizaron con detalle, seleccionándose de cada individuo de 10 a 15 células para obtener su número cromosómico.

**J) OBTENCIÓN DE FOTOMICROGRAFÍAS:** Se seleccionaron los mejores campos mitóticos y se tomaron fotomicrografías con el objetivo de 100x con un fotomicroscopio (marca Olimpus), utilizando película a color y B/N ASA 100.

### **3. ELABORACIÓN DEL CARIOTIPO**

Una vez obtenidas las fotomicrografías, fueron amplificadas a papel fotográfico a color y B/N a una escala de 8 X 10", se procedió a la elaboración del cariotipo. Se recortaron los cromosomas y se acomodaron por parejas de homólogos, ordenando dichos pares por su tamaño y posición del centrómero.



Los cromosomas se midieron con un escalímetro y un vernier digital (marca Mitutoyo).

**Análisis estadístico para la clasificación de los cromosomas** (Levan, *et al.* 1964).

Los parámetros que se utilizaron para la clasificación de los cromosomas y la elaboración del idiograma fueron:

- 1.- La longitud del brazo corto (p)
- 2.- La longitud del brazo largo (q)
- 3.- La longitud total del cromosoma (p + q)
- 4.- A todas estas longitudes se les calculó su error estándar
- 5.- Se calculó su índice de asimetría de acuerdo a García, 1990.

#### **Longitud del brazo corto (p) y del brazo largo (q).**

La longitud del brazo corto (p), y del brazo largo (q) se midieron en mm. Posteriormente las longitudes se convirtieron a micras, utilizando la medida estándar de la reglilla. La suma de p más q dan la longitud total del cromosoma. Las longitudes relativas más grandes de brazos (p) van de 2 a 4.5  $\mu\text{m}$  y pertenecen a los cromosomas metacéntricos, y en cuanto a las longitudes más grandes de brazos (q) entre 5 a 7  $\mu\text{m}$  corresponden a los subtelocéntricos y submetacéntricos. A todas estas longitudes se les calculó su error estándar (tablas 3- 10).

### La longitud total del cromosoma.

La longitud total del cromosoma se midió en mm, la cual es la suma de la medida del brazo corto (p) más la medida del brazo largo (q) y se realizó su conversión a micras. Se realizó el error estándar para cada una de las mediciones citadas. El tamaño del cromosoma se obtuvo mediante la ampliación de una fotografía tomada en un campo adecuado, la medición se puede realizar en mm, cm, etc. Para saber la medida real del cromosoma en micras se toma una fotografía de la reglilla en las mismas condiciones en las que fueron fotografiados los cromosomas.

La reglilla utilizada en este caso mide 1 mm., la cual está subdividida en 100 partes y cada una de estas partes mide aproximadamente 10 micras ( $\mu\text{m}$ ). Las mediciones se realizaron para los 40 cromosomas de cada cariotipo estudiado. Los cromosomas de mayor tamaño fueron los subtelocéntricos de 6 a 9  $\mu\text{m}$ , entre los de tamaño mediano y chico se tienen submetacéntricos de 3 a 7  $\mu\text{m}$  y metacéntricos de 2 a 8  $\mu\text{m}$  (tablas 3-10). En base a la longitud total del cromosoma y la longitud del brazo corto (p) y brazo largo (q) se obtuvo:

- A) Proporción de brazos (P.B.)
- B) Índice centromérico (I.C.)
- C) Diferencia (D).
- D) Posición del centrómero (P.C.)

A)- Proporción de brazos (P.B.). Utilizando las medidas relativas de cada par cromosómico de los cariotipos estudiados tenemos:

$$PB = q/p \quad \text{donde} \quad q = \text{longitud relativa del brazo largo}$$

de cada par cromosómico.

$$p = \text{longitud relativa del brazo corto}$$

de cada par cromosómico.

B)- El índice centromérico (I.C.) se obtiene utilizando las medidas relativas de cada par cromosómico.

$$I.C. = \frac{p}{p+q} \times 100$$

Por lo cual, el índice centromérico se calculó como la relación entre la longitud del brazo corto "p" y la longitud total de cromosoma (p+q), multiplicado por 100.

C)- Diferencia (D). La diferencia se obtiene con las medidas de proporción de brazos, aplicando la siguiente fórmula:

$$D = (PB - 1 \cdot 10) / (PB + 1)$$

D)- Posición del centrómero (P.C.). Se obtiene mediante el análisis de los datos anteriores.

La elaboración del idiograma se realizó en base al promedio de longitud de cada brazo del juego cromosómico de todos los cariotipos medidos.

Los datos obtenidos por medio de estas ecuaciones fueron cotejados y situados en los grupos (clasificación cromosómica) que propone Levan, *et al.* (1964), determinando con ello la posición del centrómero de cada cromosoma (tabla 2).

Nomenclatura	D	P.B.	I.C.
M	0	1	50
	0.5	1.05	47.5
	1	1.22	45
	1.5	1.35	42.5
	2	1.5	40
SM	2.5	1.67	37.5
	3	1.87	35
	3.5	2.08	32.5
	4	2.33	30
ST	4.5	2.64	27.5
	5	3	25
	5.5	3.44	22.5
	6	4	20
T	6.5	4.71	17.5
	7	5.67	15
	7.5	7	12.5
	8	9	10
	8.5	12.33	7.5
	9	19	5
	9.5	39	2.5
	10	∞	0

TABLA 2. Clasificación de los cromosomas con base en la posición del centrómero según Levan, *et al.* (1964).

## V. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### 1.- Análisis de la técnica

La técnica de Baker y Qumsiyeh, 1988, utilizada en murciélagos se modificó en la concentración de KCL de 0.075 M a 0.056 M para evitar un exceso de sales en las preparaciones, y se varió la concentración de colchicina de 0.1% por 0.5%. También se modificó la velocidad y el tiempo de centrifugado que era de 1000 r.p.m., por 10 minutos debido a que esta velocidad ejercía más presión a las células y las estallaba antes de terminar el centrifugado; experimentalmente se encontró que la velocidad mas adecuada era de 800 r.p.m., por 8 minutos.

Al elaborar las preparaciones y revisarias se observaban gotas de grasa que interferían en la identificación de los cromosomas, para lo cual se procedió a lavar cuidadosamente los huesos descarnados en una solución isotónica de NaCl. Dado que al realizar la disección de los huesos, presentaban reservas de grasa entre la piel y el músculo, la cual se observaba como depósitos blanquesinos en el músculo y en la parte interna de la piel.

Es probable que la gran cantidad de grasa presente en los músculos de ratón se debía a que éstos fueron capturados en una época de almacenamiento energético relacionado con las condiciones climáticas que imperaban en su hábitat en el momento de la colecta.

Al revisar las preparaciones se observaron campos mitóticos en metafase, se procedió a contar el número de cromosomas que conformaba cada campo, y se observó que el número era de 40 cromosomas, sin embargo en algunas metafases éste número era menor y en otras mayor. Esta variación se puede deber a que los

cromosomas quedaron incluidos en otros campos mitóticos o se perdieron en el proceso de la técnica (Fernández, 1986).

Al realizar la medición y el análisis estadístico de los cromosomas se observó que la longitud relativa de cada cromosomas esta relacionada con su grado de espiralización, esto es, que los cromosomas menos espiralizados median más que los cromosomas más espiralizados. Estas medidas se presentan así porque entre más espiralizados sean los cromosomas, la longitud relativa es menor y cuando es menos espiralizado la longitud relativa es mayor, y no afecta a la clasificación (Bianchi, 1978).

Esto indica que si un cromosoma está muy compacto, (muy espiralizado) la medida del cromosoma será menor, con respecto a la medida de un cromosoma menos compacto en el cual la medida del cromosoma sería mayor. Por citar un ejemplo: Al tener dos metafases del mismo individuo en donde una presentara los cromosomas muy espiralizados (compactos), y otra en donde observáramos los cromosomas menos espiralizados, y seleccionamos el par sexual en ambos casos y realizamos las mediciones, observaríamos que las medidas de los cromosomas muy espiralizados son menores que las de los cromosomas que presentan menor grado de espiralización, esto es que si el cromosoma X en una metafase mide 2 cm., (para los más espiralizados) y el mismo cromosoma en otra metafase mide 3 cm., (para los menos espiralizados), al realizar los cálculos estadísticos, el resultado en ambos casos y en ambas metafases es igual y por lo tanto la clasificación es la misma para las dos metafases.

La clasificación de los cromosomas se realizó con base en los cálculos estadísticos establecidos por Levan, *et al.*(1964). Los cromosomas se ordenaron

por pares homólogos de mayores a menores en: metacéntrico, submetacéntrico y subtelocéntrico (figs. 5 y 6).

## **2.- Análisis de los resultados obtenidos.**

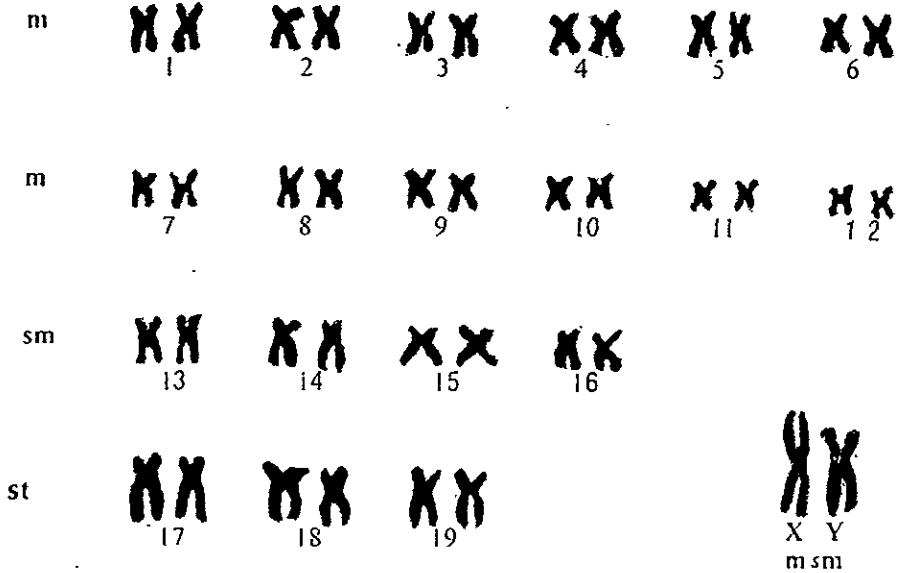
De los 12 organismos procesados; 7 machos y 5 hembras se observaron de 40 a 60 metafases por individuo. Se seleccionaron 12 campos mitóticos a los cuales se les tomaron fotomicrografías (figs. 5a y 6a).

Dichas células en metafase corresponden a la siguiente relación

- a).- 7 metafases provenientes de 7 machos diferentes.
- b).- 5 metafases provenientes de 5 hembras diferentes.

Del estudio del cariotipo se encontró que el número cromosómico diploide "2n" es igual a 40 cromosomas, con patrón de diferenciación sexual XX/XY. De esto se puede inferir que el número haploide "n" es igual a 20 cromosomas.

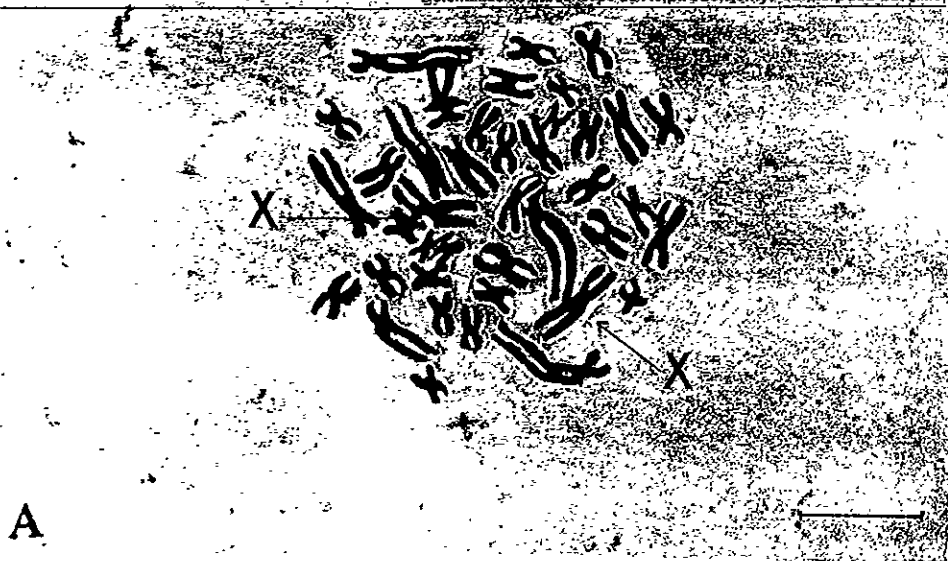
En los campos mitóticos revisados, el número de cromosomas registrado fue de 40, aunque en algunos casos se registraban de 39 a 41 cromosomas; siendo de 40 el número de cromosomas más constante. Esto se atribuye a que durante la técnica y el procesamiento del material, algunos cromosomas, pudieron quedar incluidos en otro juego cromosómico o se perdieron, lo que dió como resultado que en algunos se contara más y en otros menos cromosomas.



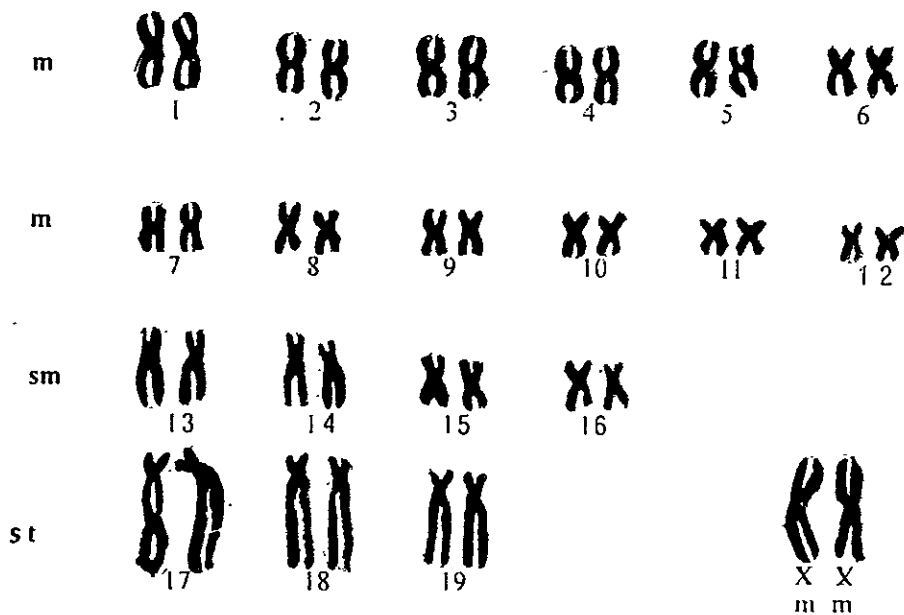
B

Figura 5. (A) Cromosomas en metafase de célula somática de *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis* (macho) Con un  $2n=40$ . (B) Cariotipo de *R. s. dorsalis* (macho). Las flechas indican los pares de cromosomas sexuales (X,Y). Los números y las letras indican los pares de cromosomas homólogos. Escala  $10\mu\text{m}$





A



B

Figura 6. (A) Cromosomas en metafase de célula somática de *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis* (hembra) Con un  $2n=40$ . (B) Cariotipo de *R. s. dorsalis* (hembra) Las flechas indican los pares de cromosomas sexuales (X,X). Los números y las letras indican los pares de cromosomas homólogos Escala  $10\mu\text{m}$ .

El complemento diploide para esta subespecie de acuerdo al tamaño de los cromosomas y la posición del centrómero (Levan, *et al.* 1964), es la siguiente:

Los 19 pares de cromosomas autosomales están ordenados en:

12 pares de metacéntricos con un tamaño variable de 2 a 8 $\mu$ m ( figs. 5b,6b)

4 pares de submetacéntricos con un tamaño variable de 3 a 7 $\mu$ m ( figs. 5b, 6b)

3 pares de subtelocéntricos con un tamaño variable de 6 a 9 $\mu$ m (figs. 5b, 6b)

En el caso del cariotipo de la hembra se evidenció que el par cromosómico sexual es metacéntrico y en el proveniente del macho, el par sexual es heteromórfico siendo el cromosoma X metacéntrico, y el Y submetacéntrico (Figs. 5a, 6a).

Con respecto a los cromosomas autosomales y sexuales ambos son birrámeos.

El número fundamental, definido como el número total de brazos en el complemento haploide, sin considerar a los cromosomas sexuales es de 76 (de acuerdo a la Escuela Europea).

En las tablas (3 - 10) se presentan los resultados del análisis estadístico que condujo a la clasificación de los cromosomas según Levan, *et al.* (1964) con base en la posición del centrómero.

En las figuras (7 y 8) se muestra el idiograma del complemento cromosómico haploide ordenado de metacéntricos, submetacéntricos, y subtelocéntricos, de acuerdo a la longitud total del cromosoma con base en la posición del centrómero en un orden decreciente.

cromosoma	L.T. ( $\mu\text{m}$ )	E. E.	B.L. ( $\mu\text{m}$ )	E. E.	B.C. ( $\mu\text{m}$ )	E.E.	P. de B (r)	D.	I. C.	Pos del cent *
1	8	0.032	6.4	0.025	1.6	0.006	4	6	20	ST
2	8	0.032	6.4	0.025	1.6	0.006	4	6	20	ST
3	6.4	0.025	5.2	0.021	1.2	0.005	4.33	6.24	16.75	ST
4	6.48	0.026	5.2	0.021	1.28	0.005	4.06	6.04	19.75	ST
5	6	0.024	4.8	0.019	1.2	0.005	4	6	20	ST
6	6.08	0.024	4.84	0.019	1.24	0.005	3.9	5.91	20.39	ST
7	8	0.032	5.78	0.023	2.24	0.008	2.57	4.39	28	SM
8	6	0.024	4	0.016	2	0.008	2	3.33	33.33	SM
9	6	0.024	4	0.016	2	0.008	2	3.33	33.33	SM
10	5.6	0.022	3.76	0.015	1.84	0.007	2.04	3.42	32.85	SM
11	5.68	0.022	3.8	0.015	1.88	0.007	2.02	3.37	32.06	SM
12	5.2	0.021	3.6	0.014	1.6	0.006	2.25	3.84	30.76	SM
13	5.24	0.021	3.64	0.014	1.6	0.006	2.27	3.86	30.53	SM
14	4	0.016	2.8	0.011	1.2	0.005	2.33	3.99	30	SM
15	3.96	0.016	2.8	0.011	1.16	0.005	2.41	4.13	29.29	SM
16	6.6	0.038	4.8	0.019	4.8	0.019	1	0	50	M
17	5.6	0.022	3	0.012	2.6	0.01	1.15	0.69	46.42	M
18	5.6	0.022	3	0.012	2.6	0.01	1.15	0.69	46.42	M
19	5.6	0.022	2.8	0.011	2.8	0.011	1	0	50	M
20	5.6	0.022	2.8	0.011	2.8	0.011	1	0	50	M
21	5.2	0.021	2.8	0.011	2.4	0.009	1.16	0.74	46.15	M
22	5.28	0.021	2.8	0.011	2.48	0.01	1	0	46.96	M
23	4.8	0.019	2.4	0.009	2.4	0.009	1	0	50	M
24	4.88	0.019	2.48	0.01	2.4	0.009	1.03	0.14	49.18	M
25	4.72	0.019	2.36	0.009	2.36	0.009	1	0	50	M
26	4.72	0.019	2.4	0.009	2.32	0.009	1.03	0.14	49.15	M
27	4.4	0.017	2.24	0.009	2.16	0.009	1.03	0.14	49.09	M
28	4.4	0.017	2.2	0.009	2.2	0.009	1	0	50	M
29	4	0.016	2	0.008	2	0.008	1	0	50	M
30	4	0.016	2	0.008	2	0.008	1	0	50	M
31	4	0.016	2	0.008	2	0.008	1	0	50	M
32	4	0.016	2.04	0.008	1.96	0.008	1.04	0.19	49	M
33	3.6	0.014	1.8	0.007	1.8	0.007	1	0	50	M
34	3.6	0.014	1.84	0.007	1.76	0.007	1.04	0.19	48.88	M
35	3.6	0.014	1.8	0.007	1.8	0.007	1	0	50	M
36	3.56	0.014	1.8	0.007	1.76	0.007	1.02	0.09	49.43	M
37	3.2	0.013	1.6	0.006	1.6	0.006	1	0	50	M
38	3.2	0.013	1.6	0.006	1.6	0.006	1	0	50	M
39	2.8	0.011	1.4	0.006	1.4	0.006	1	0	50	M
40	2.8	0.011	1.4	0.006	1.4	0.006	1	0	50	M
	203.4		124.36		79.04					

L.T. = Longitud total  
 B.L. = Brazo largo  
 B.C. = Brazo corto  
 P.B. = Proporción de brazos  
 D = Diferencia  
 I.C. = índice centromérico  
 P.C. = Posición del centrómero  
 E.E. = Error estandar

TABLA 3. Resultados del análisis estadístico de la clasificación de los cromosomas

\* De acuerdo a los criterios de Levan, et al. 1964.

cromosoma	L.T. ( $\mu\text{m}$ )	E.E.	B.L. ( $\mu\text{m}$ )	E.E.	B.C. ( $\mu\text{m}$ )	E.E.	P. de B (r)	D.	I.C.	Pos del cent .
1	10	0.04	8.4	0.033	1.6	0.008	5.25	6.8	18	ST
2	10	0.04	8.4	0.033	1.6	0.008	5.25	6.8	18	ST
3	8	0.032	6.8	0.027	1.2	0.005	5.68	6.99	15	ST
4	8	0.032	6.8	0.027	1.2	0.005	5.68	6.99	15	ST
5	6.88	0.027	5.28	0.021	1.6	0.008	3.3	5.34	23.25	ST
6	6.8	0.027	5.2	0.021	1.6	0.008	3.25	5.29	23.52	ST
7	6.8	0.027	4.8	0.019	2	0.008	2.4	4.11	29.41	SM
8	6	0.024	4.4	0.017	1.6	0.006	2.75	4.66	26.66	SM
9	6	0.024	4.4	0.017	1.6	0.006	2.75	4.66	26.66	SM
10	5.6	0.022	4	0.016	1.6	0.006	2.5	4.28	28.57	SM
11	5.6	0.022	4	0.016	1.6	0.006	2.5	4.28	28.57	SM
12	4.48	0.018	3.2	0.013	1.28	0.005	2.5	4.28	28.57	SM
13	4.4	0.017	3.2	0.013	1.2	0.005	2.5	4.28	27.27	SM
14	3.6	0.014	2.4	0.009	1.2	0.005	2.33	3.99	33.33	SM
15	3.52	0.014	2.32	0.009	1.2	0.005	1.93	3.17	34.09	SM
16	8.8	0.035	4.4	0.017	4.4	0.017	1	0	50	M
17	4.8	0.019	2.8	0.011	2	0.008	1.4	1.66	41.66	M
18	4.4	0.017	2.2	0.009	2.2	0.009	1	0	50	M
19	4	0.016	2.4	0.008	1.6	0.006	1.5	2	40	M
20	4	0.016	2	0.008	2	0.008	1	0	50	M
21	4	0.016	2	0.008	2	0.008	1	0	50	M
22	4	0.016	2	0.008	2	0.008	1	0	50	M
23	3.6	0.014	1.8	0.007	1.8	0.007	1	0	50	M
24	3.6	0.014	1.8	0.007	1.8	0.007	1	0	50	M
25	3.6	0.014	1.8	0.007	1.8	0.007	1	0	50	M
26	3.6	0.014	1.8	0.007	1.8	0.007	1	0	50	M
27	3.6	0.014	1.8	0.007	1.8	0.007	1	0	50	M
28	3.6	0.014	1.8	0.007	1.8	0.007	1	0	50	M
29	3.2	0.013	1.6	0.006	1.6	0.006	1	0	50	M
30	3.2	0.013	1.6	0.006	1.6	0.006	1	0	50	M
31	3.2	0.013	1.6	0.006	1.6	0.006	1	0	50	M
32	3.2	0.013	1.6	0.006	1.6	0.006	1	0	50	M
33	3.2	0.013	1.6	0.006	1.6	0.006	1	0	50	M
34	3.2	0.013	1.6	0.006	1.6	0.006	1	0	50	M
35	2.8	0.011	1.4	0.005	1.4	0.005	1	0	50	M
36	2.8	0.011	1.4	0.005	1.4	0.005	1	0	50	M
37	2.8	0.011	1.4	0.005	1.4	0.005	1	0	50	M
38	2.8	0.011	1.4	0.005	1.4	0.005	1	0	50	M
39	2.48	0.01	1.24	0.005	1.24	0.005	1	0	50	M
40	2.4	0.009	1.2	0.005	1.2	0.005	1	0	50	M
	186.56		119.84		66.72					

L.T. = Longitud total  
 B.L. = Brazo largo  
 B.C. = Brazo corto  
 P.B. = Proporción de brazos  
 D. = Diferencia  
 I.C. = Índice centromérico  
 P.C. = Posición del centrómero  
 E.E. = Error estándar

TABLA 4. Resultados del análisis estadístico de la clasificación de los cromosomas

\* De acuerdo a los criterios de Levan, et al. 1964.

cromosoma	L.T. (µm)	E. E.	B.L. (µm)	E.E.	B.C. (µm)	E.E.	P. de B (r)	D.	I. C.	Pos del cent.
1	9.2	0.038	7.8	0.03	1.6	0.008	4.75	6.52	17.39	ST
2	9.2	0.038	7.6	0.03	1.6	0.008	4.75	6.52	17.39	ST
3	8	0.032	6.4	0.025	1.6	0.008	4	6	20	ST
4	8	0.032	6.4	0.025	1.6	0.008	4	6	20	ST
5	7.2	0.029	6	0.024	1.2	0.005	5	6.66	16.66	ST
6	7.2	0.029	6	0.024	1.2	0.005	5	6.66	16.66	ST
7	7.2	0.029	5.2	0.021	2	0.008	2.8	4.44	27.77	SM
8	6.4	0.025	4.72	0.019	1.68	0.007	2.8	4.73	26.25	SM
9	6.4	0.025	4.72	0.019	1.68	0.007	2.8	4.73	26.25	SM
10	4	0.018	2.8	0.011	1.2	0.005	2.33	3.99	30	SM
11	4	0.018	2.8	0.011	1.2	0.005	2.33	3.99	30	SM
12	4.88	0.019	3.2	0.013	1.68	0.007	1.9	3.1	34.42	SM
13	4.8	0.019	3.44	0.014	1.36	0.005	2.52	4.31	28.33	SM
14	3.2	0.013	2	0.008	1.2	0.005	1.66	2.48	37.5	SM
15	3.2	0.013	2	0.008	1.2	0.005	1.66	2.48	37.5	SM
16	8.8	0.035	4.4	0.017	4.4	0.017	1	0	50	M
17	4.16	0.018	2.56	0.01	1.6	0.008	1.6	2.3	38.46	M
18	4	0.016	2	0.008	2	0.008	1	0	50	M
19	4	0.016	2.4	0.009	1.6	0.008	1.5	2	40	M
20	3.84	0.015	2	0.008	1.84	0.007	1.08	0.38	47.91	M
21	3.6	0.014	1.84	0.007	1.76	0.007	1.04	0.19	48.88	M
22	3.6	0.014	2	0.008	1.6	0.008	1.25	1.11	44.44	M
23	3.6	0.014	1.8	0.007	1.8	0.007	1	0	50	M
24	3.6	0.014	1.8	0.007	1.8	0.007	1	0	50	M
25	3.2	0.013	1.8	0.008	1.6	0.006	1	0	50	M
26	3.2	0.013	1.6	0.008	1.6	0.006	1	0	50	M
27	3.2	0.013	1.6	0.006	1.6	0.006	1	0	50	M
28	2.88	0.011	1.44	0.008	1.44	0.008	1	0	50	M
29	2.8	0.011	1.6	0.006	1.2	0.005	1.33	1.41	42.85	M
30	2.8	0.011	1.6	0.006	1.2	0.005	1.33	1.41	42.85	M
31	2.8	0.011	1.4	0.006	1.4	0.006	1	0	50	M
32	2.8	0.011	1.4	0.006	1.4	0.006	1	0	50	M
33	2.8	0.011	1.4	0.006	1.4	0.006	1	0	50	M
34	2.8	0.011	1.4	0.006	1.4	0.006	1	0	50	M
35	2.8	0.011	1.4	0.006	1.4	0.006	1	0	50	M
36	2.8	0.011	1.4	0.006	1.4	0.006	1	0	50	M
37	2.4	0.009	1.2	0.005	1.2	0.005	1	0	50	M
38	2.4	0.009	1.2	0.005	1.2	0.005	1	0	50	M
39	2.4	0.009	1.2	0.005	1.2	0.005	1	0	50	M
40	2.4	0.009	1.2	0.005	1.2	0.005	1	0	50	M
	176.56		114.32		62.24					

L.T. = Longitud total  
 B.L. = Brazo largo  
 B.C. = Brazo corto  
 P.B. = Proporción de brazos  
 D. = Diferencia  
 I.C. = Índice centromérico  
 P.C. = Posición del centrómero  
 E.E. = Error estándar

TABLA 5. Resultados del análisis estadístico de la clasificación de los cromosomas

x. De acuerdo a los criterios de Levan, et al. 1964.

cromosoma	L.T. (µm)	E.E.	B.L. (µm)	E.E.	B.C. (µm)	E.E.	D.	P. de B (r)	I. C.	Pos del cent.
1	10	0.04	8.44	0.033	1.56	0.006	6.87	5.41	15.6	ST
2	10	0.04	8.44	0.033	1.56	0.006	6.87	5.41	15.6	ST
3	8.44	0.033	6.86	0.027	1.56	0.006	6.3	4.41	18.48	ST
4	8.44	0.033	6.86	0.027	1.56	0.006	6.3	4.41	18.48	ST
5	6.88	0.027	5.63	0.022	1.25	0.005	6.36	4.5	18.18	ST
6	6.88	0.027	5.63	0.022	1.25	0.005	6.36	4.5	18.18	ST
7	5.31	0.021	3.76	0.015	1.55	0.006	4.15	2.42	29.19	SM
8	5.25	0.021	3.76	0.015	1.49	0.006	4.31	2.52	28.38	SM
9	5.08	0.02	3.5	0.014	1.56	0.006	3.62	2.24	30.83	SM
10	5	0.02	3.44	0.014	1.56	0.006	3.75	2.2	31.2	SM
11	5	0.02	3.44	0.014	1.56	0.006	3.75	2.2	31.2	SM
12	4.94	0.02	3.38	0.013	1.56	0.006	3.67	2.16	31.57	SM
13	4.38	0.017	2.86	0.011	1.5	0.006	3.15	1.92	34.24	SM
14	4.38	0.017	2.86	0.011	1.5	0.006	3.15	1.92	34.24	SM
15	7.82	0.031	3.91	0.015	3.91	0.015	0	1	50	M
16	7.82	0.031	3.91	0.015	3.91	0.015	0	1	50	M
17	4.06	0.016	2.03	0.008	2.03	0.008	0	1	50	M
18	4.06	0.016	2.03	0.008	2.03	0.008	0	1	50	M
19	3.76	0.015	1.88	0.007	1.88	0.007	0	1	50	M
20	3.76	0.015	1.88	0.007	1.88	0.007	0	1	50	M
21	3.76	0.015	1.88	0.007	1.88	0.007	0	1	50	M
22	3.76	0.015	1.88	0.007	1.88	0.007	0	1	50	M
23	3.76	0.015	2.19	0.009	1.57	0.006	1.63	1.39	41.75	M
24	3.76	0.015	2.19	0.009	1.57	0.006	1.63	1.39	41.75	M
25	3.76	0.015	2.19	0.009	1.57	0.006	1.63	1.39	41.75	M
26	3.76	0.015	2.19	0.009	1.57	0.006	1.63	1.39	41.75	M
27	3.44	0.014	1.75	0.007	1.69	0.007	0.14	1.03	49.12	M
28	3.44	0.014	1.72	0.007	1.72	0.007	0	1	50	M
29	3.44	0.014	1.72	0.007	1.72	0.007	0	1	50	M
30	3.44	0.014	1.72	0.007	1.72	0.007	0	1	50	M
31	3.12	0.012	1.56	0.006	1.56	0.006	0	1	50	M
32	3.12	0.012	1.56	0.006	1.56	0.006	0	1	50	M
33	2.82	0.011	1.41	0.006	1.41	0.006	0	1	50	M
34	2.82	0.011	1.41	0.006	1.41	0.006	0	1	50	M
35	2.82	0.011	1.41	0.006	1.41	0.006	0	1	50	M
36	2.82	0.011	1.44	0.006	1.38	0.005	1.19	1.04	48.93	M
37	2.5	0.01	1.25	0.005	1.25	0.005	0	1	50	M
38	2.5	0.01	1.25	0.005	1.25	0.005	0	1	50	M
39	2.5	0.01	1.25	0.005	1.25	0.005	0	1	50	M
40	2.5	0.01	1.25	0.005	1.25	0.005	0	1	50	M
	185.08		117.8		67.28					

L.T. = Longitud total  
 B.L. = Brazo largo  
 B.C. = Brazo corto  
 P.B. = Proporción de brazos  
 D. = Diferencia  
 I.C. = índice centromérico  
 P.C. = Posición del centrómero  
 E.E. = Error estándar

TABLA 6. Resultados del análisis estadístico de la clasificación de los cromosomas

\* De acuerdo a los criterios de Lavan, et al. 1964.

Cromosoma	L.T. ( $\mu\text{m}$ )	E.E.	B.L. ( $\mu\text{m}$ )	E.E.	B.C. ( $\mu\text{m}$ )	E.E.	D.	P. de B (r)	I. C.	Pos del cent *
1	9.38	0.037	7.82	0.031	1.56	0.006	6.65	5.01	16.63	ST
2	9.38	0.037	7.82	0.031	1.56	0.006	6.65	5.01	16.63	ST
3	7.81	0.031	6.25	0.025	1.56	0.006	6	4	19.97	ST
4	7.81	0.031	6.25	0.025	1.56	0.006	6	4	19.97	ST
5	6.68	0.027	5.63	0.022	1.25	0.005	6.36	4.5	18.16	ST
6	6.56	0.026	5.31	0.021	1.25	0.005	6.18	4.24	19.05	ST
7	5	0.02	3.44	0.014	1.56	0.006	3.75	2.2	31.2	SM
8	5	0.02	3.44	0.014	1.56	0.006	3.75	2.2	31.2	SM
9	4.68	0.019	3.38	0.013	1.5	0.006	3.84	2.25	30.73	SM
10	4.81	0.019	3.38	0.013	1.43	0.006	4.04	2.36	28.72	SM
11	3.75	0.015	2.5	0.01	1.25	0.005	3.33	2	33.33	SM
12	3.69	0.015	2.5	0.01	1.19	0.005	3.54	2.1	32.24	SM
13	3.13	0.012	2.2	0.009	0.93	0.004	4.04	2.36	29.71	SM
14	3.13	0.012	2.2	0.009	0.93	0.004	4.04	2.36	29.71	SM
15	7.5	0.03	3.75	0.015	3.75	0.015	0	1	50	M
16	7.5	0.03	3.75	0.015	3.75	0.015	0	1	50	M
17	4.68	0.019	2.34	0.009	2.34	0.009	0	1	50	M
18	4.68	0.019	2.34	0.009	2.34	0.009	0	1	50	M
19	4.68	0.019	2.5	0.01	2.16	0.008	0.65	1.14	46.58	M
20	4.68	0.019	2.5	0.01	2.18	0.008	0.65	1.14	46.58	M
21	3.76	0.015	1.88	0.007	1.88	0.007	0	1	50	M
22	3.76	0.015	1.88	0.007	1.88	0.007	0	1	50	M
23	3.76	0.015	2.04	0.008	1.72	0.007	0.82	1.18	45.74	M
24	3.76	0.015	2.2	0.009	1.58	0.006	1.7	1.41	41.48	M
25	3.76	0.015	2.2	0.009	1.56	0.006	1.7	1.41	41.48	M
26	3.76	0.015	1.88	0.007	1.88	0.007	0	1	50	M
27	3.44	0.014	1.72	0.007	1.72	0.007	0	1	50	M
28	3.44	0.014	1.72	0.007	1.72	0.007	0	1	50	M
29	3.12	0.012	1.56	0.006	1.56	0.006	0	1	50	M
30	3.12	0.012	1.56	0.006	1.56	0.006	0	1	50	M
31	3.12	0.012	1.56	0.006	1.56	0.006	0	1	50	M
32	2.88	0.011	1.44	0.006	1.44	0.006	0	1	50	M
33	2.82	0.011	1.41	0.006	1.41	0.006	0	1	50	M
34	2.82	0.011	1.41	0.006	1.41	0.006	0	1	50	M
35	2.82	0.011	1.41	0.006	1.41	0.006	0	1	50	M
36	2.82	0.011	1.41	0.006	1.41	0.006	0	1	50	M
37	2.5	0.01	1.25	0.005	1.25	0.005	0	1	50	M
38	2.5	0.01	1.25	0.005	1.25	0.005	0	1	50	M
39	2.5	0.01	1.25	0.005	1.25	0.005	0	1	50	M
40	2.5	0.01	1.25	0.005	1.25	0.005	0	1	50	M
	177.89		111.58		66.31					

L.T. = Longitud total  
 B.L. = Brazo largo  
 B.C. = Brazo corto  
 P.B. = Proporción de brazos  
 D. = Diferencia  
 I.C. = Índice centromérico  
 P.C. = Posición del centrómero  
 E.E. = Error estándar

TABLA 7. Resultados del análisis estadístico de la clasificación de los cromosomas

\* De acuerdo a los criterios de Levan, et al. 1964.

cromosoma	L.T. ( $\mu$ m )	E. E.	B.L. ( $\mu$ m )	E.E.	B.C. ( $\mu$ m )	E.E.	P. de B (r)	I. C.	D.	P. centromero
1	10	0.04	8.44	0.033	1.56	0.006	5.41	15.8	6.87	ST
2	10	0.04	8.44	0.033	1.56	0.006	5.41	15.6	6.87	ST
3	8.56	0.034	6.84	0.028	1.62	0.006	4.26	18.92	6.21	ST
4	8.56	0.034	6.84	0.028	1.62	0.006	4.26	18.92	6.21	ST
5	7.5	0.03	6.13	0.024	1.37	0.005	4.47	18.26	6.34	ST
6	7.5	0.03	6.13	0.024	1.37	0.005	4.47	18.26	6.34	ST
7	5.81	0.023	4	0.016	1.81	0.007	2.2	31.15	3.75	SM
8	5.81	0.023	4	0.016	1.81	0.007	2.2	31.15	3.75	SM
9	5.5	0.022	3.75	0.015	1.75	0.007	2.14	31.81	3.63	SM
10	5.5	0.022	3.75	0.015	1.75	0.007	2.14	31.81	3.63	SM
11	4.44	0.018	2.88	0.011	1.56	0.006	1.84	35.13	2.95	SM
12	4.4	0.017	2.88	0.011	1.52	0.006	1.89	34.54	3.07	SM
13	3.88	0.015	2.44	0.01	1.44	0.006	1.69	37.11	2.56	SM
14	3.88	0.015	2.44	0.01	1.44	0.006	1.69	37.11	2.56	SM
15	8.44	0.033	4.22	0.017	4.22	0.017	1	50	0	M
16	8.44	0.033	4.22	0.017	4.22	0.017	1	50	0	M
17	5.88	0.023	2.94	0.012	2.94	0.012	1	50	0	M
18	5.78	0.023	2.9	0.011	2.9	0.011	1	49.82	0	M
19	4.62	0.018	2.31	0.009	2.31	0.009	1	50	0	M
20	4.62	0.018	2.31	0.009	2.31	0.009	1	50	0	M
21	4.38	0.017	2.19	0.009	2.19	0.009	1	50	0	M
22	4.38	0.017	2.19	0.009	2.19	0.009	1	50	0	M
23	4.32	0.017	2.16	0.009	2.16	0.009	1	50	0	M
24	4.32	0.017	2.16	0.009	2.16	0.009	1	50	0	M
25	4.18	0.016	2.09	0.008	2.09	0.008	1	50	0	M
26	4.18	0.016	2.09	0.008	2.09	0.008	1	50	0	M
27	3.82	0.015	1.91	0.008	1.91	0.008	1	50	0	M
28	3.82	0.015	1.91	0.008	1.91	0.008	1	50	0	M
29	3.68	0.015	1.84	0.007	1.84	0.007	1	50	0	M
30	3.68	0.015	1.93	0.008	1.75	0.007	1.1	47.55	0.47	M
31	3.68	0.015	1.93	0.008	1.75	0.007	1.1	47.55	0.47	M
32	3.66	0.014	1.84	0.007	1.82	0.007	1.01	49.72	0	M
33	3.54	0.014	1.79	0.007	1.75	0.007	1.02	49.43	0	M
34	3.18	0.013	1.59	0.006	1.59	0.006	1	50	0	M
35	3.44	0.014	1.72	0.007	1.72	0.007	1	50	0	M
36	3.16	0.012	1.59	0.006	1.57	0.006	1.01	49.68	0	M
37	3.03	0.012	1.53	0.006	1.5	0.006	1.02	49.5	0	M
38	3.03	0.012	1.53	0.006	1.5	0.006	1.02	49.5	0	M
39	2.9	0.011	1.47	0.006	1.43	0.006	1.02	49.31	0	M
40	2.9	0.011	1.47	0.006	1.43	0.006	1.02	49.31	0	M
	202.4		124.99		77.43					

L.T. = Longitud total  
 B.L. = Brazo largo  
 B.C. = Brazo corto  
 P.B. = Proporción de brazos  
 D. = Diferencia  
 I.C. = Índice centromérico  
 P.C. = Posición del centrómero  
 E.E. = Error estándar

TABLA 8. Resultados del análisis estadístico de la clasificación de los cromosomas

\* De acuerdo a los criterios de Levan, *et al.* 1964.



Sumatoria y promedio de los cariótipos de macho

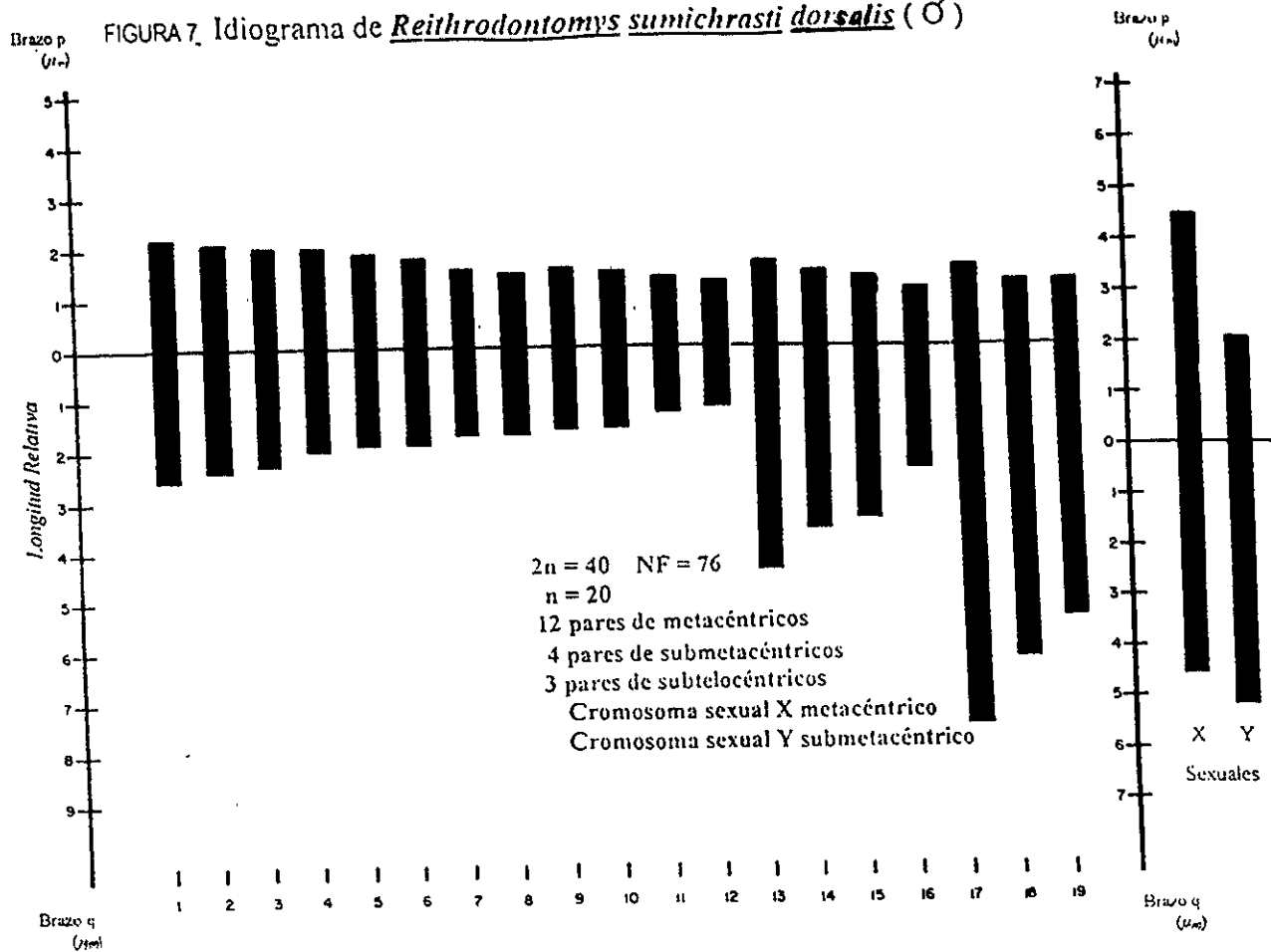
Cariotipo 1 Cariotipo 2 Cariotipo 3			Sumatoria y promedio de los cariótipos de macho																		
L.T.(µm)	(µm)	(µm)	Sumatoria	Promedio	E.E.	Total	B.L.(µm)	(µm)	(µm)	Sumatoria	Promedio	E.E.	Total	B.C.(µm)	(µm)	(µm)	Sumatoria	Promedio	E.E.	Total	P.C.
9.2	10	8	27.2	9.07	0.036	9.07	7.8	8.4	8.4	22.4	7.47	0.03	7.47	1.8	1.8	1.8	4.8	1.6	0.006	1.6	ST
9.2	10	8	27.2	9.07	0.036	9.07	7.8	8.4	8.4	22.4	7.47	0.03	7.47	1.8	1.8	1.8	4.8	1.6	0.006	1.6	ST
8	8	6.4	22.4	7.46	0.03	7.46	6.4	6.8	5.2	18.4	6.13	0.024	6.13	1.6	1.2	1.2	4	1.33	0.006	1.33	ST
8	8	6.48	22.48	7.49	0.03	7.49	6.4	6.8	5.2	18.4	6.13	0.024	6.13	1.6	1.2	1.28	4.08	1.36	0.006	1.36	ST
7.2	8.88	8	20.08	6.69	0.027	6.69	6	5.28	4.8	18.06	5.36	0.021	5.36	1.2	1.8	1.2	4	1.33	0.006	1.33	ST
7.2	8.8	8.08	20.08	6.69	0.027	6.69	6	5.2	4.84	18.04	5.36	0.021	5.36	1.2	1.8	1.24	4.04	1.34	0.006	1.34	ST
7.2	8.8	8	22	7.33	0.029	7.33	6.2	4.8	5.76	16.76	5.28	0.021	5.28	2	2	2.24	6.24	2.06	0.006	2.06	SM
6.4	8	6	16.4	6.13	0.024	6.13	4.72	4.4	4	13.12	4.37	0.017	4.37	1.86	1.8	2	5.28	1.76	0.007	1.76	SM
6.4	8	6	16.4	6.13	0.024	6.13	4.72	4.4	4	13.12	4.37	0.017	4.37	1.86	1.8	2	5.28	1.76	0.007	1.76	SM
4	5.6	5.6	15.2	5.07	0.02	5.08	2.8	4	3.76	10.56	3.52	0.014	3.53	1.2	1.8	1.84	4.84	1.54	0.006	1.55	SM
4	5.6	5.66	15.26	5.09	0.02	5.09	2.8	4	3.8	10.6	3.53	0.014	3.53	1.2	1.8	1.88	4.88	1.56	0.006	1.56	SM
4.88	4.48	6.2	14.56	4.81	0.019	4.83	3.2	3.2	3.6	10	3.33	0.013	3.38	1.86	1.28	1.8	4.86	1.62	0.006	1.46	SM
4.8	4.4	6.24	14.44	4.81	0.019	4.83	3.44	3.2	3.64	10.28	3.43	0.014	3.43	1.96	1.2	1.8	4.16	1.38	0.006	1.38	SM
3.2	3.6	4	10.8	3.6	0.014	3.58	2	2.4	2.8	7.2	2.4	0.009	2.39	1.2	1.2	1.2	3.6	1.2	0.006	1.2	SM
3.2	3.52	3.96	10.68	3.68	0.014	3.68	2	2.32	2.8	7.12	2.37	0.009	2.37	1.2	1.2	1.16	3.56	1.19	0.006	1.19	SM
8.8	8.8	9.8	27.2	9.06	0.036	9.06	4.4	4.4	4.8	13.8	4.63	0.018	4.53	4.4	4.4	4.4	13.6	4.53	0.018	4.53	M
4.16	4.8	5.8	14.58	4.85	0.019	4.78	2.86	2.8	3	8.36	2.78	0.011	2.89	1.8	2	2.6	8.2	2.07	0.008	2.17	M
4	4.4	5.8	14	4.66	0.018	4.66	2	2.2	3	7.2	2.4	0.009	2	2	2.2	6.8	2.27	0.009	2.27	M	
4	4	5.6	13.6	4.53	0.018	4.51	2.4	2.4	2.8	7.6	2.53	0.01	2.4	1.8	1.8	2.8	6	2	0.006	2.11	M
3.84	4	5.6	13.44	4.48	0.018	4.48	2	2	2.8	8.8	2.26	0.009	2.26	1.84	2	2.8	6.84	2.21	0.009	2.21	M
3.6	4	5.2	12.8	4.26	0.017	4.26	1.84	2	2.8	6.84	2.21	0.009	2.24	1.76	2	2.4	6.18	2.06	0.006	2.04	M
3.6	4	5.28	12.88	4.29	0.017	4.29	2	2	2.8	6.8	2.26	0.009	2.26	1.8	2	2.48	6.08	2.02	0.006	2.02	M
3.8	3.8	4.8	12	4	0.016	4.01	1.8	1.8	2.4	6	2	0.008	2.01	1.8	1.8	2.4	6	2	0.006	2	M
3.8	3.8	4.88	12.08	4.02	0.016	4.02	1.8	1.8	2.48	6.08	2.02	0.008	2.02	1.8	1.8	2.4	6	2	0.006	2	M
3.2	3.8	4.72	11.82	3.84	0.016	3.84	1.8	1.8	2.36	5.76	1.92	0.008	1.93	1.6	1.8	2.36	6.76	1.92	0.008	1.91	M
3.2	3.6	4.72	11.62	3.84	0.016	3.84	1.8	1.8	2.4	5.8	1.93	0.008	1.93	1.6	1.8	2.32	6.72	1.9	0.008	1.9	M
3.2	3.6	4.4	11.2	3.73	0.015	3.68	1.8	1.8	2.24	5.84	1.88	0.007	1.85	1.6	1.8	2.16	5.68	1.85	0.007	1.83	M
2.88	3.6	4.4	10.88	3.63	0.014	3.63	1.44	1.8	2.2	6.44	1.81	0.007	1.81	1.44	1.8	2.2	5.44	1.81	0.007	1.81	M
2.8	3.2	4	10	3.33	0.013	3.33	1.6	1.6	2	5.2	1.73	0.007	1.73	1.2	1.6	2	4.8	1.6	0.006	1.6	M
2.8	3.2	4	10	3.33	0.013	3.33	1.6	1.6	2	5.2	1.73	0.007	1.73	1.2	1.6	2	4.8	1.6	0.006	1.6	M
2.8	3.2	4	10	3.33	0.013	3.33	1.4	1.6	2	5	1.66	0.007	1.67	1.4	1.6	2	5	1.66	0.007	1.66	M
2.8	3.2	4	10	3.33	0.013	3.33	1.4	1.6	2.04	5.04	1.68	0.007	1.68	1.4	1.6	1.96	4.96	1.65	0.007	1.65	M
2.8	3.2	3.6	9.6	3.2	0.013	3.2	1.4	1.6	1.8	4.8	1.6	0.006	1.61	1.4	1.6	1.8	4.8	1.6	0.006	1.59	M
2.8	3.2	3.6	9.6	3.2	0.013	3.2	1.4	1.6	1.84	4.84	1.61	0.006	1.61	1.4	1.6	1.76	4.76	1.58	0.006	1.58	M
2.8	2.8	3.6	9.2	3.06	0.012	3.06	1.4	1.4	1.8	4.6	1.53	0.006	1.53	1.4	1.4	1.8	4.6	1.53	0.006	1.53	M
2.8	2.8	3.56	9.16	3.05	0.012	3.05	1.4	1.4	1.8	4.6	1.53	0.006	1.53	1.4	1.4	1.76	4.56	1.52	0.006	1.52	M
2.4	2.8	3.2	8.4	2.8	0.011	2.8	1.2	1.4	1.6	4.2	1.4	0.006	1.4	1.2	1.4	1.6	4.2	1.4	0.006	1.4	M
2.4	2.8	3.2	8.4	2.8	0.011	2.8	1.2	1.4	1.6	4.2	1.4	0.006	1.4	1.2	1.4	1.6	4.2	1.4	0.006	1.4	M
2.4	2.48	2.8	7.68	2.56	0.01	2.55	1.2	1.24	1.4	3.84	1.28	0.005	1.27	1.2	1.24	1.4	3.84	1.28	0.005	1.28	M
2.4	2.4	2.8	7.6	2.53	0.01	2.53	1.2	1.2	1.4	3.8	1.26	0.005	1.26	1.2	1.2	1.4	3.8	1.27	0.005	1.27	M
176.58	186.56	203.4					114.32	119.84	124.36					82.24	66.72	70.04					

TABLA 9 Resultados del promedio y sumatoria de los cariótipos de macho

L T. = Longitud total  
 B. L. = Brazo largo  
 B. C. = Brazo corto  
 E. E. = Error estándar  
 P. C. = Posición del centrómero

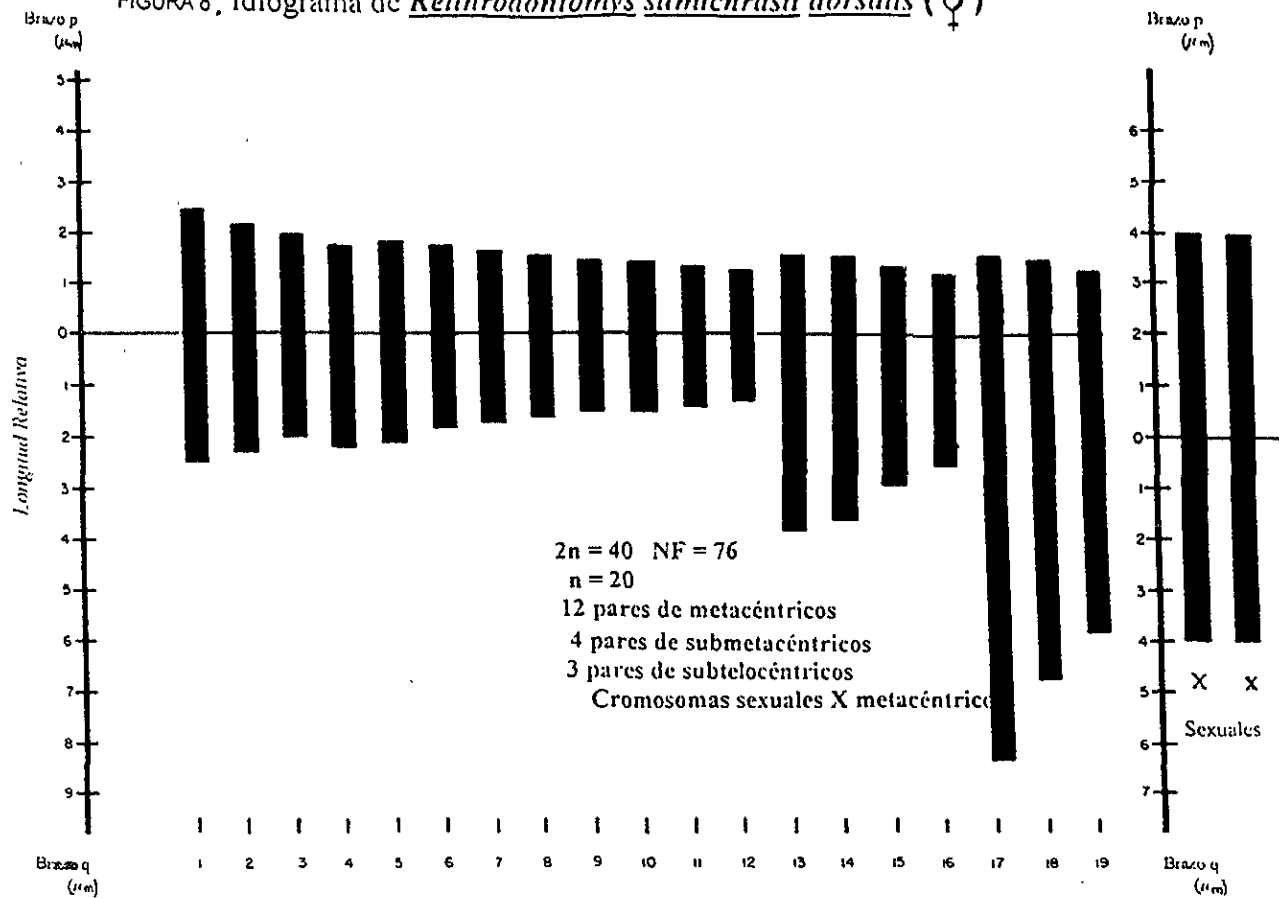


FIGURA 7. Idiograma de *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis* (♂)



Escala 1 cm = 1 micra (µm)

FIGURA 8, Idiograma de *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis* (♀)



Escala 1 cm = 1 micra (µm)

### 3.- Determinación del cariotipo de *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis*

La clasificación se realizó con base en las medidas que propusieron Levan, *et al.* (1964).

Estas medidas fueron:

- 1.- La longitud del brazo corto (p)
- 2.- La longitud del brazo largo (q)
- 3.- La longitud total del cromosoma (p + q)

Con las cuales se obtuvo:

- 1.- La proporción de brazos (P.B.)
- 2.- El índice centromérico (I.C.)
- 3.- Diferencia (D)
- 4.- Posición del centrómero (P.C.)

#### 1.- La proporción de brazos (P.B.)

La operación realizada es  $q/p$

En donde (q) es la longitud relativa del brazo largo y (p) es la longitud relativa del brazo corto.

La proporción de brazos

según Levan <i>et al.</i> (1964):	La obtenida para <i>R. s. dorsalis</i> :
Metacéntricos de (1.00 - 1.67)	Metacéntricos de (1.00 - 1.50)
Submetacéntricos de (1.67 - 3.00)	Submetacéntricos de (1.69 - 2.80)
Subtelocéntricos de (3.00 - 7.00)	Subtelocéntricos de (4.00 - 5.60)
Telocéntricos de (7.00 - ∞)	No hay Telocéntricos

**2.- El índice centromérico (I.C.)**

Se obtuvo mediante la longitud relativa de (p) y (q), de cada par cromosómico.

Se define como:  $I.C. = p / p + q \cdot (100)$

El índice

según Levan, <i>et al.</i> (1964):	La obtenida para <i>R. s. dorsalis</i> :
Metacéntricos de (50.00 - 37.50)	Metacéntricos de (50.00 - 40.00)
Submetacéntricos de (37.50 - 25.00)	Submetacéntricos de (37.00 - 26.66)
Subtelocéntricos de (25.00 - 12.50)	Subtelocéntricos de (23.50 - 15.00)
Telocéntricos de (12.50 - 0.0)	No hay Telocéntricos

### 3.- Diferencia (D).

La diferencia se obtiene con la longitud de proporción de brazos, aplicando la siguiente fórmula:

$$D = (PB - 1 \cdot 10) / (PB + 1)$$

La diferencia

según (Levan, <i>et al.</i> (1964):	La obtenida para <i>R. s. dorsalis</i> :
Metacéntricos de (0.00 - 2.50)	Metacéntricos de (0.00 -1.70)
Submetacéntricos de (2.50 - 5.00)	Submetacéntricos de (2.56 - 4.50)
Subtelocéntricos de (5.00 - 7.50)	Subtelocéntricos de (5.30 - 6.87)
Telocéntricos de (7.50 - 10.00 )	No hay Telocéntricos

### 4.- Posición del centrómero (P.C.)

Se establece al obtener todos los resultados antes mencionados.

Como se observa en los datos obtenidos todos están en los intervalos establecidos por Levan, *et al.* (1964).

### El cariotipo de *Reithrodontomys sumichrastris dorsalis*

Al obtener los resultados de la proporción de brazos (P.B.), el índice centromérico (I. C.), diferencia (D) y posición del centrómero (P.C.) y comparándolos con los criterios establecidos por Levan, *et al.* (1964), se establece que: El número

diploide de *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis* es:  $2n = 40$ . Por lo tanto, el número haploide es;  $n = 20$  (figs. 7, 8).

Se determinó que su número fundamental es de 76 brazos;  $NF = 76$ . El número fundamental se determinó, según la Escuela Europea con el juego cromosómico haploide sin tomar el par sexual (figs. 7,8).

El complemento diploide de *R. s. dorsalis* esta constituido por:

12 pares de metacéntricos (2 a  $8\mu\text{m}$ ) (figs. 5b, 6b).

4 pares de submetacéntricos (3 a  $7\mu\text{m}$ ) (figs. 5b,6b).

3 pares de subtlocéntricos (6 a  $9\mu\text{m}$ ) (figs. 5b, 6b).

La fórmula cromosómica obtenida para *R. s. dorsalis* utilizando la metodología propuesta por Levan, *et al.* (1964), consta de 12 cromosomas metacéntricos, 4 cromosomas submetacéntricos, 3 cromosomas subtlocéntricos, el cromosoma X es metacéntrico, y el cromosoma Y submetacéntrico, dando como resultado.

$$13M+ 5SM + 3ST$$

Subespecie	2n	Fórmula cromosómica	X	Y	L.T.C. $\pm$ EE	T.F. $\pm$ EE
<i>R. s. Dorsalis</i>	40	13M + 5SM + 3ST	M	SM	188.84 $\pm$ 0.20	36.62 $\pm$ 0.009

2n= Número diploide

L. T. C. = Longitud total de cromatina

T. F. = Índice de asimetría

EE. = Error estándar



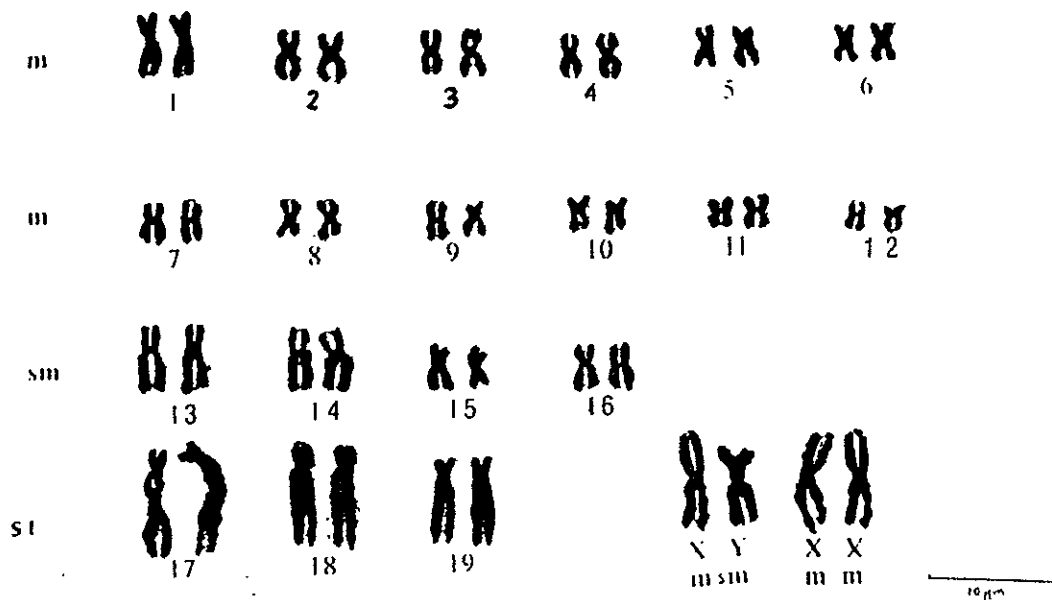
4.- Análisis y comparación de los cariotipo de *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis*, con el reportado de *Reithrodontomys sumichrasti nerterus* y el de *Reithrodontomys sumichrasti australis*.

Se ha reportado una variación cromosómica entre los ratones de campo del género (*Reithrodontomys*) tanto en el número diploide, ( $2n= 38$  a  $52$ ) como en el número fundamental que va de un intervalo de  $NF= 48$  a  $80$  respectivamente (Engstrom, *et al.* 1981).

Al comparar el cariotipo de la subespecie *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis* de Chiapas. (**presente estudio**), con la subespecie, *Reithrodontomys sumichrasti australis* de Costa Rica (Carleton y Myers, 1979) (fig. 9), encontramos que las dos subespecies presentan un número diploide de 40 cromosomas. En ambos casos todos los autosomas son birrámeos, y en las dos subespecies su número fundamental es de 76; en su morfología y disposición muestran una semejanza; no obstante en cuanto al número de pares clasificados hay diferencias, ya que Carleton y Myers, (1979), clasifica a los cromosomas de *R. s. australis* en: 7 pares de subtelocéntricos y 13 pares de pequeños a medianos metacéntricos y submetacéntricos, sin mencionar el número de pares que corresponden a cada uno. Los cromosomas sexuales están representados por un gran metacéntrico (X) y un ligeramente pequeño submetacéntrico (Y) (fig. 9b).

Para el cariotipo de *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis*, la clasificación y tamaño consiste en: 12 pares de metacéntricos (2 a  $8\mu\text{m}$ ), 4 pares de submetacéntricos (3 a  $7\mu\text{m}$ ), 3 pares de subtelocéntricos (6 a  $9\mu\text{m}$ ), los cromosomas sexuales están representados por un cromosoma X metacéntrico ( $8\mu\text{m}$ ) y un cromosoma Y submetacéntrico ( $7.5\mu\text{m}$ ) (fig. 9a). La diferencia entre estas dos subespecie radica en el número de pares de cromosomas clasificados

A.- Cariotipo de *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis*.



B - Cariotipo de *Reithrodontomys sumichrasti australis*.- Costa Rica. Carleton y Myers, 1979.

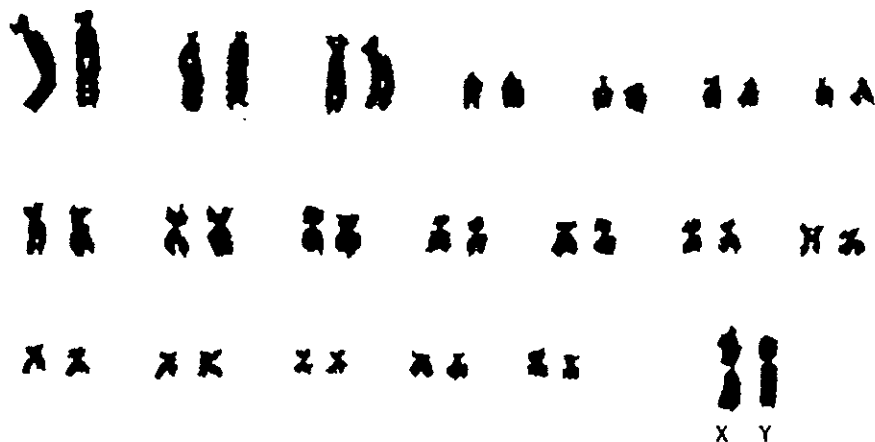


Figura 9. Comparación de los cariotipos de (A) *R. s. dorsalis* (presente estudio) con (B) *R. s. australis* de Costa Rica (Carleton y Myers, 1979).

Israel Ramirez Rivera

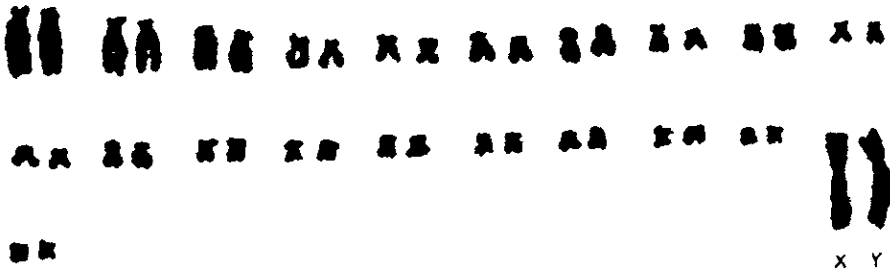
es diferente, así como su fórmula cromosómica, que para *R. s. dorsalis* es de  $13 + 5SM + 3ST$ , y para *R. s. australis* es de  $12M + 3SM + 6ST$ . Realizada en sus respectivos cromosomas.

Esta diferencia puede deberse a que Carleton y Myers, (1979) hayan utilizado un método diferente de clasificación, al de Levan, *et al.* (1964). Carleton y Myers, (1979) no reportan en su artículo escala de medición para los cromosomas. Posiblemente el método empleado para el cariotipo de *R. s. australis* fué el de (Patton, 1967)., según lo reportan Carleton y Myers, (1979).

En cuanto a la comparación del cariotipo de la subespecie *R. s. nerterus* de Jalisco (Engstrom, *et al.* 1981) (fig. 10a). Esta subespecie presenta un número diploide de 42 y un número fundamental de 80. Según menciona el autor este cariotipo es similar al reportado de *R. s. australis* ( $2n= 40$  y un  $NF= 76$ ) de Costa Rica (Carleton y Myers, 1979) (fig. 10b) pero con un par adicional de pequeños autosomas metacéntricos, lo cual no es totalmente cierto. El cariotipo de *R. s. nerterus* reportado por Engstrom, *et al.* (1981) comprende 42 cromosomas, el cual está constituido de metacéntricos a subtelocéntricos de grandes a pequeños. Los cromosomas sexuales son "presumiblemente" similares a los reportados para *R. s. australis*.

Al comparar el cariotipo de *R. s. dorsalis* con el de *R. s. nerterus* (Engstrom, *et al.* 1981) (fig. 11), se nota que existen diferencias en número cromosómico, número fundamental, número de pares de cromosomas y fórmula cromosómica, en sus respectivas clasificaciones, para *R. s. dorsalis* tiene un número diploide  $2n=40$ , un número fundamental  $NF=76$ , su número de pares es de 20 incluyendo el par sexual, clasificados en 12 pares de metacéntricos, 4 pares de submetacéntricos y 3 pares de subtelocéntricos, el cromosoma X es metacéntrico y

A.- Cariotipo de *Reithrodontomys sumichrasti nerterus* (macho). Jalisco (Engstrom, *et al* 1981).



B.- Cariotipo de *Reithrodontomys sumichrasti australis* - Costa Rica. (macho). Carleton y Myers, 1979.

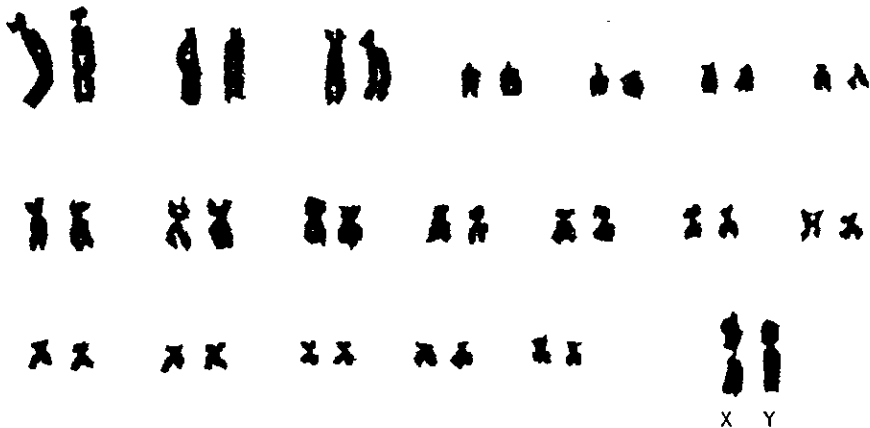
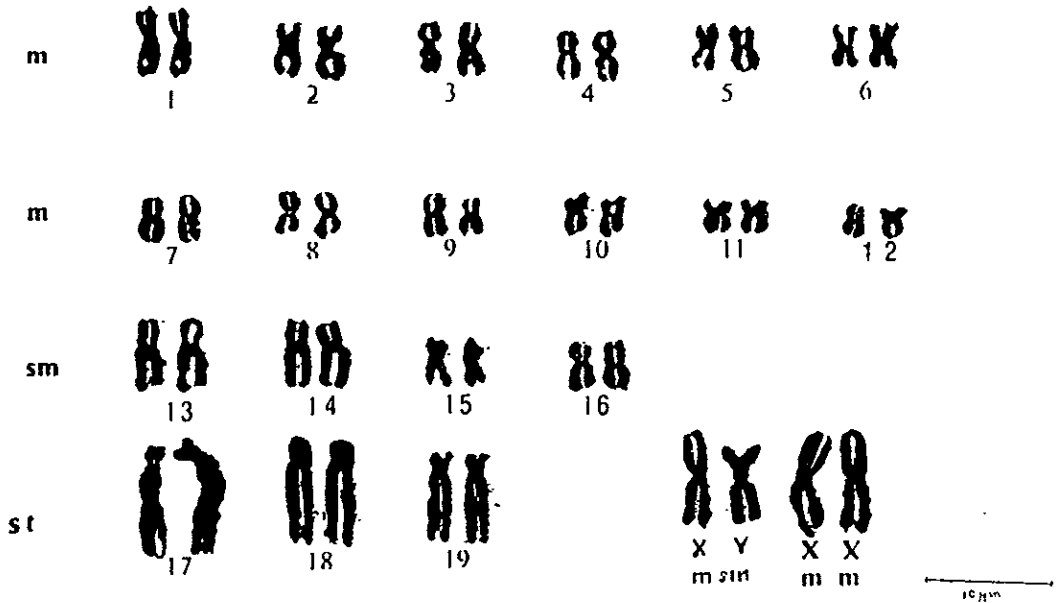


Figura 10. Comparación de los cariotipos de (A) *R. s. nerterus* (Engstrom, *et al.* 1981) con (B) *R. s. australis* de Costa Rica (Carleton y Myers, 1979).

Israel Ramirez Rivera

A.- Cariotipo de *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis*.



B.- Cariotipo de *Reithrodontomys sumichrasti nerterus* - Jalisco. (macho). Engstrom, *et al.* 1981.

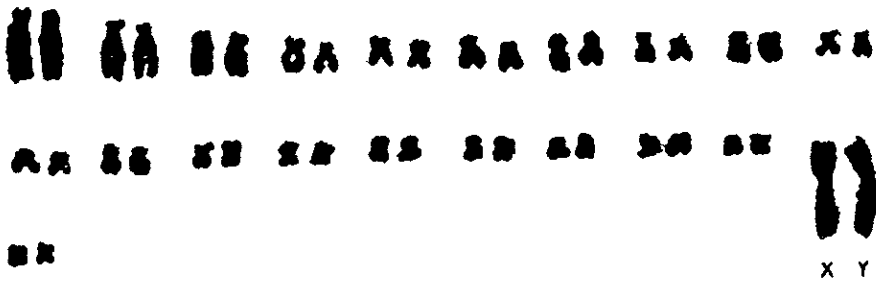


Figura 11. Comparación de los cariotipos de (A) *R. s. dorsalis* (presente estudio) con (B) *R. s. nerterus* de Jalisco (Engstrom, *et al.* 1981).

el cromosoma Y es submetacéntrico., lo cual da como resultado una fórmula cromosómica de  $13M + 5SM + 3ST$ , esta fórmula se realizó con el complemento haploide más los cromosomas sexuales., sin embargo para *R. s. nerterus* (Engstrom, *et al.* 1981), el número diploide es de 42, su número fundamental es de 80, el número de pares es de 21 incluyendo el par sexual clasificados en 15 pares de metacéntricos, 2 pares de submetacéntricos y 3 pares de subtlocéntricos, el cromosoma X es metacéntrico, y el cromosoma Y es submetacéntrico, por lo que su fórmula cromosómica es  $16M + 3SM + 3ST$ , esta fórmula se calculó en base a su complemento haploide más el par sexual. En lo que se refiere al tamaño, no se pueden comparar porque Engstrom, *et al.* (1981) no menciona tamaño relativo, ni escala alguna en la que uno se apoye para tal medición. El número diploide de *R. s. dorsalis* es de 40 cromosomas mientras que para *R. s. nerterus* reportado por Engstrom, *et al.* 1981 es de 42 cromosomas. La diferencia entre *R. s. dorsalis* y *R. s. nerterus*, es de un par de cromosomas (fig. 11). En este caso en específico, se observa que se trata de un par de pequeños autosomas. Con respecto al número fundamental; para *R. s. dorsalis* es de 76 y para *R. s. nerterus* de 80, la diferencia es de 4 brazos, lo cual nos indica el aporte de un par más de cromosomas en el caso de *R. s. nerterus*. En lo que se refiere a los cromosomas, su morfología y disposición son relativamente semejantes, pero diferentes en su fórmula cromosómica (fig. 11b).

Cabe mencionar que en el caso de *R. s. nerterus* (Engstrom, *et al.* 1981) y *R. s. australis* (Carleton y Myers, 1979), los cariotipos reportados son únicamente de machos a diferencia del presente estudio en el cual se presenta el cariotipo de ambos sexos.

Al compara los datos de las tres subespecies (tabla 11), sin observar previamente los cariotipos, se podría decir que los datos más parecidos son los de *R. s.*

*dorsalis* con los de *R. s. australis* de Costa Rica (Carleton y Myers, 1979), esto sería en su número diploide, número fundamental, y el par sexual, y que en ambas subespecies son iguales estos datos.

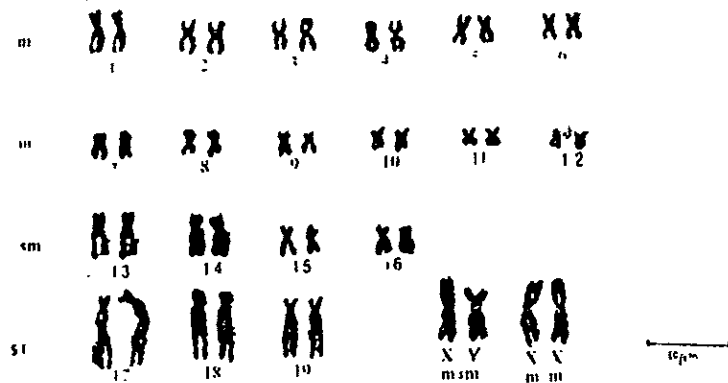
TABLA 11. Comparación de las subespecies

SUBESPECIE	2N	NF	Fórmula Cromosómica	X	Y	L.T.C. - EE	T.F.(%) - EE
<i>R. s. dorsalis</i>	40	76	13M+ 5SM+3ST	M	SM	188.84 0.20	36.62 0.09
<i>R. s. nerterus</i>	42	80	16M+ 3SM+3ST	M	SM		36.66
<i>R. s. australis</i>	40	76	12M+ 3SM+6ST	M	SM		25.16

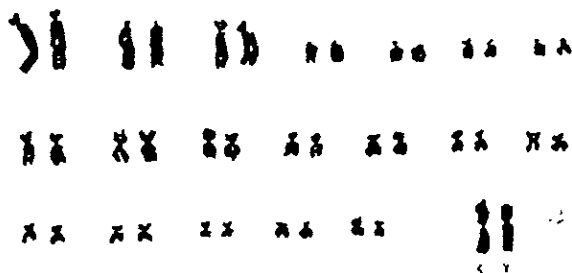
Sin embargo al observar los cariotipos más detalladamente (fig. 12), existen diferencias en la clasificación de los cromosomas, en *R. s. dorsalis* (fig. 12a) el cariotipo esta conformado por 12 pares de metacéntricos, 4 pares de submetacéntricos, y 3 pares de subtelocéntricos, el cromosoma X es metacéntrico, y el cromosoma Y es submetacéntrico. Por lo que su fórmula es como se muestra en la (tabla 11).

Con respecto al cariotipo de *R. s. australis* de Costa Rica (Carleton y Myers, 1979) (fig. 12b), está conformado por 11 pares de metacéntricos, 2 pares de submetacéntricos, 6 pares de subtelocéntricos, el cromosoma X es metacéntrico, y el cromosoma Y es submetacéntrico. Su fórmula se puede ver en la (tabla 11). Por lo que la diferencia en los cariotipos es evidente entre estas dos subespecies, aunque algunos datos sean iguales. Al comparar el cariotipo de *R. s. dorsalis* (fig. 12a) con el de *R. s. nerterus* (Engstrom, *et al.* 1981) (fig. 12c), la diferencia es en número diploide y número fundamental, que para *R. s. nerterus*

A.- Cariotipo de *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis*.



B.- Cariotipo de *Reithrodontomys sumichrasti australis* - Costa Rica. (macho). Carleton y Myers, 1979.



C.- Cariotipo de *Reithrodontomys sumichrasti nerterus* - Jalisco. (macho). Engstrom, et al. 1981.

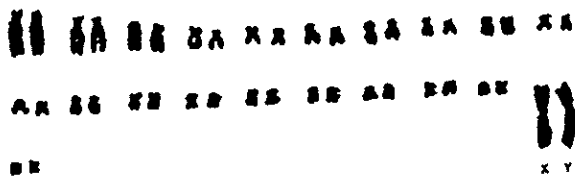


Figura 12. Comparación de los tres cariotipos (A) *R. s. dorsalis* (presente estudio), (B) *R. s. australis* de Costa Rica (Carleton y Myers, 1979), (C) *R. s. nerterus* de Jalisco (Engstrom, et al. 1981.



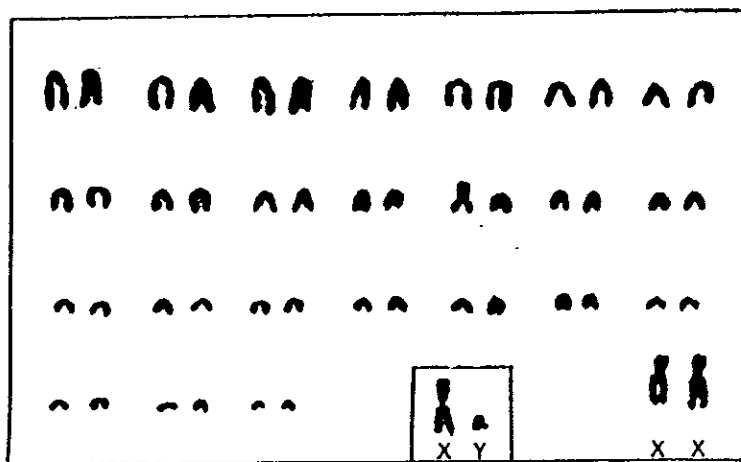
es de  $2n=42$  y un  $NF=80$  y un par de cromosomas sexuales XY submetacéntricos, al igual que la clasificación de sus cromosomas y su fórmula cromosómica.

Al comparar los tres cariotipos entre sí (fig. 12) se podría decir que los más parecidos son el cariotipo de *R. s. dorsalis* (fig. 12a) con el de *R. s. australis* de Costa Rica (Carleton y Myers, 1979) (fig. 12b), esto sería en su número diploide y número fundamental solamente. Lo cierto es que realmente los cariotipos más parecidos entre sí son el de *R. s. dorsalis* (fig. 12a) con el cariotipo de *R. s. nerterus* (Engstrom, *et al.* 1981) (fig. 12c) en base a la morfología y clasificación de sus cromosomas, lo que demuestra un parentesco más estrechamente relacionado entre estas subespecies. Realizando un cálculo de índice de asimetría obtenemos que los valores más cercanos son los del cariotipo de *R. s. dorsalis* con los de *R. s. nerterus* (Engstrom, *et al.* 1981), ésto es debido a que todos los cromosomas de sus cariotipos son birrámeos, ésto está relacionado al índice de asimetría de cada uno de sus cariotipos, el cálculo del índice de asimetría nos indica si el cariotipo es simétrico o asimétrico, (García, 1990). El índice de asimetría, tiene un valor que es de 50 para un cariotipo totalmente simétrico lo que nos indica que todos los cromosomas son metacéntricos, y por lo tanto entre menor sea el valor, el número de pares de cromosomas telocéntricos aumenta y, por lo tanto el cariotipo tiende a ser más asimétrico cuando el valor de índice de asimetría es cercano a cero, por lo que nos estaría indicando que se trata de un cariotipo conformado en su mayoría por cromosomas telocéntricos y su cariotipo sería totalmente asimétrico. En el caso de *R. s. dorsalis* el valor de índice de asimetría es de 36.62, lo que indica que el cariotipo está compuesto en una gran mayoría por cromosomas birrámeos y de los cuales son o tienden a ser de tipo metacéntrico, por lo que el cariotipo de *R. s. dorsalis* es semejante por su constitución cromosómica al cariotipo de *R. s. nerterus* (Engstrom, *et al.* 1981),

por presentar también cromosomas birrámeos y los cuales en su mayoría son o tienden a ser de tipo metacéntrico (figs. 12a, 12c). Sin embargo en el caso de *R. s. australis* de Costa Rica (Carleton y Myers, 1979), aunque tiene similitudes en algunos parámetros ( $2n$ , NF) con *R. s. dorsalis*, es totalmente diferente, porque el cariotipo de *R. s. australis* presenta un mayor número de pares de cromosomas telocéntrico lo cual nos estaría dando un valor de índice de asimetría menor y, por lo tanto un cariotipo con tendencia a ser más asimétrico que el de las subespecies antes mencionadas. Al realizar la comparación de los cariotipos de las 3 subespecies con lo postulado por Carleton y Myers (1979), los cuales mencionan que el cariotipo del ancestro del género *Reithrodontomys* está constituido en su totalidad por cromosomas telocéntricos (fig. 13), por lo que tendría un cariotipo totalmente asimétrico (realizando su respectivo cálculo) y, su valor de índice de asimetría sería cercano a cero, lo que sería como lo mencionan los autores una característica cromosómica primitiva en el género *Reithrodontomys*, con respecto a los cariotipos de las 3 subespecies comparadas en éste trabajo así como algunas otras especies y subespecies descritas por otros autores (tabla 1). Por lo tanto el cariotipo relativamente más cercano al ancestro sería el cariotipo de *R. s. australis* de Costa Rica (Carleton y Myers, 1979) (fig. 12b), después el de *R. s. nerterus* (Engstrom, *et al.* 1981) (fig. 12c), y al último con *R. s. dorsalis* (fig. 12a), esta relación de cariotipos está dada por sus semejanzas y diferencias en sus cromosomas, lo que indicaría que si hay modificaciones en el cariotipo de las diferentes subespecies del género, con lo cual nos estaría indicando que existe un proceso de especiación.

Ahora bien, a partir de éste ancestro la evolución cromosómica del género *Reithrodontomys*, pudo haberse dado sobre todo a través de procesos citogenéticos que produjeron un incremento en el número de brazos cromosómicos

A.- Cariotipo de *Reithrodontomys fulvescens*.



B.- Cariotipo de *Reithrodontomys humulis*.

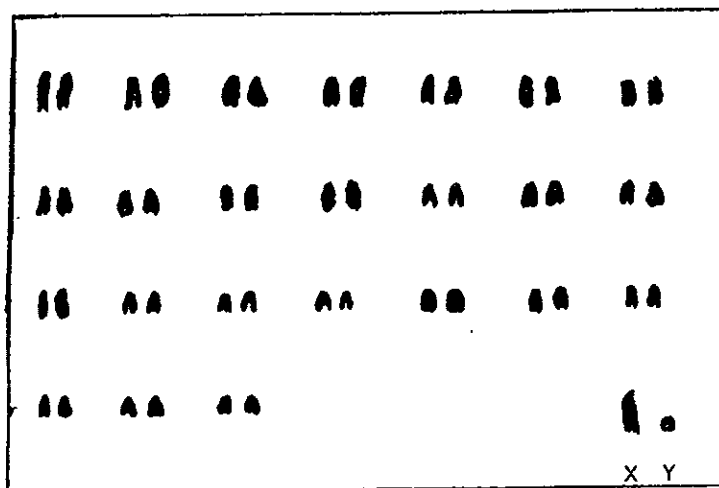


Figura 13. Cariotipos de (A) *R. Fulvescens*, (B) *R. humulis*

y una reducción en el número diploide, posiblemente por efecto de 3 procesos principales (Robbins y Baker, 1980., Patton y Sherwood, 1983). Estos son: 1) Fusiones céntricas, 2) Adiciones de heterocromatina y 3) Inversiones pericéntricas.

1) Por fusiones cromosómicas, que conllevan a la reducción en el número diploide, la cantidad de material cromosómico puede mantenerse estable, no obstante haya variación en el número diploide. El número fundamental se mantiene constante si los reacomodos cromosómicos son de este tipo de proceso.

2) Por adición de heterocromatina, la cual puede producir un aumento en el número de brazos cromosómicos, pero no así en el número cromosómico.

3) Las inversiones pericéntricas alteran la posición del centrómero y pueden llegar a alterar el número de brazos cromosómicos en el cariotipo, pero no en el número diploide.

Si los cariotipos de *R. fulvescens* y *R. humulis* ( $2n = 50$  a  $51$ ) (fig. 13), tienen características primitivas como lo mencionan los autores, los cuales están constituidos principalmente de cromosomas acrocéntricos, entonces los cariotipos de especies y subespecies (*R. megalotis*, *R. raviventris*, *R. sumichrasti*), ( $2n = 38$  a  $48$ ) (tabla 1), con la mayoría de cromosomas birrámeos y reducción en el número diploide serían avanzados. De tal manera que la subespecie *R. s. dorsalis*, se sitúa por sus características cromosómicas como una subespecie avanzada o contemporánea con respecto al ancestro del género. El estudio del cariotipo a nivel de subespecies permite establecer sus relaciones filogenéticas como lo mencionan Carleton y Myers (1979).

Hooper (1952) propone que *R. fulvescens* y *R. humulis* se separaron temprano del linaje entre *R. megalotis*, *R. raviventris* y *R. sumichrasti*. Los datos

cromosómicos establecidos tienen una concordancia con lo mencionado por Hooper, ya que Carleton y Myers (1979) consideran al cariotipo de *R. fulvescens* y *R. humulis* formado por cromosomas acrocéntricos como primitivo (grupo ancestral). El grupo cariotípico birrámeo en su totalidad se presenta altamente modificado, lo que sugiere que dichas especies podrían estar relacionadas muy cercanamente desde el punto de vista filogenético y separadas del ancestro. Como se puede observar en otras especies del género (tabla 1, fig. 14).

En este estudio con base en los datos obtenidos de *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis*, se infiere que esta subespecie está emparentada filogenéticamente con los grupos que presentan un cariotipo formado por cromosomas birrámeos y un número diploide ( $2n= 38$  a  $48$ ), el cromosoma X es grande y el cromosoma Y es de un tamaño relativamente grande y son birrámeos (tabla 12).

La variación cromosómica, está relacionada con la amplia distribución de las especies de *Reithrodontomys* (fig. 15).

TABLA 12. Relaciones genéticas entre las tres subespecies de *Reithrodontomys sumichrasti*

	Subespecie	2n	NF
	<i>R. s. nerterus</i>	42	80
	<i>R. s. dorsalis</i>	40	76
	<i>R. s. australis</i>	40	76

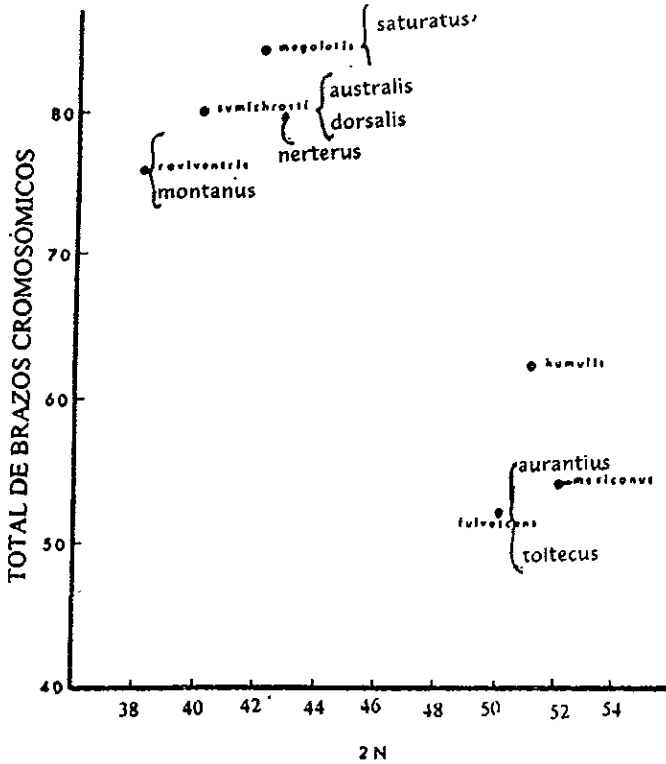


Figura 14.- Cuadro comparativo del número total de brazos cromosómicos (incluyendo, autosomas y cromosomas sexuales) *versus* número diploide (2n) para algunas especies y subespecies del género *Reithrodontomys*

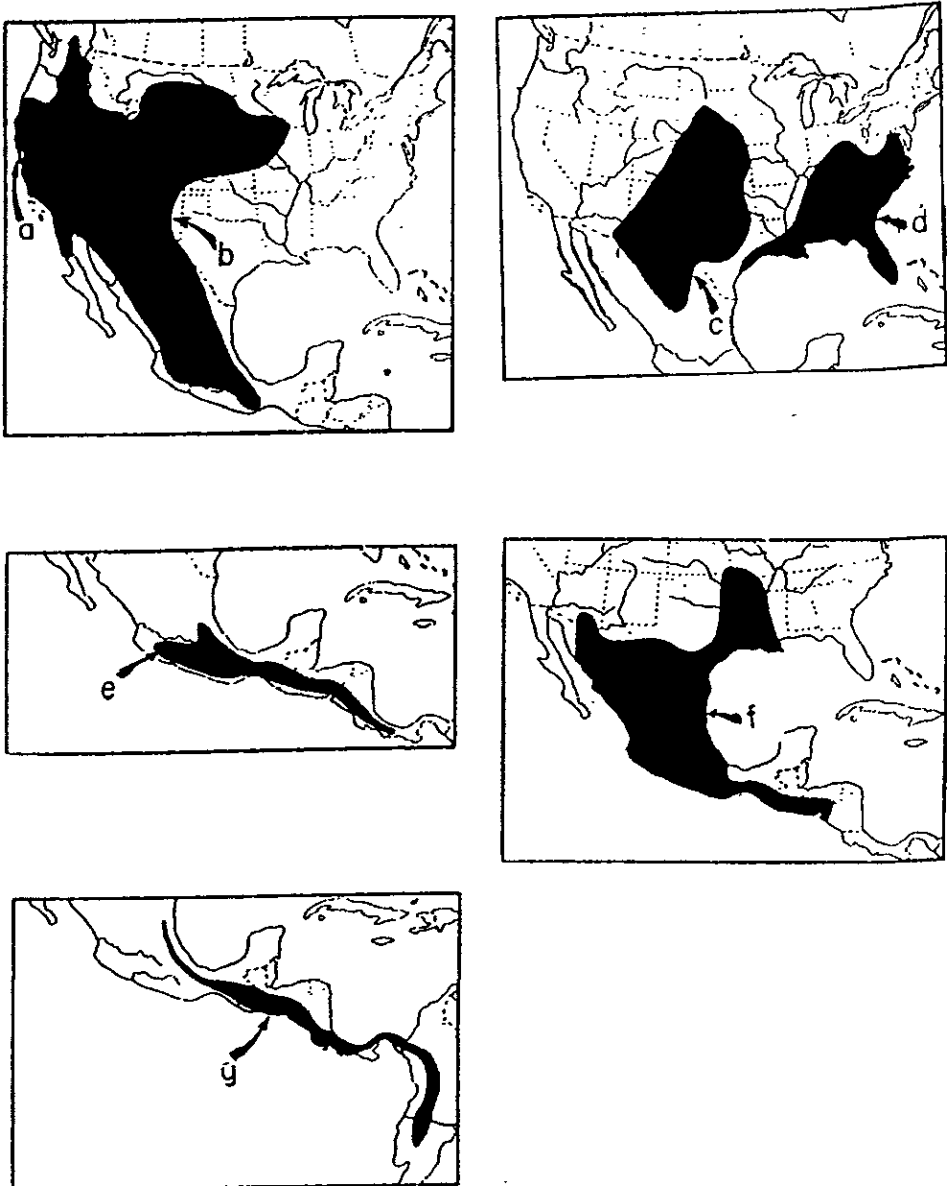


Figura 15. Distribución de especies recientes de *Reithrodontomys*: (a) *raviventris*, (b) *megalotis*, (c) *montanus*, (d) *humilis*, (e) *sumichrasti*, (f) *fulvescens*, (g) *mexicanus* (Hooper, 1952).

Israel Ramirez Rivera

Los grupos que tienen un cariotipo más parecido al ancestro común se encuentran al norte, y los grupos que se separaron del linaje se encuentran hacia el sur de América.

Cabe mencionar que *R. s. dorsalis* se encuentra en una extensa variedad de hábitats desde lo subtropical a terrenos montañosos. Se encuentra en praderas laderas, zonas rocosas, pastizales, y disperso en bosques de pino - roble, pino - encino, en maleza y hierbas a lo largo de arroyos y charcas, tiene una abundante propagación en bosques sombreados. Se localiza a una altura sobre el nivel del mar de 1300 metros en las Margaritas, Chiapas. Entre algunas características taxonómicas presenta en general un tamaño pequeño de cuerpo y de cráneo, con cola corta (promedio de 85 mm de largo).

La oscura coloración dorsal es un carácter principal para el diagnóstico de *R. s. dorsalis*, distinguiéndose éste de todas las razas vecinas de la especie (Hooper, 1952).

Para *R. s. australis* el hábitat es presumiblemente similar, al de *R. s. dorsalis*. Se localiza aproximadamente a una altura sobre el nivel del mar de 1450 metros en Costa Rica. De un tamaño pequeño, con una cola corta, cráneo pequeño, presenta una coloración sombreada y en adultos presentan en la parte dorsal una mezcla de negro con rosado - canela.

*R. s. nerterus* se localiza en áreas con mucha hierba y maleza; en bosques de pino - roble, pino - abeto, bosques mixtos de coníferas - madroños - pino y otros arboles, se les encuentra también en bosquecillos de *Salvia* y *Alnus* de 60 a 80 cm de alto. Se localiza a una altura sobre el nivel del mar de 1600 metros en Uruapan, Michoacán, y 2900 metros en el Nevado de Colima, Jalisco.



Las características peculiares en adultos son una coloración de canela y negro, el predominio de ésta coloración es en los costados del animal, y de negro en la cabeza, en la parte distal del cuerpo una tercera parte está cubierta de pelos delgados. La longitud de la cola es en promedio de 105 mm., el cuerpo es pequeño al igual de su cráneo, el color canela de los costados y en la parte abdominal constituyen el principal reconocimiento de *R. s. nerterus* (Hooper, 1952).

Las diferencias de estas tres subespecies a nivel taxonómico se observan en la coloración del pelaje, las medidas de la cola y cráneo.

La distribución específica de *R. sumichrasti* se localiza en la zona central de México (Hooper, 1952), los accidentes geográficos como cordilleras, altas montañas, zonas aisladas por masas de agua entre otras, de la zona en donde se sitúa cada subespecie, provocan diferencias entre las poblaciones y son factores que influyen en la formación de nuevas especies a través del tiempo y por lo tanto tienen un papel importante en la evolución.

Al aplicar éste concepto a *R. sumichrasti* se explica el porque con base a la gran cantidad de accidentes geográficos presentes en México se encuentran cuatro subespecies las cuales son *sumichrasti*, *nerterus*, *luteolus*, *dorsalis* de las siete que propone Hall, (1981).

De las cuatro subespecies mexicanas, sólo se ha realizado el estudio citogenético de *R. s. nerterus*, de Jalisco (Engstrom, *et al.* 1981). En éste trabajo se describe el cariotipo de *R. s. dorsalis* aplicando el método estadístico de Levan *et al.*, 1964.

La comparación con los cariotipos de *R. s. dorsalis* con *R. s. nerterus* (Engstrom, *et al.* 1981) y *R. s. australis* (Carleton y Myers, 1979) no se pudo llevar a cabo en

su totalidad dado que en los artículos consultados no se describe en detalle, como se obtuvo la medición y clasificación de los cromosomas de las especies reportadas, así como otros valores relevantes (longitud total de cromatina, su índice de asimetría, y su fórmula cromosómica). Los datos antes mencionados de las subespecies *R. s. nerterus* y *R. s. australis* fueron obtenidos indirectamente de sus cariotipos reportados por sus respectivos autores.

Se considera que el estudio realizado, amplía el conocimiento a nivel citogenético de la especie *R. sumichrasti*, lo cual contribuye al conocimiento de: 1) las relaciones filogenéticas, 2) la distribución y 3) los posibles mecanismos de especiación del taxón.

## VI. CONCLUSIÓN

1.- La técnica de Baker y Qumsiyeh, 1988 modificada con tejido de médula ósea resultó adecuada para los objetivos propuestos en el presente estudio.

2.- El número cromosómico diploide de *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis* es de  $2n=40$ , con diferenciación sexual XX/XY por lo que su número haploide "n" es igual a 20.

3.- La fórmula cromosómica para esta subespecie de acuerdo a los criterios de Levan, *et al.* (1964), consta de: 12 cromosomas metacéntricos, 4 cromosomas submetacéntricos y 3 cromosomas subteloecéntricos, el cromosoma X es metacéntrico y el cromosoma Y submetacéntrico. (13M + 5SM + 3ST)

4.- Su número fundamental es de 76 brazos cromosómicos

5.- Los resultados obtenidos en este trabajo para la subespecie *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis* indican que por sus características cariotípicas (número cromosómico, número fundamental y índice de asimetría) se le puede situar como una subespecie "moderna o contemporánea" comparándolo con el cariotipo del ancestro común en el género *Reithrodontomys*.

6.- Las diferencias y homologías entre los cariotipos de *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis*, *Reithrodontomys sumichrasti australis*, y *Reithrodontomys sumichrasti nerterus* las ubican como subespecies filogenéticamente emparentadas entre sí por sus cromosomas birrámeos con un número diploide de  $2n= 40$  a  $42$  y un número fundamental,  $NF= 76$  a  $80$ .

7.- *Reithrodontomys sumichrasti dorsalis* a nivel cromosómico está más emparentada con *Reithrodontomys sumichrasti nerterus* por presentar una semejanza en su clasificación cromosómica.

*Reithrodontomys sumichrasti australis* es diferente a las dos subespecies antes mencionadas por poseer una diferencia en cuanto a su cantidad de cromosomas telocéntricos, por lo que está más relacionado con el ancestro.

8.- Las tres subespecies citadas en este trabajo, son diferentes entre ellas por poseer características cariotípicas diferentes

9.- El estudio citogenético de las subespecies de *R. sumichrasti dorsalis* permitirá contribuir al conocimiento de sus relaciones filogenéticas dentro del género *Reithrodontomys*.

## GLOSARIO

**Aislamiento.** Conjunto de mecanismos que pueden separar las especies incipientes.

**Adaptación.** Relación entre una población, sus características y el ambiente. Las diferencias individuales de la población permiten la ocupación de nichos ecológicos diversos.

**Análisis.** Descomposición de un todo en sus partes y el estudio de éstas.

**Cariotipo.** Conjunto de cromosomas que representan el total de la información genética de un organismo.

**Cromosoma.** Estructura presente en el núcleo de la célula, portador de características hereditaria y responsable del metabolismo celular.

**Especie.** Conjunto de individuos más parecidos entre sí que a otros; se reproducen entre ellos y originan descendencia fértil.

**Evolución.** Transformación de los organismos en el transcurso de la historia de la tierra, a partir de organismos simples hasta llegar a niveles más complejos.

**Fenotipo.** Imagen externa aparente de un individuo. Producto de la interacción entre el genotipo y el ambiente.

**Genotipo.** Información genética contenida en los cromosomas o en el material genético de cada individuo

**Género.** Concepto sistemático que abarca la totalidad de las especies semejantes.

**Hábitat.** Lugar con características tales que permiten la vida de un grupo de organismos.

**Idiograma.** Es una representación diagramática de los cromosomas que se integra con la información de vanas células.

**Mitosis.** División celular en la cual los cromosomas se dividen y mantienen su número constante por medio de las funciones celulares.

**Orden.** Concepto sistemático que abarca el conjunto de las familias semejantes.

**Población.** Conjunto de individuos animales y vegetales que comparten un área geográfica o ecológica y que pueden reproducirse sin restricción. Para algunos autores es lo mismo población que especie.

**Raza.** En la sistemática biológica, concepto que describe las subunidades de una especie.

**Sistemática.** Ordenación de los seres vivos, según principios lógicos, para constituir un compendio metódico de la naturaleza

## BIBLIOGRAFÍA

- ALBERTS, B., D. BRAY., J. LEWIS., M. RAFF., K. ROBERTS., y J. D. WATSON 1989 Molecular Biology of the Cell, 2nd ed. New York, Garland Publishing, 1137 pp.
- ALVAREZ, C. T. 1966. Roedores fósiles del Pleistoceno de Tequesquinhua, Estado de México Acta Zoológica Mexicana, 8: 1-9.
- AYALA, F. J., y J. KIGER. 1984 Genética Moderna. Ed Fondo Educativo Interamericano, S. A. México; 836 pp
- BAKER, R. J., y M. B. QUMSIYEH. 1988. Methods in Chiropteran mitotic chromosomal studies, Pp. 425- 435, in: Ecological and behavioral methods for study of bats (T. H. Kunz.). Smithsonian Institution Press, Washington, D. C. U.S.A. 533 pp.
- BIANCHI, N. O. 1978. Duplicación cromosómica y heterocromatina a nivel molecular y citológico Programa regional de desarrollo científico y tecnológico, Washington, D. C., U. S. A., 132pp.
- BOHINSKI, C. R. 1991. Modern Concepts in Biochemistry. Fifth edition. Allyn and Bacon Inc, U S A pags 13-18.
- BLANKS, G. A., y H. S. SHELLHAMMER. 1968. Chromosome polymorphism in California populations of harvest mice. J. Mamm; 49: 726 - 731.
- CARLETON, M. D., y P. MYERS. 1979. Karyotypes of some harvest mice, genus *Reithrodontomys*. J. Mamm. , 60: 307-313.
- CID, S. M. 1976. Estudio citogenético comparativo de *Reithrodontomys chrysopsis perotensis* (Cricetidae - Rodentia). Tesis profesional. Facultad de Ciencias, UNAM.
- CONABIO. 1997. (CONABIO/PRONATURA/ WWF/ FMCN/ USAID/ TNC/INE).
- CRUSAFONT, M. B. 1976. La Evolución. Edit Católica . España. 1159pp.
- DARNELL, J. E., H. F. LODISH y D. BALTIMORE 1990. Molecular Cell Biology. 2nd Ed Scientific American Books, New York, 1105pp.
- DOBZHANSKY, TH., y F. J. AYALA., G. L. STEBBIN. 1980. Evolution. W.H. Freeman and Co, U S. A., 588 pp.

- DREYFUS, C. G. 1991. El mundo de los microbios Ed Fondo de Cultura Económica. D. F. México. 78 pp.
- DURAN, G. A. 1981. Identificación de una población de *Isognomon sp.* (Mollusca- Bivalvia) de la Isla de Jaína, Campeche, México. mediante el criterio citotaxonomico. Tesis Profesional, Facultad de Ciencias. UNAM.
- ENGSTROM, M. D., R. C. DOWLER, D. S. ROGERS., D. J. SCHMIDLY, y J. W. BICKHAM. 1981. Chromosomal variation within four species of harvest mice (*Reithrodontomys*) Journal of Mammalogy., 62 159-164.
- FERNÁNDEZ, A. H. 1986. Caracterización Citogenética de *Reithrodontomys fulvescens toltecus* (Rodentia - Cricetidae). Tesis Profesional, Facultad de Ciencias, UNAM.
- FRIED, H. G. 1990. Biología Ed Mc Graw- Hill México. 430pp.
- GARCIA, V. A. 1990. Técnicas y procedimientos de citogenética vegetal. Universidad Autónoma de Chapingo. 144pp
- HALL, E. R. 1981. The Mammals of North America John Wiley and Sons, U.S.A., VOL. 1: XV + 606 + 1-90, Vol. 2 : VI + 601 - 1181 + 1-90.
- HIENZ, H. A. 1975. Cromosomas. Ed Alhambra. España; 571 pp.
- HOOPER, E. T. 1952. A systematic review of the harvest mice ( Genus *Reithrodontomys* ) of Latin América Misc. Publ. Mus. Zool., Univ. Michigan, 77:1-255.
- HSU, T. C., y K. BENIRSCHKE. 1968. An atlas of mammalian chromosomes. Springer. Verlag, U. S. A.; 2: folio 67.
- LAZCANO, M. A. 1986 Estudio y conservación de los anfibios y reptiles de México : una respuesta Cuademo de divulgación, num. 25, INIREB, Xalapa, México. 735pp
- LEVAN, A., K. FREDGA, y A. A. SANDBERG. 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. Hereditas, 52 201 - 220.
- LEVIN, D. A. 1979. The nature of plant species. Science. 204 : 381 -384.
- MAYR, E. 1957. Species concepts and definitions . (Ed) Am. Assoc. Adv. Sci Publi, 50 : 1- 22.

- METTLER, E. L., y G. T. GREGG. 1972. Population Genetics and Evolution . Prentice - Hall, Inc, Englewood Cliffs, U. S. A., 239 pp.
- PATTON, J. L. 1967. Chromosome studies of certain pocket mice, genus *Perognathus* (Rodentia . Heteromyidae) J. Mamm., 48 : 27 - 37.
- PATTON, J. L. y S. SHERWOOD. 1983. Chromosome evolution and speciation in rodents. Ann. Rev. Ecol. Syst. 14 : 139-158
- RAMIRÉZ - PULIDO, J. A., CASTRO - CAMPILLO, J. ARROYO- CABRALES, F. A. CERVANTES. 1996. Lista taxonómica de los mamíferos terrestres de México. Occass. Papers Mus., Texas Tech Univ., 158 : 1- 62
- RAVEN, P. H. 1969. Amphitropical Relationships in the Floras of North and South America, Quarter Rev Biol., núm. 3.
- ROBBINS, L. W., y R. J. BAKER. 1980. G and C - band studies on the primitive Karyotype for *Reithrodontomys*. J. Mamm., 61 (4) : 708 - 714.
- ROMER, S. A. 1980. La evolución animal. Ed. Destino-Barcelona. España, 338 pp.
- RZEDOWSKI, J. 1978. Vegetación de México. Ed. Limusa, México, 432pp.
- SAEZ, A., y H. CARDOSO. 1978. Citogenética básica y biología de los cromosomas. OEA. España, 124 pp.
- SHELLHAMMER, H. S. 1967. Cytotaxonomic studies of the harvest mice of the San Francisco Bay region. J. Mamm., 48 : 549 - 556.
- STANSFIELD, D. W. 1992. Genética. McGraw - Hill Interamericana. México. pp 1-20
- STANSFIELD, D. W., y R. KING, C. 1990. A Dictionary of Genetics. Oxford University Press, Inc , U S. A., 406 pp.
- STRAYER, L. 1990. Bioquímica. Ed. Reverte. México. 1088 pp.
- URIBE, M., F. ROMERO y A. FIGUERAS. 1979. A new case of chromosomal intraspecific polymorphism in *Reithrodontomys megalotis*. Mammal. Chromosomes. Newsl., 20 (4) : 135 - 139
- VILLALOBOS, J. 1990. Rare Threatened and Endangered plants of Middle America, IUCN. 774PP



WILSON, D., E y D. A. REEDER. 1993. Mammal Species of the World A Taxonomic and Geographic Reference. 2nd Ed. Smithsonian Institution Press. USA., 1206 pp.