

UNIVERSIDAD NACIONAL AUTONOMA DE MEXICO

FACULTAD DE CIENCIAS

**ESTUDIO CITOGENETICO EN EL
BAGRE MARINO,
Arius melanopus.**

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

ANGEL RAMIREZ ESCAMILLA



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 está 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.

C O N T E N I D O

	<u>Pág.</u>
RESUMEN	1
INTRODUCCION	2
ANTECEDENTES	5
CLASIFICACION	6
IMPORTANCIA DE LA ESPECIE <u>Arius melanopus</u>	7
OBJETIVO	9
DIAGNOSIS DE LA ESPECIE <u>Arius melanopus</u>	10
DISTRIBUCION DE LA ESPECIE <u>Arius melanopus</u>	11
SINONIMIA	11
METODOLOGIA	12
RESULTADOS	21
DISCUSION	28
CONCLUSIONES	43
OBSERVACIONES	44
REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS	45

RESUMEN

Se estableció el cariotipo del bagre marino Arius melanopus, pez abundante en la región del Rfo Papaloapan, Ver. Mediante el estudio de campos mitóticos provenientes de tejido epitelial de los filamentos branquiales se determinó el número diploide de 52, el número fundamental de 104, con una fórmula cromosómica de $8 m + 15 sm + 3 st$, formando un total de 26 pares birrámeos. Se propone un número ancestral hipotético para el orden siluriformes y se compara cromosómicamente con la especie Galeichthys caerulescens, observándose una estrecha relación filogenética.

SUMMARY

The karyotype of the arlid catfish Arius melanopus fish abundant in the Papaloapan River, in the State of Veracruz, México, was established. The analysis of mitotic fields of gill epithelium allowed to determine the diploid number as 52, the fundamental number as 104, with a chromosomal formula as follows: $8 m + 15 sm + 3 st$, with a total number of 26 bimered pairs. The comparison with the chromosomes of Galeichthys caerulescens shows a close phyletic relationship. An ancestral chromosomal number for the order Siluriformes is proposed.

INTRODUCCION

En la naturaleza, las poblaciones de seres vivos se modifican gradual y constantemente debido a la influencia ambiental a la que se encuentran sujetos. Estas modificaciones son cambios evolutivos originados a nivel molecular, y su manifestación fenotípica es modulada por las fuerzas selectivas del medio ambiente que se evidencian poblacionalmente tanto en su morfofisiología como conducta.

Los ácidos nucleicos son las moléculas donde se almacena la información genética que permite la transmisión de la herencia biológica a lo largo de las líneas filéticas, de los padres a los hijos y de las células progenitoras a las células descendientes. Una de las principales aportaciones científicas de este siglo ha sido, sin duda, el modelo de la molécula del ADN, que describe su estructura y composición, mismo que ha fundamentado el avance en el conocimiento sobre los mecanismos que determinan y controlan la unidad, continuidad y diversidad de los seres vivos.

El material genético forma una parte integral de la estructura dinámica de los cromosomas, y como tal se haya sujeto a un comportamiento que asegura su división y emigración en el proceso de la división celular, dentro de los mecanismos de la mitosis. La fidelidad y exactitud de la división del material genético, y su consecuente contenido hereditario ha permitido que prácticamente todos los miembros integrantes de una especie, unidos por un ancestro común más o menos distante, compartan el mismo cariotipo, tengan el mismo número cromosómico y posean cromosomas con estructura prácticamente idéntica. Además de esta constancia en el número cromosómico, se encuentra el mecanismo de meiosis, en el cual los cromosomas, se aparean e intercambian material genético entre elementos homólogos (entrecruzamiento) generándose células gaméticas con contenido haploide e información genética sumamente variada, resultante de la recombinación entre cromosomas paternos y maternos. La unión de gametos portadores de gran diversidad genética permite una gran variedad de combinaciones en el flujo genético intrapoblacional.

Dentro de la virtual uniformidad cromosómica en una población de seres vivos, eventualmente se originan reacomodos cromosómicos, cuyo destino probabilístico es la extinción de especies. Sin embargo en raras ocasiones en que el evento probabilístico se da, estas formas cromosómicas distintas, pueden expandirse en una población y llegar a establecer barreras de aislamiento reproductivo que, junto con otros mecanismos similares, pueden conllevar a los organismos a la especiación.

Entre los reacomodos cromosómicos, hay cambios que afectan el número y/o el orden de los genes tales como;

Duplicación - por aumento de uno o varios segmentos en el cromosoma.

Inversiones - reordenamientos intracromosómicos por rotación de 180° de un segmento que invierte el orden de los genes en este segmento cromosómico.

Translocaciones - dadas por reordenamientos intercromosómicos por intercambios simples y recíprocos de segmentos entre cromosomas.

Fenómenos Robertsonianos originados por:

Fusiones céntricas - producidas cuando dos cromosomas no homólogos se fusionan por su centrómero, reduciendo de esta manera el número de cromosomas del cariotipo (Dobzhansky, 1980):

Fisiones céntricas - dadas por rompimientos de los cromosomas a nivel centrómero produciendo un aumento en el número de cromosomas (Dobzhansky, 1980).

Transposiciones - originadas por traslaciones génicas dentro de un mismo cromosoma.

Estas alteraciones en los cromosomas pueden ser producidas por agentes físicos, químicos y biológicos encontrados comúnmente en el medio ambiente.

Los efectos de éstos agentes mutagénicos se van a traducir en un incremento de la carga genética del individuo que puede afectar a futuras generaciones.

La evolución del cariotipo se realiza mediante los reacomodos cromosómicos; y para la estabilización de una variante cromosómica característica de una población, es necesario que un grupo de organismos determinado se aisle de otros similares en forma de demes, de acuerdo a lo expuesto por Hsu, T.C. y Mead, R.A. (1969), Patton, J.L. (1977) y Uribe Alcocer (1977).

Mayr, (1963) postuló que el aislamiento geográfico es el requisito previo para la aparición de una nueva especie por interrupción en el flujo génico.

A partir del momento del establecimiento del aislamiento reproductivo, la acumulación de mutaciones en el material génico en poblaciones separadas acaba por establecer entre ellas diferencias definitivas y características, que conllevan a una disminución de la fertilidad en los ejemplares con acervo genético heterocigoto portador de reordenamientos cromosómicos estableciéndose una verdadera barrera que permite la separación de un grupo como una nueva especie, (Mancino, 1973).

De acuerdo con Holmquist y Dancis, (1980) los cambios cromosómicos acompañan a menudo el proceso de evolución en las poblaciones, favoreciéndose el proceso de especiación, como parte del proceso evolutivo. El análisis, mediante ciertos métodos, de las características de los complementos cromosómicos es una eficaz ayuda para evaluar las relaciones filogenéticas existentes entre distintos grupos.

ANTECEDENTES

La selección que hace el medio elimina individuos de constitución genética menos apta para sobrevivir en un medio ambiente, o individuos no suficientemente fuertes para aportar su material genético a la siguiente generación. Sin embargo para contrarrestar la fuerte selección natural algunas especies, como las del Orden Siluriformes, siguen la estrategia de la reproducción prolfica. Ello hace que la tasa de mutación sea suficiente para que exclusivamente por azar surjan individuos portadores de nuevos genotipos capaces de adaptarse al nuevo medio ambiente.

Por lo anterior es necesario profundizar en el conocimiento de las poblaciones pesqueras, a fin de utilizar estratégicamente técnicas de mejoramiento genético para esta especie Arius melanopus, la cual representa un recurso de potencial económico y pesquero importante en la actividad acuicultural.

El conocimiento profundo de la Genética de peces, y en particular de aquellos elementos útiles en pesquerías o en la acuicultura, es críticamente importante para un óptimo planeamiento operacional el cual tenderá hacia la protección de especies valiosas por diversas razones; biológicas, comerciales, pesqueras o de otra índole. Recientemente el incremento en el conocimiento sobre la Citogenética de peces se han acrecentado notoriamente debido al interés que los citogenétistas e ictiólogos han tenido sobre aspectos evolutivos. Gracias a la Citogenética se han comprendido mejor las relaciones genéticas y filogenéticas de las poblaciones desde un panorama taxonómico y evolutivo.

Recientemente la hibridación ha sido utilizada como método para mejorar la cría de peces. Esta hibridación puede ser evaluada desde antes de efectuarse a través de investigaciones cromosómicas de las especies involucradas (Ojima and Ueno, 1976).

Clasificación de Arius melanopus

Reino	Animalia
Phylum	Chordata
Subphylum	Vertebrata
Superclase	Pisces
Clase	Osteichthys
División	Euteleostei
Superorden	Ostariophysii
Orden	Siluriformes
Familia	Ariidae
Género	<u>Arius</u> Cuvier y Valenciennes, 1858
Especie	<u>A. melanopus</u> Gunther, 1947

Tomado de Yáñez-Arancibia, 1978

IMPORTANCIA DE LA ESPECIE

La familia Ariidae, la cual incluye a Arius melanopus (Fig. 1), es ampliamente utilizada en la actividad acuícultural, dada su importancia ecológica y sus posibilidades de explotación económica. Esta última permite una amplia gama de aplicaciones, desde la formación de granjas comerciales que requieren de una tecnología sofisticada, altas inversiones y poca mano de obra, pero que generan alta producción con rendimientos elevados, hasta las enfocadas a la satisfacción masiva de alimentos a bajo precio a través de la producción y cultivo extensivo que implican un manejo sencillo con gran cantidad de mano de obra y escasa inversión. Cabe mencionar que, además, en la aplicación acuícultural de esta familia se cuenta con ventajas como la existencia de una biotecnología de cultivo desarrollada, gran adaptabilidad a condiciones ambientales, y resistencia a condiciones adversas, entre otras. (Anónimo, 1982)

Así el presente estudio tiene como aspiración coadyuvar en la fundamentación de programas de cultivo y mejoramiento de éstas especies, y de la producción de líneas híbridas encaminadas a obtener una mayor producción para consumo humano y forrajero, así como de la explotación y aprovechamiento de los recursos de diversos cuerpos de agua.

En 1980 el Departamento de Pesca registró un volumen de producción pesquera, para consumo nacional de 2,273 tons. desembarcadas, que representaron una ganancia de \$ 47,626,000.00. (Anónimo, 1980)

Arius melanopus es una de las especies más abundantes (en número de individuos y en biomasa) y mejor adaptada fisiológica y morfológicamente. Su capacidad euritermohalina le permite colonizar gran cantidad de habitats, tolerando rangos de salinidad de 0 a 26 ppm, temperaturas de 19 a 35 °C, y transparencia de 20 a 80 %. Su abundancia se relaciona con un gradiente sumamente correlacionado con la salinidad, temperatura y turbidez.

Es un consumidor de segundo orden, preferentemente carnívoro que puede incorporar detritus y materia orgánica en su dieta. Alcanza la madurez goná-

dica entre 160 - 165 mm de LT. Por el tipo de reproducción se puede definir como peces ovíparos de gestación oral, característica que le permite mayor eficiencia en la época de reproducción ya que el nivel de depredación disminuye y no requiere sustratos especiales para el desove.

Se reproduce sexualmente. Después de la oviposición, los huevos son fertilizados por el macho en un proceso de fecundación externa, reproduciéndose en sistemas fluviales con salinidades de 12 ppm., temperaturas de ± 35 °C y transparencia de 20 a 40 %.

Los peces estuarinos como los de la familia Ariidae que han separado sus áreas de reproducción, desove, crianza y alimentación muestran adaptaciones muy particulares que podrían explicar su gran abundancia al reducir el gasto de energía por actividades de competencia interespecífica, ampliando su nicho ecológico.

OBJETIVO

Determinación cariológica del bagre marino, Arius melanopus, de la región del Golfo de México; para ser empleada como herramienta para implementar técnicas de mejoramiento genético (producción de líneas híbridas), encaminadas hacia una mayor producción en recursos pesqueros que representan importante potencial económico para el país.

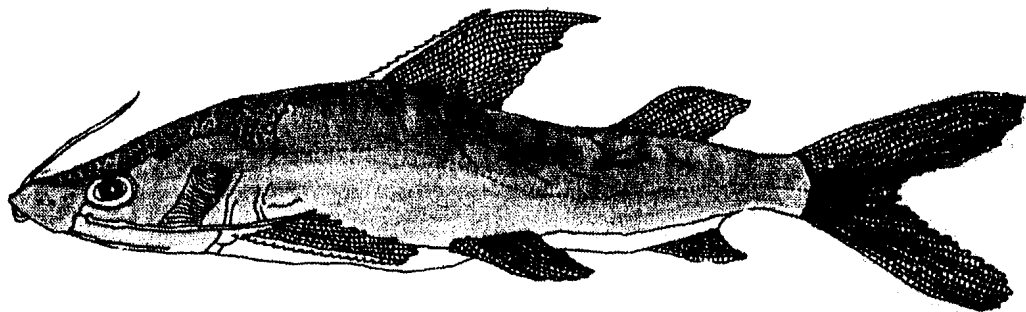


Figura 1 Arius melanopus

DIAGNOSIS DE LA ESPECIE Arius melanopus

Cuerpo alargado, cubierto por placas óseas o desnudas, sin escamas verdaderas; mandíbula inferior con dos pares de barbillas; margen de la mandíbula superior, formada solamente por los premaxilares. Región occipital armada con escudos óseos.

Orificios nasales próximos entre sí. Aleta dorsal provista de una espina muy fuerte y grande, fuertemente aserrada y seis radios con su origen sobre o por delante de las ventrales.

Pectorales con una fuerte espina aserrada. Caudal profundamente bifurcada. Segunda aleta dorsal adiposa; es decir, desprovista de espinas y radios.

Especies nerfíticas que habitan sobre fondos arenosos o fangosos, muchas veces en la desembocadura de ríos.

Color. Dorso verde negruzco; flancos con algunas zonas plateadas sobre la línea lateral, vientre blanquecino.

(Guitart, 1975)

DISTRIBUCION DE LA ESPECIE Arius melanopus

Por sus hábitos estuarinos existen pocos registros de la especie y sus límites de distribución pueden ser poco precisos. Su área de distribución abarca el sur del Golfo de México y el noreste del Caribe. Sin embargo Meeke Hildebrand (1923 - 1928) la ubican desde el Rfo Papaloapan, México, hasta Panamá. Castro Aguirre (1978) amplía su distribución hasta Tampico Tamaulipas, en el Golfo de México. Perry y Perry (1974) la reporta para la Costa Atlántica de Costa Rica. Reséndez (1970, 1973) la reporta en las lagunas de Tamiahua y de Alvarado en Veracruz. Castro Aguirre (1978) además la reporta para las costas mexicanas de Tuxpan y Rfo Papaloapan, Veracruz; Laguna de Términos y Rfo Champotón en Campeche.

SINONIMIA (Castro Aguirre, J.L., 1978)

Tachysurus melanopus (Gunther). Jordan y Evermann, 1896:132 (descr. en parte; Rfo Ahome, Son., ambas costas de Centro América).

Galeichthys aguadulce Meek. 1904:9 (descr. original; localidad típica: Pérez, Veracruz, Cuenca del Rfo Papaloapan, Veracruz). Gosline, 1945:7 (catálogo: desembocadura del Rfo Papaloapan, costa oeste (sic) de México). Grey, 1947:145 (catálogo; Rfo Papaloapan, Veracruz).

Diagnosis de referencia. Jordan y Evermann, 1898:2784; Meek y Hildebrand, 1925:124.

MATERIAL Y METODOS

La colecta fue realizada por personal del Laboratorio de Genética de Organismos Acuáticos, del Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, en el mes de diciembre de 1983, en Tlacotalpan, Veracruz, México. (Fig. 2)

Los ejemplares estudiados fueron 6 machos y 3 hembras; el procesamiento del material biológico se llevó a cabo en el campo, la determinación de los especímenes, y la observación y análisis cromosómicos fueron realizados en el Laboratorio de Genética de Organismos Acuáticos del Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, UNAM.

OBTENCION DE CROMOSOMAS

En los peces los cromosomas se obtienen principalmente de tejidos epiteliales tanto internos como externos (Denton, 1973) como son:

- a) Epitelio de los filamentos branquiales
- b) Epitelio terminal de las aletas; pectorales
 - dorsales
 - caudales
 - pélvicas
 - anales
- c) Epitelio de escamas
- d) Gónadas
- e) Visceras

En el presente estudio se llevó a cabo mediante la utilización de epitelio de los filamentos branquiales ya que en éste se presenta una constante actividad de división celular (Denton, 1973). La utilización de éste epitelio se justifica porque es muy fácil de obtener y proporciona gran cantidad de material celular.

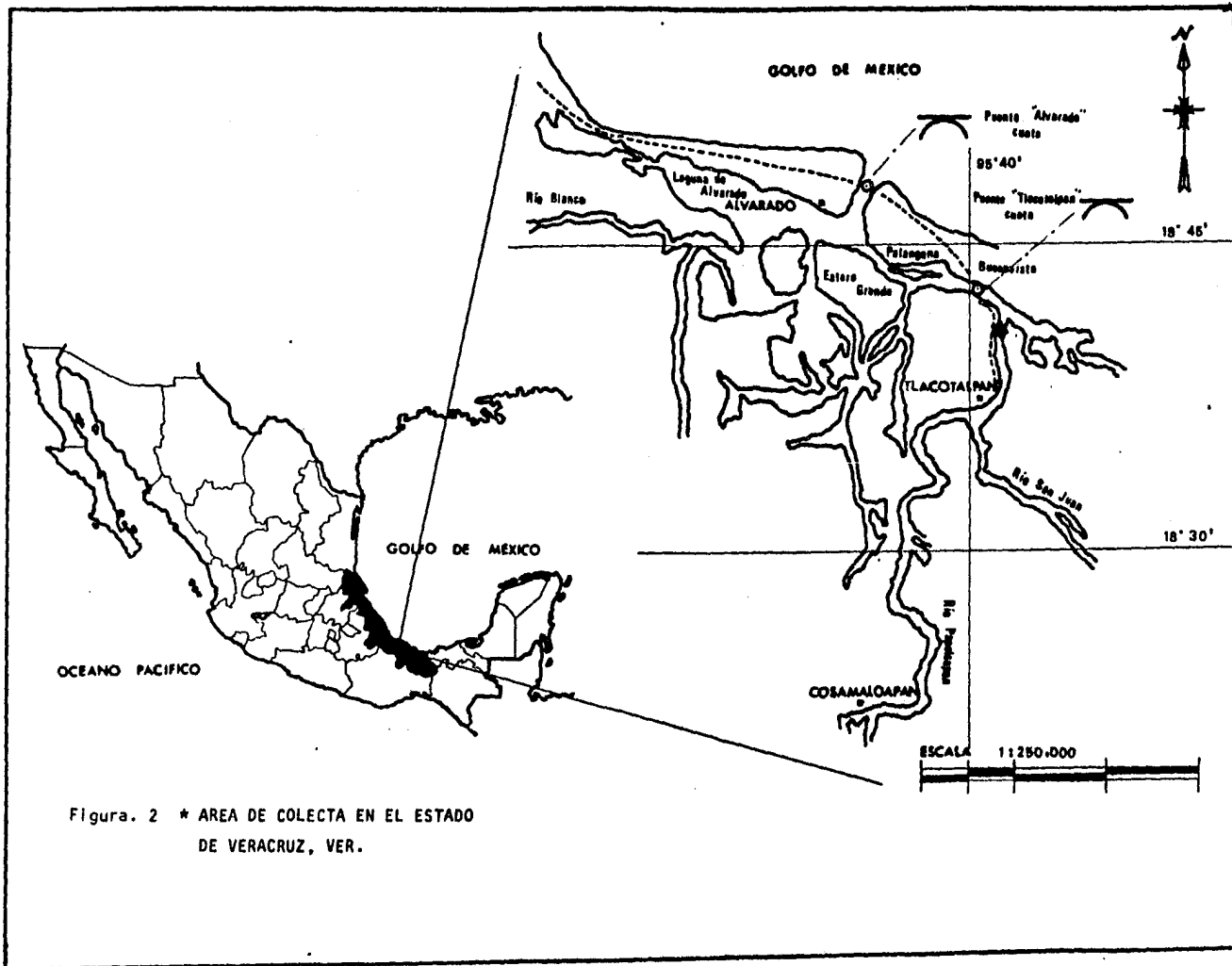


Figura. 2 * AREA DE COLECTA EN EL ESTADO DE VERACRUZ, VER.

TECNICAS CITOGENETICAS

En el laboratorio las técnicas citogenéticas utilizadas fueron las reportadas por Mc. Phail y Jones (1966) Lieppman Hubbs (1969), (reportadas por Denton, 1973), con algunas modificaciones realizadas por Uribe, et.al. (1983), en el Laboratorio de Genética de Organismos Acuáticos, UNAM.

TECNICA UTILIZADA

1.- Pretratamiento con una solución acuosa de CaCl al 0.1 %, se administró por vía intraperitoneal de acuerdo con el tamaño del ejemplar (Subrahmanyam, 1969), utilizando aguja y jeringa para insulina, de acuerdo a la siguiente tabla:

de 5 a 10 cm -----	0.5 cc
de 10 a 15 cm -----	0.75 cc
de 15 a 20 cm -----	1.0 cc

Este pretratamiento tiene como objeto promover las divisiones mitóticas y evitar en gran medida los excesos de espiralización de los cromosomas por la acción de la colchicina que posteriormente se utilizará (Subrahmanyam, 1969). El pretratamiento se dejó actuar en el organismo durante un lapso de dos horas y al cabo de éste tiempo se inyectó una solución de colchicina al 0.1 % en los músculos anterodorsales según el peso del organismo tratado, (Subrahmanyam, 1969).

10 gr. de peso -----	1 cc
20 gr. de peso -----	2 cc
30 gr. de peso -----	3 cc

La colchicina, es un alcaloide procedente de la raíz de Colchicum autumnale, actúa bloqueando la división celular al interferir en la formación de los husos mitóticos durante la metafase, (Denton, 1973) de ésta manera impide que los cromosomas emigren hacia los polos y permitan la obtención de nú

cleos metafásicos.

La colchicina se administró a intervalos de 15 minutos a partir de los 45 minutos. De esta manera los tiempos utilizados fueron: 45 min; 1 hr; 1 hr 15 min; 1 hr 30 min y 2 hrs.

Después de los tiempos antes mencionados para la aplicación de la colchicina, se extirparon los arcos branquiales y se enjuagaron con agua destilada para retirar el tejido hematopoyético y posteriormente se sometieron al choque hipotónico en KCl a 0.75 M, a 37 °C durante aproximadamente 30 minutos.

Durante este tiempo, con el fin de producir una descamación del epitelio branquial, se procedió a separar con un bisturí el epitelio de los filamentos branquiales desechando el material cartilaginoso.

Con el choque hipotónico se incrementa la turgencia de los núcleos. El material obtenido se pasa a un tubo de centrifuga, donde se resuspende por medio de una pipeta pasteur, y al término del tiempo antes mencionado se separan las células de la solución hipotónica mediante centrifugación entre 700 y 1000 rpm, durante 5 minutos, se elimina el sobrenadante obteniéndose el material nuclear (botón) de un color blanquecino. Este botón se fijó utilizando una solución de metanol-ácido acético (3:1).

El botón se vuelve a resuspender y se deja reposar durante 10 minutos, al cabo de los cuales se repite la operación dos veces más a fin de obtener una fijación completa.

2.- Para la elaboración de las preparaciones, el botón se vuelve a resuspender por medio de una pipeta pasteur en 2.5 ml de solución metanol-ácido acético (3:1), y se gotea a una altura de 60 cm aproximadamente, sobre una serie de portaobjetos previamente limpiados con alcohol al 70% (con el objeto de eliminar basura y grasa) y se secan al aire.

Para la tinción de las laminillas se empleó una solución colorante de Giemsa (Denton, 1973), elaborado a partir de una solución stock diluida al 3%

con buffer de fosfatos a una concentración de 0.1 M a un pH de 6.8.

PREPARACION DE LA SOLUCION STOCK GIEMSA

Se mezcló 1 gr. de polvo de Giemsa en 60 ml de glicerina a una temperatura de 60 °C durante 2 hrs., al final de éste tiempo se deja enfriar a temperatura ambiente y se agregan 66 ml de metanol absoluto, se homogeneizó y se guardó a temperatura aproximada de 4 °C, para mantenerse por tiempo indefinido.

Después de la tinción aproximadamente durante 30 minutos, las laminillas se enjuagaron con agua destilada y secaron al aire.

Se realizó un análisis microscópico de las preparaciones a fin de determinar el número diploide del organismo, así como para buscar campos cromosómicos adecuados para el análisis cariotípico.

Se fotografiaron los mejores campos mitóticos (los menos contraídos y encimados), utilizando un microscopio Zeiss con aditamentos para fotomicrografía, rollo "Kodak" de alto contraste (High Contrast C 16), e implementado con sistema para contraste de fases con filtro de interferencia verde y optovar 1.0 y objetivos 16X, 40X y 100X. Al término de las observaciones se seleccionaron los mejores campos, mismos que fueron fotografiados, regulando la intensidad de la luz y tiempo de exposición de acuerdo al exposfmetro. El revelado de este rollo y su impresión en papel kodabronide F 5 fueron realizados de acuerdo a las técnicas convencionales.

Se escogieron las ampliaciones mejor logradas a fin de elaborar los cariotipos, eligiéndose por lo menos tres de cada espécimen procesado.

En la elaboración de los cariotipos los cromosomas de cada una de las ampliaciones fotográficas fueron recortadas y acomodadas por parejas de homólogos y ordenados de acuerdo a su homología, tamaño y posición del cen-

trómero (Ford, 1961) para armar un total de 9 cariotipos.

La medición de los cromosomas se llevó a cabo por medio de una lupa gr duada en mm, tomándose las medidas de longitud de brazos y así obtener su lon gitud total.

En la elaboración del idiograma se efectuaron cálculos estadísticos de los principales parámetros citogenéticos, (de acuerdo a Levan et.al., 1964):

- A) Longitud relativa
- B) Proporción de brazos
- C) Índice centromérico
- D) Diferencia entre brazos

A) La longitud relativa del complemento cromosómico y de cada uno de los pares cromosómicos que los constituyen, en donde:

$$Y_i = 100/X_i \text{ longitud del complemento en mm}$$

$$Y_i = \text{Factor}$$

$$X_i = \text{Longitud absoluta del complemento en mm}$$

B) Proporción de brazos (P B). Utilizando las medidas promedio de cada par cromosómico de los números cariotípicos.

$$P B = q/p$$

donde

$$q = \text{longitud relativa del brazo largo de cada par cromosómico}$$

$$p = \text{longitud relativa del brazo corto de cada par cromosómico}$$

C) Índice centromérico (I.C).

$$I C = [p/p + q] \cdot [100]$$

Matti y Al-Aish (1969)

D) Diferencia entre brazos

$$D = [P B - 1 \cdot 10] / [P B + 1]$$

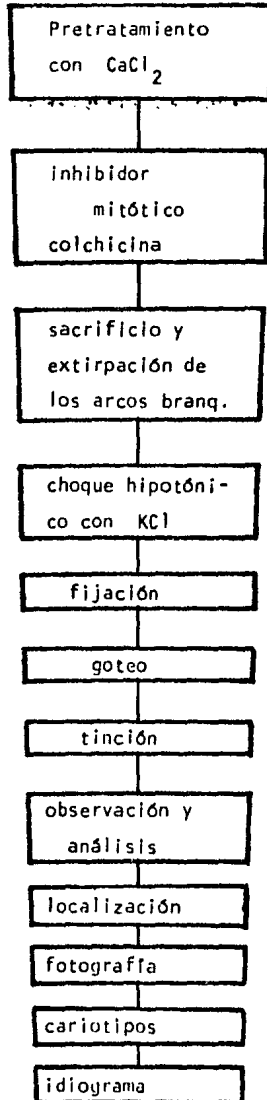
Obtenidas las medidas mediante la utilización de las fórmulas anteriores se tabularon, con lo cual se determinó la posición del centrómero en cada cromosoma y así se procedió asignar cada par, a un grupo cromosómico de acuerdo con la clasificación cromosómica de Levan, et.al. (1964), realizada con base en la posición del céntrmero. (Tabla 1)

TABLA No. 1 Clasificación de los cromosomas con base en la posición del centrómero según Levan, et.al. (1964).

P B	I C	D	CLASIFICACION
1.00	50.0	0.0	Mediocéntrico (M)
1.05	47.5	0.5	metacéntrico (m)
1.22	45.0	1.0	
1.35	42.5	1.5	
1.50	40.0	2.0	
1.67	37.5	2.5	
1.86	35.0	3.0	submetacéntrico (sm)
2.08	32.5	3.5	
2.33	30.0	4.0	
2.64	27.5	4.5	
3.00	25.0	5.0	
3.43	22.5	5.5	subtelocéntrico (st)
4.00	20.0	6.0	
4.71	17.5	6.5	
5.67	15.0	7.0	
7.00	12.5	7.5	
9.00	10.0	8.0	telocéntrico (t)
12.33	7.5	8.5	
19.00	5.0	9.0	
	0.0	10.0	Posición Terminal (T)

M	mediocéntrico	(centrómero en la región o punto medio)
m	metacéntrico	(centrómero en la región media)
sm	submetacéntrico	(centrómero en posición submedia)
st	subtelocéntrico	(centrómero en posición subterminal)
t	telocéntrico	(centrómero en posición terminal)
T	Posición Terminal	(centrómero extríctamente terminal)

RESUMEN DE LA TECNICA



RESULTADOS

Se estudiaron y procesaron nueve ejemplares. De las 126 metafases en las que se analizó al número cromosómico de acuerdo con la calidad requerida para la elaboración de los cariotipos. De éstos se seleccionaron nueve campos mitóticos, suficientes para el análisis estadístico dada la característica de estabilidad en el número cromosómico;

- * tres campos mitóticos de dos hembras
- * seis campos mitóticos de tres machos

Se encontró un número cromosómico modal diploide de $2n = 52$ cromosomas en la mayoría de los campos analizados (Fig. 3), por lo que se puede inferir que su número haploide es de $n = 26$.

El número fundamental ($N F =$ número total de brazos cromosómicos) es de 104.

La fórmula cromosómica para ésta especie de acuerdo al tamaño de los cromosomas y posición del centrómero es:

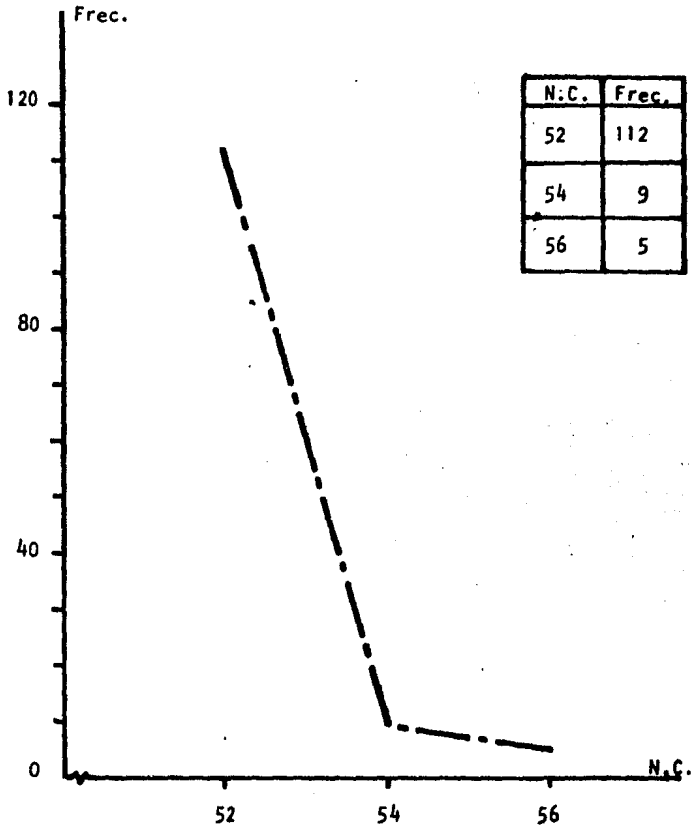
$$8 m + 15 sm + 3 st$$

El cariotipo está formado por 26 pares birrameos. (Fig. 4 y 5)

Los valores obtenidos de los nueve cariotipos se observan en la tabla 2, donde se presentan los pares de cromosomas en orden de longitud decreciente y se muestran las clasificaciones obtenidas según los métodos de Levan, et.al. (1964) y Al-Aish, (1969), con base en la posición del centrómero, según el análisis realizado.

De acuerdo al análisis estadístico (Tabla 2), Arius melanopus está ca-

Figura. 3 FRECUENCIA DE LOS NUMEROS CROMOSOMICOS EN LOS EJEMPLARES PROCESADOS.



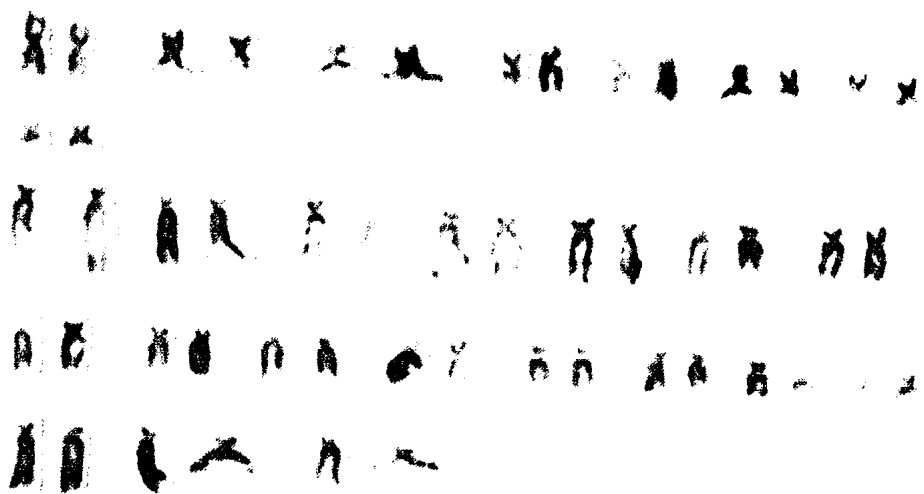


Figura. 4 CARIOTIPO DE Anolis melanocephalus.



Figura. 5. CARIOTIPO DE A. lusitanicus.

racterizada citogenéticamente por presentar (Fig. 6):

- * Los pares cromosómicos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, y 8 del tipo metacéntricos (m).
- * Los pares cromosómicos 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22 y 23 del tipo submetacéntrico (sm).
- * Los pares cromosómicos 24, 25 y 26 del tipo subtelocéntricos (st).

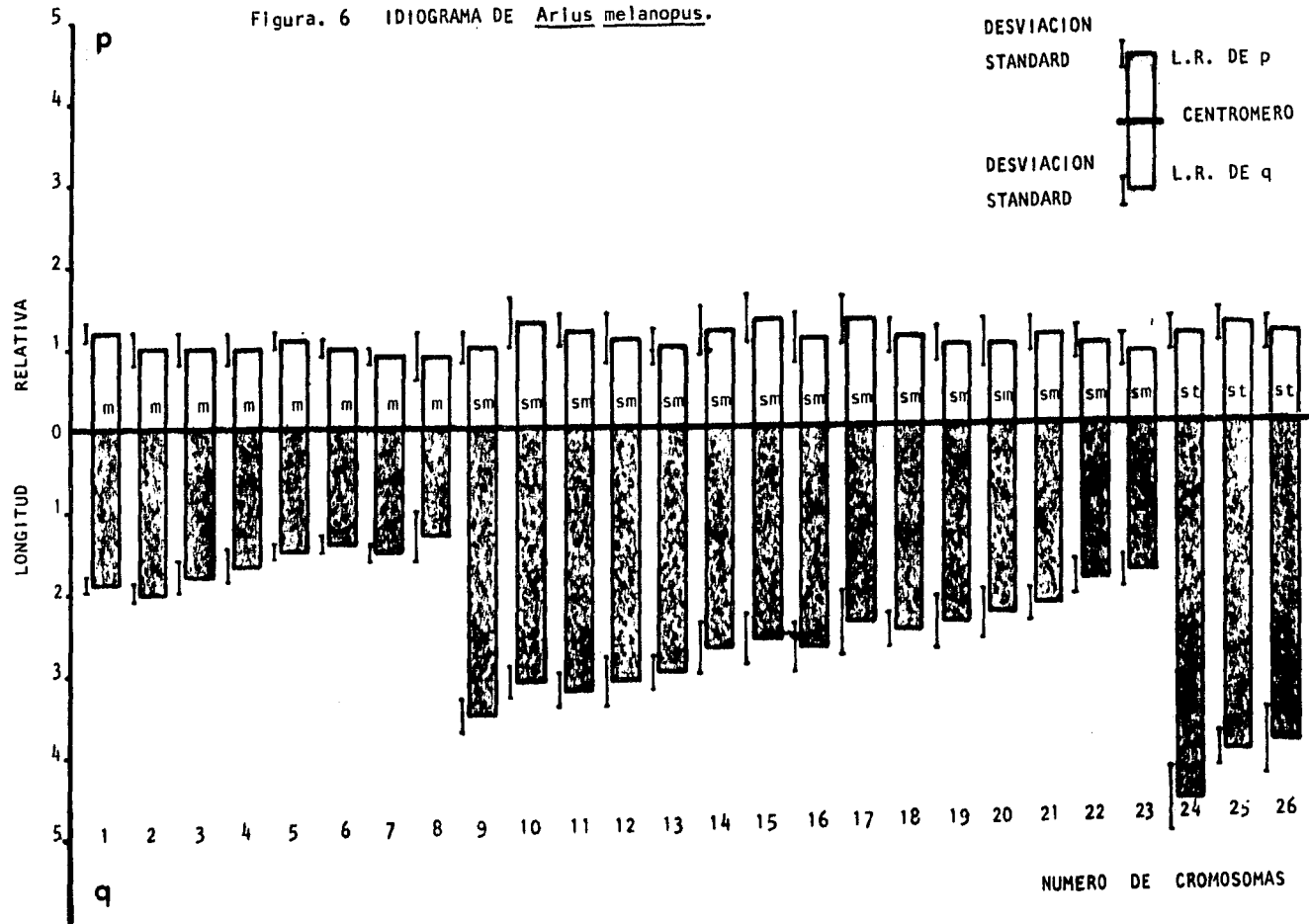
El idiograma del complemento cromosómico haploide promedio obtenido de acuerdo a la posición del centrómero y a la longitud decreciente de los brazos cromosómicos se observa en la fig. 6, elaborado de acuerdo a las longitudes relativas de $p + q$ de cada par cromosómico, tomados de la tabla 2.

Dado que todos los pares cromosómicos presentan un tamaño y estructura semejante, tanto en los cariotipos provenientes de machos como de hembras y dada la carencia de evidencias heteromórficas para identificar cromosomas sexuales, hasta el momento no es posible afirmar su presencia en la especie Arius melanopus.

TABLA No. 2 RESULTADOS OBTENIDOS DEL ANALISIS ESTADISTICO DE LOS NUEVE CARIOTIPOS DE Arius melanopus Y SU CLASIFICACION.

N C	L relativa p	L relativa q	Lr p+q (L T)	P B	I C	Diferencia	Clasif.
1	1.16 ± .15	1.91 ± .14	3.07 ± .12	1.65	37.79	2.45	m
2	1.02 ± .22	1.99 ± .18	3.01 ± .12	1.95	33.89	3.22	m
3	1.10 ± .24	1.77 ± .22	2.87 ± .08	1.61	38.33	2.34	m
4	1.02 ± .27	1.66 ± .20	2.69 ± .11	1.63	38.06	2.40	m
5	1.06 ± .12	1.52 ± .15	2.58 ± .11	1.43	41.09	1.77	m
6	1.04 ± .13	1.42 ± .13	2.47 ± .14	1.37	42.28	1.56	m
7	0.91 ± .17	1.45 ± .18	2.36 ± .18	1.59	38.56	2.28	m
8	0.91 ± .34	1.27 ± .36	2.18 ± .02	1.40	41.74	1.67	m
9	1.01 ± .28	3.52 ± .24	4.53 ± .19	3.49	22.3	5.55	sm
10	1.29 ± .32	3.13 ± .26	4.42 ± .15	2.43	29.19	4.17	sm
11	1.19 ± .22	3.15 ± .24	4.33 ± .12	2.65	27.42	4.52	sm
12	1.13 ± .35	3.10 ± .39	4.23 ± .11	2.74	26.71	4.65	sm
13	1.02 ± .25	3.02 ± .24	4.05 ± .08	2.96	25.25	4.95	sm
14	1.21 ± .36	2.73 ± .38	3.94 ± .11	2.26	30.71	3.87	sm
15	1.32 ± .31	2.56 ± .36	3.88 ± .09	1.94	34.02	3.2	sm
16	1.12 ± .33	2.65 ± .36	3.77 ± .14	2.37	29.71	4.07	sm
17	1.26 ± .39	2.43 ± .44	3.69 ± .14	1.93	34.15	3.17	sm
18	1.08 ± .24	2.50 ± .23	3.58 ± .08	2.31	30.17	3.96	sm
19	1.04 ± .28	2.37 ± .36	3.41 ± .10	2.28	30.50	3.90	sm
20	1.03 ± .34	2.28 ± .35	3.31 ± .12	2.21	31.12	3.77	sm
21	1.10 ± .26	2.15 ± .27	3.25 ± .16	1.95	33.85	3.22	sm
22	1.02 ± .26	1.89 ± .26	2.91 ± .09	1.85	35.05	2.98	sm
23	0.92 ± .26	1.84 ± .20	2.76 ± .12	2.00	33.33	3.33	sm
24	1.12 ± .24	4.59 ± .45	5.71 ± .33	4.10	19.61	6.08	st
25	1.18 ± .20	3.95 ± .23	5.13 ± .23	3.35	23.00	5.40	st
26	1.13 ± .28	3.85 ± .42	4.98 ± .27	3.41	22.69	5.46	st

Figura. 6 IDIOGRAMA DE Arius melanopus.



DISCUSION

Muchas de las familias del Orden Siluriformes han sido estudiadas citogenéticamente. Entre ellas tenemos a la familia Ariidae a la que pertenece la especie estudiada. Esta familia presenta diferentes niveles de plasticidad y especialización que pueden estar asociados a su gran diversidad cariotípica. Esta diversidad probablemente fué favorecida por la formación de complejos de genes ligados que pudieron representar una ventaja adaptativa para los individuos portadores (Hinegardner y Rosen, 1972; Kirpichnikov, 1973 b).

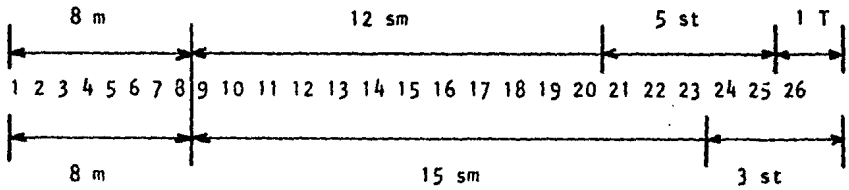
Al establecer una comparación de Galeichthys caeruleascens (Arreguin, 1983), con Arius melanopus vemos que hay una semejanza en cuanto a número cromosómico $2n = 52$. No obstante, en relación al número fundamental, Arius melanopus presenta un número mayor, ya que la totalidad de sus cromosomas son birrámeos y Galeichthys caeruleascens presenta un par monorrámeo por lo que podemos considerar que Arius melanopus es más evolucionada cariotípicamente. (Fig. 7 y 8)

Tanto Galeichthys caeruleascens como Arius melanopus tienen 8 pares de cromosomas metacéntricos. Por otra parte la distribución 12 sm, 5 st y 1 T de Galeichthys caeruleascens se ha modificado a 15 sm y 3 st en Arius melanopus, (Fig. 8). Sin poder establecer la homología entre los cromosomas de ambas especies, y por tanto de los pares cromosómicos modificados los cambios, pudieron haberse dado por adiciones de heterocromatina en los brazos p hasta formar brazos más largos o viceversa. Así el par 26 de Galeichthys caeruleascens pudo haber incrementado el brazo p, y por ello, el par cromosómico correspondiente al homólogo de Arius melanopus pasa a ser st a partir de un T. El mecanismo involucrado pudo también haber sido una inversión pericéntrica que alterará la posición centromérica. También pudo haberse originado este cromosoma birrámeo a partir de fisiones y fusiones céntricas de un cromosoma monorrámeo con pérdida de un segmento (Kirpichnikov, 1981; Schulz-Schaeffer, 1961). Este último camino, aunque es posible, al involucrar

	No. F.	No. 2n	Fórmula cromosómica
<u>Galeichthys caerulescens</u>	102	52	8 m 12 sm 5 st 1 T
<u>Arius melanopus</u>	104	52	8 m 15 sm 3 st

FIG. 7 COMPARACION ENTRE LAS FORMULAS CROMOSOMICAS DE Galeichthys caerulescens y Arius melanopus.

Galeichthys caerulescens



Arius melanopus

FIG. 8 CLASIFICACION DE LOS CROMOSOMAS CON BASE EN LA POSICION DEL CENTROMERO ENTRE LAS ESPECIES Galeichthys caerulescens y Arius melanopus.

dos mutaciones simultáneas, es menos probable.

Para fundamentar y analizar el grado de evolución cariotípica de la especie estudiada es conveniente buscar el número cromosómico ancestral de la familia. En nuestro caso se puede inferir de la información de los números cromosómicos obtenidos por otros autores para diferentes taxa del Orden Siluriformes (Tabla 3), dado que para la familia Ariidae sólo hay una especie estudiada citogenéticamente y existe el riesgo de obtener un número diferente al ancestral. El aumento de los datos cromosómicos permitirá una aproximación mayor al número ancestral cromosómico.

Un primer paso para el manejo de la información es la clasificación de los datos, anotando la frecuencia relativa experimental observada correspondiente a cada clase (Tabla 4). De la observación de la tabla 3 resulta evidente que existe una distribución de frecuencias y que unas clases son más repetidas que otras, existiendo un cierto grado de simetría.

La observación de la distribución se facilita mediante el polígono de frecuencias trazado a través de un histograma (Fig. 9), de esta manera el área del histograma asociada a un intervalo cualquiera, indica la frecuencia relativa de presentación de datos individuales dentro de dicho intervalo. Así mismo en las frecuencias existe una tendencia y una dispersión, en la primera las frecuencias se encuentran en torno a cierta clase mayoritaria; y la segunda se da como reflejo de la variabilidad inter-poblacional.

Al momento de establecer el grado de variabilidad inter-poblacional en el Orden Siluriformes se calculó el coeficiente de variabilidad (C V) inter-poblacional (Tabla 4). En las poblaciones biológicas es muy difícil disminuir el coeficiente de variabilidad más allá del 4%, y por el contrario, cuando se hallan coeficientes de variabilidad superiores al 20% debe sospecharse que hay alguna causa muy fuerte de heterogeneidad, generalmente consistente en que la población está mal definida.

En nuestro caso, el coeficiente de variabilidad es de 17.91% ya que

TABLA No. 3

MORFOTIPOS CROMOSOMICOS DE LAS ESPECIES DE LAS FAMILIAS

DEL ORDEN SILURIFORMES

ORDEN SILURIFORMES

Familia Ariidae

Especies	2N	Referencias
<u>Gaieichthys caerulescens</u>	52	Arreguin (1983)
<u>Arius melanopus</u>	52	Presente estudio

Familia Bagridae

Especies	2N	Referencia
<u>Coreobagrus ishikawa</u>	56	Ojima (1976)
<u>Liobagrus reinl</u>	38	Ojima (1976)
<u>Mystus gulio</u>	58	Manna <u>et.al.</u> (1978)
<u>Mystus seenghala</u>	50	Srivastava <u>et.al.</u> (1969)
<u>Mystus tengara</u>	54	Nayyar (1966)
<u>Mystus villatus</u>	50	Srivastava <u>et.al.</u> (1969)
<u>Notopterus notopterus</u>	42	Urushido <u>et.al</u> (1975)
<u>Notopterus chitala</u>	48	Nayyar (1965)
<u>Notopterus chitala</u>	42	Uyeno (1973)

<u>Pseudobagrus aurantiacus</u>	56	Ueno (1974)
<u>Pseudobagrus aurantiacus</u>	48	Ueno (1974)
<u>Papyrocranus afer</u>	34	Uyeno (1973)
<u>Rita rita</u>	54	Nayyar (1966)
<u>Rita chrysea</u>	54	Das <u>et.al.</u> (1977)
<u>Xenomystus nigri</u>	42	Uyeno (1973)
<u>Pelteobagrus nudiceps</u>	56	Nugusa (1960)

Familia Clariidae

Especies	2N	Referencias
<u>Clarias batrachus</u>	50	Rishi (1978)
<u>Clarias batrachus</u>	52	Nayyar (1966)
<u>Clarias fusus</u>	56	Arai <u>et.al.</u> (1974 b)

Familia Heteropneustidae

Especies	2N	Referencias
<u>Heteropneustes fossilis</u>	58	Nayyar (1966)
<u>Heteropneustes fossilis</u>	56	Vasudevan <u>et.al.</u> (1973)

Familia Ictaluridae

Especies	2N	Referencias
<u>Ictalurus melas</u>	60	LeGrande (1978)
<u>Ictalurus natalis</u>	62	LeGrande (1978)
<u>Ictalurus nebulosus</u>	60	LeGrande (1978)

<u>Ictalurus punctatus</u>	56	Muramoto et.al. (1968)
<u>Ictalurus punctatus</u>	58	LeGrande (1978)
<u>Ictalurus serracanthus</u>	52	LeGrande (1978)
<u>Noturus albater</u>	66 -- 72	LeGrande (1978)
<u>Noturus elegans</u>	46	LeGrande (1978)
<u>Noturus eleutherus</u>	42	LeGrande (1978)
<u>Noturus exilis</u>	54	LeGrande (1978)
<u>Noturus flavater</u>	44	LeGrande (1978)
<u>Noturus flavipinnis</u>	52	LeGrande (1978)
<u>Noturus flavus</u>	50	LeGrande (1978)
<u>Noturus flavus</u>	48	LeGrande (1978)
<u>Noturus funebris</u>	44	LeGrande (1978)
<u>Noturus gilberti</u>	54	LeGrande (1978)
<u>Noturus gyrinus</u>	42	Chromosome Atlas, Vol. 2 (1973)
<u>Noturus hildebrandi</u>	46	LeGrande (1978)
<u>Noturus insignis</u>	54	LeGrande (1978)
<u>Noturus lachneri</u>	42	LeGrande (1978)
<u>Noturus leptacanthus</u>	46	LeGrande (1978)
<u>Noturus mlurus</u>	50	LeGrande (1978)
<u>Noturus munitus</u>	42	LeGrande (1978)
<u>Noturus nocturnus</u>	48	LeGrande (1978)
<u>Noturus phaeus</u>	42	LeGrande (1978)
<u>Noturus stigmosus</u>	42	LeGrande (1978)
<u>Noturus "taylori"</u>	40	LeGrande (1978)
<u>Pylodictis olivaris</u>	56	LeGrande (1978)

Familia Loricariidae

Especies	2N	N	Referencias
<u>Hypostomus plecostomus</u>	54		Muramoto <u>et.al.</u> (1968)
<u>Loricaria macrodon</u>	58		Michele <u>et.al.</u> (1977)
<u>Plecostomus ancistroides</u>	68		Michele <u>et.al.</u> (1977)
<u>Plecostomus macrops</u>	68		Michele <u>et.al.</u> (1977)
<u>Plecostomus paulinus</u>	74		Michele <u>et.al.</u> (1977)
<u>Plecostomus strigaticeps</u>	74		Michele <u>et.al.</u> (1977)
<u>Loricaria parva</u>		24	Post (1965)

Familia Pimelodidae

Especies	2N	Referencias
<u>Pimelodella sp</u>	46	Toledo <u>et.al.</u> (1976)
<u>Rhamdia hilarii</u>	62	Toledo <u>et.al.</u> (1976)

Familia Plotosidae

Especies	2N	Referencias
<u>Plotosus anguillaris</u>	48	Arai <u>et.al.</u> (1974a)

Familia Siluridae

Especies	2N	Referencias
<u>Callichromis bamaculatus</u>	42 ♀	Rishi (1976)
<u>Ompok bimaculatus</u>	40	Nayyar (1966)

<u>Parasilurus asotus</u>	58	Nogusa (1960)
<u>Parasilurus biwaensis</u>	58	Arai <u>et.al.</u> (1974)
<u>Parasilurus lithophilus</u>	58	Arai <u>et.al.</u> (1974)
<u>Wallago attu</u>	86	Nayyar (1966)

Familia Schilbeidae

<u>Especies</u>	<u>2N</u>	<u>N</u>	<u>Referencias</u>
<u>Clupisoma parua</u>	66		Nayyar (1966)
<u>Eutropilichthys vacha</u>	58		Manna <u>et.al.</u> (1978)
<u>Clupisoma garna</u>		33	Nayyar (1966)

TABLA No. 4 RESULTADOS DEL ANALISIS DE DENSIDADES RELATIVAS (TEORICA Y EXPERIMENTAL), ASI COMO LOS RESULTADOS DE LA PRUEBA DE χ^2 PARA EXPLICAR EL POSIBLE ANCESTRO DEL ORDEN SILURIFORMES.

Intervalos del No. cromosómico	Frec. absol.	Frec. rel. %	Densidad de frec. experimental	Densidad de frec. teórica
34 ----- 37.9	1	1.47	0.3769	0.89
38 ----- 41.9	2	2.94	0.7538	1.72
42 ----- 45.9	13	19.12	4.9026	2.78
46 ----- 49.9	9	13.24	3.3949	3.75
50 ----- 53.9	10	14.71	3.7718	4.23
54 ----- 57.9	14	20.59	5.2795	3.98
58 ----- 61.9	10	14.71	3.7718	3.12
62 ----- 65.9	2	2.94	0.7538	2.05
66 ----- 69.9	4	5.88	1.5077	1.12
70 ----- 73.9				0.51
74 ----- 77.9	2	2.94	0.7538	0.2
78 ----- 81.9				0.06
82 ----- 85.9				0.02
86 ----- 89.9	1	1.47	0.3769	0.0
	----- n = 68	----- 100.00 %	----- = 25.6435	----- = 24.43

TABLA No. 4

Amplitud del intervalo = 3.9

n = Total de especies estudiadas 68

\bar{X} = 52.602941

s^2 = 88.709991

s = 9.4185982

Coficiente de Variabilidad (C V) = 17.91 %

χ^2 = 0.0602776

FORMULARIO

$$\text{Frecuencia relativa \%} = (\text{frecuencia absoluta} / n) \cdot 100$$

$$\text{Densidad de frecuencia experimental} = \text{frecuencia relativa \%} / \Delta X$$

$$\text{Densidad de frecuencia teórica} = \left[\frac{1}{s \sqrt{2\pi}} e^{-\frac{(x - \bar{x})^2}{2s^2}} \right] \cdot 100$$

$$\text{Coeficiente de variabilidad} = \frac{s}{\bar{x}} \cdot 100$$

$$\chi^2 = \sum \frac{(\text{frecuencia experimental} - \text{frecuencia teórica})^2}{\text{frecuencia teórica}}$$

la familia presenta una variabilidad inter-poblacional normal que significa que está bien definida.

Los datos correspondientes a medidas de variables biológicas presentan una distribución de frecuencias poligonal, la que se aproxima mucho al perfil de una campana de Gauss, presentándose una distribución unimodal-simétrica cuyos extremos se aproximan asintóticamente al eje de las abscisas.

La distribución simétrica unimodal de los errores de medida condujo los matemáticos y físicos a la formulación de un modelo matemático (ecuación 1) que reproduce con notable aproximación el comportamiento experimental de los datos biológicos. Dicho modelo se llama normal y fué propuesto por Gauss en 1650 (Murray, 1969), a partir de las suposiciones de que existe un único valor verdadero y que las variaciones se producen al azar en torno al mismo. Teniendo en cuenta el comportamiento de regularidad estadística, la densidad de frecuencia teórica correspondiente a un valor X de la variable viene dada por la ecuación:

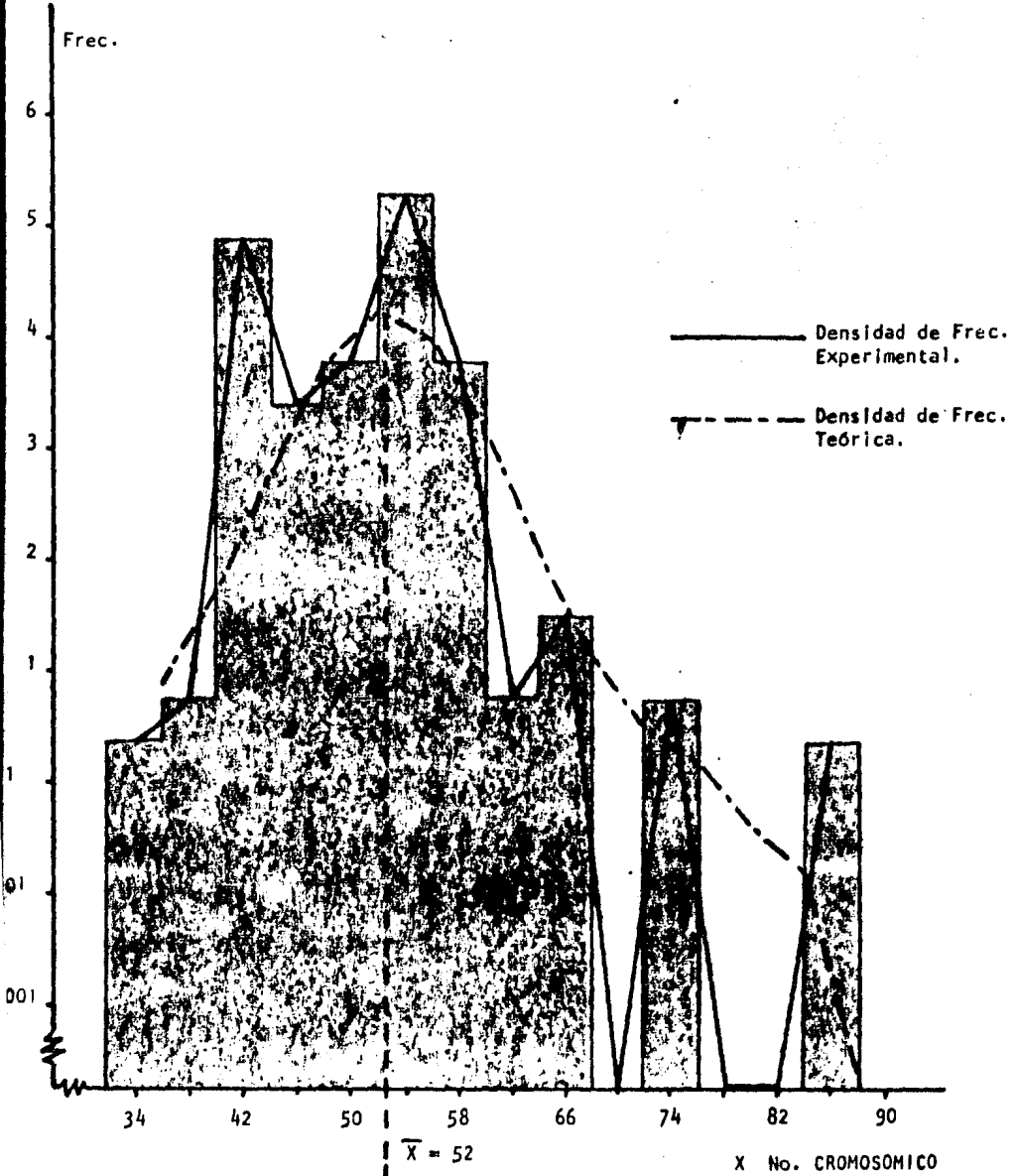
$$Df_{(X)} \text{ teórica} = \left[\frac{1}{s \sqrt{2\pi}} e^{-\frac{(X - \bar{X})^2}{2 \cdot s^2}} \right] \cdot 100$$

Ecuación No. 1

que establece la altura de las barras del histograma para un valor de X, que según el modelo corresponde a un punto de la curva normal.

Calculando Df teórica para muchas X (Tabla 4), se obtiene una curva exacta de campana de Gauss (Fig. 9), con eje de simetría y máximo en el promedio (\bar{X}), con puntos de inflexión en $\bar{X} - S$ y en $\bar{X} + S$, finalmente se

Figura. 9 DENSIDAD DE FRECUENCIAS DE LOS NUMEROS CROMOSOMICOS PRESENTES EN EL ORDEN SILURIFORMES.



construye la curva normal ajustada superpuesta a la experimental.

A simple vista puede juzgarse el grado de concordancia entre la distribución experimental de frecuencias, y los puntos previstos por el modelo de distribución normal.

Para evaluar la bondad de ajuste se emplea la prueba de Chi cuadrada (χ^2), la cual nos dice el máximo valor de χ^2 que podría aparecer por azar si los datos experimentales y teóricos proveniesen de poblaciones iguales.

En nuestro caso se acepta el ajuste dado que el valor es menor a los reportados en la tabla de χ^2 , de tal forma que afirmamos que el ajuste del modelo normal es estadísticamente significativo y confiable.

Al establecer la relación de distribución de densidades tanto experimental como teórica, se observa una tendencia que se encuentra en torno a cierta clase mayoritaria correspondiente a la \bar{x} de los datos experimentales con el punto medio correspondiente a la frecuencia teórica, la que probablemente represente al número cromosómico ancestral de 52. La tendencia representa el tronco ancestral y las dispersiones los diferentes números cromosómicos originados por mutaciones, que de acuerdo con Matthey, (1973) se dan a partir de un tronco ancestral hacia ambas direcciones.

Para explicar la divergencia ancestral es necesario basarse en registros paleontológicos, que apoyen el punto de radiación para el Orden Siluriformes. Clone (1980) propone evidencias del primer Siluriforme encontrado en el Cretácico de la Patagonia (parte meridional entre Chile y Argentina), por lo que se infiere que el punto de radiación para el Orden es en la parte Sur de América (Lundberg, 1975 y Alvarez Del Villar, 1978).

Según Lagler, (1977) menciona que aproximadamente de las treinta y cinco familias que constituyen al Orden Siluriformes, solamente dos, los bagres de las familias Ariidae y Plotosidae, son marinos, pero sin duda alguna se han derivado de ancestros de agua dulce. De lo anterior podemos extrapolar que el punto de radiación de acuerdo con la historia geográfica surgió entre América del Sur, Africa, India y la Antártida cuando éstos integraban la Pangea a finales del Paleozoico.

Posteriormente en la Era Mesozoica cuando se presentó la separación de los continentes se dió un flujo de migración hacia la parte norte de América, a través de ambos océanos tanto Pacífico como Atlántico.

De todo lo anterior se puede afirmar que la gran semejanza carlotípica encontrada en Galeichthys caerulea del Océano Pacífico con respecto a Arius melanopus del Golfo de México, probablemente se deba a que son ramas originadas de un ancestro común relativamente cercano cuya divergencia evolutiva, fué consecuencia de un aislamiento geográfico, originado por el ascenso de las áreas que se encontraban sumergidas en el océano, al final de la Era Secundaria o Mesozoica y durante la Era Terciaria o Cenozoica, en que siguió habiendo importantes cambios en el territorio que comprende la República Mexicana (Sánchez, 1974 y Briggs, 1974).

CONCLUSION

La técnica citogenética utilizada fue la adecuada para el objetivo propuesto, en el presente trabajo, el tratamiento con colchicina a diferentes intervalos de tiempo permitió establecer el tiempo de 45 minutos necesario para la acción de la colchicina proporcionando resultados satisfactorios.

El número cromosómico modal diploide de Arius melanopus es de $2n = 52$, por lo que se infiere su número haploide de $n = 26$.

La fórmula cromosómica para la especie de bagre, Arius melanopus, fue la siguiente:

$$8 m + 15 sm + 3 st$$

El número fundamental es de 104 brazos cromosómicos.

De ésta manera se caracterizan a todos los pares cromosómicos como birrámeos, así mediante esta característica podemos considerar a esta especie como cariotípicamente evolucionada (White, 1978).

No se observaron evidencias heteromórficas para identificar cromosomas sexuales.

El número cromosómico ancestral hipotético propuesto para el Orden Siluriformes es de $2n = 52$ (Fig. 9), por lo que al presentar Arius melanopus el mismo número cromosómico diploide se afirma que conserva su número cromosómico ancestral (Fig. 3).

OBSERVACIONES

Se deben emplear técnicas de bandeo cromosómico para facilitar analíticamente y por medio de evidencias directas provenientes de los patrones de bandas, comparaciones de los cromosomas de las especies de Galeichthys caeruleus y Arius melanopus.

Es conveniente realizar estudios citogenéticos en la especie Arius felis, que frecuentemente es confundida con su especie homóloga Arius melanopus, a fin de establecer el grado de relación génica existente entre ambas especies. Con los datos que proporciona la Citogenética se logrará separar fácilmente éstas dos especies, que puedan, incluso encontrarse dentro de una misma colecta, ya que son especies simpátricas por lo menos hasta la región de Panamá.

Además se propone hacer estudios electroforéticos de semántidos terciarios* de las tres especies Arius melanopus, Arius felis y Galeichthys caeruleus para determinar el grado de relación existente entre éstas.

* Son proteínas que presentan un sentido evolutivo y son las únicas que nos pueden dar información confiable acerca de la entidad del organismo, (Zuckerlandl y Pauling, 1965).

BIBLIOGRAFIA

- ANONIMO. 1980. Anuario Estadístico de Pesca. Departamento de Pesca. Dirección General de Planeación, Informática y Estadística. México. 352.
- ANONIMO. 1982. Manual Técnico para el Cultivo del Bagre de Canal. Secretaría de Pesca. México.
- Al-Aish, M. 1969. Human Chromosome Morphology. I Studies on Normal Chromosome Characterization, Classification and Kariotyping. Can. Jours. Gen. and Cytol. 11: 370-381.
- ALVAREZ DEL VILLAR, J. Relación entre la Geomorfología Mesoamericana y la Distribución Actual de los Peces. (The relationship between Mesoamerican geomorphology and the modern distribution of fish). Univ. Nat. Autón. México. Bol., No. 101. 182-192.
- ARREGUIN, E.R. 1983. Caracterización Citogenética en el Bagre (Galeichthys caerulescens). Tesis Profesional. Facultad de Ciencias. UNAM. 48 pp.
- BRIGGS, J.S. 1974. Marine Zoogeography. Mc. Graw Hill Book Company. Nueva York.
- CASTRO AGUIRRE, J.L. 1978. Catálogo Sistemático de los Peces Marinos que Penetran a las Aguas Continentales de México con Aspectos Zoogeográficos y Ecológicos. Dir. Gral. Inst. Nat. Pesca, México, Serie Científica. 19: 1-298.
- CIONE, A.L. 1980. El Primer Siluriforme (Osteichthyes, Ostariophysi) del Crétacico de Patagonia; consideraciones sobre el área de diferenciación 2n de los Siluriformes; aspectos biogeográficos. In Actas del Segundo Congreso de Paleontología y Bioestratigrafía y Primer Congreso Latinoamericano de Paleontología; Asoc. Paleontol. Argent. Tomo 2. Buenos Aires, Argentina. 35-46.
- Dr. DARIO, J. GUITART. 1975. Sinopsis de los Peces Marinos de Cuba. Academia de Ciencias de Cuba. Instituto de Oceanología. La Habana. Vol. 2. 141-323 pp.
- DENTON, T.E. 1973. Fish Chromosome Methodology. Published by Charles, C. Thomas. Illinois, USA. 166 pp.

- DOBZHANSKY, AYALA
STEBBINS, VALENTINE. 1980. Evolución. Edit. Omega. Barcelona, España. 558 pp.
- FORD, C.E. 1961. Methodology of Chromosomal Analysis in Man. Syverton Memorial Symposium on Analytic Cell Culture, Detroit, Michigan. National Cancer Institute Monograph. No. 7.
- GOSLINE, W.A. 1945. Catálogo dos Nematognatos de Agua-Doce da America do Sul e Central. Bol. Mus. Nat. Brasil. n.s. 33: 1-138.
- GREY, M. 1947. Catalogue of Type Specimens of Fishes in Chicago Natural History Museum. Fieldiana: Zoology, 32 (3): 109-105.
- HINEGARDNER, R., ROSEN, D.E. 1972. Cellular DNA Content and Evolution of Teleostean Fishes. Am. Nat. 106 (951): 621-644.
- HOLMQUIST, G. AND DANCIS, B.M. 1980. A General Model of Karyotype Evolution. Genetica 52-53: 151-163.
- HSU, T.C., MEAD, R.A. 1969. Mechanisms of Chromosomal Changes in Mammalian Especiation. Comp. Mam. Cytogenetics. Vol. 4 (2).
- JORDAN, D.S. AND EVERMANN, B.W. 1896 -1900. The Fishes of North and Middle America. Bull U.S. Nat. Mus. 47 (1-4): 1352.
- KIRPICHNIKOV, V.S. 1973 b. On Karyotype Evolution In Cyclostomata and Pisces. Ikhthiologia 5 (1): 55-77.
- KIRPICHNIKOV, V.S. 1981. Genetic Bases of Fish Selection. Springer-Verlag, New York.
- LAGLER, K.F., BARADACH, J.E., MAYPASSINO, D.R. 1977. Ichthyology. Edit. Jhon Wiley & Sons. New York.
- LEVAN, A.K., FEDGAY, A., SANDBERG, R. 1964. Nomenclature for Centromeric Position on Chromosome. Hereditas 52: 201-220.
- LUNBERG., JOHN, G. 1975. The Fossil Catfishes of North America: Papers on Paleontology, No. 11 (Claude W. Hibbard Memorial. Vol. 2). 51 pp.
- LIEPPHAN, M., HUBBS, C. 1969. A Karyological Analysis os two Cyprinid Fishes. Notemigonus Chrysoleucas and Notropis Lutrensis. Tex. Rep. Biol. Med. 27: 427-435.

- MANCINO, G. 1973. Cytotaxonomy and Vertebrata Evolution. Academic Press. New York. 83 pp.
- MATTHEY, R. 1973. The Chromosome Formulae of Eutherian Mammals. In Cytotaxonomy and Vertebrata Evolution. Chiarelli, A.B., Campana, E., Eds. Academic Press: Londres, New York.
- Mc. PHAIL, J.D., JONES, R.L. 1966. A Simple Technique for Obtaining Chromosomes from Teleost Fishes. J. Fish. Res. Bd. Canadá. 23 (5): 767.
- MURRAY, R.S. 1969. Estadística. Edit. Mc. Graw Hill. Serie Shaum. México.
- MAYR, E. 1963. Especies Animales y Evolution. Univ. de Chile y Ediciones Ariel, A.S. España. 808 pp.
- MEEK, S.E. 1904. The Fresh-Water Fishes of México North of the Isthmus of Tehuantepec. Publ. Field Columbian Mus. Zool. Ser., 5: 1-252.
- MEEK, E.S., AND HILDEBRAND, S.F. 1923-1928. The Marine Fishes of Panamá. Field. Mus. Nat. Hist. Publ., Zool. Ser., 15 (215, 226 y 249): 1-1045 pp.
- OJIMA., UENO, K. 1976. A Review of the Chromosome Numbers in Fishes. La Kromosoma. 11(1): 1974.
- PATTON, J.L., WILSON, C. AND BUSH, G.L. 1977. Rapid Speciation and Chromosomal Evolution in Mammals. Proc. Nat. Acad. Sci. USA. Vol. 71 (9): 3942-3946.
- PERRY, J.A., AND PERRY, S.D. 1974. Los Peces Comunes de la Costa Atlántica de Costa Rica. Facultad de Ciencias y Letras Departamento de Biología. Ser. Cienc. Nat. 1 (7): 17.
- REGAN, C.T. 1906-1908. Pisces. In: Biología Centrali-Americana. 8: 1-201.
- RESENDEZ, A. 1970. Estudio de los Peces de la Laguna de Tamiahua, Veracruz, México. An. Inst. Biol. Univ. Nat. Autón. México. Ser. Cienc. del Mar y Limnol., 41 (1): 79-146.
- SANCHEZ MOLINA, A. 1974. Síntesis Geográfica de México. Edit. Trillas. México. 265 pp.
- SCHULZ-SCHAEFFER, J. 1981. Cytogenetics. Springer - Verlag, New York, USA. 446 pp.

- SUBRAHMANYAM, K. 1969. A Karyotypic Study of the Estuarine Fish *Boleophthalmus Boddarti* (pallas) whit calcium treatment, *Curr. Sci.*, 28 (18): 437.
- URIBE ALCOCER, M. 1977. Estudio Citogenético en Algunos Roedores y Lagomorfos del Valle de México. Tesis Doctoral. Fac. de Ciencias, UNAH.
- URIBE ALCOCER, M. 1983. Los Cromosomas de *Dormitator latifrons*. (Pisces: Gobiidae). *An. Inst. Cienc. del Mar y Limnol. Univ. Nat. Autón. México*, 10 (1): 23-30.
- WHITE, M.J.O. 1978. Chain Processes in Chromosomal Speciation. *Systematic Zoology*, 27: 17-26.
- YAREZ-ARANCIBIA, A. 1981. Biología y Ecología del Bagre *Arius melanopus* Gunther en la Laguna de Términos, Sur del Golfo de México. (Pisces: Ariidae). *An. Inst. Cienc. del Mar y Limnol. Univ. Nat. Autón. México*, 8 (1): 267-308.
- ZUCKERLANDL, E., PAULING, L. 1965. Molecules as Documents of Evolutionary History. *J. Theor. Biol.* 8: 357-366.