111
2ej.

Universidad Nacional Autónoma de México

FACULTAD DE CIENCIAS

Departamento de Biología

ESTUDIO CROMOSOMICO COMPARATIVO ENTRE LAS ESPECIES DE LEPORIDOS: Sylvilagus cunicularius, S. floridanus y S. graysoni (MAMMALIA: LAGOMORPHA).

T E S I S

Que para obtener el Título de

B I O L O G O

P r e s e n t a

Ana María del Consuelo Lorenzo Monterrubio

Ciudad Universitaria, México, D. F. 1987

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.

Indice.

Pàgina

Introducciòn.....1

Materiales y Mètodos.....13

Resultados.....19

Discusiòn.....23

Conclusiones.....31

Resumen.....33

Literatura citada.....35

Apèndice de Tablas
y Figuras.....42

Tablas.....45

Figuras.....50

Introducción.

La Biología ha contribuido al pensamiento y conocimiento científico moderno a partir del siglo XIX, con el desarrollo de la teoría evolutiva. Esta teoría plantea una evolución dinámica de los seres vivos a través de una transformación gradual y continua, y rechaza toda concepción estática (Monod,1986).

La teoría evolutiva se ha enriquecido con el estudio genético de diferentes poblaciones, y la consideración de que cada ente biológico es poseedor de un genotipo y de un fenotipo peculiar. De aquí la importancia de las poblaciones a nivel evolutivo, ya que sus características genéticas constituyen un acervo génico poblacional, que permite la producción de variabilidad; de este modo, cada individuo presenta una dotación génica específica capaz de enfrentarse a un conjunto de presiones ambientales, que junto con cierta probabilidad de sobrevivencia y procreación determinan la dirección del proceso evolutivo.

El curso de la evolución, por consiguiente, toma varias direcciones. Una de las manifestaciones evolutivas es la transformación de la morfología cromosómica, así, se producen, por ejemplo, polimorfismos cromosómicos en algunas poblaciones y puede, entonces, construirse un árbol filogenético al considerar las diferencias y semejanzas en los cariotipos de un grupo de taxa (Hsu y Mead,1969). Esto implica una singularidad de cada cromosoma, individuo y población, traducida en una inmensa diversidad de respuestas selectivas (Mayr,1968).

El estudio de los cromosomas ha permitido a los genetistas realizar aportaciones al concepto de evolución, considerando a

los mismos cromosomas vehículos evolutivos, susceptibles de cambio (Hsu y Mead,1969). La información hereditaria contenida en los cromosomas de los organismos, tiene la capacidad de modificarse evolutivamente, para hacer frente a las demandas ambientales a las que están sujetos.

Los cromosomas, entonces, tienen un importante papel en la producción de variabilidad genética dada a través de flujo génico, rearreglos cromosómicos (principalmente mutaciones y recombinaciones), y la reproducción sexual, en donde se presenta la segregación y recombinación de cromosomas, permitiendo la aparición de nuevos rasgos fenotípicos.

La inmigración de genes es una fuente importante de variabilidad , ya que pueden introducir genes o alterar las frecuencias génicas de una población con genes procedentes de otra población adaptada localmente (Dillon,1978; Mayr,1968).

Los rearreglos cromosómicos causan diferencias detectables en los cariotipos de especies relacionadas. La variabilidad genética es fuente importante de respuestas evolutivas a condiciones de cambio, por ejemplo, al incorporar nuevos genes ó conjunto de genes adaptados a un tiempo y lugar determinados, así como al incrementar la eficiencia biológica, dar origen a radiaciones adaptativas favoreciendo la especialización y la utilización de varios subnichos, para en última instancia dar lugar a la extinción (Mayr,1978).

Los rearreglos cromosómicos comprenden:

- Recombinaciones: consisten en un reordenamiento de los genes existentes en una población, exponiendo y acumulando

nuevas combinaciones de alelos en cada generación debido a la selección natural. Así, el genotipo es el resultado de la recombinación de genes del acervo de una población local (Ayala,1978: Mayr,1968).

- Mutaciones: son cambios que ocurren en cualquiera de los planos estructurales y funcionales de un cromosoma (implicando su destrucción, su multiplicación o la reordenación espacial de genes) y que producen efectos genéticos de manera permanente (Mayr,1968; Mettler y Gregg, 1982; Stebbins,1978).

Podemos hablar de dos tipos principales de cambios que afectan directamente a los cromosomas:

a) Génicos.- que afectan uno o pocos nucleótidos dentro de un gene.

b) Cromosómicos.- que afectan el número de cromosomas o el arreglo de los genes en un cromosoma. Se clasifican en:

1b) Numéricos.- si varía el número de cromosomas. Pueden ser euploidías si se han originado múltiplos del número haploide, y aneuploidías si existen otras variaciones en el número diploide.

2b) Estructurales.- si afecta la estructura y la forma de los cromosomas, y abarcan:

- Deficiencias o Deleciones: son la pérdida de un fragmento de cromátida.
- Fusiones: cuando dos cromosomas no homólogos se fusionan en uno, involucrando la pérdida de un centrómero.

- Fisiones: cuando un cromosoma se divide en dos, produciéndose un centrómero adicional, o de lo contrario, el nuevo cromosoma sin centrómero se pierde cuando la célula se divide.
- Translocaciones: son un intercambio de uno ó varios fragmentos cromosómicos no homólogos, y pueden ser del tipo Robertsoniano (que conduce a la fusión de 2 cromosomas acrocéntricos), ó del tipo recíproco (que implica un cambio entre segmentos no homólogos).
- Inversiones: es un giro de 180° de un fragmento de un cromosoma. Pueden ser pericéntricas, si incluyen el centrómero, en este caso puede existir un cambio en la morfología del cromosoma; ó paracéntricas, que no incluyen al centrómero y no producen cambio alguno en la morfología del cromosoma.
- Rompimientos en la parte terminal del cromosoma (telómero): que origina la formación de anillos, y
- Disociaciones: que es la duplicación de regiones centroméricas y teloméricas, que transforman la ordenación del material hereditario y determinan las respuestas genéticas (White,1973b); este mecanismo es frecuente en la filogenia de los grupos de mamíferos (Dobzhansky,et al.,1977; Dutrillaux y Couturier,1986).

Todas las diferencias existentes en los cariotipos de especies relacionadas se deben a rearreglos cromosómicos. Así, las funciones de los cromosomas en el mecanismo evolutivo, son el almacenamiento y generación de variabilidad genética, el

relaciones filogenèticas del grupo ò grupos de organismos en estudio, (Jackson, 1971).

En Mèxico, se han realizado escasos estudios citotaxonòmicos sobre lagomorfos en los últimos años. Estos estudios se refieren principalmente al zacatuche (Romerolagus diazi) mencionados en los trabajos de Robinson et al. (1981), Uribe-Alcocer et al. (1975a,1975b), Uribe-Alcocer (1977) y Van der Loo et al. (1979); y al conejo tropical (Sylvilagus brasiliensis) realizado por Güereña et al. (1983), los cuales abordan las implicaciones evolutivas de los cariotipos de estas especies endèmicas de Mèxico.

Por lo que respecta a las demàs especies de lepòridos existentes en Mèxico, no se conoce en algunas de ellas su biologìa, y por tanto su cariotipo.

Asi, el presente trabajo se propone estudiar el cariotipo de Sylvilagus cunicularius, no descrito hasta la fecha, y el de S. floridanus que habita en Mèxico, en poblaciones de la localidad de Parres, Distrito Federal. Ambos cariotipos se comparan con el de S. graysoni ya conocido, con el fin de examinar las relaciones filogenèticas entre èstas, debido a que estudios morfològicos (basados en caracterìsticas craneales) y geogràficos (de acuerdo a la distribuciòn de las formas) suponen que S. cunicularius y S. graysoni proceden de un ancestro comùn (Diersing y Wilson, 1980); asi mismo se hace la comparaciòn con el cariotipo de S. floridanus de Estados Unidos con el fin de buscar evidencias sobre el posible origen de esta especie.

Trabajos cromosòmicos realizados anteriormente, han mostrado

que las especies del gènero Sylvilagus, presentan una amplia variaciòn en el nùmero cromosòmico diploide, (Schröder y Van der Loo, 1979; Robinson et al., 1983a). (Tabla 1). Por ejemplo, el conejo tropical S. brasiliensis, presenta el menor nùmero de cromosomas encontrado, siendo èste de 36. Se asume que la disminuciòn en el nùmero diploide se debe al mecanismo de fusiones cèntricas. Estas actùan entre elementos acrocèntricos ò subtelocèntricos a partir de un cariotipo ancestral, que presenta un nùmero diploide de 48 (Güereña et al., 1983). Por otro lado, S. transitionalis muestra el mayor nùmero cromosòmico que corresponde a 52, aunque Robinson et al. (1983a), encontraron para esta especie un nùmero cromosòmico diploide de 46, explicando que se debe probablemente a un polimorfismo cromosòmico ò a su identificaciòn incorrecta. Es necesario aclarar los tipos de rearreglos que en ella ocurren, comparàndola con otras especies de Sylvilagus, asi como ampliar el tamaño de muestra dentro del àmbito de distribuciòn para esclarecer su nùmero cromosòmico (Holden y Eabry, 1970).

Esta variaciòn cromosòmica no ocurre en las liebres (Lepus), ya que todas las especies presentan un nùmero diploide igual a 48 (Schröder y Van der Loo, 1979; Robinson et al., 1983a; Robinson et al., 1983b). Sin embargo, existen pequeñas diferencias en relaciòn a la distribuciòn de la cromatina, debidas, probablemente, a inversiones paracèntricas . Se han dado a conocer, igualmente, polimorfismos en los loci a y b de inmunoglobulinas. Esto indica que la especiaciòn en Lepus ocurre sin diferenciaciòn cariotipica, mientras que en las especies de conejos se muestran divergencias importantes a ese nivel

(Schröder et al., 1978b; Van der Loo et al.,1976,1977 in Schröder et al.,1978b).

Dave et al. (1965), considera a su vez, que las diferencias cromosòmicas entre liebres y conejos son difíciles de interpretar por rearreglos estructurales y concluye que no están emparentados filogenèticamente, ya que presentan un aislamiento fisiològico y reproductivo. Por el contrario, las evidencias paleontològicas sugieren que las liebres son un grupo que derivò de los conejos durante el Pleistoceno temprano y que ambos están estrechamente relacionados , como también se ha observado en estudios de bandeo cromosòmico, a pesar de poseer diferentes caracterìsticas morfològicas (Stock,1976).

De esta manera, el cambio cariotìpico del material genètico en los lepòridos se debe principalmente a fusiones cèntricas y a la adiciòn de heterocromatina constitutiva (cromatina condensada, encontrada en regiones centromèricas , formada por àcido desoxirribonucléico (ADN) altamente repetitivo, y que no se transcribe); con una menor incidencia de los mecanismos de translocaciòn recìproca, inversiones y fisiones.

El estudio cariotìpico de las especies S. floridanus, S. cunicularius y S. graysoni, podrìa ampliar el conocimiento de la variaciòn cromosòmica involucrada en la evoluciòn del grupo.

Puede considerarse como probable que el número cromosòmico diploide de S. cunicularius sea de 42, igual al de S. graysoni, ya que evidencias biogeogràficas suponen que el origen de S.graysoni deriva de una forma parecida a S. cunicularius y que èsta se distribuyò desde la costa mexicana del Pacìfico a las

Islas Tres Marías, tal vez durante la Glaciación del Pleistoceno (Diersing y Wilson, 1980).

Cabe esperar, entonces, que probablemente el cariotipo de S. cunicularius sea muy parecido al de S. graysoni, por proceder ambos de un ancestro común, aunque tal vez con algunas diferencias genotípicas desarrolladas a través de la evolución de cada especie.

No obstante que el cariotipo de S. floridanus ya se conoce a partir de ejemplares capturados en Estados Unidos, resulta interesante examinar nuevamente el cariotipo de subespecies no estudiadas con el fin de corroborar o aclarar las posibles diferencias cromosómicas que existen en esta especie cuyo ámbito de distribución presenta una variación geográfica muy amplia, y por otro lado, compararlo con las dos especies ya mencionadas.

Los conejos estudiados en el presente trabajo están comprendidos dentro del Orden Lagomorpha, Clase Mammalia, la cual incluye a los fósiles de la Familia Eurymylidae (Plioceno tardío) y a los representantes de las familias Ochotonidae (Oligoceno tardío-Reciente), las pikas, y Leporidae, liebres y conejos (Dawson, 1958; Hall, 1981; Layne, 1967; Lyon, 1904; Nelson, 1909).

Actualmente, los lepóridos están ampliamente distribuidos en el mundo. Estan divididos en tres subfamilias: Archaeolaginae (extinta), Palaeolaginae y Leporinae (Dawson, 1958), que incluyen 63 especies recientes, constituyendo importantes elementos de muchas comunidades terrestres (Mc Laughlin y Chiason, 1979).

La subfamilia Leporinae está representada por 9 géneros recientes y 49 especies conocidas actualmente (Vaughan, 1972), de

las cuales existen en Mèxico 5 pertenecientes al gènero Lepus (liebres), 8 al gènero Sylvilagus (conejos), y una especie al gènero monotípico (gènero con una sola especie) Romerolagus (Tabla 1).

La distribuciòn original de Sylvilagus incluye sòlo el Nuevo Mundo (Honacki, et al., 1982; Eisenberg,1981).

Basàndose en la distribuciòn de las poblaciones estimada a travès del nùmero total de especies e individuos que las forman, asi como de la diversidad de las mismas, es probable que las especies de Sylvilagus hayan tenido su origen y àmbitos de distribuciòn situados al norte de Amèrica, ya que son màs abundantes en Estados Unidos de Norteamèrica y decrece su distribuciòn hacia el Sur de Mèxico (Uribe,1977).

El àrea de distribuciòn de S. cunicularius (Figura 1) comprende desde Sinaloa, pasando por Guerrero hasta Oaxaca, extendièndose por el centro del pais hasta Veracruz (Hall,1981). La especie està constituida por tres subespecies:

- S. c. cunicularius, que se encuentra de acuerdo a sus registros, en los estados de: Hidalgo, Veracruz, Oaxaca, Guerrero, Michoacàn, Puebla, Tlaxcala, Mèxico , Morelos y Distrito Federal.

- S.c.insolitus, con registros en los estados de: Sinaloa, Nayarit, Colima.

-S. c. pacificus, con registros en el extremo sur de Michoacàn , Guerrero y Oaxaca en su parte sur, (Hall, 1981).

La distribuciòn de S. floridanus es bastante amplia (Figura 1), abarca desde el sur de Canadà hasta el noroeste de

Sudamérica, pasando por Centroamèrica. Incluye, ademàs, algunas islas al norte de Venezuela, presentando un alto grado de variaciòn geogràfica. Presenta 35 subespecies reconocidas, dentro de las cuales se encuentra S. f. orizabae estudiada en el presente trabajo, cuyos registros estatales son: Coahuila, San Luis Potosí, Hidalgo, Veracruz, Puebla, Mèxico, Guanajuato, Distrito Federal (Hall,1981; Diersing,1978).

El rango de S. cunicularius se sobrepone en gran parte al rango de S. floridanus orizabae, siendo simpàtricos en los estados correspondientes a: Nayarit, Michoacàn, Jalisco, Mèxico, Morelos, Hidalgo, Tlaxcala, Puebla, Veracruz, Oaxaca y Distrito Federal (Mayr,1968; Hall,1981).

Sylvilagus graysoni, es una especie insular (Figura 1), que habita en las Islas Tres Marías, Nayarit, Mèxico. Tiene dos subespecies conocidas:

- S.g.graysoni, distribuída en las islas María Madre, María Magdalena y María Cleofas.

- S. g. badistes, distribuída en la isla San Juanito, (Hall,1981; Diersing,1978; Diersing y Wilson,1980).

Los individuos de la especie S. cunicularius son largos y de bastante peso, cuyo tamaño oscila de 485 a 515 mm., llegando a pesar hasta 2,300 gramos ; tienen un pelaje àspero y abundante, de color café grisàceo en la parte dorsal, la cola es grisàcea con una longitud menor de 35 mm y con poca pigmentaciòn, las orejas son largas, de màs de 61 mm (Hall,1981; Nelson,1909; Diersing,1978; Diersing y Wilson,1980; Leopold,1977; Walker, 1975).

Por otro lado, los individuos de la especie S.floridanus,

son de tamaño medio, aproximadamente de 375 a 465 mm. de longitud (Ingles,1965; Hall,1981), de pelaje largo y denso de color gris obscuro o gris rojizo en la parte dorsal y ocre en la porción lateral. En la parte posterior es gris negruzco, ventralmente es blanco, y con parches pardos en el cuello, la cola es de color bermejo con una longitud menor de 40 mm, y las orejas son más cortas que en S. cunicularius, con una longitud menor de 61 mm (Diersing,1978; Diersing y Wilson,1980).

Las características diagnósticas de cada subespecie varían generalmente con relación al habitat en el que se encuentran, sin embargo, es relativamente fácil distinguirlas de otros conejos con los que coexisten (Chapman et al.,1980; Ingles,1965).

Por último, los rasgos morfológicos de los individuos de la especie S. graysoni son externamente similares a S. floridanus, con un tamaño de 480 mm., (Nelson,1909); son de color variable, de rojizo a café dorsalmente y lateralmente de rojo pálido a café, el vientre es blanquecino, excepto el cuello que tiene parches cafés. Las orejas son cortas, de una longitud de 57 mm (Diersing,1978; Diersing y Wilson,1980; Hall,1981).

El objetivo del trabajo es, conocer los cariotipos de las especies cercanas Sylvilagus cunicularius y Sylvilagus floridanus y compararlos entre sí y con los cariotipos ya conocidos de Sylvilagus graysoni y Sylvilagus floridanus de Estados Unidos, con el fin de obtener información tanto acerca de sus relaciones filogenéticas, como de profundizar en el exámen de las modificaciones cromosómicas que originan la evolución cariotípica en el grupo de los lepóridos.

Materiales y Mètodos.

-Colecta de los ejemplares.

Las colectas se realizaron aproximadamente a 7.5 km al sur-este del poblado de Parres, Subdelegaciòn de Tlalpan, D.F., a 88° al nor-este del Cerro Acopiaxco, a una altitud de 2970 m. La vegetaciòn es bàsicamente bosque de pino (Pinus sp.), encontrândose tambièn pastizales de zacatones amacollados (Mulhenbergia sp., Festuca sp., Stipa sp.), con un sustrato rocoso, formado por material igneo.

Las colectas se efectuaron durante los meses de abril a septiembre de 1986.

Los conejos se capturaron durante el dia y por la noche con ayuda de làmparas y escopetas calibre 16, usando cartuchos de municiòn del nùmero 4.

La identificaciòn de las especies fue corroborada en el laboratorio de acuerdo a caracteristicas morfològicas, principalmente el color del pelo y el tamaño, segùn Hall (1981).

Se capturaron 2 ejemplares hembras adultas de Sylvilagus cunicularius (8226UAMI y 8227UAMI) y 4 hembras y un macho de Sylvilagus floridanus (8228UAMI, 8229UAMI, 8230UAMI , ejemplar vivo en cautiverio y 8343UAMI respectivamente).

Los ejemplares forman parte de la Colecciòn del Laboratorio de Mastozoologia de la Universidad Autònoma Metropolitana-Iztapalapa (UAM-I), excepto el ejemplar vivo.

- Obtenciòn de muestras de sangre.

Capturado el conejo, ràpidamente se le colocò sobre una

bolsa de manta limpia y se le limpiò con alcohol de 96° especialmente el tòrax para proceder a obtener la muestra de sangre.

Con material de disecciòn esterilizado en alcohol de 96° se puso al descubierto el corazòn y se extrajo la sangre por punciòn directa con jeringas previamente heparinizadas (aproximadamente 0.1 ml de heparina 1,000 U.I., HEPARth por 4 ml de sangre en cada jeringa); las muestras se agitaron lentamente para mezclar de manera uniforme la heparina, conservàndose posteriormente a baja temperatura en una hielera, y transportando las muestras dos ò tres días después al laboratorio, donde se realizò el cultivo de linfocitos.

- Tècnica para Cultivo de Linfocitos.

El cultivo de linfocitos se efectuò siguiendo la tècnica de Arakaki y Sparkes (1963) con algunas modificaciones:

Se colocaron en frascos de cultivo estèriles de 5 ml:

- 2 ml de medio Mc Coy 5a modificado (Microlab).
- 0.1 ml de fitohemaglutinina, forma M (Microlab).
- 0.1 ml de Antibac (Microlab).
- 0.05 ml de L-Glutamina, 200 mM (Microlab).
- 0.02 ml de heparina, 1,000 U.I., (HEPARth).

Se sembraron 3 gotas de sangre completa (0.15 ml aproximadamente) por frasco de cultivo. Todas las manipulaciones se llevaron al cabo bajo condiciones de esterilidad en una campana de flujo laminar (Veco) y mechero.

El nùmero de cultivos varió dependiendo de la cantidad de

sangre colectada, pero se trató de sembrar el mayor número de frascos por muestra de sangre (el rango fue de 6 a 10 frascos).

Los cultivos se mantuvieron en una incubadora (Forma Scientific) a 37 °C ± 0.5 °C, durante 48 horas.

Para colectar los linfocitos, se empleó la técnica de Moorhead et al. (1960) modificada.

Una hora antes de iniciar la cosecha, se colocó 0.1 ml de Colcemida (Microlab) en cada cultivo bajo condiciones de esterilidad.

Se pasó el contenido de los frascos de cultivo a tubos de centrífuga de 15 ml después del tiempo de incubación y se centrifugó a 1500 rpm durante 10 minutos (centrífuga Sorvall CL-50); se desechó el sobrenadante y se resuspendió el paquete celular en KCl 0.057 M (J.T. Baker) para incubarlo a 37 °C durante 20 minutos. Nuevamente se centrifugó durante 10 minutos a 1500 rpm, el sobrenadante se desechó y el paquete celular fue resuspendido en solución fijadora fresca de metanol-ácido acético (J.T. Baker) en proporción 3:1 con un volúmen final de 5 ml. En este punto se mantuvieron los tubos en refrigeración durante 24 horas.

Posteriormente se resuspendió el paquete celular y se centrifugó como en las ocasiones anteriores, desechando el sobrenadante y lavando el paquete celular con solución fijadora recién preparada hasta que el sobrenadante que se obtuviera fuera transparente; por último, se resuspendió en 0.5 ml de fijador y se procedió a hacer las preparaciones.

- Elaboración de las preparaciones. Técnica de secado a la flama.

Las preparaciones se hicieron sobre portaobjetos limpios y previamente sumergidos en agua helada. Se resuspendió el paquete con una pipeta Pasteur y se goteó la suspensión sobre un portaobjetos mojado y a una distancia aproximada de 10 cm; se sopló ligeramente por uno de los extremos del portaobjetos e inmediatamente después se secó a la flama. Se rotuló y observó al microscopio de contraste de fases para determinar la calidad de la preparación. Cuando se observaba una buena cantidad de mitosis, se procedía a teñir las preparaciones con Giemsa (Merck) al 5% en una caja Coplin durante 15 minutos, posteriormente se lavaban con agua corriente y se dejaban secar al aire, montándose en bálsamo de Canadá.

- Determinación del número cromosómico.

Para determinar el número cromosómico se revisaron 50 mitosis, cuando menos, de cada uno de los individuos de S. cunicularius y S. floridanus. Se revisaron aproximadamente 7 preparaciones por individuo y en cada una de ellas se encontraron 75 mitosis en promedio.

Se consideró el número modal para la determinación del número cromosómico de ambas especies (Tabla 2).

Se tomaron como mínimo 10 fotografías de las mitosis de buena calidad por cada ejemplar en un microscopio Carl Zeiss, utilizando una película Kodak High Contrast de 35 mm. Posteriormente se reveló la película y se procesaron los

positivos sobre papel Kodabromide F2.

- Elaboración de cariotipos.

Se seleccionaron las mejores amplificaciones fotográficas: 7 procedentes de una hembra de S. cunicularius y 5 de otra hembra de la misma especie; 6 procedentes de una hembra y 6 de un macho de S.floridanus.

Utilizando las 24 fotografías, se procedió a recortar cada uno de los cromosomas de las impresiones y se acomodaron por pares de homólogos, clasificándolos de acuerdo a su tamaño y su morfología (Holden y Eabry ,1970).

-Idiograma.

Considerando los valores promedio de las longitudes de los brazos largos (q) y cortos (p) de cada par cromosómico, se obtuvo la relación q/p para clasificar a los cromosomas de acuerdo a la posición del centrómero según la clasificación de Levan et al. (1964), con modificaciones de Holden y Eabry (1970) y Diersing y Wilson (1980). La clasificación es la siguiente:

Proporción de q/p	Clasificación del centrómero en:	Clasificación del cromosoma en:
1.0-1.7	región media	metacéntrico
1.7-3.0	región submedia	submetacéntrico
3.0-7.0	región subterminal	acrocéntrico

Con las medidas absolutas de la longitud total (promedio) de todos los pares cromosómicos se calculó la longitud relativa de

cada uno de ellos. Esto se hizo considerando la suma de las longitudes absolutas promedio de todos los cromosomas como el 100% y calculando posteriormente el porcentaje correspondiente a la longitud total y a las longitudes de los brazos largos y cortos de cada par cromosómico. Estas medidas se emplearon para elaborar el idiograma.

Todos los cálculos se realizaron en una microcomputadora CORONA-PC, utilizándose el paquete administrador de base de datos DBASE III, en el cual fueron capturados los datos e implementados los programas estadísticos (medias , desviación estándar y prueba de T).

Los histogramas se trazaron usando el paquete para gráficas, Graphics/125, con ayuda de una microcomputadora Hewlett Packard 125, utilizando el graficador HP 7470 A.

Resultados.

Se obtuvieron preparaciones cromosómicas de buena calidad de S. cunicularius y S. floridanus, debido a las modificaciones efectuadas a la técnica de cultivo de linfocitos, que consistieron en: realizar microcultivos, sin la utilización de suero fetal de bovino, en la etapa de siembra, y en usar una concentración de 0.057M de KCl (solución hipotónica), a 37 °C en la etapa de cosecha.

-Sylvilagus floridanus.

Se utilizaron solamente dos ejemplares hembras y un macho para la determinación del número cromosómico de S. floridanus, ya que las preparaciones de los dos individuos restantes mostraron deficiencia en cantidad y calidad de mitosis.

En las preparaciones revisadas, se observó una variación en el número de cromosomas en diferentes campos mitóticos, cuyo rango osciló de 30 a 44 cromosomas, debido probablemente a la pérdida y manipulación de los cromosomas durante el procesamiento del material (Tabla 2). La frecuencia de aparición de los cromosomas encontrados por mitosis en S. floridanus se ilustra más claramente en el histograma de la Figura 2, en donde se observa el número de cromosomas encontrados a partir del número 33.

Las mitosis revisadas por individuo para la determinación cromosómica fue de 118 en promedio. (Tabla 2).

Se encontró que la especie posee 42 cromosomas como número diploide, por ser éste el número modal (Tabla 2 y Figura 2), y un

número fundamental de 84, con el patrón de diferenciación sexual XX/XY.

De los 20 pares de autosomas, todos birrámeos, que constituyen el cariotipo de S. floridanus, 10 pares tienen el centrómero en posición metacéntrica, 6 pares lo tienen en posición submetacéntrica y 4 son acrocéntricos (Tabla 5); el cromosoma X es metacéntrico y relativamente largo, mientras que el cromosoma Y es metacéntrico y el más pequeño del complemento cromosómico.

Los valores absolutos promedio de los brazos de cada par cromosómico del complemento diploide se muestran en la Tabla 3, donde también se indica la posición del centrómero en cada uno de ellos.

Los cariotipos de ambos sexos se muestran en la Figura 3 y 4, acomodados los pares cromosómicos por tamaño y posición del centrómero, de acuerdo a Holden y Eabry, (1970), en donde el primer grupo corresponde a los metacéntricos y cuyo último par es el sexual, le siguen los submetacéntricos y por último los acrocéntricos.

En algunas mitosis son visibles satélites como es el caso de los pares cromosómicos 12, 14 y 20. Por otro lado, no se observaron constricciones secundarias.

La representación gráfica del cariotipo de S. floridanus es el idiograma de la Figura 5, donde se agrupan primeramente los cromosomas metacéntricos con un límite superior e inferior de longitudes relativas promedio de 7.33 a 2.85%, posteriormente se encuentra el grupo de los submetacéntricos con un rango de 6.24 a

2.78% y por último los acrocèntricos con 7.67 a 4.07%. Le siguen el cromosoma sexual X con 5.56% y el cromosoma sexual Y con 1.56% del total del complemento.

Los valores relativos promedio con los cuales se construyò el idiograma se muestran en la Tabla 4.

-Sylvilagus cunicularius.

Se observò igualmente una variaciòn en el nùmero de cromosomas por mitosis en las preparaciones revisadas, cuyo rango oscilò de 30 a 44 cromosomas, debido probablemente a las mismas causas mencionadas para S. floridanus (Tabla 2). La frecuencia de aparición de los cromosomas encontrados por mitosis en esta especie se ilustra màs claramente en el histograma de la Figura 6, cuyo limite inferior es de 33 cromosomas observados por mitosis.

El promedio de mitosis revisadas por individuo (dos hembras) para la determinaciòn del nùmero de cromosomas fue de 25 (Tabla 2).

La especie muestra 42 cromosomas como nùmero diploide, por ser èste el nùmero modal (Tabla 2 y Figura 6) y un nùmero fundamental de 84. Para esta especie, el cariotipo consta de 21 pares de cromosomas, dentro de los cuales se incluye el par sexual, por no poseer punto de referencia para identificarlo, ya que sòlo se tenian individuos del sexo femenino. Todos los pares son birràmeos, con un total de 8 metacèntricos, 9 submetacèntricos y 4 acrocèntricos (Tabla 5). Los valores absolutos promedio de los brazos cromosòmicos de cada par del complemento, se muestran en la Tabla 3.

Se observan igualmente satèlites en los pares cromosòmicos 10, 11 y 15 sin haberse observado constricciones secundarias.

El cariotipo de la especie se muestra en la Figura 7 y el idiograma se ilustra en la Figura 8, donde se agrupan primeramente los metacèntricos con un límite de longitud relativa promedio de 7.25 a 2.82%, posteriormente los submetacèntricos con un rango de 5.72 a 2.57% y los acrocèntricos, por último, con el rango de 7.77 a 5.39% de longitud relativa promedio.

Los valores relativos promedio de los brazos cromosòmicos de cada par con los cuales se construyò el idiograma se muestran en la Tabla 4.

Discusiòn.

Las especies del gènero Sylvilagus presentan variabilidad en cuanto a su nûmero cromosòmico diploide; no asi las liebres, del gènero Lepus, cuyo nûmero es muy conservador (Schröder, J. et al.,1978a; Van der Loo et al.,1981). Existen, sin embargo, algunas especies de Sylvilagus que presentan igual nûmero cromosòmico como se puede observar màs claramente en la Tabla 1.

En los conejos, tambièn existen diferencias en cuanto al tipo de cromosomas encontrados en los cariotipos de las especies. Asi, se observan en gran porcentaje los cromosòmas birrâmeos del tipo de los metacèntricos, submetacèntricos y subtelocèntricos; y en menor nûmero los acrocèntricos. Esta disminuciòn se debe a que existe una tendencia a la reducciòn del nûmero diploide, causada por rearreglos cromosòmicos del tipo de las fusiones cèntricas, a partir de un cariotipo ancestral que presenta un nûmero diploide de 48 (Gûereña et al.,1983; Robinson et al.,1984).

De esta manera, la tendencia a la disminuciòn del nûmero cromosòmico diploide en los conejos, implica la presencia de una mayor proporciòn de cromosomas birrâmeos (Holden y Eabry,1970).

Sòlo en algunas especies de Sylvilagus se han observado satèlites y constricciones secundarias en ciertos pares cromosòmicos, por lo que èsto no es un patròn universal del gènero.

Las especies S. cunicularius y S. floridanus, colectadas en Parres, Distrito Federal, poseen igual nûmero de cromosomas en sus cariotipos; aunque no existe una variaciòn considerable

respecto al resto de las especies del género, que mayoritariamente presentan un número cromosómico diploide de 42, ésta si ocurre en cuanto al tipo de cromosomas y se observa en la posición del centrómero (Tabla 5).

En ambas especies se tiende a la mayor aparición de cromosomas birrámeos, dado que el número menor de cromosomas corresponde a los acrocéntricos; esto se considera como un patrón general dentro de las especies que integran la familia Leporidae.

Estudios de bandeo cromosómico en lepóridos realizados por Robinson et al. (1981) y Stock (1976), han demostrado que las diferencias cromosómicas se deben a rearreglos del tipo de fusiones céntricas y adición de heterocromatina constitutiva que ocurren a lo largo de la evolución del grupo y, dan lugar, a su vez, al número y tipo de cromosomas presentados en las especies estudiadas.

De esta forma, al comparar el cariotipo de S. cunicularius y S. floridanus de Parres, se observa que no existe una variación en su número cromosómico, ya que ambas presentan un número diploide de 42 cromosomas.

Por otro lado, podemos establecer que uno de los pares cromosómicos de S. cunicularius es el par sexual, correspondiendo posiblemente al tercer par metacéntrico, por su tamaño y posición del centrómero. Esto es, sin embargo, una suposición, ya que no se han obtenido ejemplares machos y no se ha realizado el bandeo cromosómico en S. cunicularius.

Al comparar los valores relativos promedio de ambas especies, con los cuales se construyeron sus idiogramas, se

observó que no hay diferencia estadísticamente significativa en el total de sus pares cromosómicos. Tampoco se detectó diferencia real al compararlos por grupos, es decir, entre metacéntricos-metacéntricos, submetacéntricos-submetacéntricos y acrocéntricos-acrocéntricos; esto sugiere que probablemente estas especies no han sufrido rearreglos cromosómicos del tipo de deficiencias ó adiciones de segmentos cromosómicos en el transcurso de su evolución.

Por tanto, podemos deducir que la variación en la estructura cromosómica de estas especies, se debe a rearreglos cromosómicos del tipo de inversiones pericéntricas que ocurren entre los elementos metacéntricos y submetacéntricos únicamente, ya que el número de cromosomas acrocéntricos que presentan es el mismo. Esto podrá confirmarse con el análisis del patrón de bandas que presenten los cromosomas de ambas especies.

Con respecto al cariotipo de S.floridanus cuyos ejemplares se colectaron en Connecticut, E.U.A., y que fue descrito por Holden y Eabry (1970), presenta un número cromosómico diploide de 42, con 6 pares de cromosomas metacéntricos, 11 submetacéntricos y 3 acrocéntricos, siendo el cromosoma X de tamaño mediano y submetacéntrico y el cromosoma Y acrocéntrico y el más pequeño del complemento; 4 pares de submetacéntricos (7, 8, 11 y 12) presentan constricciones secundarias en los brazos largos y 2 pares de cromosomas acrocéntricos tienen satélites prominentes en los brazos cortos, probablemente los pares 18 y 19.

Comparando el cariotipo de esta localidad con el obtenido en el presente estudio para S. floridanus, se observan diferencias en la estructura de los cromosomas, debidas probablemente a

reacreglos del tipo de inversiones pericèntricas entre los pares metacèntricos y submetacèntricos, y de deficiencias ò adiciones de cromatina en todos los pares cromosòmicos, incluyendo los elementos acrocèntricos.

En los conejos de Estados Unidos de Amèrica, se observan igualmente cromosomas con satèlites, pero no en los mismos pares; en cuanto a las constricciones secundarias, no se encontraron en los ejemplares de Parres, Distrito Federal. Es necesario e importante continuar trabajando con muestras de S. floridanus de Parres, que nos permitan determinar con seguridad la existencia o ausencia de constricciones secundarias y confirmar los pares cromosòmicos con satèlites.

Tambièn el par sexual de los ejemplares tanto de Mèxico como de Estados Unidos difiere en la posiciòn del centròmero (Tabla 5).

La distribuciòn sumamente extensa de S. floridanus manifiesta de algùn modo una plasticidad evolutiva, reflejada en las diferencias cromosòmicas. Ello le proporciona ciertas ventajas adaptativas para hacer frente a las condiciones ambientales especificas en las que se desarrolla dicha especie. Asi, las diferencias cromosòmicas presentes en la misma especie y en àreas totalmente separadas, sugiere posiblemente, una divergencia en sus poblaciones, ocurrida tal vez a nivel subespecifico, debido a las respuestas de cada una a los diferentes factores climàticos y biòticos que influyen en sus hàbitats.

Es necesario, pues, determinar con claridad las diferencias

cromosòmicas que han ocurrido dentro de esta especie cuyo àmbito de distribuciòn es muy amplio. Esto serà posible a travès de estudios de bandeo cromosòmico en diferentes puntos de distribuciòn y de anàlisis electroforèticos para contar con el mayor nùmero de elementos de juicio.

El cariotipo de S. graysoni descrito por Diersing y Wilson (1980) presenta un nùmero cromosòmico diploide de 42, con 4 pares de metacèntricos, 11 pares de submetacèntricos y 5 pares de acrocèntricos que llevan satèlites en los brazos cortos. Los cromosomas X y Y son acrocèntricos.

Existe una diferencia en los cariotipos de S. graysoni y S. floridanus en cuanto al tipo de cromosomas encontrados. Por el contrario, el nùmero cromosòmico que integra el cariotipo es igual en ambas especies.

El origen de S. floridanus todavia no se ha determinado, pero la evidencia encontrada apunta hacia que, al igual que S. cunicularius y S. graysoni, tuvo un ancestro comùn con un nùmero cromosòmico diploide de 48, del cual pudo divergir antes de la glaciaciòn del Pleistoceno.

Haciendo una comparaciòn entre los cariotipos de S. cunicularius y S. graysoni, se observa que existen diferencias en la estructura de los cromosomas que implican rearreglos, posiblemente del tipo de inversiones pericèntricas , deficiencias ò adiciones de segmentos cromosòmicos en todos los pares cromosòmicos que integran sus cariotipos. Presentan ambos un nùmero diploide de 42 cromosomas, por lo que puede considerarse probable que ambas especies procedan de un mismo ancestro, (parecido a S. cunicularius) el cual divergiò por separaciòn

geográfica durante la glaciación del Pleistoceno, (en donde las Islas Marías se separaron de la costa del Pacífico), desarrollando posteriormente mecanismos de aislamiento. La dispersión del ancestro hacia las Islas, fue más fácil, debido a que posiblemente ocupaba los llanos costeros del Pacífico. Esta hipótesis se corrobora por la distribución de las formas de S. cunicularius , la cual concuerda con las de S. graysoni (Diersing y Wilson, 1980; Nelson, 1909).

Esta consideración se ha confirmado anteriormente por estudios morfológicos, en los que se observó que S. cunicularius es más parecido a S. graysoni, que a S. floridanus, ya que los dos primeros presentan cráneos largos, una mandíbula profunda y el foramen carótido más ancho (Diersing y Wilson, 1980; Nelson, 1909).

Por el número cromosómico de S. cunicularius, no se descarta la posibilidad que posea el mismo ancestro común que S. graysoni, ya que esta especie contiene el mismo número cromosómico diploide. Este resultado se refuerza con las evidencias biogeográficas y anatómicas; aunque, efectivamente, se detectan diferencias en el tipo de cromosomas que ambas presentan.

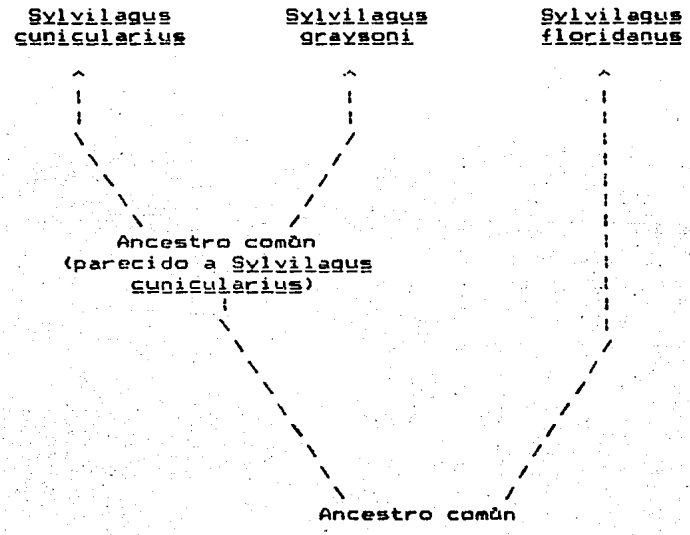
Es necesario identificar las causas de estas diferencias cromosómicas desarrolladas en el transcurso evolutivo de cada especie mediante la técnica de bandeo cromosómico, principalmente bandas G, ya que en estos datos se han fundamentado en gran parte la deducción de las relaciones filogenéticas dentro del género Sylvilagus (Robinson et al.,1981; Stock,1976). Es igualmente importante determinar con certeza los pares cromosómicos

involucrados en los reacrreglos para aclarar el origen y desarrollo del grupo. A este respecto, Nelson (1909), señala que un centro de desarrollo y distribución de los lepóridos se ubica en la zona oriental del Valle de México, debido a la cantidad y diversidad de las especies que componen al grupo, y donde viven simpátricamente tres géneros y varias especies bien establecidas. Por otro lado, Uribe (1977), considera que el centro de desarrollo y dispersión de los lepóridos se localiza al norte de América, ya que decrece hacia el sur la cantidad y diversidad de organismos que componen al grupo.

Existen, por ende, aspectos dentro de la evolución de los lepóridos, que no se han determinado con precisión y los estudios cromosómicos pueden contribuir a esclarecerlos.

Por los resultados obtenidos en el presente trabajo, y las comparaciones hechas de los cariotipos de las especies en estudio, así como por las evidencias biogeográficas y morfológicas que existen en cuanto a su evolución, podemos proponer gráficamente su posible relación filogenética, como se muestra en la figura de la página siguiente.

En ella se puede observar que las tres especies en estudio presentan un ancestro común con un número cromosómico diploide de 48, el cual probablemente divergió antes de la glaciación del Pleistoceno, dando lugar a dos ramas evolutivas: una correspondiente a la especie S. floridanus actual que se adaptó al medio local y la otra que pertenece al ancestro común de S. cunicularius y S. graysoni, que se dispersó a la costa del



Pacífico durante la glaciación del Pleistoceno, colonizando nuevos hábitats y divergiendo después cromosómicamente para dar lugar a las formas actuales de S. cunicularius y S. graysoni.

Conclusiones.

El estudio cromosòmico de las especies Sylvilagus floridanus y Sylvilagus cunicularius, colectados en las cercanías de Parres, Distrito Federal, muestra un número cromosòmico diploide de 42, con todos los pares birràmeos, donde:

S. f. orizabae presenta, 10 pares de autosomas metacèntricos, 6 pares de submetacèntricos y 4 pares de acrocèntricos.

S. c. cunicularius, tiene 8 pares de metacèntricos, 9 pares de submetacèntricos y 4 pares de acrocèntricos.

Las diferencias cromosòmicas que se observan entre las diferentes especies, probablemente se deban a rearreglos cromosòmicos del tipo de inversiones pericèntricas, deleciones ò adiciones.

El estudio cromosòmico de S. floridanus sugiere una divergencia en sus poblaciones debida a las respuestas de cada una a factores ambientales especificos a las que estàn sometidas dentro de la distribuciòn tan amplia en la cual se encuentran.

El presente estudio cariotipico, asi como los estudios morfològicos y biogeogràficos sugieren una relaciòn filogenètica màs estrecha entre S. cunicularius y S. graysoni que entre S. floridanus y S. graysoni, presentando posiblemente un ancestro comùn las tres especies.

Se requiere una profundizaciòn del estudio cariotípico de S. cuniculariug, empleando una muestra mayor con la inclusiòn de machos.

Es necesario tambièn, llevar al cabo un estudio de bandeo cromosòmico de las especies en estudio para clarificar su filogenia y de esta manera conocer la homologia y rearreglos cromosòmicos que han sufrido a travès de la evoluciòn, asi como aclarar el origen y desarrollo del grupo. Convendria, igualmente, realizar estudios de electroforesis, para proponer una visiòn màs amplia de las relaciones filogenèticas intra e interespecificas de los diferentes grupos taxonòmicos.

Por último, es importante, implementar y difundir en Mèxico estudios a nivel citogenètico, a fin de profundizar en la biologia, en las relaciones sistemàticas y en el status taxonòmico del importante sector de la fauna nacional constituido por los lepòridos endèmicos del pais.

Resumen.

Se realizò el anàlisis cromosòmico de los individuos de las especies Sylvilagus cunicularius y Sylvilagus floridanus procedentes de las cercanías de Parres, Distrito Federal y se comparò su cariotipo con el de Sylvilagus graysoni ya conocido de las Islas Marías, y el de Sylvilagus floridanus descrito anteriormente en Estados Unidos de Amèrica, (Holden y Eabry, 1970).

La finalidad del estudio consistiò en obtener información acerca de las relaciones filogenèticas que existen entre estas especies de lepòridos, examinando los posibles cambios cromosòmicos sufridos a través de la evolución de èstas.

Se determinò el nûmero cromosòmico diploide y nûmero fundamental de las especies colectadas en Parres, Distrito Federal, clasificàndose posteriormente los cromosomas por la posición del centròmero . Se elaborò el idiograma, en base a los datos de longitud promedio relativa de cada uno de los cromosomas.

Las tres especies mencionadas presentan un nûmero cromosòmico diploide de 42, existiendo entre ellas diferencias en el tipo de cromosomas que presentan, debidas a rearreglos cromosòmicos del tipo de inversiones pericèntricas principalmente.

El estudio sugiere una relación màs estrecha entre S. cunicularius y S. graysoni, procedentes posiblemente de un ancestro comûn, el cual divergiò durante el Pleistoceno.

En lo que respecta a S. floridanus , probablemente comparte el mismo ancestro que las dos especies antes mencionadas, el cual divergió antes del Pleistoceno. Por las diferencias encontradas en ésta especie en áreas geográficas separadas, puede suponerse que sus poblaciones se encuentran divergiendo cromosómicamente, respondiendo de diferente manera a las condiciones ambientales específicas a las que están sujetas.

Literatura citada.

Arakaki, D.T.,y R.S. Sparkes. 1963. Microtechnique for culturing leukocytes from whole blood. Cytogenetics, 2:57-60.

Ayala, F.J. 1978. Mecanismos de la evoluciòn. Investigaciòn y Ciencia, 26:19-33.

Chapman, J.A., J.G. Hockman y M.M. Ojeda. 1980. Sylvilagus floridanus. Mammalian Species, 136:1-8.

Dave, M.J., N. Takagi, H. Oishi y Y. Kikuchi. 1965. Chromosome studies on the hare and the rabbit. Proc. Jap. Acad. , 41:244- 248.

Dawson, M.R. 1958. Later tertiary Leporidae of North America. University of Kansas Paleontological Contributions. Vertebrata, 6: 1-75.

Diersing, V.E. 1978. A systematic revision of several species of cottontails (Sylvilagus) from North and South America. Tesis Doctoral. University of Illinois at Urbana-Champaign. pp. 869.

Diersing, V.E., y D.E. Wilson. 1980.Distribution and systematics of the rabbits (Sylvilagus) of west-central Mexico. Smithsonian Contributions to Zoology, 297:1-34.

Dillon, L.S. 1978. Evolution. Concepts and consequences. 2a.ed. The C.V. Mosby Company. U.S.A. pp. 319.

Dobzhansky, T., F.J.Ayala., G.L.Stebbins., y J.W. Valentine.1977. Evolution. W.H. Freeman and Company. U.S.A. pp. 516 .

Dutrillaux,B., y J. Couturier. 1986. Principes de l'analyse chromosomique appliquée á la phylogênie: l'exemple des Pongidae et des Hominidae, en: Evolution chromosomique chez les primates, les carnivores et les ronguers. Mammalia. Tomo 50. Número especial. pp. 22-37.

Eisenberg, J.F. 1981. The mammalian radiations. An analysis of trends in evolution, adaptation, and behavior. The University of Chicago Press. U.S.A. pp. 79-81.

Gûereña, G.L., M. Uribe-Alcocer y F.A. Cervantes-Reza. 1983. Estudio cromosòmico del conejo tropical (Sylvilagus brasiliensis). Mamm. Chrom. Newsl., 23(4): 157-161.

Hall, E.R. 1981. The mammals of North America. John Wiley and Sons. Vol. 1. U.S.A. pp. 251-332.

Holden, E.H., y H.S. Eabry. 1970. Chromosomes of Sylvilagus floridanus and Sylvilagus transitionalis. J. Mammal., 51(1): 166-168.

Honacki,J.H., K.E. Kinman, y J.W. Koeppl. (eds.). 1982. Mammal species of the world: A taxonomic and geographic reference. Joint Venture of Allen Press, Inc. y Assoc. Syst. Coll., Lawrence, Kansas, pp. 595-604.

Hsu, T.C., y K. Benirschke. 1967. The karyotype of Lepus alleni alleni. An atlas of mammalian chromosomes. Vol.1. Folio 6.

Springer-Verlag. Nueva York.

Hsu, T.C., y R.A. Mead.1969.Mechanisms of chromosomal changes in mammalian speciation.Benirschke,K.(ed).Comparative mammalian cytogenetics. (An international conference at Darmouth Medical School). Springer-Verlag. Nueva York. pp. 8-17.

Huxley, J. 1974. Evolution.The modern synthesis. George Allen and Unwin LTD. London. pp. 617.

Ingles, L.G. 1965. Mammals of the pacific states. Stanford University Press. U.S.A. pp.133-151.

Jackson, R.C. 1971. The karyotype in systematics. Ann.Rev.Syst. Ecol., 4029:327-361.

Layne, J.N. 1967. "Lagomorphs", en S. Anderson y J.K. Jones, (eds.). Recent mammals of the world. The Ronald Press Company. U.S.A. pp. 192-205.

Levan, A., K. Fredga, y A. Sandberg. 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. Hereditas, 52:201-220.

Leopold, S. 1977. Fauna silvestre de México. 2da.ed. Pax-México Inst. Méx. Rec. Nat. Ren. México, pp. 391-410.

Lyon, M.W.,Jr. 1904. Classification of the hares and their allies. Smithsonian Miscellaneous Collections, 45:396-420.

Mayr, E. 1968. Especies animales y evolución. Ediciones de la Universidad de Chile y Ediciones Ariel,S.A. España. pp. 673.

Mayr, E. 1969. Species, speciation and chromosomes. Benirschke,K. (ed). Comparative mammalian cytogenetics. (An international conference at Darmouth Medical School). Springer-Verlag. Nueva York. pp.1-7.

Mayr, E. 1978. La evolución. Investigación y Ciencia, 26: 6-16.

Mc Laughlin, Ch., y R.B. Chiason. 1979. Laboratory anatomy of the rabbit. Wm.C.Brown Company Publishers. U.S.A. pp. 68.

Mettler, L.E., y T.G. Gregg. 1982. Genètica de las poblaciones y evolución. UTEHA. Mèxico. pp. 239.

Monod, J. 1986. El azar y la necesidad. Ediciones Orbis, S.A. Barcelona. pp. 181.

Moorhead, P.S., P.C. Nowell, W.J. Mellman, D.M. Battips y D.A. Hungerford. 1960. Chromosome preparations of leukocytes cultured from human peripheral blood. Exptl. Cell Res., 20:613-616.

Nelson, E.W. 1909. The rabbits of North America. North American Fauna, (29): 9-287.

Robinson, T.J., F. Elder y W. López-Forment.1981. Banding studies in the volcano rabbit, Romerolagus diazi and Crawshay's hare, Lepus crawshayi: evidence of the leporid ancestral karyotype. Can. J. Genet. Cytol, 23: 469-474.

Robinson, T.J., F. Elder y J.A. Chapman. 1983a. Evolution of chromosomal variation in cottontails, genus Sylvilagus

(Mammalia: Lagomorpha): S. aquaticus, S. floridanus and S. transitionalis. Cytogenet. Cell Genet., 35:216-222.

Robinson, T.J., F. Elder y J.A. Chapman. 1983b. Karyotypic conservatism in the genus Lepus (order Lagomorpha). Can. J. Genet. Cytol. 25: 540-544.

Robinson, T.J., F. Elder y J.A. Chapman. 1984. Evolution of chromosomal variation in cottontails, genus Sylvilagus (Mammalia: Lagomorpha). II Sylvilagus audubonii, Sylvilagus idahoensis, Sylvilagus nuttallii and Sylvilagus palustris. Cytogenet. Cell Genet., 38:282-289.

Schröder, J., J. Antoni y W. Van der Loo.1978a. Comparison of the karyotypes in the jack rabbit (Lepus californicus deserticola) and the european hare (Lepus europaeus). Hereditas, 89: 134-135.

Schröder, J., H. Suomalainen., W. Van der Loo y E. Schröder. 1978b. Karyotypes in lymphocytes of two strains of rabbit and two species of hare. Hereditas, 88:183-188.

Schröder, J., y W. Van der Loo. 1979. Comparison of karyotypes in three species of rabbit: Oryctolagus cuniculus, Sylvilagus nuttallii and Sylvilagus idahoensis. Hereditas, 91:27-30.

Stebbins, G.L. 1978. Procesos de la evolución orgánica. Ed. Prentice / Hall Internacional. España. pp.18-116.

Stock, A.D. 1976. Chromosome banding pattern relationships of

hare, rabbits, and pikas (Order Lagomorpha). A philetic interpretation. Cytogenet. Cell Genet., 17:78-88.

Uribe-Alcocer,M., S. Garcia-Rey y A. Laguarda-Figueras. 1975a. Estudios citogenèticos en Romerolagus diazi (Diaz). En Memorias de la II Reuniòn Nacional de la Sociedad Mexicana de Genètica. Publicado por la mesa directiva SMG y el Departamento de Genètica y Radiobiologia. INEN. pp. 280-299.

Uribe-Alcocer,M., S. Garcia-Rey y A. Laguarda-Figueras. 1975b. Chromosomes analysis of Romerolagus diazi (Diaz). Mamm. Chrom. Newsl., 16(3): 116-117.

Uribe-Alcocer,M. 1977. Estudios citogenèticos en algunas especies de roedores y lagomorfos de Mèxico. Tesis Doctoral. Fac. de Ciencias. U.N.A.M. pp. 135-147.

Uribe-Alcocer,M., L. Gòreña y F.A. Cervantes. El cariotipo de la liebre tropical (Lepus flavigularis). En revisiòn.

Van der Loo, W., M. Uribe-Alcocer y J. Schröder.1979. The giemsa-banded karyotype of Romerolagus diazi. Hereditas, 91:215-218.

Van der Loo, W., A. James y J. Schröder. 1981. Chromosome evolution in leporids. Proceeding of the World Lagomorph Conference. University of Guelph. Guelph, Ontario, Canadà. pp. 28-36.

Vaughan, T.A. 1972. Mammalogy. W.B. Sanders Company. U.S.A. pp.141-146.

Walker, E. 1975. Mammals of the world. 3a. ed. The John Hopkins University Press. London. 2: 650-661.

White, M.J.D. 1968. Models of speciation. Science, 159 (3819):1065-1070.

White, M.J.D. 1973a. Animal cytology and evolution. 3a ed. Cambridge University Press. London. pp. 198-784.

White, M.J.D. 1973b. The chromosomes. Chapman and Hall. 6a. ed. London. pp. 101-200.

Worthington, D.H. 1970. The karyotype of the brush rabbit, Sylvilagus bachmani. Mamm. Chrom. Newsl., 11(1):21-22.

Worthington, D.H., y Sutton, D.A. 1966. Chromosome number and analysis in three species of Leporidae. Mamm. Chrom. Newsl., 22:194.

Apèndice de Tablas y Figuras.

Relaciòn de Tablas.

Tabla 1.- Nùmero cromosòmico de las especies de lagomorfos de Mèxico.

Tabla 2.- Frecuencia del nùmero de cromosomas por mitosis observada en ejemplares de Sylvilagus floridanus y Sylvilagus cunicularius colectados en las cercanias de Parres, D.F.

Tabla 3.- Valores absolutos promedio de las longitudes de los brazos largos (q), brazos cortos (p), y la suma de ambos (q+p) de los pares cromosòmicos de ejemplares de Sylvilagus floridanus y Sylvilagus cunicularius, colectados en las cercanias de Parres, D.F. y su clasificaciòn.

Tabla 4.- Valores relativos promedio de las longitudes de los brazos largos (q) y cortos (p), y la suma de ambos (q+p) de los pares cromosòmicos de ejemplares de Sylvilagus floridanus y Sylvilagus cunicularius, colectados en las cercanias de Parres, D.F.

Tabla 5.- Número y clasificación de los cromosomas de Sylvilagus floridanus y Sylvilagus cunicularius, colectados en las cercanías de Parres, D.F.; Sylvilagus graysoni de las Islas Marías, Nayarit y Sylvilagus floridanus de Estados Unidos de América, según la clasificación de Levan et al. (1964), modificada por Holden y Eabry (1970) y Diersing y Wilson (1980).

Relación de Figuras.

Figura 1.- Distribución geográfica de Sylvilagus floridanus (en México), Sylvilagus cunicularius y Sylvilagus graysoni (Hall, 1981).

Figura 2.- Distribución de frecuencias del número de cromosomas por mitosis observada en Sylvilagus floridanus de las cercanías de Parres, D.F.

Figura 3. Cariotipo de Sylvilagus floridanus hembra, de las cercanías de Parres, D.F.

Figura 4. Cariotipo de Sylvilagus floridanus macho de las cecanías de Parres, D.F.

Figura 5.- Idiograma de Sylvilagus floridanus de las cercanías de Parres, D.F.

Figura 6.- Distribución de frecuencias del número de cromosomas por mitosis observada en Sylvilagus cunicularius de las cercanías de Parres, D.F.

Figura 7. Cariotipo de Sylvilagus cunicularius de las cercanías de Parres, D.F.

Figura 8.- Idiograma de Sylvilagus cunicularius de las cercanías de Parres, D.F.

Especies de lagomorfos en México (Hall, 1981; Leopold, 1977).	No. cromosômico diploide, y su referencia.	
Lepus alleni	48	Hsu y Benirsche, 1967.
Lepus californicus	48	Worthington y Sutton, 1966.
Lepus flavigularis	48	Uribe et al., en revisión.
Sylvilagus audubonii	42	Robinson et al., 1984.
Sylvilagus bachmani	48	Stock, 1976. Worthington, 1970.
Sylvilagus brasiliensis	36	Gûreña et al., 1983.
Sylvilagus cunicularius	42	Presente estudio.
Sylvilagus floridanus	42	Holden y Eabry, 1970.
Sylvilagus graysoni	42	Diersing y Wilson, 1980.
Romerolagus diazi	48	Robinson et al., 1981. Uribe - Alcocer et al., 1975a, 1975b. Uribe - Alcocer, (1977). Van der Loo et al., 1979.
Lepus callotis	No se conoce	
Lepus insularis	No se conoce	
Sylvilagus insonus	No se conoce	
Sylvilagus mansuetus	No se conoce	

Tabla 1.- Número cromosômico de las especies de lagomorfos de México .

Número de cromosomas por mitosis	Sylvilagus floridanus				Sylvilagus cunicularius		
	Macho	Hembra	Hembra	TOTAL	Hembra	Hembra	TOTAL
30	3	1	1	5	-	4	4
31	3	-	-	3	-	1	1
32	6	1	1	8	1	-	1
33	2	-	1	3	-	-	-
34	5	-	-	5	-	1	1
35	1	3	2	6	1	-	1
36	7	2	1	10	-	1	1
37	1	2	1	4	1	2	3
38	9	10	4	23	-	-	-
39	4	5	2	11	3	-	3
40	20	18	8	46	2	1	3
41	14	17	2	33	2	1	3
42	89	93	8	190	18	10	28
43	1	3	-	4	-	-	-
44	1	1	-	2	1	-	1
TOTAL	166	156	31	353	29	21	50

Tabla 2.- Frecuencia del número de cromosomas por mitosis observada en ejemplares de Sylvilagus floridanus y Sylvilagus cunicularius colectados en las cercanías de Parres, D.F.

Número de par	Sylvilagus floridanus								Sylvilagus cunicularius							
	$\bar{q}$	$S\bar{q}$	$\bar{p}$	$S\bar{p}$	$S\bar{q}+\bar{p}$	$\bar{q}/\bar{p}$	Clasif. (1)	Clasif. (2)	$\bar{q}$	$S\bar{q}$	$\bar{p}$	$S\bar{p}$	$S\bar{q}+\bar{p}$	$\bar{q}/\bar{p}$	Clasif. (1)	Clasif. (2)
1	0.60	0.15	0.48	0.10	0.23	1.29	a	a	0.60	0.22	0.53	0.16	0.35	1.16	a	a
2	0.51	0.11	0.43	0.10	0.18	1.22	a	a	0.54	0.16	0.41	0.16	0.28	1.45	a	a
3	0.45	0.12	0.33	0.08	0.19	1.41	a	a	0.46	0.12	0.35	0.12	0.21	1.38	a	a
4	0.34	0.07	0.27	0.07	0.13	1.31	a	a	0.45	0.15	0.32	0.10	0.23	1.41	a	a
5	0.32	0.09	0.25	0.08	0.16	1.37	a	a	0.39	0.09	0.29	0.06	0.14	1.34	a	a
6	0.33	0.08	0.21	0.04	0.10	1.64	a	a	0.34	0.08	0.26	0.06	0.12	1.39	a	a
7	0.31	0.08	0.20	0.07	0.13	1.67	a	a	0.27	0.06	0.21	0.05	0.10	1.32	a	a
8	0.26	0.07	0.21	0.05	0.11	1.23	a	a	0.27	0.08	0.17	0.03	0.11	1.60	a	a
9	0.27	0.06	0.19	0.07	0.11	1.56	a	a	0.61	0.15	0.28	0.08	0.20	2.27	sa	sa
10	0.25	0.07	0.17	0.05	0.10	1.59	a	a	0.57	0.12	0.24	0.08	0.16	2.52	sa	sa
11	0.65	0.15	0.27	0.08	0.19	2.57	sa	sa	0.47	0.11	0.24	0.09	0.16	2.15	sa	sa
12	0.55	0.11	0.22	0.08	0.13	2.82	sa	sa	0.47	0.17	0.20	0.05	0.19	2.33	sa	sa
13	0.48	0.13	0.24	0.07	0.16	2.25	sa	sa	0.41	0.13	0.19	0.07	0.18	2.44	sa	sa
14	0.42	0.11	0.20	0.07	0.13	2.23	sa	sa	0.37	0.10	0.21	0.06	0.11	1.93	sa	sa
15	0.41	0.12	0.20	0.05	0.15	2.16	sa	sa	0.37	0.11	0.19	0.06	0.14	2.17	sa	sa
16	0.26	0.09	0.15	0.04	0.13	1.96	sa	sa	0.29	0.11	0.18	0.05	0.15	1.71	sa	sa
17	0.90	0.20	0.23	0.07	0.22	4.13	acr	st	0.25	0.10	0.15	0.05	0.14	1.73	sa	sa
18	0.78	0.16	0.23	0.05	0.17	3.51	acr	st	0.98	0.25	0.23	0.06	0.27	4.51	acr	st
19	0.73	0.18	0.18	0.04	0.20	4.24	acr	st	0.77	0.25	0.25	0.08	0.29	3.27	acr	st
20	0.45	0.16	0.15	0.04	0.18	3.14	acr	st	0.72	0.15	0.25	0.09	0.20	3.25	acr	st
									0.63	0.26	0.21	0.07	0.31	3.05	acr	st
$\bar{X}$	0.51	0.08	0.31	0.06	0.11	1.67	a	a								
Y	0.13	0.04	0.10	0.01	0.04	1.36	a	a								

Tabla 3.- Valores absolutos promedio de las longitudes de los brazos largos (q), brazos cortos (p), y la suma de ambos (q+p) de los pares cromosómicos de ejemplares de Sylvilagus floridanus y Sylvilagus cunicularius, colectados en las cercanías de Parres, D.F. y su clasificación.

S= desviación estándar
$\bar{p}$= promedio de brazos cromosómicos largos
$\bar{q}$= promedio de brazos cromosómicos cortos

a= metacéntrico
sa= submetacéntrico
acr= acrocéntrico

(1) Modificación a la clasificación de Levan et al. (1964), según el criterio de Holden y Eabry (1970) y Diersing y Wilson (1980).
(2) Clasificación de Levan et al. (1964).

Número de par	Sylvilagus floridanus			Sylvilagus cunicularius		
	$\overline{q}$	$\overline{p}$	$\overline{q+p}$	$\overline{q}$	$\overline{p}$	$\overline{q+p}$
1	4.07	3.26	7.33	3.85	3.40	7.25
2	3.46	2.92	6.38	3.47	2.63	6.10
3	3.05	2.24	5.29	2.95	2.25	5.20
4	2.31	1.83	4.14	2.89	2.05	4.94
5	2.17	1.70	3.87	2.50	4.86	4.36
6	2.24	1.42	3.66	2.18	1.67	3.85
7	2.10	1.36	3.46	1.73	1.35	3.08
8	1.76	1.42	3.18	1.73	1.09	2.82
9	1.83	1.29	3.12	3.92	1.80	5.72
10	1.70	1.15	2.85	3.66	1.54	5.20
11	4.41	1.83	6.24	3.02	1.54	4.56
12	3.73	1.49	5.22	3.02	1.28	4.30
13	3.26	1.63	4.89	2.63	1.22	3.85
14	2.85	1.36	4.21	2.38	1.35	3.73
15	2.78	1.36	4.14	2.38	1.22	3.60
16	1.76	1.02	2.78	1.86	1.16	3.02
17	6.11	1.56	7.67	1.61	0.96	2.57
18	5.29	1.56	6.85	6.29	1.48	7.77
19	4.95	1.22	6.17	4.94	1.61	6.55
20	3.05	1.02	4.07	4.62	1.61	6.23
				4.04	1.35	5.39
X	3.46	2.10	5.56			
Y	0.88	0.68	1.56			

Tabla 4.- Valores relativos promedio de las longitudes de los brazos largos(q) y cortos(p), y la suma de ambos (q+p) de los pares cromosómicos de ejemplares de Sylvilagus floridanus y Sylvilagus cunicularius, colectados en las cercanías de Parres, D. F.

$\overline{q}$= promedio de brazos cromosómicos largos
$\overline{p}$= promedio de brazos cromosómicos cortos

Especie / Posición del centrómero	*Sylvilagus floridanus* E.U.A.		*Sylvilagus floridanus* Parres, D.F.		*Sylvilagus cunicularius* Parres, D.F.		*Sylvilagus graysoni* Islas Marías	
	Autosomas	Cromosomas sexuales	Autosomas	Cromosomas sexuales	Autosomas	Cromosomas sexuales	Autosomas	Cromosomas sexuales
Metacéntrico	6		10	X,Y	8		4	
Subacrocéntrico	11	X	6		9		11	
Acrocéntrico	3	Y	4		4		5	X,Y
Número de cromosomas	42		42		42		42	

Tabla 5.- Número y clasificación de los cromosomas de *Sylvilagus floridanus* y *Sylvilagus cunicularius*, colectados en las cercanías de Parres, D.F.; *Sylvilagus graysoni* de las Islas Marías, Nayarit, y *Sylvilagus floridanus* de Estados Unidos de América, según la clasificación de Levan *et al.* (1964), modificada por Holden y Eabry (1970) y Diersing y Wilson (1980).

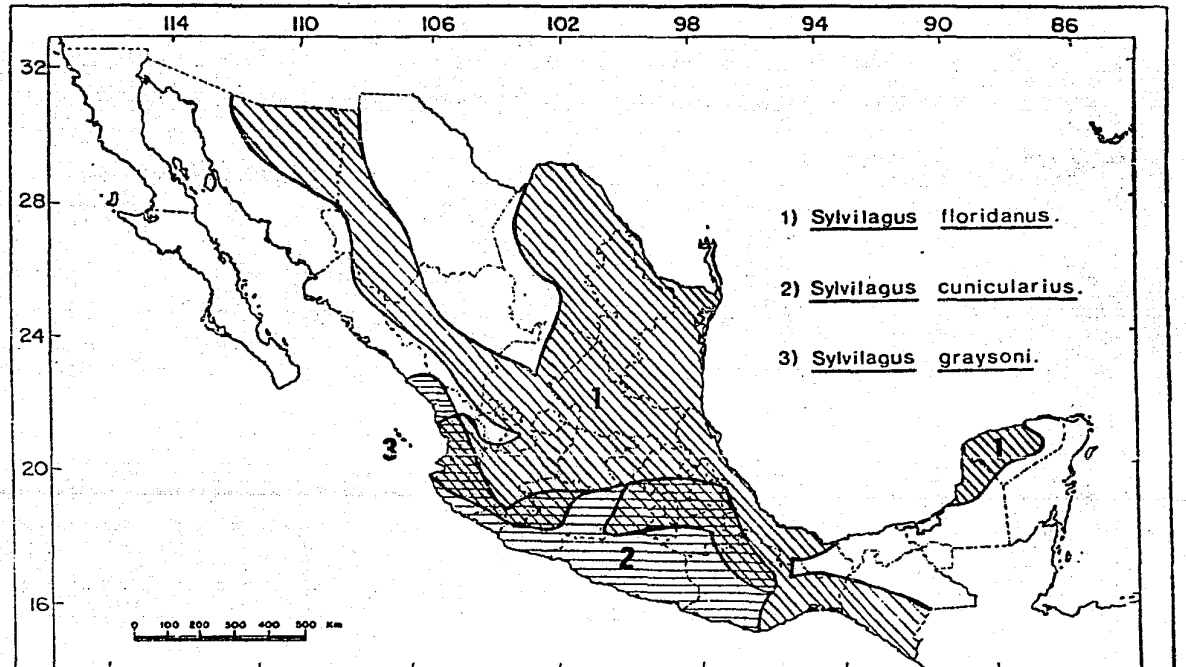
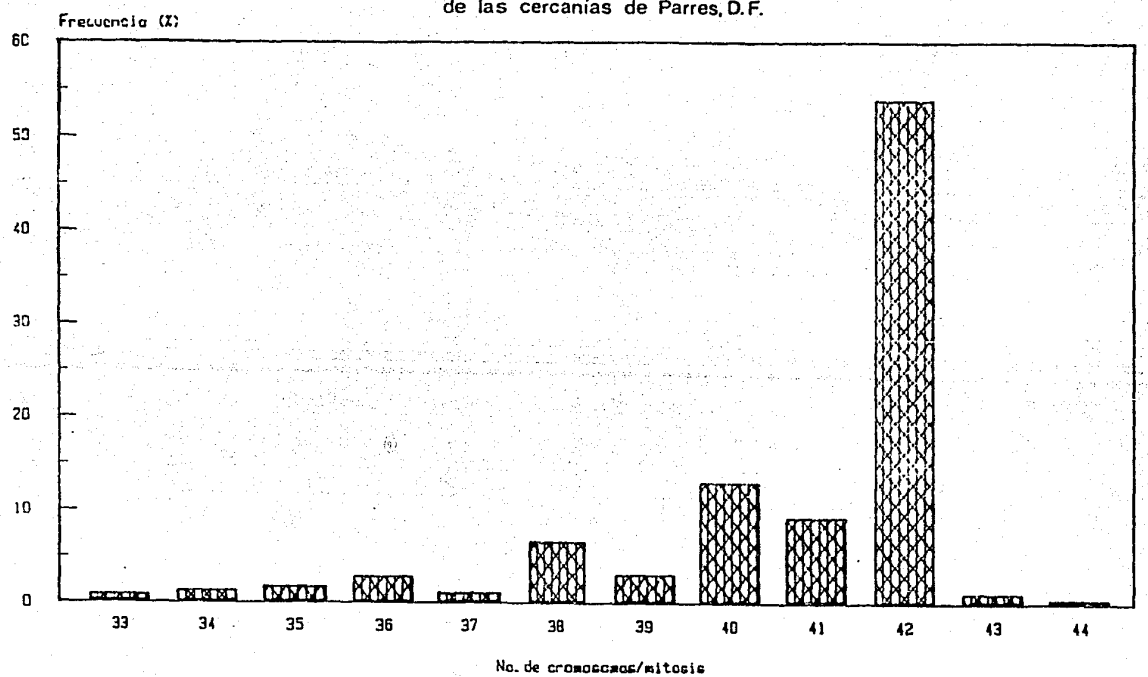


Figura 1.- DISTRIBUCION GEOGRAFICA DE Sylvilagus floridanus (EN MEXICO), Sylvilagus cunicularius Y Sylvilagus graysoni [HALL, 1981].

Figura 2.- Distribución de frecuencias del número de cromosomas por mitosis observada en *Sylvilagus floridanus* de las cercanías de Parres, D.F.



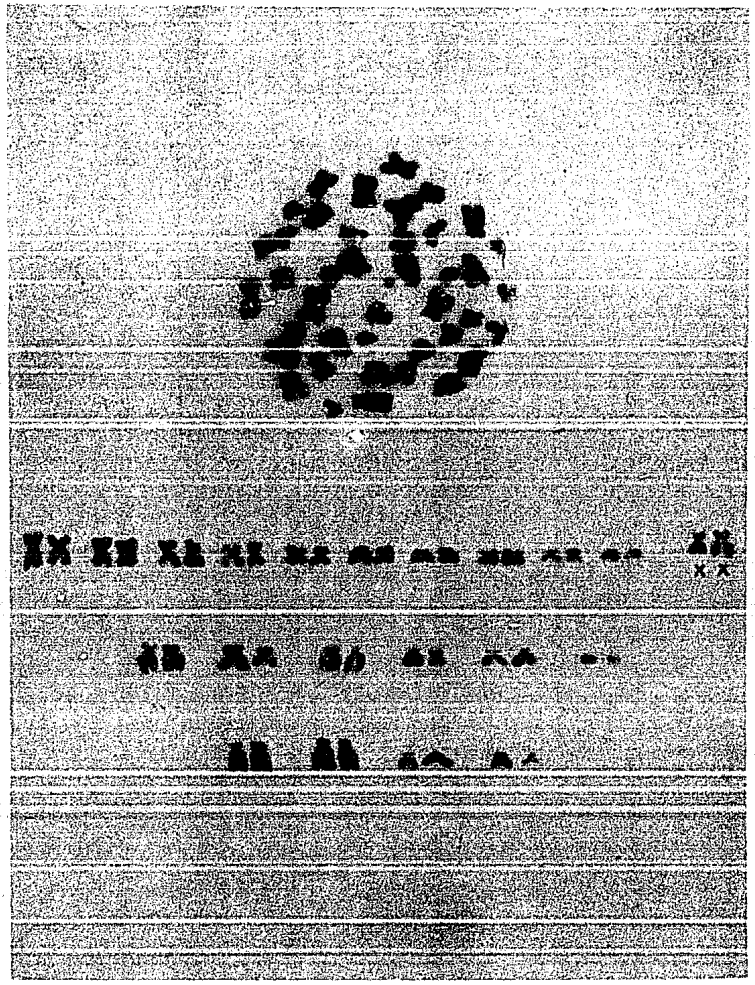


Figura 3. Cariotipo de *Sylvilagus floridanus* hembra, de las cercanías de Parres, D.F.

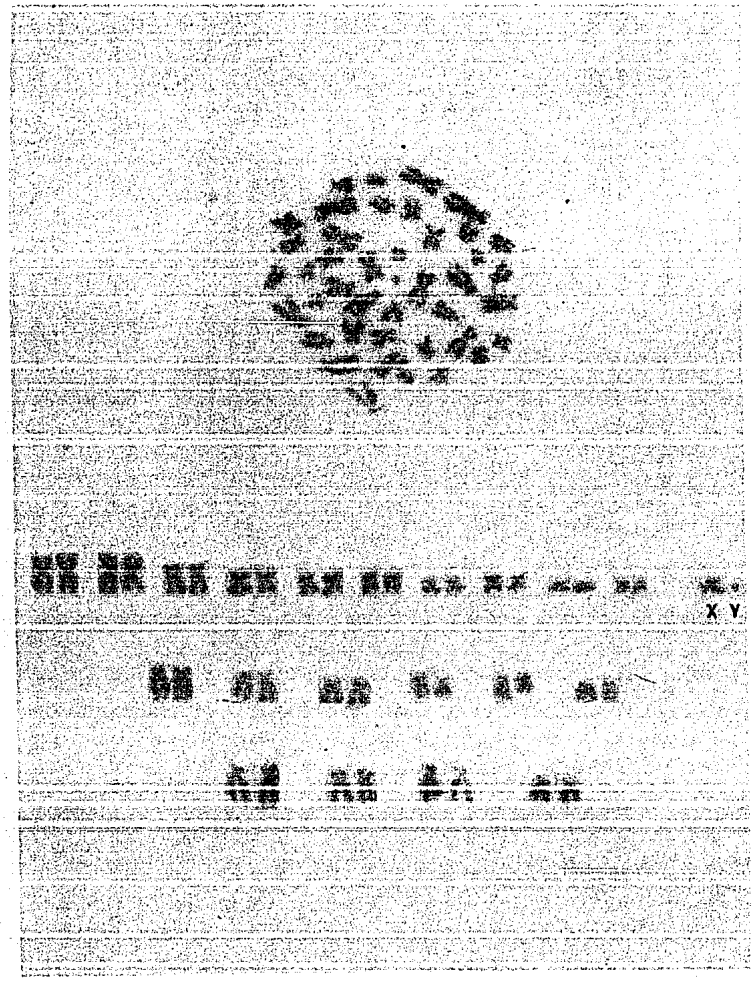


Figura 4. Cariotipo de *Sylvilagus floridanus* macho, de las cercanías de Parres, D.F.

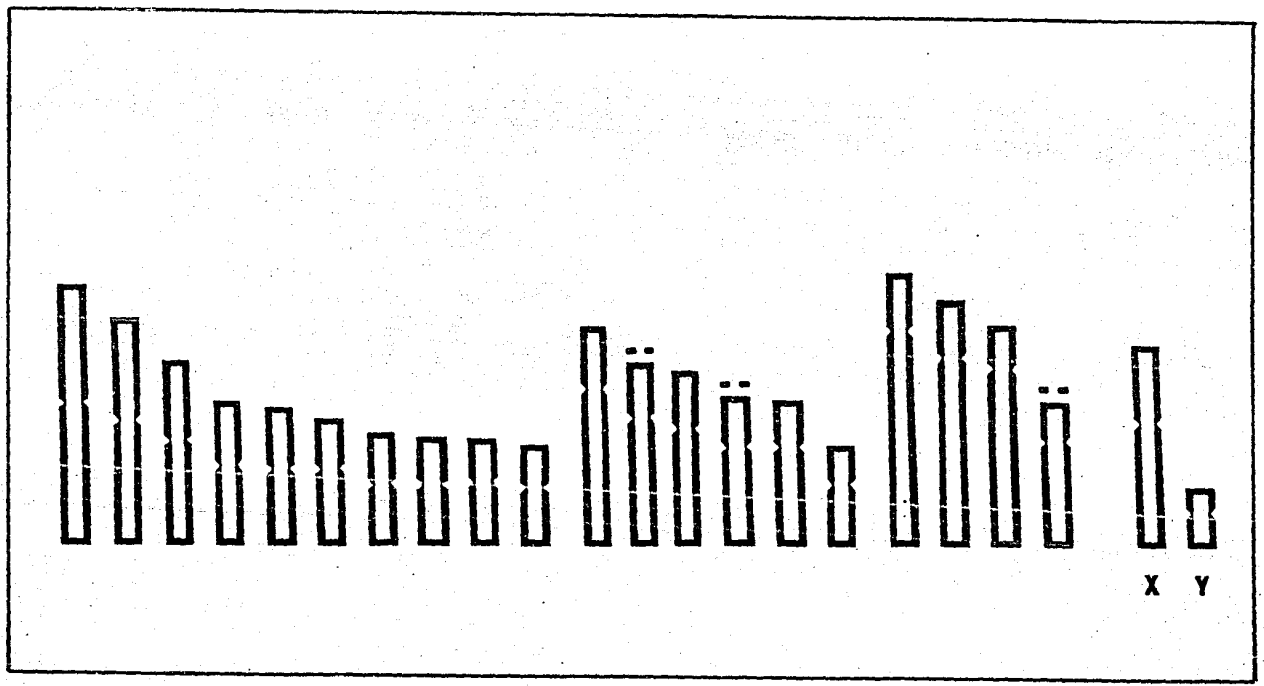
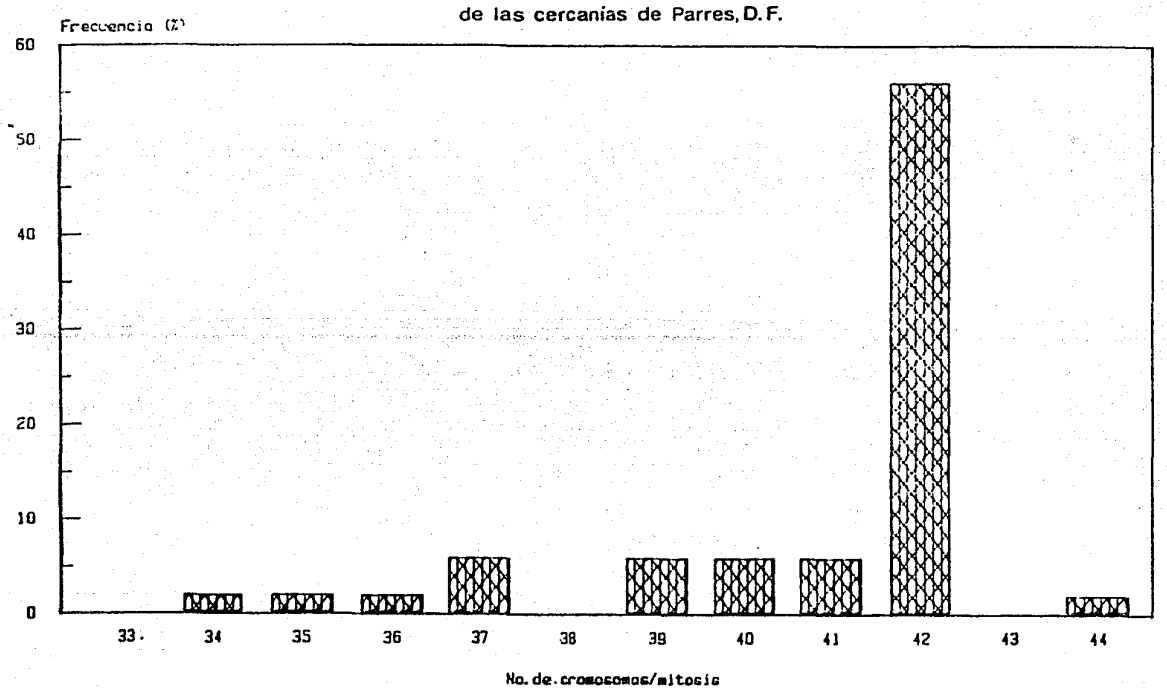


Figura 5.- Idiograma de Sylvilagus floridanus.

de las cercanias de Parres, D.F.

Figura 6.- Distribución de frecuencias del número de cromosomas por mitosis observada en *Sylvilagus cunicularius* de las cercanías de Parres, D.F.



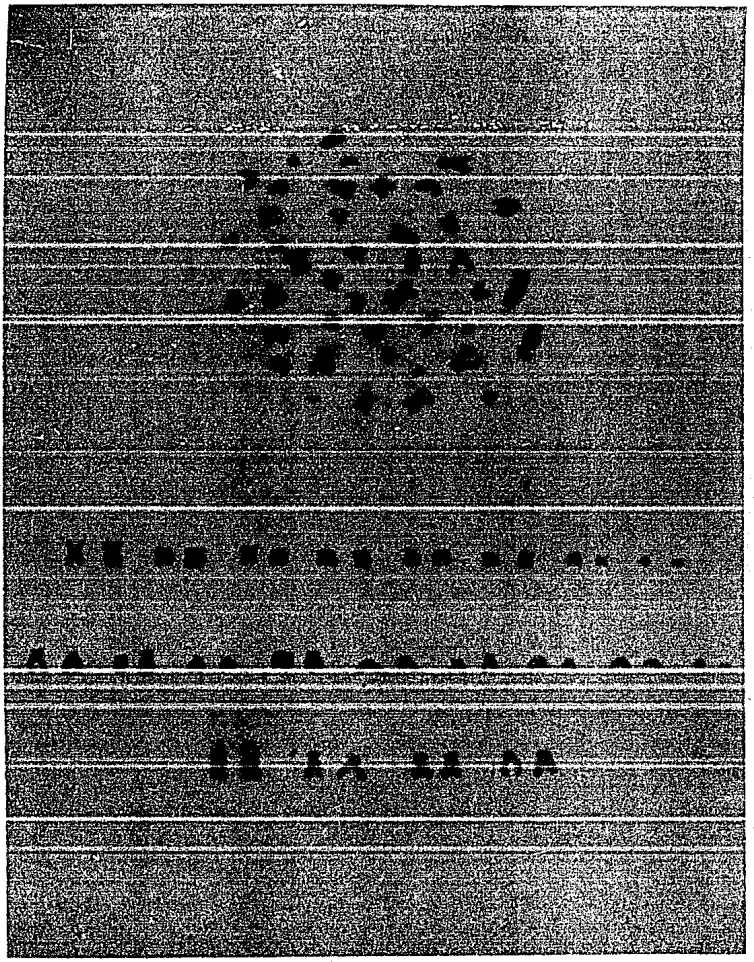


Figura 7. Cariotipo de Sylvilagus cunicularius de las cercanías de Parres, D.F.

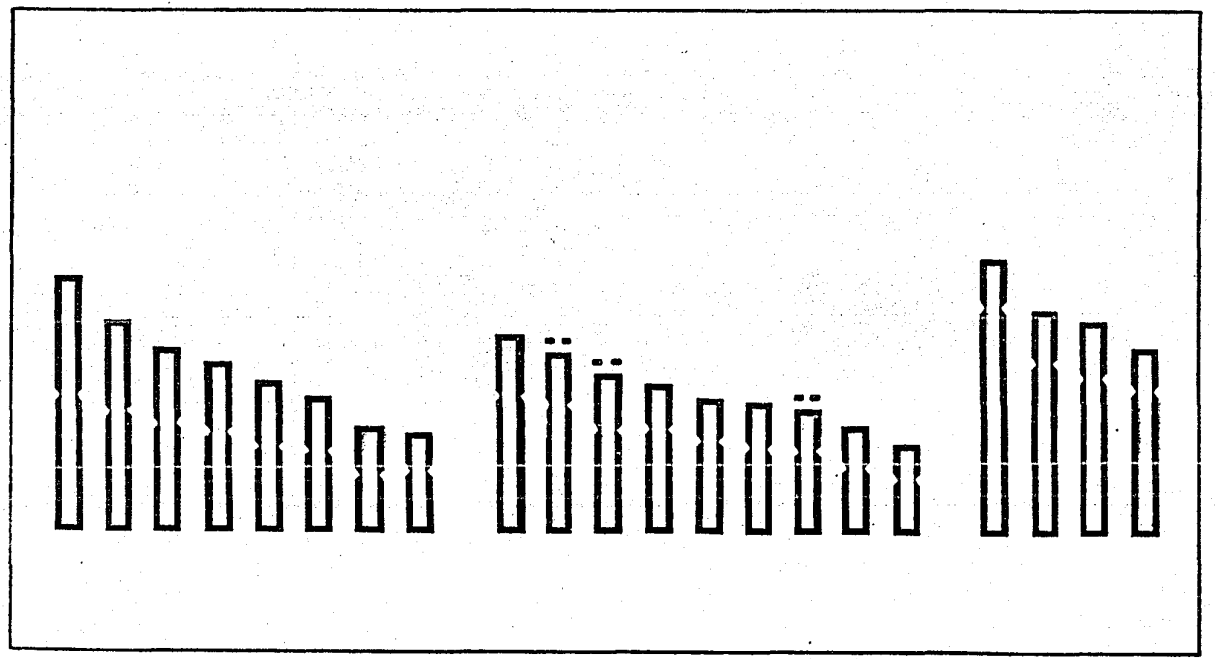


Figura 8.- Idiograma de *Sylvilagus cunicularius*.

de las cercanías de Parres, D.F.

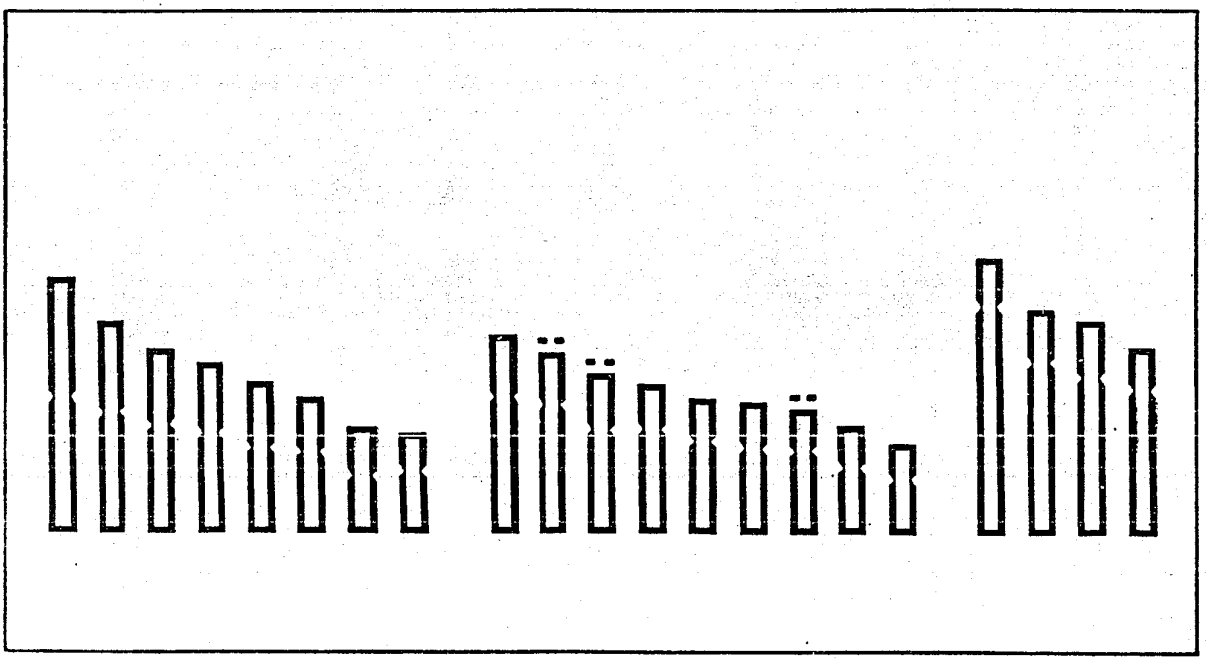


Figura 8.- Idiograma de *Sylvilagus cunicularius*.

de las cercanías de Parres, D.F.