

UNIVERSIDAD NACIONAL AUTONOMA DE MEXICO

FACULTAD DE CIENCIAS

ESTUDIO CITOGENETICO DE LA ARDILLA TERRESTRE
Spermophilus adocetus (SCIURIDAE, RODENTIA)

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

REBECA DEL ROCIO DE LARA VASAVILBASO



Universidad Nacional
Autónoma de México



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

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

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

A mi madre:

Sra. Adriana Vasavilbaso por haberme dado la sangre, por haberme dado su vida.

A José Antonio;

Las muchas aguas no podrán apagar
el amor, ni lo ahogarán los ríos.

A mi padrino:

Sr. Enrique Rodríguez Zamacois

por su apoyo y estímulo.

A la memoria de mis abuelitos:

Dr. Juan N. Vasavilbaso Barrera,

Sra. Isabel Ochoa de Vasavilbaso.

A mis amigos.

AGRADECIMIENTOS

Al M. en C. Manuel Uribe Alcocer con agradecimiento y admiración por sus atinados consejos en la dirección del presente trabajo.

Al Dr. Alfredo Laguarda Figueras por haberme permitido llevar a cabo la parte técnica de esta tesis en el Laboratorio de Genética del Centro de Ciencias del Mar y Limnología, Institución a su digno cargo.

A los Sres. sinodales por sus atinadas y valiosas sugerencias en la revisión:

Dr. Alfredo Laguarda Figueras

Dr. José Miguel Betancourt Rule

M. en C. Aurora Chimal Hernández

M. en C. Irene González Villaseñor

A todas aquellas personas que con su cooperación hicieron posible la realización de este trabajo.

INDICE

	Pág.
INTRODUCCION.....	1
OBJETIVO.....	19
MATERIAL Y METODO.....	20
RESULTADOS.....	30
DISCUSION.....	38
BIBLIOGRAFIA.....	45

INTRODUCCION

La incorporación e interpretación de los datos sobre las distintas especies animales y vegetales que habitan el territorio nacional es importante para llegar a conocer su historia, su estructura y su función en el complejo mundo de los seres vivos; para vislumbrar su futuro, así como para conocer las relaciones existentes con nuestra propia especie; particularmente importa la obtención de aquellos datos que, por condiciones ambientales o de otro tipo, pudiera no ser posible de obtener en el futuro. Uno de estos datos es la estructura cariotípica de una especie.

La estructura cariotípica es estudiada por la rama de la Genética llamada Citogenética. Esta tiene por objeto el estudio de las estructuras celulares y los eventos citológicos que intervienen en la transmisión de la información hereditaria. Uno de los eventos

más evidentes de esta transmisión es la mitosis, en una de cuyas etapas aparecen los cromosomas metafásicos, estructuras formadas por material genético superespiralizado situado a uno o a ambos lados de la región centromérica. Esta región contiene material de estructura molecular adecuada para duplicarse y unirse a las microfibrillas del huso acromático y emigrar con su concurso a los polos de la célula.

El número de pares cromosómicos, así como su estructura y tamaño, son caracteres particularmente estables de las poblaciones pertenecientes a una misma especie. El conjunto de cromosomas, denominado también complemento cromosómico, al igual que los demás rasgos fenotípicos, se ha modificado gradualmente durante el transcurso de la evolución por el influjo de las presiones selectivas encontradas en el medio ambiente; y es posible, de encontrarse una serie secuencial de cariotipos adecuada, conocer los mecanismos específicos que han operado en la evolución del complemento cromosómico de un grupo particular (Nadler, 1969; Wahrman, 1969).

Es difícil poder determinar cuáles sean las ventajas adaptativas que pudiera ofrecer un cariotipo particular. White (1954), en estudios realizados en ortópteros australianos, determinó que algunos rearrreglos cromosómicos alteraban la frecuencia de quiasmas.

Se puede pensar que los cromosomas, constituídos por los genes que portan en grupos de ligamento, hayan llegado a formar combinaciones génicas cuyas interrelaciones resulten benéficas al organismo portador de ellas, resultando así la formación de los supergenes. Sin embargo, es necesario en primer lugar, conocer cuáles son los genes que forman el supergene anteriormente mencionado y, en segundo lugar, cuáles son las interrelaciones existentes entre los componentes de un supergene.

En la estructura del supergene parece no haber necesidad del ligamiento de todos los genes necesarios para la realización de reacciones consecutivas de alguna cadena metabólica, como se puede sospechar por el hecho de que la δ fosfogluconato deshidrogenasa y la glucosa δ fosfato deshidrogenasa sean heredadas, la primera autosómicamente y la segunda ligada al sexo. Esto indica que los genes que especifican estas reacciones subsecuentes no están contiguos.

La existencia de un supergene podría mantener la integridad de las combinaciones que confirieran ventajas adaptativas. Los entrecruzamientos cromosómicos, que se llevan a cabo en la meiosis o en algunos casos durante la mitosis, no alterarían estas combinaciones puesto que se reducen en último término a un mero intercambio--

de genes que ocuparan los mismos loci cromosómicos, cuya función estuviera relacionada con un rasgo fenotípico específico (Mettler y Gregg, 1972).

Una evidente ventaja de la existencia de los cromosomas es la simplificación de la mecánica de la división celular proporcionada por la presencia de los organelos constituidos por material superespiralizado. Fácilmente se puede visualizar la dificultad que entrañaría una segregación armónica y ordenada, si las fibras de material genético se encontraran dispersas en la célula en el momento de la división celular. La existencia de los cromosomas contribuye asimismo a la variabilidad genética, al constituir entidades susceptibles de segregación independiente y fortuita durante la meiosis. Se producen así gametos con contenido genético diferente, lo que origina una gama de combinaciones prácticamente ilimitadas que permite a las poblaciones de una especie dada, presentar una gama de fenotipos muy amplia a las presiones selectivas del medio ambiente. Los cromosomas, de esta manera, contribuyen a la adecuación de una especie a su medio ambiente, es decir, a su evolución, a través de la variabilidad genética.

Cuando en el curso de la adaptación de las poblaciones a su

medio ambiente, algunas de éstas llegan a divergir de otras, pueden originarse fenómenos de aislamiento. En estos fenómenos, al impedirse la separación de los genes que tengan papel importante en la adaptación a un medio ambiente específico, o a la introducción de genes no seleccionados por un hábitat, se contribuye a la adaptabilidad de las especies.

Entre los principales modelos de especiación existentes se encuentran el simpátrico, alopátrico y estasiopátrico.

El modelo simpátrico supone que, a partir de una población ancestral, surgen dos poblaciones que divergen evolutivamente sin que exista entre ellas una separación espacial. Mayr (1969), considera -- este tipo de especiación improbable, ya que la contiguidad de las poblaciones permite el flujo génico y contribuye a la homogeneización de dichas poblaciones y no a su divergencia.

Según varios autores, la formación de especies simpátricas comienza cuando individuos con diferentes fenotipos prefieren distintos subnichos en la misma región geográfica; a medida que cada -- fenotipo limite sus actividades al subnicho que escogió, surgirán subpoblaciones que se encuentran físicamente separadas de las demás: -

esta separación tiene base genética. A este tipo de aislamiento se le conoce como ecológico, ambiental o de hábitat (Mettler y Gregg, 1972).

El modelo más aceptado es el alopátrico, según el cual una población ancestral es separada espacialmente por una barrera de tipo geográfico, o en algunas ocasiones, por una barrera de tipo ecológico como la existencia de dos tipos diferentes de suelo, con lo que se originan dos poblaciones. Estas, al ir acumulando características genéticas de naturaleza adaptativa principalmente y al suspenderse el flujo genético entre ellas, van divirgiendo gradualmente hasta llegar al punto en que se establece un aislamiento reproductivo irreversible.

El modelo estasiopátrico fue propuesto por White (1968) y consiste en la extensión progresiva de un rearreglo cromosómico, que confiere ventajas adaptativas a sus portadores, ya sea a partir de un punto central o de un punto periférico del ámbito de distribución de la especie ancestral, existiendo una zona muy limitada de hibridación entre los miembros portadores del cariotipo de especiación a organismos de reducida movilidad, lo cual lo reduce a la especiación alopátrica, puesto que las poblaciones que viven dentro del ámbito de distribución pueden considerarse aisladas al no existir prácticamente flujo genético

entre ellas.

Los cromosomas tienen un papel importante en algunos mecanismos de aislamiento, de los cuales el más importante en la etapa inicial de la especiación, es el aislamiento espacial de las poblaciones, originado por la presencia de barreras geográficas de diferente naturaleza: cadenas montañosas, ríos, océanos, etc., que impiden el flujo genético entre las poblaciones. Al mismo tiempo que se produce este aislamiento espacial, se puede ir estableciendo el aislamiento genético en una o varias de las siguientes modalidades, que impiden la fecundación o la viabilidad del producto de cruza entre miembros de las dos poblaciones divergentes:

- Ecológica o de Hábitat: las poblaciones viven en la misma región, pero ocupan diferentes lugares de hábitat;
- Estacional o temporal: las poblaciones viven en las mismas regiones, pero maduran sexualmente en diferentes épocas del año;
- Etológica: las poblaciones se aíslan por diferencias e incompatibilidades conductuales, lo que evita el apareamiento;

- Mecánica: el cruzamiento es impedido o restringido por diferencias de estructura en los órganos de la reproducción;
- Fisiológica: los gametos no sobreviven en los órganos reproductores de la hembra.

En otros casos, la unión puede existir, pero subsiste el aislamiento genético por alguna de las siguientes causas:

- Inviabilidad o debilidad del cigoto híbrido;
- Esterilidad del híbrido que no alcanza la madurez sexual;
- Esterilidad de los gametos que produce un híbrido;
- Esterilidad o inviabilidad de los descendientes del híbrido.

Cuando el proceso de especiación ha llegado a su término en dos poblaciones, generalmente el aislamiento reproductivo se ha establecido simultáneamente, con algún cambio morfológico.

Alguno de estos cambios morfológicos pueden influir directamente en el aislamiento reproductivo; entre ellos podemos mencionar las modificaciones que sufren las placas genitales de algunos grupos--

de insectos en el transcurso de la evolución, que impiden mecánicamente el cruzamiento de dos individuos pertenecientes a grupos distintos.

Los rearrreglos en los complementos cromosómicos son cambios morfológicos muy importantes en el proceso de especiación y pueden originarse en distintas modalidades (Hsu y Mead, 1969):

- a) Inversiones pericéntricas que ocurren en la porción -- media del cromosoma, en la que se encuentra el centrómero, y que podrían alterar la posición de este último dentro del cromosoma dando lugar a un cromosoma del mismo tamaño pero de diferente estructura que el cromosoma original.
- b) Inversiones paracéntricas que se producen por fracturas en un solo brazo del cromosoma sin la intervención del centrómero y que originarían un cromosoma con el mismo tamaño y estructura del cromosoma original, -- pero se alteraría la posición de los loci presentes en el segmento invertido.
- c) Translocaciones recíprocas que consisten en el inter--

cambio de ciertos segmentos entre un par de cromosomas.

- d) Translocaciones, en las cuales un fragmento de un cromosoma se adhiere a otro cromosoma.

En ambas, se alteraría la forma y tamaño del cromosoma original.

- e) Duplicaciones en las que un cromosoma duplica alguno de sus fragmentos y lo incorpora a su propia estructura.
- f) Deficiencias o deleciones que consisten en la pérdida de un fragmento acéntrico de uno de los brazos de un cromosoma.

Procesos Robertsonianos que pueden ser de dos tipos.

- g) Fusiones céntricas en las que los cromosomas con centrómero en posición terminal se fusionan para producir uno solo, con la pérdida consiguiente de la porción céntrica de uno de ellos, dando por resultado la dismi-

nución del número diploide, y

- h) Fisiones céntricas en las que un cromosoma birrámeo se divide en dos, probablemente por la región centromérica, originando dos cromosomas monorrámeos; este fenómeno da por resultado el aumento del número diploide.

La ocurrencia de estos eventos en células germinales, puede causar un efecto drástico en la formación de los gametos, ya que, a consecuencia de una inversión pericéntrica, si existe un entrecruzamiento en un rizo resultante del apareamiento durante la primera profase meiótica entre fragmentos invertidos y fragmentos no invertidos, se pueden obtener cromosomas desbalanceados, algunos de los cuales poseen regiones duplicadas y otros que carezcan de las mismas. Los portadores de este tipo de inversión serán semiestériles respecto a los miembros de la población original.

Parece que los fenómenos robertsonianos no interfieren en la correcta formación de los gametos, puesto que no presentan dificultades para la sinapsis de cromosomas homólogos, ya que un cromosoma birrámeo se puede aparear perfectamente con los cromoso-

mas monorrámeos homólogos a cada uno de sus brazos, y los gametos están balanceados. Aunados a la aparición de inversiones pericéntricas o paracéntricas, pueden contribuir a formar la extensa gama presentada por los cariotipos de los mamíferos.

Si un individuo portador de una inversión peri o paracéntrica, en estado heterocigoto, tiene un 50% (0.5) de fecundidad con respecto a los individuos no portadores de la inversión, la presencia de 2, 3, inversiones tendrá $(0.5)^2$, $(0.5)^3$, $(0.5)^n$ de fecundidad. Si existen cuatro inversiones, únicamente el 6% de los gametos serán balanceados. Debido a esto, la fertilidad de este individuo con respecto a individuos de poblaciones no afectadas por las inversiones, ha sido abatida drásticamente, por lo que se puede hablar entonces de un aislamiento genético que contribuye a la especiación de las poblaciones.

Si la ocurrencia de las inversiones antes mencionadas, se diera en un organismo perteneciente a una población con características especiales que le permitieran establecer en su seno dicha mutación, tales como número reducido de miembros de la comunidad en estado reproductivo, flujo genético escaso con otras poblaciones cer-

canas, fuerte endogamia, etc., y si tal mutación fuera acompañada de caracteres que permitieran una mejor adaptación al medio ambiente, puede esperarse que su frecuencia aumente en la población, hasta llegar a desplazar el cariotipo primitivo. Por lo tanto, la presencia de inversiones no reduciría la fertilidad en el seno de dicha población; sin embargo, sí representaría un mecanismo de aislamiento de los miembros de dicha población con respecto a miembros de otras poblaciones.

El aumento de la frecuencia de un cariotipo portador de un rearreglo pudiera deberse a causas distintas en las que no fueran determinantes ventajas adaptativas, sino el azar. Esto es conocido como deriva génica.

La deriva génica disminuye la variación hereditaria en las poblaciones, pues implica fluctuaciones fortuitas en las frecuencias de los alelos debidas a error en la elección de muestras, y existe una tendencia a la fijación de un alelo u otro, especialmente en poblaciones muy pequeñas. Mettler y Gregg (1972) consideran que este agente siempre está presente y es innegable en todas las poblaciones.

Como la deriva génica es un proceso sin orientación bioló-

gica, aún los partidarios de que es un factor importante de la evolución, aceptan que únicamente es un adjunto de la selección natural.

Los seres vivos al evolucionar, modifican simultáneamente varios caracteres fenotípicos de tal manera que su evolución puede rastrearse utilizando cualquiera de estos rasgos.

La evolución de las ardillas terrestres, objeto del presente estudio, puede ser detectada a través de varios rasgos morfológicos. Uno de ellos es el número y forma de sus cromosomas metafásicos. Existen otros caracteres morfológicos a través de los cuales ha sido posible establecer relaciones de parentesco entre las distintas especies que forman este género. Estas han sido agrupadas en las entidades de rango subgenérico siguientes: Otospermophilus, Callospermophilus, Xerospermophilus, Poliocitellus, Spermophilus e Ictidomys.

La especie en estudio, Spermophilus adocetus, pertenece al subgénero Otospermophilus junto con S. annulatus, S. beecheyi, S. atricapillus y S. variegatus.

La especie fue primero descrita por Merriam en 1903 y fue incluida dentro del subgénero Notocitellus, junto con la especie Spermophilus annulatus, por Howell (1938). Bryant puso el nombre Noto-

citellus en sinonimia con Otospermophilus.

Los "cuiniquis" son ardillas pequeñas, cuya cola es menor que la cabeza y el cuerpo juntos y que poseen orejas de tamaño regular. La longitud de la cabeza y el cuerpo oscila entre 15 y 40 cm; la longitud de la cola oscila entre 4 y 25 cm y el peso del cuerpo de los adultos varía entre 85 y 100 gr.

La base del pelo que cubre las partes superiores del cuerpo es de color gris negro con las puntas de color crema; las partes laterales de la cabeza y del cuello presentan una coloración ocre y la región ventral del cuerpo es un poco más oscura.

Las patas anteriores están armadas con uñas fuertes, puesto que son animales cavadores; las uñas de las patas posteriores no son tan fuertes, aunque su longitud sea casi la misma; la superficie plantar es lisa desnuda y provista de epitelio grueso (cojinetes), puesto que las ardillas son animales plantígrafos.

La distribución de las ardillas de tierra pertenecientes a la especie Spermophilus adocetus, se aproxima al curso que sigue el Río Balsas, abarcando desde la población La Salada, 64 km al sur de

Uruapan (en la Sierra Madre Occidental) en Michoacán, hasta el Rancho El Limón en el Estado de Guerrero.

Los "cuiniquis" son ardillas hipogeas (que viven en agujeros o cavidades) y que forman comunidades que muestran una marcada preferencia por vivir cerca de leguminosas provistas de espinas, las cuales les brindan gran cantidad de alimento además de protección; frecuentemente invaden los campos de cultivo en los que se siembra frijol, maíz, ajonjolí, causando considerables daños, por lo que adquieren cierta importancia económica.

En su dieta se pueden contar leguminosas como la cucharilla, el huizache, el mesquite y los cirianes, así como malváceas, nueces, raíces, bulbos, algunas hojas, insectos, ratones, pájaros y huevos; aunque en cautiverio son omnívoros. Son sumamente activas en el día, durante el cual buscan su alimento. Este es almacenado en unas bolsas que se encuentran en las mejillas y así es transportado a los agujeros en que habitan.

Durante el verano engordan mucho y cuando la temperatura ambiente comienza a descender, empiezan su período de hibernación.

Un rasgo interesante de su vida social es que emiten frecuentemente una especie de silbido de alarma cuando advierten el peligro.

Su período de gestación dura de 23 a 28 días (Villa, 1942;-- Alvarez y Ramírez-Pulido, 1968).

FIG. 1.- DISTRIBUCION GEOGRAFICA
DE *Spermophilus adocetus*
(tomado de Hall y Kelson)



OBJETIVO

El presente trabajo tiene por objeto establecer el cariotipo de Spermophilus adocetus a fin de poder hacer una reevaluación taxonómica de la especie a la luz del criterio citogenético. Asimismo, para discutir las posibles líneas evolutivas del género Spermophilus.

Este trabajo forma parte de un proyecto de investigación de estudios citogenéticos de la fauna mexicana, que ha sido llevado a cabo en la Universidad Nacional Autónoma de México (Solís, 1972; Uribe-Alcocer, 1972; Uribe-Alcocer et al., 1973; Uribe-Alcocer et al., 1974; Rodríguez y Uribe-Alcocer, 1975; Cid, 1976; García-Rey, 1976; Ahumada-Medina, 1976; Uribe-Alcocer et al., en prensa).

MATERIAL Y METODO

Se utilizaron seis ejemplares de ardillas terrestres conocidas vulgarmente como "cuiniquis", pertenecientes al género Spermophilus adocetus, cuya identificación se llevó a cabo en el Laboratorio de Mastozoología del Instituto de Biología, por los Biólogos Guillermo Urbano Vidales y Salvador Santillán Alarcón.

1) Trampeo.-

La captura de los ejemplares fue realizada por colectores de la población Rancho El Limón, Gro. durante el mes de marzo de 1975.

Los organismos fueron trasladados en jaulas al Laboratorio de Genética del Centro de Ciencias del Mar y Limnología, donde se guardaron hasta su

2) Procesamiento. -

- a) Preparación. - Una hora antes del sacrificio, se les inyectó por vía intraperitoneal, una solución acuosa de colchicina* al 0,04% en una proporción de 1 ml por cada 100 g de peso del animal.

Después del sacrificio, se llevó a cabo la disección con el objeto de extraer los fémures y testículos a partir de los cuales se obtuvo el material celular en el que se efectuaría posteriormente el análisis cromosómico.

- b) Técnica. - Para obtener células de la médula ósea, se cortaron las epífisis de los fémures y se inyectó medio TC 199 en la cavidad medular. Posteriormente se obtuvo una suspensión celular homogénea utilizando un "rapid mixer" (aparato eléctrico que permite obtener rápidamente soluciones homogéneas mediante movimientos vibratorios).

* La colchicina es un alcaloide mitostático, es decir, detiene en la metafase mitótica a las células que se encuentran en proceso de división. Además, es el agente más efectivo para la duplicación del número cromosómico de las células somáticas (Garber, E. D., 1975).

Las suspensiones celulares obtenidas se centrifugaron durante 10 minutos a una velocidad de 1500 R. P. M., después de lo cual se retiró el sobrenadante; posteriormente se agregó una solución hipotónica de KCl 0.057 M. y se resuspendió utilizando una micropipeta, incubándose a una temperatura de 37° C durante 10 minutos.

Después se volvió a centrifugar a 1500 R. P. M. durante 10 minutos más, con lo que se obtuvo un botón de células.

El objeto de la centrifugación es el de separar las células que se encuentran en suspensión; el choque hipotónico provoca el rompimiento de las membranas celulares, con lo que los núcleos quedan libres. La segunda centrifugación tiene la finalidad de separar los núcleos de la solución hipotónica.

Mediante el proceso de decantación se retiró el sobrenadante y se añadió una solución fijadora de metanol-acético en una proporción de 3:1; a continuación se resuspendieron las células.

Se centrifugó a 1500 R. P. M. durante 10 minutos, se retiró el sobrenadante y se añadió solución fijadora, volviendo

a resuspender el botón. Posteriormente se hicieron dos -- cambios más de fijador, dejando, en el último de ellos, 2- ml de la suspensión y se resuspendió el botón por última -- vez.

- c) Elaboración de las preparaciones.- Para este efecto, se to mó una muestra de la suspensión celular obtenida, y desde una altura aproximada de 20 a 25 cm, se dejaron caer 3 go- tas de la misma sobre portaobjetos previamente tratados-- con una mezcla de alcohol-éter en una proporción 1:1 ; inme diatamente después, se flamearon los portaobjetos para acen tuar la separación de los cromosomas, la cual se había ini- ciado al hacer el goteo.

Las preparaciones se tiñeron con una solución de Giemsa, - durante 15 minutos; se lavaron con agua corriente y se mon- taron en bálsamo de Canadá.

Las preparaciones así obtenidas, se examinaron al micros- copio y se seleccionaron los campos que presentaron las -- mejores metafases mitóticas. Para marcar dichos campos se utilizó un microscopio con coordenadas en la platina, con

lo cual se localizaba exactamente el sitio en el que se encontraba cada campo.

3) Fotografía. -

Los campos seleccionados fueron fotografiados con un fotomicroscopio Reichert, utilizando un ocular de 10x, un objetivo Neo -- fluar 100/1.30, Optovar 1.25x y un filtro de interferencia Carl-Zeiss 467806. La película utilizada fue Kodak High Contrast HC 135-136 -- Panchromatic. La intensidad de la luz fue regulada automáticamente.

El revelado de la película se hizo utilizando revelador Kodak D11 y fijador Kodak Fixer. Los positivos amplificados se imprimieron en papel Kodabromide F4 y F5 y se revelaron con Dektol Kodak, fijándose con Rapid Fixer.

4) Elaboración de cariotipos e idiograma. -

Se seleccionaron las mejores ampliaciones: 13 procedentes de hembras y 2 de machos; 15 en total (número que satisface las exigencias del número de muestra requerido para obtener valores -- confiables desde un punto de vista estadístico).

Los cromosomas de cada una de las amplificaciones citadas fueron recortados y acomodados por parejas de homólogos para montar 15 cariotipos, usándose una rueda dentada Gestetner RPS 5 para marcarlos y medirlos con mayor exactitud; se clasificaron de acuerdo a su tamaño y morfología, utilizando el sistema estándar de nomenclatura propuesto en la Conferencia de Denver en 1960 y los métodos de Al Aish (1960) y Levan et al (1964).

La clasificación de los cromosomas se basó en cuatro parámetros:

- a) La longitud relativa (LR) de cada cromosoma con respecto a la longitud total de un juego haploide normal que contenga un cromosoma X. La longitud total es la sumatoria de las longitudes de los 15 autosomas y del cromosoma X. La longitud relativa se expresa en unidades por mil:

$$LR = \frac{P + Q}{15 \text{ autosomas} + X} (1000)$$

donde:

P = longitud del brazo corto

Q = longitud del brazo largo

- b) La proporción de la longitud del brazo largo (Q) a la longitud del brazo corto (P), conocida como "Arm ratio" (AR), y que se expresa:

$$AR = \frac{Q}{P}$$

- c) El índice centromérico (IC), que se calcula como la relación entre la longitud del brazo corto (P) y la longitud total del cromosoma, multiplicado por cien.

$$IC = \frac{P}{P + Q} (100)$$

- d) La diferencia (d) entre el brazo largo y el brazo corto, que indica la posición del centrómero en el cromosoma. Cualquier cromosoma se considera dividido en 10 partes, independientemente de su longitud absoluta. Utilizando la medida del "Arm ratio" ya obtenida, se puede aplicar la siguiente fórmula:

$$d = \frac{10 (AR - 1)}{(AR + 1)}$$

La longitud total del complemento cromosómico se determi

na midiendo todos los cromosomas y tomando el promedio de cada par de homólogos como la medida de ese cromosoma; la longitud relativa de cada cromosoma, se obtuvo teniendo la parte proporcional de cada cromosoma con respecto al total de cada cariotipo particular. La longitud relativa propuesta para cada par cromosómico, es el promedio de las longitudes relativas obtenidas en cada cariotipo. Esta medida se utiliza como base para la elaboración de cariotipos e idiogramas; sin embargo, para la clasificación de los cromosomas, algunos autores (Hsu, 1952; Tjio y Levan, 1956; Chu, 1960) le han dado mayor importancia a la posición del centrómero, porque su posición relativa dentro del cromosoma es muy constante.

A continuación se presenta la clasificación basada en la posición del centrómero (Levan, Fredga y Sandberg, 1964):

<u>IC</u>	<u>d</u>	<u>AR</u>	<u>Clasificación centrómero en:</u>	
50.0	0.0	1.0	punto medio	M
47.5-37.5	0.0-2.5	1.0-1.7	región media	m
37.5-25	2.5-5.0	1.7-3.0	región submedia	sm
25 -12.5	5.0-7.5	3.0-7.0	región subterminal	st
12.5- 2.5	7.5-10	7.0-0.0	región terminal	t
2.5- 0.0	10	0.0	punto terminal	T

Este sistema corresponde a la clasificación más común, aunque un poco inexacta, de los cromosomas en:

METACENTRICOS	Centrómero en la región o punto medio. (White, 1954).
SUBMETACENTRICOS	Centrómero en posición submedia.
SUBTELOCENTRICOS	Centrómero en posición subterminal.
ACROCENTRICOS	Centrómero en posición terminal.
TELOCENTRICOS	Centrómero en punto terminal.

Respecto a los cromosomas telocéntricos, algunos autores (Nashin, 1916; Lewitsky, 1931; Darlington, 1936; Rhoades, 1940 y --- White, 1954) los sitúan como acrocéntricos, puesto que consideran -- que el segundo brazo está siempre presente, aunque su tamaño sea -- menor al límite de resolución del microscopio.

En este trabajo, aunque casi nunca se pudieron apreciar los brazos cortos, se considera a los cromosomas con centrómero terminal como "acrocéntricos".

Levan et al (1964), recomiendan que, al trabajar con roedores, se simplifique esta clasificación incluyendo a los grupos "sm" y "st" (submetacéntricos y subtlocéntricos) en un solo grupo "smst".

Para elaborar el cariotipo se agrupan los cromosomas pertenecientes a cada grupo (M, m, smst, t, y T) y después se ordenan de acuerdo a la longitud decreciente (Al-Aish, 1969).

La elaboración del idiograma se hizo en base al promedio de la longitud absoluta de cada brazo del juego cromosómico. La suma de estos valores promedio fue utilizada para obtener la longitud total y mediante ella, la longitud relativa del promedio de mediciones de cada cromosoma. Los resultados mostraron muy ligeras diferencias que no son significativas estadísticamente.

Aunque bastaba con haber calculado uno de los siguientes parámetros: Arm ratio (proporción de brazos), índice centromérico y diferencia, se calcularon los tres para corroborar los resultados. La obtención de estos datos permitió la clasificación en tipos de cromosomas para lograr una adecuada distribución de los mismos en el idiograma, de acuerdo a la posición del centrómero en cada cromosoma.

RESULTADOS

Se revisaron 156 campos mitóticos, correspondientes a 4 -- hembras y 2 machos de la especie Spermophilus adocetus . En ellos se encontró un número modal de 32 cromosomas que coincide con el número diploide reportado que también es de 32. El número fundamental de la especie es de 60; este se obtiene sumando el número de brazos existentes en los autosomas del complemento diploide.

El cariotipo propuesto en la fig. No. 2, consta de 15 pares de autosomas birrámeos y los cromosomas sexuales (el X birrámeo y el Y monorrámeo). El patrón de diferenciación sexual es XX/ XY.

En la tabla No. 1 se presentan los pares de cromosomas en orden de longitud decreciente y se muestran las clasificaciones obtenidas según los métodos Al-Aish, 1969 y Levan et al, 1964, en base-

a la posición del centrómero, según análisis realizados en 15 cariotipos provenientes de machos y hembras.

De acuerdo al análisis estadístico se considera lo siguiente:

- Los pares 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8 y 9 son metacéntricos.
- Los pares 10, 11, 12, 13, 14 y 15 son submetacéntricos.
- El cromosoma X es metacéntrico.
- El cromosoma Y es acrocéntrico.

Se proponen como cromosomas sexuales X, el par más grande en las hembras, correspondiente al grupo de los metacéntricos. Este cromosoma contiene una proporción de aproximadamente el 10% del total del complemento haploide. Este cromosoma corresponde en los machos al elemento de mayor importancia del cariotipo.

La representación gráfica del idiograma se ilustra en la fig. No. 3; éste se obtuvo de acuerdo a las longitudes relativas de cada par de cromosomas, que fueron tomadas de la tabla No. 3.

En la tabla No. 2 se presenta un cuadro comparativo de los datos citogenéticos encontrados para varias especies del género Spermophilus.

Las gráficas de la fig. No. 4 muestran el comportamiento de los cromosomas en relación a su tamaño y posición del centrómero; para su elaboración se tomaron en cuenta la proporción de los brazos (AR), el índice centromérico (IC) y la diferencia (d).

FIG. 2.- CARIOTIPO DE Spermophilus adocetus

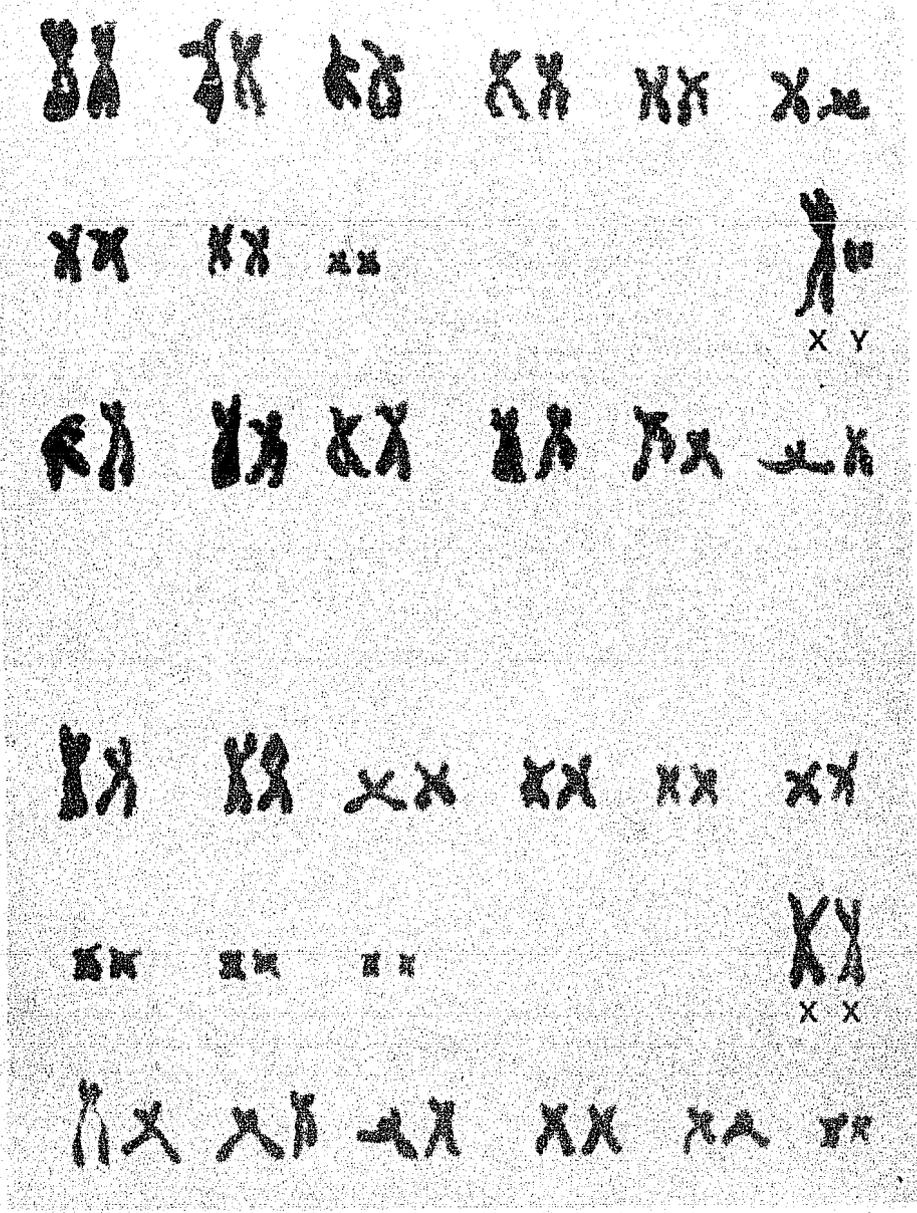


TABLA No. 1

RESULTADOS DEL ANALISIS ESTADISTICO DE LOS CARIOTIPOS
DE SPERMOPHILUS ADOCETUS Y SU CLASIFICACION

CN	LRp	LRq	LRp+q	IC	PB	d	Clasificación
1	41.59	49.23	90.82	45.79	1.18	0.84	m
2	37.01	45.33	82.34	44.94	1.22	1.01	m
3	29.32	40.81	70.13	41.80	1.39	1.63	m
4	26.69	36.19	62.88	42.44	1.35	1.51	m
5	25.17	30.98	56.15	44.82	1.23	1.03	m
6	22.62	28.69	51.31	44.08	1.26	1.18	m
7	20.42	25.16	45.58	44.80	1.23	1.03	m
8	18.54	20.92	39.46	46.08	1.12	0.60	m
9	13.01	15.08	28.09	46.31	1.15	0.73	m
10	24.03	56.70	80.73	29.76	2.35	4.04	sm
11	24.02	45.49	69.51	34.55	1.89	3.08	sm
12	22.04	42.17	64.21	34.32	1.91	3.13	sm
13	21.59	36.82	58.41	36.96	1.70	2.60	sm
14	18.96	32.92	51.88	36.54	1.73	2.69	sm
15	17.20	29.71	46.91	36.66	1.72	2.66	sm
X	43.52	58.06	<u>101.58</u> 999.99	42.84	1.33	1.43	m

FIG.3.- IDIOGRAMA DE *Spermophilus adocetus*

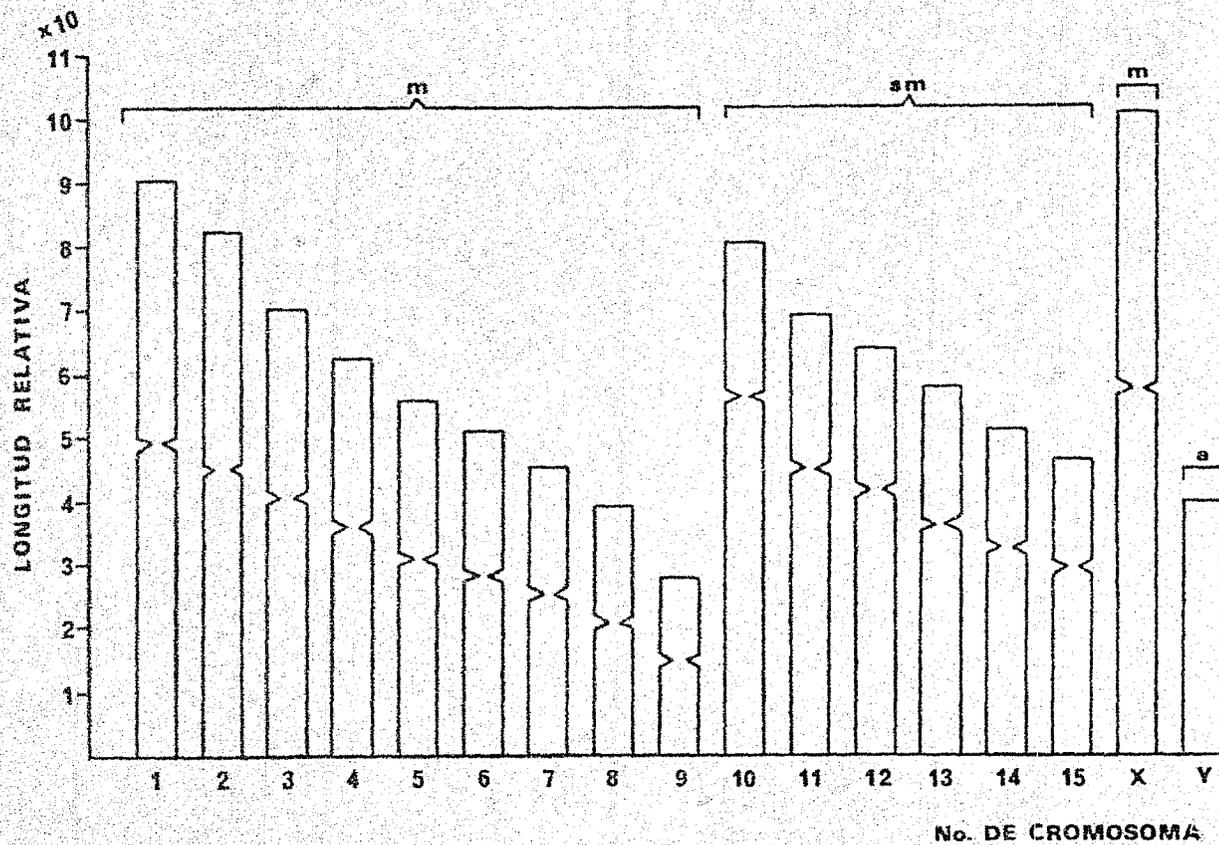
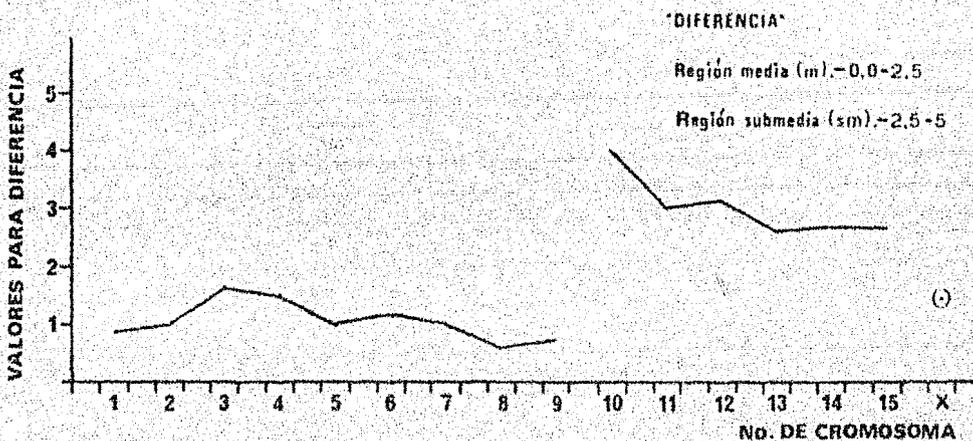
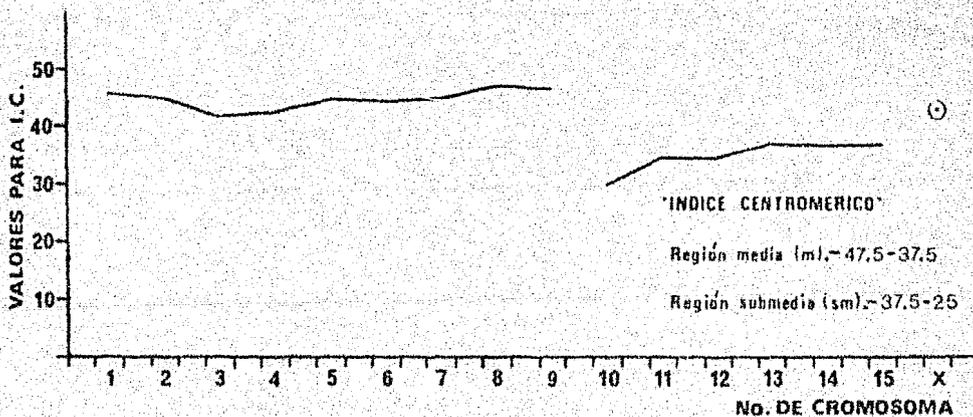
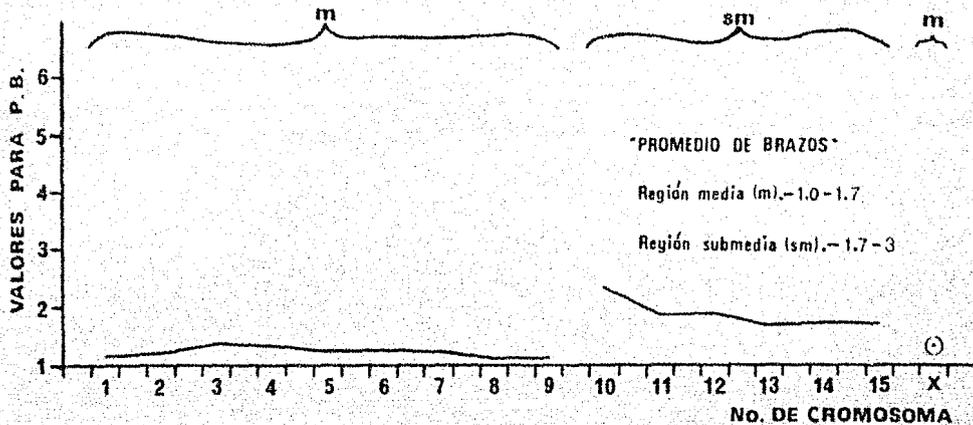


TABLA No. 2

CARACTERES CROMOSOMICOS DE LOS SUBGENEROS DE SPERMOPHILUS

SUBGENERO	2N	Bir.	m	sm	acr.	X	Y	NF	REFERENCIAS
<u>Poliocitellus:</u> <u>S. franklini</u>	42	26	10	16	14	sm	peq.	66	Nadler, 1966
<u>Ictidomys:</u> <u>S. tridecemlineatus</u> y <u>S. mexicanus</u>	34	32	16	16	--	sm	acr.	64	Nadler y Hughes, 1966 Torres-P. A., comu- nicación personal. Nadler y Hughes, 1966 Uribe-Alcocer, M., en prensa. Ahumada Medina, 1976
<u>S. spilosoma</u>	32	30	14	16	--	sm	peq.	60	
<u>S. perotensis</u>	32	28	12	16	2	sm	peq.	58	
<u>Otospermophilus:</u> <u>S. beechevi</u>	38	36	22	14	--	m	acr.	72	Nadler y Sutton, 1962 Nadler, 1966 Presente trabajo
<u>S. variegatus</u>	38	36	22	14	--	m	acr.	72	
<u>S. adocetus</u>	32	30	18	12	--	m	acr.	60	
<u>Callospermophilus:</u> <u>S. lateralis</u>	42	38	22	16	2	sm	acr.	78	Nadler y Sutton, 1962 Nadler, 1966
<u>Xerospermophilus:</u> <u>S. tereticaudatus</u>	36	34	20	14	--	sm	acr.	66	Nadler, 1962
<u>Spermophilus:</u> <u>S. beidingeri</u>	30	28	16	12	--	sm	peq.	56	Nadler, 1965 Nadler, 1969
<u>S. columbianus</u>	32	30	18	12	--	sm	peq.	60	
<u>S. undulatus,</u> <u>S. armatus</u> y <u>S. richardsoni elegans</u>	34	32	20	12	--	sm	acr.	64	Nadler, 1964 Nadler, 1964 Nadler, 1968 Nadler, 1968
<u>S. richardsoni</u> r.	36	30	20	10	4	sm	acr.	64	
<u>S. townsendi mollis</u>	38	30	14	16	6	sm	acr.	66	
<u>S. townsendi vigilis</u>	46	22	12	10	22	sm	acr.	66	

FIG. 4.-GRAFICAS



DISCUSION

El número diploide reportado para esta especie es 32; a este respecto concuerda con las especies S. (Spermophilus) columbianus y S. (Ictidomys) pilosoma y se asemeja a las especies del subgénero Spermophilus : S. armatus, algunas poblaciones de S. richardsonii y S. undulatus, así como las especies del subgénero Ictidomys: S. tri-décemlineatus y S. mexicanus, cuyo número diploide es 34. Contrasta con lo anterior el hecho de que S. beecheyi y S. variegatus, dos especies estudiadas cromosómicamente, pertenecientes al subgénero -- Otospermophilus, del que forma parte la población estudiada, presentan un número diploide de 38.

Nuestros resultados concuerdan con el estudio parcial del cariotipo de esta especie realizado por Birney y Genoways (1971). -- En el estudio realizado se describen los cariotipos provenientes de --

cuatro hembras. La identificación del cromosoma X propuesta por estos autores concuerda con la hecha en este trabajo, en el que incluimos además un análisis estadístico del cariotipo de S. adocetus.

En el cromosoma X, la especie en cuestión tiene la misma posición del centrómero que las especies del subgénero Otospermophilus antes mencionadas.

Por otra parte, las especies del subgénero Spermophilus tienen cromosomas submetacéntricos de tamaño mediano. Las especies del subgénero Ictidomys presentan un cromosoma X submetacéntrico de tamaño mediano, excepto S. perotensis cuyo cromosoma X es de talla grande tipo duplicado (10% de la longitud del complemento haploide). Por ello, en lo que respecta a este cromosoma, S. adocetus tiene mayor semejanza con las especies de Otospermophilus. Sin embargo, parece existir un parecido importante con S. (Ictidomys) perotensis (Ahumada Medina, 1976). El parecido entre estas dos especies cuya área de distribución es marginal, pudiera deberse a, por una parte, que fueran descendientes de una población ancestral portadora de este carácter, o, por otra parte, a fenómenos de evolución cariotípica convergente. Sin embargo, esta última alternativa parece poco probable porque no se detecta una tendencia cariotípica en esta direc-

ción más que, si acaso, en los dos casos antes mencionados. La conservación de este rasgo supuestamente primitivo podría explicarse mediante fenómenos de evolución centrífuga de Brown. Según este autor, las poblaciones marginales periféricas son residuos de épocas de expansión de la especie y son las que conservan los caracteres primitivos en hábitats semejantes a los ocupados por la población ancestral, en contraposición a las poblaciones centrales, que son las que tienen una dinámica evolutiva mayor.

Por lo que respecta al cromosoma Y, las especies estudiadas tienen un cromosoma acrocéntrico pequeño, o bien uno diminuto. En el primer caso se encuentra la especie S. adocetus y todas las demás ya estudiadas, excepto S. franklini, S. beldingi, S. columbianus, S. spilosoma y S. perotensis. En este respecto, el cromosoma Y de la especie en estudio concuerda con las demás especies del subgénero en el cual ha sido incluida.

Sin embargo, el número diploide, rasgo de gran importancia, así como el tamaño del cromosoma X, muestran una diferencia notable con S. beecheyi y S. variegatus.

Estos dos mismos rasgos presentan una notoria correspon-

dencia en S. adocetus y en S. perotensis (Ahumada, Medina, 1976) así como S. spilosoma cabrerai (Uribe-Alcocer et al, en prensa), aunque ambos son diferentes en su estructura.

Las similitudes anteriores sugieren que la especie S. adocetus esté más cercana filogenéticamente a S. spilosoma y S. perotensis. Sin embargo, han sido asignadas a subgéneros distintos. De cualquier modo es claro el hecho de que el cariotipo de la especie en estudio diverge de los cariotipos estudiados del subgénero Otospermophilus.

Howell (1938), en su estudio de revisión del género, es quien primero establece la proximidad entre S. adocetus y S. annulatus, al incluirlos dentro del subgénero Notocitellus, no obstante que reconoce existir algunas diferencias importantes.

En los estudios de revisión del género, Bryant (1845) hace referencia a las características de S. annulatus sin mencionar a S. adocetus, para asignarlos al subgénero Otospermophilus asimilando las especies en cuestión únicamente por ser las únicas que viven en zonas tropicales.

Asimismo, relega a sinonimia el subgénero Notocitellus, basándose en los caracteres de S. annulatus, sin mencionar siquiera-

en la caracterización del subgénero Notocitellus a S. adocetus. Lo anterior sugiere que estas dos especies tuvieron un destino común por el nexo que estableció entre ellos Howell, y siendo S. adocetus la especie menos estudiada de las dos, fue asimilada a S. annulatus.

Dentro del subgénero Ictidomys el mismo Bryant considera, basado en la estructura del cráneo y del báculo, que S. spilosoma y S. perotensis son entidades que se parecen más entre sí que con las demás especies del subgénero (S. tridecemlineatus y S. mexicanus).

Los resultados de nuestros estudios sugieren que S. spilosoma, S. perotensis y la especie que estudiamos forman un grupo con características cariotípicas muy semejantes. Por ello se sugiere la reevaluación de la posición taxonómica de S. adocetus, que de acuerdo a las características cariológicas, debe formar parte del subgénero Ictidomys.

Nuestros estudios concuerdan con la tesis de Bryant que propone, basado en estudios de la dentición, que los subgéneros Spermophilus e Ictidomys son entidades filogenéticamente más próximas. En aquel subgénero se encuentran especies con un número diploide más próximo al subgénero Ictidomys, vg. S. columbianus (2N: 32; cro-

mosoma Y diminuto), S. beldingi (2N: 32; cromosoma Y diminuto), S. armatus, S. undulatus y S. richardsoni (2N: 32; cromosoma Y acrocéntrico).

El análisis de los números fundamentales muestra una variación bastante amplia en los distintos grupos subgenéricos. Por ejemplo, la especie S. (Callospermophilus) lateralis tiene 80; S. (Poliocitellus) franklini, 66; S. (Xerospermophilus) tereticaudatus, 68. El subgénero Spermophilus presenta una gama que va de 56 en S. beldingi a 64 en S. armatus y S. undulatus. Dentro del subgénero Ictidomyis, S. perotensis tiene 58 y algunas poblaciones de S. pilosoma tienen 58 y otras 60; S. mexicanus y S. tridecemlineatus tienen 64 cada una. En el subgénero Otospermophilus dos especies estudiadas, S. becheyi y S. variegatus tienen 72, mientras que S. adocetus presenta únicamente 60. Esta notoria divergencia parece difícil de explicarse tomando en consideración las tendencias evolutivas predominantes en el subgénero y dá pie a una modificación de la posición sistemática de S. adocetus.

Desde el punto de vista de la evolución cariotípica, S. adocetus es una de las especies que posiblemente haya llegado al término -

de su senda evolutiva al tener todos sus autosomas metacéntricos. Parece poco probable que se puedan presentar inversiones pericéntricas independientes de dos pares de cromosomas que originen cromosomas acrocéntricos y que posteriormente se lleguen a fusionar originando una disminución del número diploide y del número fundamental.

Parece ser más factible que el cariotipo primitivo de los roedores, constituido por 48 ó 50 cromosomas acrocéntricos según Baker y Mascarello, haya sufrido en la línea ancestral de esta especie menor número de fisiones robertsonianas que resultaran en nuevos cromosomas acrocéntricos. Por lo tanto, los fenómenos de fusión céntrica originarían posteriormente menos cromosomas metacéntricos, hecho que concuerda con el análisis de los resultados obtenidos.

De acuerdo a lo anterior, consideramos que la especie S. adocetus es más evolucionada cariotípicamente que las especies S. perotensis y S. pilosoma y las relaciones filogenéticas entre estas entidades son más próximas que lo que su actual posición taxonómica indica.

BIBLIOGRAFIA

- AHUMADA, M. A. 1976. Los Cromosomas de Spermophilus perotensis. Tesis Profesional. Facultad de Ciencias. Universidad Nacional Autónoma de México. México.
- AL-AISH, M., 1969. Human Chromosome Morphology. I. Studies on Normal Chromosome Characterization and Karyotyping. Can. Jour. Gen. and Cytol. 11: 370-381.
- ALVAREZ, T. y J. RAMIREZ PULIDO, 1968. Descripción de una nueva subespecie de Spermophilus adocetus (Rodentia Sciuridae) de Michoacán y estado taxonómico de S. a. arcelliae (Villa R., 1942). Soc. Mex. de

Hist. Nat. 39: 181.

- BIRNEY, E. C. y H. H. GENOWAYS, 1972. Chromosomes of Spermophilus adocetus (Mammalia; Sciuridae), with Comments on the Subgeneric Affinities of the Species. Experientia. 29: 228-229.
- BRYANT, M. D., 1945. Phylogeny of Nearctic Sciuridae. Am. Midland Nat. 33: 257-390.
- CID, S. M. L. T., 1976. Estudio Citogenético Comparativo de Reithrontomys chrysopsis perotensis y Reithrontomys chrysopsis chrysopsis (Cricetidae, Rodentia). Tesis Profesional. Facultad de Ciencias. Universidad Nacional Autónoma de México, México.
- CHU, E. H. Y. y V. MONESI, 1960. Analysis on X-Ray Induced Chromosome Aberration in Mouse Somatic Cells in Vitro. Genetics. 45: 981.
- DARLINGTON, C. D., 1936. Crossing Over and its Mechanical Relationships in Chortippus and Stauroederus. J. Genet. 33: 465-500.

- DENVER STUDY GROUP, 1960. A proposed Standard System of Nomenclature of Human Mitotic Chromosomes. Denver, Colorado. Addendum. I. Acta Genet. 10: 322-328.
- GARBER, E. D., 1975. Introducción a la Citogenética. CECSA, México, 248 pp.
- GARCIA KEY, S. Y., 1976. Estudio Citogenético en Romerolagus diazi (Lagomorpha, Leporidae). Tesis Profesional. Facultad de Ciencias. Universidad Nacional Autónoma de México. México.
- HALL, E. R. y N. R. KELSON, 1959. The Mammals of North America. Vol. II. The Ronald Press Co., N. Y.
- HOWELL, A. H., 1938. Revision of the North American Ground Squirrels, with a Classification of the North American Sciuridae. North American Fauna. 56: 1-256.
- HSU, T. C., 1952. Mammalian Chromosomes in Vitro. I. The Karyotype. J. Heredity. 43: 167-172.

- HSU, T. C. y K. BENIRSCHKE, 1969. Spermophilus beldingi. An -
Atlas of Mammalian Chromosomes. Vol. 3, folio
110.
- HSU, T. C. y K. BENIRSCHKE, 1969. Spermophilus richardsonii. An
Atlas of Mammalian Chromosomes. Vol. 3, folio
111.
- HSU, T. C. y R. A. MEAD, 1969. Mechanisms of Chromosomal Chan-
ges in Mammalian Speciation. en Comparative --
Mammalian Cytogenetics., editado por Benirsch-
ke, K., Springer-Verlag N. Y. 8-17.
- LEVAN, A., K. FEDGA y A. SANDBERG, 1964. Nomenclature for -
Centromeric Position on Chromosomes. Heredi-
tas. 52: 201-220.
- LEWITSKY, G. A., 1931. The Morphology of Chromosomes. Bull. -
Appl. Bot. p-Breed. 27: 19-174.
- MAYR, E., 1969. Species, Speciation and Chromosomes. en
Comparative Mammalian Cytogenetics., editado-
por Benirschke, K., Springer-Verlag N. Y. 1-7.

- METTLER, L. E. y GREGG, T. G., 1972. Genética de las Poblaciones y Evolución. UTEHA, México. 245 pp.
- NADLER, C. F., 1962. Chromosome Studies in Certain Subgenera of *Spermophilus*. Proc. Soc. Exper. Biol. and Med. 110: 785-788.
- NADLER, C. F. y D. A SUTTON, 1962. Mitotic Chromosomes of Some North American Sciuridae. Proc. Soc. Exper. Biol. and Med. 110: 36-38.
- NADLER, C. F., 1964. Contributions of Chromosomal Analysis to the Systematics of North American Chipmunks. The American Midland Naturalist. 298-312.
- NADLER, C. F., 1964. Chromosomes and Evolution of the Ground Squirrel, *Spermophilus richardsonii*. Chromosoma. 15: 289-299.
- NADLER, C. F., 1964. Chromosomes of the Nevada Ground Squirrel, *Spermophilus richardsonii nevadensis* (Howell). Proc. Soc. Exper. Biol. Med. 117: 486 - 488.

- NADLER, C. F., 1965. Chromosomes of the Ground Squirrel Spermophilus beldingi and Report of an Aberrant Karyotype in a Phenotypically Normal Female. Cytogenetics, 4: 37-44.
- NADLER, C. F., 1966. Chromosomes of Spermophilus franklini and Taxonomy of the Ground Squirrel Genus Spermophilus. Systematic Zoology, 15: 199-204.
- NADLER, C. F. y C. E. HUGHES, 1966. Chromosomes and Taxonomy of the Ground Squirrel Subgenus Ictidomys. Journal of Mammalogy, 47 (1): 46-53.
- NADLER, C. F., 1968. The Chromosomes of Spermophilus townsendi (Rodentia, Sciuridae) and Report of a new Subspecies. Cytogenetics, 7: 144-157.
- NADLER, C. F., 1969. Chromosomal Evolution in Rodents., en Comparative Mammalian Cytogenetics., editado por Benirschke, K., Springer-Verlag, N. Y. 277-309.
- NAVASHIN, S. C., 1916. On Some Signs of the Internal Organization-

of Chromosomes. Sborn, K. A. Timiriazev. 185-214.

RHOADES, M. M., 1940. Studies of a Telocentric Chromosome in Maize with Reference to the Stability of its Centromeres. Genetics. 25: 483-520.

RODRIGUEZ, R. F. y URIBE, 1975. Estudios Citogenéticos en Neotomodon alstoni perotensis Merriam, 1898. Mem. de la II Reunión Nal. de la Soc. Mex. de Gen.: Mazatlán, Sin. 300-311.

SOLIS, W. V., 1972. Estudio Citogenético en Peromyscus truei del Pedregal de San Angel. Tesis Profesional. -- Facultad de Ciencias. Universidad Nacional Autónoma de México, México.

TJIO, J. H. y LEVAN, A., 1956. Chromosome Analysis of three Hyperdiploid Ascites Tumors of the Mouse. K. Fisiogr. Sallsk. Handl. N. F. 65: 51.

URIBE-ALCOCER, M., 1972. Estudios Citogenéticos en Neotomodon alstoni alstoni Merriam, 1898 (Cricetidae, Ro-

dentia). Tesis Profesional. Facultad de Ciencias.
Universidad Nacional Autónoma de México, Méxi-
co.

URIBE-ALCOCER, M., A. LAGUARDA, J. ROMERO, J. PAULETTE -
y S. SCAGLIA DE PAULETTE, 1973. Chromosome Analysis and Meio-
tic Behaviour of Neotomodon alstoni alstoni Mamm.
Chrom. Newsl. 14: 12-13.

URIBE-ALCOCER, M. A. LAGUARDA, J. ROMERO, J. PAULETTE - -
y S. SCAGLIA DE PAULETTE, 1974. Cytogenetic Analysis of Neoto-
modon alstoni alstoni . Cytología. (Tokio). 39: -
437-442.

URIBE-ALCOCER, M., F. RODRIGUEZ, R. RUIZ CARUS y A. LA - -
GUARDA, . The Chromosomes of Spermophilus spiloso-
ma cabrerai. Mamm. Chrom. Newsl. En pren-
sa.

VILLA, R. B., 1942. Los Cuiniquis de Arcelia (Citellus adocetus
arceliae, Sub. Sp. Nov.). An. Inst. Biol. Mex. -
13: 357-368.

- WAHRMAN, J., GOITEIN, R. y NEVO, E., 1969. Mole Rat *Spalax*: -
Evolutionary Significance of Chromosome Variation. Science. 164: 3875.
- WHITE, J. J. D., 1954. *Animal Cytology and Evolution*. Cambridge University Press, Londres.
- WHITE, M. J. D., 1968. Models of Speciation. Science 159: 1065-1070.