



00381
UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA
DE MÉXICO

FACULTAD DE CIENCIAS
DIVISIÓN DE ESTUDIOS DE POSTGRADO

12
Zej

“ESTUDIO SISTEMÁTICO DE ALGUNAS
ESPECIES DE LAGOMORFOS
DE MÉXICO (MAMMALIA: LAGOMORPHA)”

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL GRADO ACADÉMICO DE

DOCTOR EN CIENCIAS (BIOLOGÍA)

P R E S E N T A

ANA MA. DEL CONSUELO LORENZO MONTEERRUBIO

DIRECTOR DE TESIS: DR. FERNANDO ALFREDO CERVANTES REZA

TESIS CON
FALLA DE CUBRIR

1996



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.

INDICE

	Página
AGRADECIMIENTOS	
RESUMEN	
INTRODUCCION.....	1
I. ESTUDIO MORFOMETRICO.....	16
MATERIALES Y METODOS.....	20
RESULTADOS.....	24
DISCUSION.....	31
CONCLUSIONES.....	38
II. ESTUDIO CITOGENETICO.....	93
MATERIALES Y METODOS.....	100
RESULTADOS.....	106
DISCUSION.....	110
CONCLUSIONES.....	119
III. ESTUDIO ELECTROFORETICO.....	155
MATERIALES Y METODOS.....	159
RESULTADOS.....	164
DISCUSION.....	167
CONCLUSIONES.....	172
DISCUSION GENERAL.....	188
CONCLUSIONES GENERALES.....	196
LITERATURA CITADA.....	197
LISTA DE CUADROS.....	209
LISTA DE FIGURAS.....	216

DEDICATORIA

Dedico esta tesis a:

 Mi hijita Brenda por toda la felicidad que me ha dado y por todo lo que he aprendido estando a su lado.

 Sergio, con mucho cariño.

 Mi papás por todo su cariño, apoyo y comprensión que me han brindado durante toda mi vida, en especial en el tiempo de realización de esta tesis.

 Mi hermana Carmen por su apoyo en todo momento y por los momentos gratos que hemos compartido juntas.

AGRADECIMIENTOS

Agradezco profundamente al Dr. Fernando A. Cervantes todo el apoyo que me brindó para la realización de esta tesis, tanto en el trabajo de campo como en de laboratorio y por su interés en el estudio de los lagomorfos. Deseo agradecer su gran compañerismo, amistad y confianza.

A los miembros de mi comité tutorial por toda la ayuda que me prestaron y por sus valiosas sugerencias. Les agradezco el haberme asesorado durante el tiempo en el que se realizó esta tesis: Dr. Fernando Cervantes Reza, Dr. Manuel Uribe Alcocer y la Dra. Rocío Salceda Sacanelles.

A los doctores que fungieron amablemente como sinodales y que revisaron e hicieron correcciones y valiosos comentarios al manuscrito: Dr. Bernardo Villa Ramírez, Dr. Jose Miguel Betancourt, Dr. Mario Altamirano Lozano y a la Dra. Catalina Chavez Tapia.

A la M. en C. Ma. de los Angeles Aguilar Santamaria por la revisión que hizo al trabajo.

Deseo agradecer al Dr. Wolfgang Fuchs del American Museum of Natural History de Nueva York y al Dr. Robert D. Fisher del National Museum of Natural History de Washington, D.C. por la ayuda que me prestaron en la revisión de los ejemplares depositados en dichas colecciones para el trabajo correspondiente al estudio morfométrico.

Al Dr. Oscar Ward y familia por ser grandes anfitriones durante mi estancia en la Universidad de Tucson, Arizona y por

permitirme familiarizarme con las técnicas de citogenética.

Al Dr. Terry Yates por la gran ayuda que me prestó durante el trabajo de laboratorio concerniente al estudio electroforético durante mi estancia en la Universidad de Albuquerque en Nuevo México.

Al M. en C. Sergio Ticul Alvarez y al Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste (CIB) unidad La Paz, por toda la ayuda en facilitar el equipo terrestre y marítimo necesario para la colecta de ejemplares en Baja California Sur.

A la familia Partida Chávez y a los cazadores de San José de Gracia, Michoacán, por todas las facilidades y ayuda prestadas durante la colecta de ejemplares.

A la Dirección de Asuntos del Personal Académico (DGAPA) de la UNAM por haberme apoyado con una beca para la realización de esta tesis.

Al Programa de Apoyo para Estudiantes de Posgrado (PADEP) de la Facultad de Ciencias, UNAM, por financiar la compra de reactivos, material y equipo de laboratorio, así como las salidas al campo que se realizaron para coleccionar ejemplares.

A la Bióloga Julieta Vargas Cuenca por su amistad y por su ayuda durante la realización de la tesis.

Al Biólogo Rubén Rojas Villaseñor por su valiosa ayuda en el trabajo citogenético.

Al M. en C. Jesús Martínez Vázquez, a los biólogos Rosa María González Monroy, Julieta Vargas Cuenca, Patricia Delgado Zaldívar, Carmen Resendiz Moreno, Francisco González Cózatl, Andrea Cerecero Reyes, Alejandro Rojas Viloria, Patricia Cortés

Calva, Gloria Portales Betancourt, Jorge Calderón Vargas y Rubén Rojas Villaseñor, M.V.Z. Ana Laura Colmenares Monterrubio y a Raúl Martínez por su amistad y la gran ayuda que prestaron en el trabajo de campo y laboratorio.

A la M. en C. Yolanda Hortelano Moncada por su ayuda en el trabajo teórico y práctico de electroforesis de aloenzimas. Al Biólogo Jose Antonio Santos Moreno por la gran ayuda que me brindó en el uso del paquete estadístico SAS.

A todos los Biólogos, Maestros y Doctores de la Colección de Mastozoología de la UNAM por su compañerismo y amistad.

A mis papás por su gran ayuda en "recortar" cromosomas y por su gran comprensión y apoyo. A mi hermana Carmen por la revisión de la tesis y sus valiosas sugerencias en la redacción.

A todas aquellas personas que de alguna forma me ayudaron a llevar al cabo la culminación de esta tesis.

ABSTRACT

The phylogenetic relationships among several species of leporids belonging to three different genera, Sylvilagus, Lepus and Romerolagus were studied. Individuals of these genera were collected and compared with each other by three different approaches: 1.- Morphometric analysis using univariate and multivariate procedures; 2.- Karyotypic analysis using leukocyte culture and bone marrow for obtaining chromosomes and G and C bands; 3.- Allozymic analysis using horizontal starch gel electrophoresis.

The results indicate that Romerolagus and Sylvilagus are morphometrically more similar to each other than either is to Lepus. In contrast, Romerolagus and Lepus are karyotypically more alike due to their $2n = 48$ and G-banding patterns. Allozymically, Romerolagus and Sylvilagus are more similar to each other.

The jackrabbit more related to each other are L. callotis and L. flayigularis according to the results obtained by chromosomal and electrophoretic analysis. However, L. californicus and L. callotis turned out to be more similar to each other after morphometric comparisons.

RESUMEN

En este trabajo se estudiaron las relaciones filogenéticas entre un grupo de especies del Orden Lagomorpha integradas por tres géneros diferentes, Sylvilagus, Lepus y Romerolagus. Se colectaron especies pertenecientes a éstos géneros y se compararon mediante: 1.- Estudio morfométrico usando análisis univariado y multivariado; 2.- Estudio cariotípico mediante técnicas de cultivo de linfocitos y médula ósea para obtención de cromosomas y bandas cromosómicas C y C y J.- Estudio aloenzimático usando electroforesis horizontal en gel de almidón.

Los resultados indican que morfométricamente y a nivel enzimático Romerolagus y Sylvilagus son más similares entre sí que cualquiera de ellos con Lepus; mientras que a nivel de número cromosómico diploide y bandas cromosómicas C Romerolagus y Lepus tienen mayor similitud que cualquiera de éstos con Sylvilagus.

De manera general, los resultados de los análisis cromosómico y aloenzimático indican que las especies de liebres más relacionadas entre sí son L. callotis y L. flavigularis que cualquiera de éstas con L. californicus. Sin embargo, el análisis morfométrico indica que L. californicus y L. callotis están más relacionadas entre sí que cualquiera de éstas con L. flavigularis.

INTRODUCCION

El Orden Lagomorpha consta en la actualidad de dos familias ampliamente distribuidas: Ochotonidae y Leporidae. Todos los miembros de la primera familia (conocidos como pikas) pertenecen al género Ochotona y se distribuyen en Estados Unidos de América, Canadá, Alaska y en Eurasia (Hall, 1981). En general, la familia Leporidae que comprende de 10 a 11 géneros (Angermann et al., 1990) agrupa especies que poseen extremidades posteriores más largas que las anteriores, adaptadas a sus hábitos saltatorios; grandes orejas que les sirven para radiar temperatura y cola corta. Presentan cuatro incisivos superiores, donde el segundo par es más pequeño y los caninos están ausentes, lo que conforma una fórmula dental de, incisivos 2/1, caninos 0/0, premolares 3/2 y molares 3/3, con un total de 28 dientes. La mayoría de los géneros de lepóridos, siete para ser más precisos, son monotípicos (Angermann et al., 1990) y representantes de poblaciones relictas, como es el caso de Romerolagus, perteneciente a la subfamilia Leporinae (Corbet, 1983) y se consideran solamente a los géneros Lepus (liebres) y Sylvilagus (conejos) pertenecientes a la misma subfamilia como grupos relativamente grandes (Robinson et al., 1983a).

El género Lepus abarca aproximadamente 29 especies (Flux y Angermann, 1990), Sylvilagus 14 especies; 13 si se considera a Brachylagus como subgénero (Chapman y Ceballos, 1990) y el género Romerolagus solamente a R. diazi (conejo zacatuche). Romerolagus y Sylvilagus se distribuyen en el Nuevo Mundo y el zacatuche es

endémico del centro de México (Fig. 3). Los conejos alcanzan notable diversificación en Norteamérica y están ampliamente distribuidos en el norte, centro y mitad norte de Sudamérica (Chapman y Ceballos, 1990). El género Lepus está ampliamente distribuido en parte del Nuevo Mundo y Viejo Mundo, dentro del cual se incluye África y está adaptado a una gran variedad de habitats (Flux y Angermann, 1990).

En México se encuentran cinco especies de liebres, ocho de conejos y Romerolagus diazi (Hall, 1981; Leopold, 1977). Este número de especies representan el 27% del total de conejos y liebres de todo el mundo, ocho de estas especies son endémicas de México y muchas se distribuyen en áreas de pronunciado endemismo; igualmente, siete de estas especies son consideradas amenazadas y cuatro, incluyendo la liebre tropical (L. flavigularis) y el zacatuche (R. diazi), se cree que están en peligro de extinción (Smith, 1995).

A pesar del gran número de especies de lepóridos que se encuentran en México, el estudio de su biología es escaso. Por ejemplo, se desconocen sus relaciones filogenéticas, sus patrones de parentesco y su biogeografía histórica. Los estudios paleontológicos sobre los lagomorfos son pocos y no han aportado información suficiente sobre el tema. Por ejemplo, se considera con base en la dentición de los lagomorfos que Lepus y Sylvilagus surgieron a partir de un fósil del Plioceno tardío de Norteamérica del género Nekrolagus (Dawson, 1981) y aunque no se conocen fósiles de Romerolagus diazi se cree que pudo

haberse derivado del género Allilepus, fósil del Mioceno tardío o Plioceno temprano de Norteamérica (Hibbard, 1963).

De aquí la importancia de realizar estudios sobre sistemática de un importante sector de la fauna constituido por lagomorfos mexicanos. Asimismo, es evidente la necesidad del empleo de técnicas modernas para complementar el estudio de la sistemática de este grupo. Algunos autores han contribuido con información sobre las diferencias entre conejos, liebres o ambos, de México. Sin embargo, no existe ningún estudio comparativo entre los tres géneros, pero puede realizarse una comparación multigenérica en la República Mexicana, ya que en ella habitan numerosas especies cuya distribución geográfica es en algunos casos amplia y en otros sumamente restringida, a fin de aportar mayor información sobre la biología y la evolución de los lepóridos, a través del estudio de un grupo de especies (Sylvilagus floridanus, Lepus callotis, L. flavigularis, L. californicus y Romerolagus diazi) presentes en nuestro territorio.

Sylvilagus floridanus presenta una amplia distribución geográfica que abarca desde Canadá hasta Panamá con registros en el noroeste de Suramérica, ocupando gran parte de México (Diersing, 1978; Hall, 1981; Fig. 1). Su color varía según su distribución, pero, en general, dorsalmente es de pardo a gris y el vientre y la parte ventral de la cola es blanco (Fig. 2). Esta especie coexiste en México con seis especies más de Sylvilagus y con seis especies de Lepus (Chapman y Ceballos, 1990; Hall,

1981).

Lepus californicus tiene una amplia distribución en la región norte de México, incluyendo Baja California (Fig. 3); su color dorsal es de gris a pardo, la superficie dorsal de la cola es negra, con poco color blanco en los costados y se le reconoce por el parche terminal negro en la parte externa de cada oreja (Fig. 4; Flux y Angermann, 1990; Hall, 1981).

Lepus callotis se distribuye desde el norte de Oaxaca a lo largo de la Sierra Madre de Chihuahua y este de Sonora, con registros en dos valles en Hidalgo, Nuevo México (Fig. 5). El color de su pelo es oscuro, su vientre y costados son blancos y la parte ventral de la cola es negra (Fig. 6; Flux y Angermann, 1990; Hall, 1981).

Lepus flavigularis existe solamente desde Salina Cruz, Oaxaca al extremo oeste de Chiapas (Fig. 5); esta especie coexiste con S. floridanus. Su color dorsal es ocre brillante con negro, las orejas son color ante y la nuca tiene una banda negra que se extiende hacia atrás desde la base de cada oreja, el vientre y los costados son blancos (Fig. 7; Flux y Angermann, 1990; Hall, 1981).

El conejo zacatuche Romerolagus diazi es considerado primitivo entre los conejos y liebres vivientes. Es una especie endémica de México restringida a la parte central del Eje Neovolcánico Transversal (Fig. 3). Se encuentra entre los 2800 y 4250 m de elevación en bosques de pino con crecimiento denso de grupos de pastos y susbrato de rocas (Fa y Bell, 1990; Hall,

1981; López-Forment y Cervantes-Reza, 1981; Nelson, 1909; Rojas, 1951). Es un conejo pequeño, sus extremidades posteriores son cortas y sus orejas son pequeñas y redondeadas con cola que no se distingue externamente. Su pelaje es corto y denso con la parte dorsal y lateral amarillas mezcladas con negro (Fig. 8; López-Forment y Cervantes-Reza, 1981; Nelson, 1909; Rojas, 1951).

Las relaciones de parentesco entre estas especies se conocen muy poco, por lo que se considera que los datos sistemáticos pueden proporcionar no sólo información sobre la filogenia de sus poblaciones, sino también de los cambios que han ocurrido durante el proceso evolutivo por el cual las especies presentan patrones biogeográficos específicos y niveles de diferencia morfológica y genética concordante.

Un aspecto que ayudaría, por tanto, a examinar las similitudes y diferencias morfológicas es la morfometría, que considera las variaciones en medidas craneales de las especies, para que, a través de sus patrones de variación morfométrica se pueda explicar su posición taxonómica. La morfometría ha sido una herramienta útil en el examen de las relaciones de parentesco entre diferentes taxa y mediante los estudios de análisis univariados y multivariados, ha sido posible identificar las variaciones en tamaño y forma de los ejemplares examinados y conocer sus relaciones taxonómicas (Anderson y Gaunt, 1967; Diersing, 1978; Diersing y Wilson, 1980; Dixon *et al.*, 1983).

Puede ser de gran interés comparar también, las relaciones existentes entre niveles cariotípicos y génicos en este grupo de

lagomorfos, ya que se considera que la evolución génica y cromosómica están relacionadas. Además, ambas son consistentes con las hipótesis de que los rearrreglos cromosómicos se fijan como resultado de deriva génica en poblaciones pequeñas, produciendo una alta correlación entre medidas de divergencia génica y cromosómica (Cothran y Smith, 1983). De igual forma, se considera que la evolución cromosómica en mamíferos no necesariamente va acompañada de la evolución morfológica.

La evolución cromosómica en diferentes taxa se ha estudiado con base en la morfología de los cromosomas, su número cromosómico diploide ($2n$), número fundamental (NF) y tinción diferencial con bandas cromosómicas G y C (Stock, 1976). La evolución génica se ha examinado también, mediante análisis de aloenzimas por electroforesis que consiste en la migración de proteínas bajo la influencia de un campo eléctrico en un medio de soporte como el gel de almidón; la movilidad de las proteínas en el soporte depende de su carga eléctrica, tamaño y conformación molecular. Las proteínas ya separadas se identifican y se reconocen las formas alélicas o aloenzimas (Murphy *et al.*, 1990).

Dentro de las especies en estudio, existen ciertos caracteres morfológicos y cromosómicos que han permitido relacionarlos filogenéticamente. Se ha propuesto que el género Lepus está más cercanamente emparentado con B. diazi que con el conejo S. floridanus (Stock, 1976; Schröder y Van der Loo, 1979), debido a similitudes en el número cromosómico diploide. Además, se ha demostrado que Lepus crawshayi tiene bandas cromosómicas G

muy similares a las de B. diazi (Robinson et al., 1981; Van der Loo et al., 1979).

No obstante, ciertas características del cráneo y esqueleto postcraneal indican mayor similitud entre los géneros Lepus y Sylvilagus que de cualquiera de éstos con Romerolagus. Sin embargo, las características reproductivas entre Lepus y Romerolagus son semejantes, ya que el período de gestación del zacatuche es de 39 días y en las liebres varía de 37 a 47; en cambio los conejos presentan de 28 a 32 días. El tamaño de camada promedio en el zacatuche es 2.1, un valor similar en Lepus. Las crías de Lepus y Romerolagus nacen cubiertas de pelo a diferencia de los conejos que nacen desnudos. De lo anterior se deduce que, aunque el zacatuche en apariencia externa es similar a un conejo, sus características reproductivas y cromosómicas lo hacen más parecido a una liebre.

Por lo tanto, el presente trabajo tiene como objetivo conocer las relaciones de parentesco entre el conejo S. floridanus, las liebres L. californicus, L. callotis y L. flavigularis y el conejo zacatuche B. diazi por medio de estudios morfométricos con base en medidas somáticas y craneales; citogenéticos con cromosomas obtenidos de sangre y médula ósea y de electroforesis de aloenzimas obtenidas de diferentes órganos (corazón, riñón e hígado).

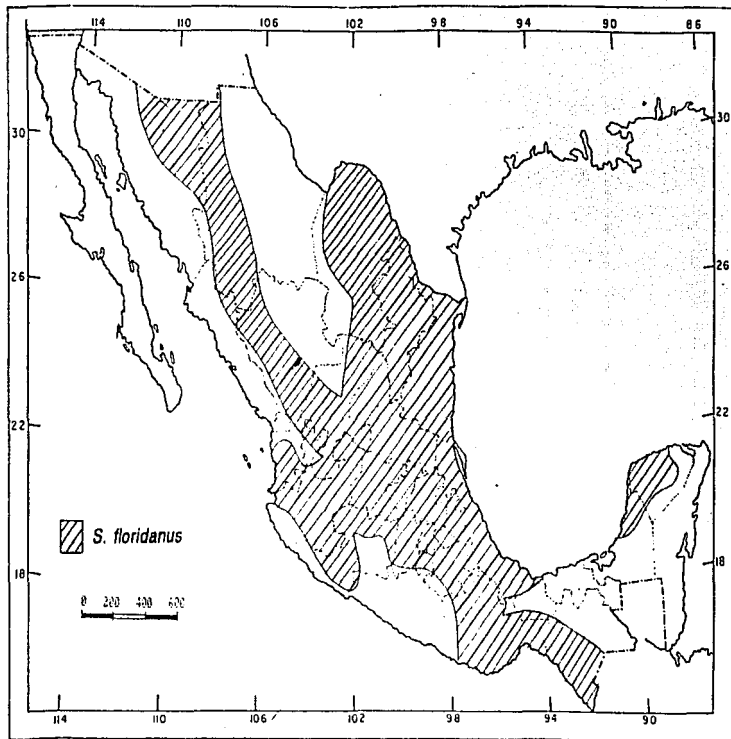


Fig 1.- Distribución geográfica de *Sylvilagus floridanus* en México (Hall, 1981).



Fig. 2.- *Sylvilagus floridanus*
(Fotografía de J. Harris)

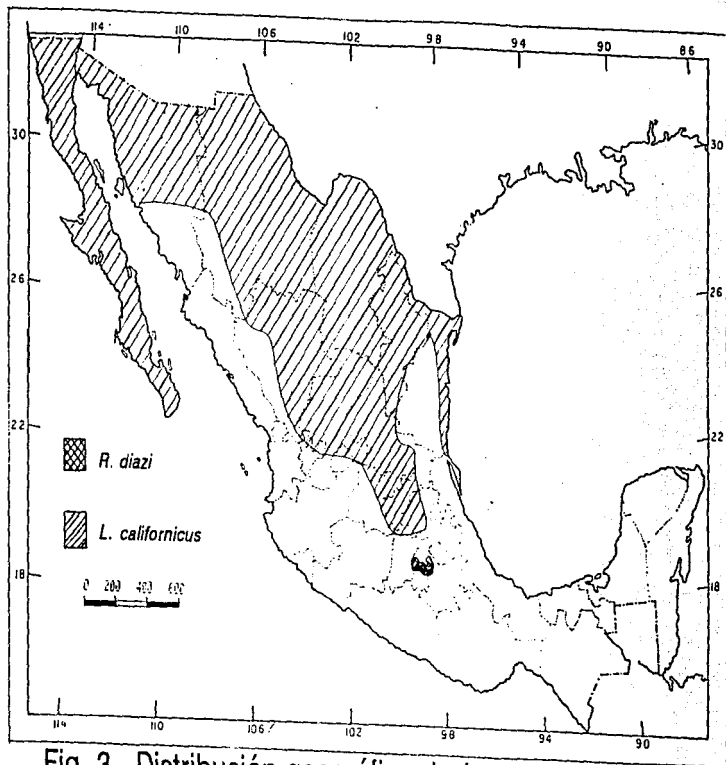


Fig. 3.- Distribución geográfica de *Lepus californicus* y *Romerolagus diazi* en México (Hall, 1981).



Fig. 4.- *Lepus californicus*
(Fotografía de M. Barrs)

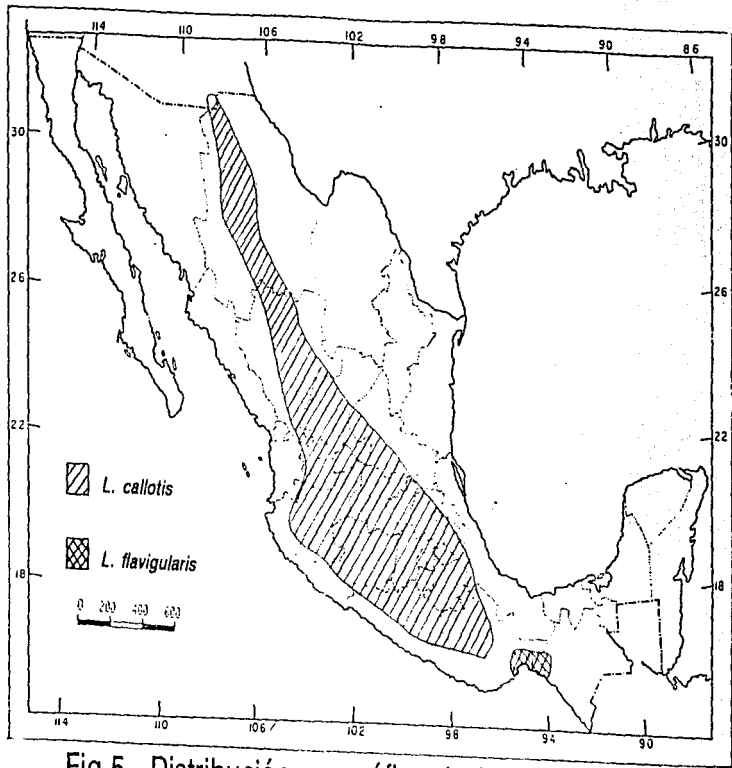


Fig 5.- Distribución geográfica de *Lepus callotis* y
12 *Lepus flavigularis* en México (Hall, 1981).



Fig. 6.- *Lepus callotis*
(Fotografía de M. Fogden)

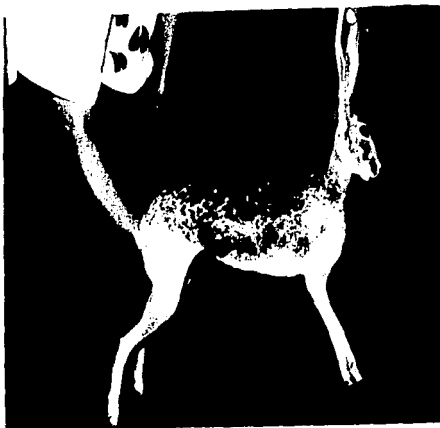


Fig. 7.- *Lepus flavigularis*
(Fotografía de F. Cervantes)



Fig. 8.- *Romerolagus diazi*
(Fotografía de J. Harris)

I. ESTUDIO MORFOMETRICO

Diversos estudios morfométricos han producido resultados que se han interpretado como evidencias de las relaciones sistemáticas entre especies de conejos y liebres (Anderson y Gaunt, 1962; Diersing, 1978; Diersing y Wilson, 1980; Robinson y Dippenaar, 1987). Aunque existe una gran diversidad biológica de los lagomorfos en México, pocos estudios han sido encaminados a proveer datos sobre el conocimiento de sus similitudes o diferencias morfométricas.

Por ejemplo, las similitudes y diferencias en tamaño de los conejos y liebres de México han sido poco examinadas (Diersing y Wilson, 1980); en particular, no han sido estimadas las proporciones de las diferencias que se dan en el tamaño de las diferentes especies. Se sabe que el conejo zacatuche Romerolagus diazi presenta un intervalo en longitud total de 268-320 mm (Cervantes *et al.*, 1990); el conejo castellano Sylvilagus floridanus es de tamaño medio con un intervalo en longitud total de 375 a 463 mm (Hall, 1981); la liebre de cola negra Lepus californicus se distingue por tener un intervalo en longitud total de 465 a 630 mm, la liebre torda L. collotis es de tamaño medio con intervalo en longitud total de 432 a 598 mm y la liebre tropical L. flavigularis presenta una longitud total de 595 mm (Hall, 1981). De lo anterior se concluye que el zacatuche es el más pequeño de los lepóridos mexicanos, las liebres son las más grandes y el conejo Sylvilagus se encuentra en posición intermedia.

En cuanto a las características craneales, a nivel genérico se sabe que el cráneo de Sylvilagus presenta un hueso maxilar altamente fenestrado, un borde continuo en los incisivos superiores y la presencia de un hueso interparietal que lo distingue del género Lepus (Ceballos y Galindo, 1984; Chapman y Ceballos, 1990). En lo que respecta al zacatuche (R. diazi) su cráneo es más pequeño que los géneros anteriores, carece de proyecciones anteriores del proceso supraorbital, la proyección posterior del hueso cigomático está aumentada en tamaño y presenta el hueso interparietal conspicuo (Cervantes et al., 1990).

Es de gran importancia conocer si las diferencias en tamaño de las especies son un reflejo de las diferencias morfométricas craneales entre las mismas. Asimismo, explorar si las variaciones en tamaño craneal han contribuido a producir variaciones en forma craneal entre los diferentes géneros.

Ha sido posible evaluar estas diferencias gracias a diversos estudios morfométricos en otras especies de lepóridos. Se ha mencionado que entre las liebres africanas, L. saxatilis es en promedio más larga que L. capensis y, mediante el análisis de variación geográfica se concluyó que L. saxatilis varía con una marcada tendencia hacia el decremento en tamaño a lo largo de un eje que abarca áreas geográficas del suroeste al noreste (Robinson y Dippenaar, 1987).

Por otro lado, en un estudio craneométrico general realizado en liebres de Norteamérica se concluye que L. flavigularis es más

parecida a L. callotis que cualquiera de estas dos especies a L. alleni y, por criterios distribucionales y morfológicos, este grupo de especies están más relacionadas con L. californicus que con cualquier otra especie del mismo género. Asimismo, se sugiere que probablemente una población de L. californicus llegó a aislarse en México y se separó para dar lugar específicamente a L. callotis, entonces una población de esta línea divergente se aisló en la planicie costera oeste donde se separó nuevamente de la línea L. californicus para convertirse en una nueva especie, L. alleni. Posteriormente, en una pequeña área en el sureste de Oaxaca, una segunda población se aisló de la línea de L. callotis y divergió como L. flavigularis (Anderson y Gaunt, 1962) que morfométricamente es distintiva.

Mediante análisis morfométricos univariados y multivariados se han realizado estudios para conocer las variaciones en tamaño y forma craneal de diferentes especies de lepóridos con fines taxonómicos. Por ejemplo, se ha podido definir claramente la posición taxonómica de Sylvilagus floridanus, aunque existe una gran variación en la forma y tamaño de su cráneo por estar sujeto a diferentes presiones de selección en una amplia variedad de habitats (Diersing, 1978; Hall, 1981). Cabe mencionar que Romerolagus diazi no ha sido comparado morfométricamente con otras especies de lepóridos, existiendo trabajos sólomente descriptivos como el de Rojas (1951).

El objetivo del presente trabajo fue realizar un estudio morfométrico en tres géneros diferentes de lepóridos de México y

entre tres especies del género Lepus, a fin de describir sus diferencias en tamaño e interpretar sus variaciones en forma con el fin de determinar sus relaciones de similitud.

El hecho de que R. diazi muestre externamente una notable similitud con los conejos (Sylvilagus) y sus dimensiones craneales sean más parecidas a los mismos, podría sugerir que puede existir una mayor similitud morfométrica (tanto en tamaño como en forma craneal) entre estos taxa que entre cualquiera de éstos con Lepus.

MATERIALES Y METODOS

Se colectaron ejemplares del conejo castellano (*S. floridanus*) y de la liebre de costados blancos (*L. callotis*) en Jalisco en la localidad de La Manzanilla, Municipio La Manzanilla; en la localidad de Mazamitla, Municipio Valle de Juárez, así como en Michoacán en la localidad de San José de Gracia, Municipio Marcos Castellanos. *Sylvilagus floridanus* se colectó también, en Santa María del Mar, Oaxaca; la liebre de cola negra (*L. californicus*) en Baja California Sur y a 20 km ENE de Apizaco, Municipio Capula en Tlaxcala; la liebre tropical (*L. flavigularis*) en Santa María del Mar, Oaxaca. Se realizaron salidas al campo a lo largo de tres años con una duración de 10 días cada una con intervalos de cuatro meses.

Adicionalmente se examinaron ejemplares de museo de las especies anteriores y del conejo zacatuche (*R. diazi* de la región de Parres, Distrito Federal) en diferentes colecciones mastozoológicas que incluyen la del Instituto de Biología de la UNAM y en colecciones norteamericanas como la del American Museum of Natural History de Nueva York y el National Museum of Natural History de Washington, D. C.

La identificación de las especies se efectuó de acuerdo con los criterios de Hall (1981); la piel y el esqueleto de los ejemplares colectados se depositaron en la Colección Nacional de Mamíferos del Instituto de Biología de la UNAM.

El tamaño de muestra total estudiada por especie fue de 39 ejemplares de *S. floridanus*, 55 de *L. callotis*, 52 de *L.*

californicus, 96 de L. flavigularis y 88 de R. diazi. Se consideraron los ejemplares en diferentes edades de acuerdo al criterio de Hoffmeister y Zimmerman (1967), tomando en cuenta el grado de fusión de la sutura exo-supraoccipital. Cada ejemplar se clasificó dentro de una de cuatro categorías de edad. En el grupo I se consideraron aquéllos ejemplares que tuvieran la sutura totalmente abierta; en el grupo II, los ejemplares que presentaran la sutura visible, pero con una pequeña fusión en la parte distal de los extremos; el grupo III, los ejemplares en donde la sutura está totalmente fusionada pero no ha desaparecido y el grupo IV, los ejemplares que presentaron la sutura totalmente fusionada y ya no es visible (Fig. I.1).

Este procedimiento se usó para definir la categoría de adulto y minimizar los errores en la inclusión de subadultos en las muestras de análisis subsecuentes. Las medidas externas que se consideraron y que se obtuvieron de los rútilos de los ejemplares fueron: longitud total (LOTO), longitud de la cola vertebral (LOCO), longitud de la pata (LOPA) y longitud de la oreja (LOOR). Se consideraron 29 medidas craneales (Cuadro I.1) de acuerdo con los criterios de Diersing (1981), Diersing y Wilson (1980) y Robinson y Dippenaar (1987; Fig. I.2a- I.2d). Estas medidas se tomaron con vernier digital a nivel de precisión de 0.1 mm.

Tanto las medidas somáticas como las craneales se analizaron estadísticamente por estadística univariada y solamente las medidas craneales se analizaron estadísticamente por análisis

multivariado. Estos análisis se realizaron con los paquetes estadísticos SAS (Statistical Analysis System, 1988) y NT-SYS (Numerical Taxonomy System of Multivariate Statistical Programs; Rohlf, 1989), en una computadora personal Dell 486 P/33 de la Colección Nacional de Mamíferos del Instituto de Biología, UNAM.

Dentro de los análisis univariados se utilizaron diferentes procedimientos estadísticos:

Análisis de varianza.- Es una prueba paramétrica usada para probar diferencias significativas entre los promedios de dos o más poblaciones y considera a la hipótesis nula como la igualdad entre las medias. El estadístico de F constituye una porción esencial de este análisis y se usa para probar si las medias presentan diferencias significativas y se asigna generalmente un valor de significancia de 0.05. Si el valor de F es significativo, no se acepta la hipótesis nula de que las medias son iguales (DeBlase y Martín, 1981; Lewis, 1975; Zar, 1974).

Una vez que se realiza el análisis de varianza y nos dice si hay diferencias significativas al comparar las medias de dos o más poblaciones, la prueba de medias múltiples de Duncan, nos dice entre qué poblaciones existen estas diferencias.

Prueba de Wilcoxon.- Es un análogo no paramétrico a la prueba de t de muestras pareadas. Esta prueba no utiliza la estimación de la varianza, la media o cualquier otro parámetro poblacional y no considera ninguna suposición acerca de la distribución de las poblaciones muestreadas (DeBlase y Martín, 1981, Zar, 1974). El estadístico de Z se utiliza en esta prueba y

el nivel de significancia está dado por una probabilidad de 0.05; si el resultado al comparar las dos poblaciones es mayor a este valor, no existen diferencias significativas entre las poblaciones. Al mismo tiempo que se ejecuta la prueba de Wilcoxon, el software empleado proporciona otros estadísticos. Uno de los parámetros que se obtienen es la prueba de T aproximada, la cual es una aproximación de la prueba paramétrica de t y se utiliza para comparar el resultado dado por la prueba de Wilcoxon.

RESULTADOS

Variación intraespecífica

Los análisis estadísticos preliminares se efectuaron para conocer los niveles de variación en función de la edad, sexo y variación individual, antes de proceder a efectuar comparaciones entre especies.

Variación morfométrica debida a la edad

En la mayoría de las variables consideradas en todas las especies hubo diferencias significativas entre las categorías de edad 1, 2 y 3-4, de tal forma que éstas últimas formaron un sólo grupo considerado como adultos; solamente en la edad 4 del zacatuche B. diazi 21 variables presentaron diferencias significativas, es decir, que generalmente esta categoría de edad se diferenció del resto, por lo que la edad 4 se consideró como adulto solamente en esta especie (Cuadro I.2). En S. floridanus, las clases de edad 3 y 4 no muestran diferencias significativas en 18 variables, de las cuales 15 fueron significativamente diferentes para las clases de edad 1, 2 o ambas (Cuadro I.3).

Por lo que respecta a L. callotis, 23 variables craneales fueron significativamente diferentes entre las clases de edad 1, 2 o ambas y las clases de edad 3 y 4 (Cuadro I.4). Similarmente en L. californicus, 26 variables craneales fueron significativamente diferentes entre la clase de edad 1 y las clases de edad 3 y 4 (Cuadro I.5). En L. flavigularis, cada variable fue significativamente diferente entre las clases de

edad 2 y las clases de edad 3 y 4 (excepto COPO, constricción postorbital; Cuadro I.6).

Se observó, en general, que para todas las especies y todas las variables la categoría de edad 2 fue la que mayor variación presentó y que en las variables LOOR (longitud de la oreja) y COPO para S. floridanus y L. callotis, COPO para L. californicus y LOCO (longitud de la cola) y COPO para L. flavigularis no hubo diferencias significativas ($Pr \leq 0.05$), es decir, que sólo en estas variables las categorías de edad se pueden considerar como grupos aparte (Cuadro I.2-I.6).

Variación morfométrica debida al sexo

Haciendo una comparación entre machos y hembras en todas las especies y para todas las variables, se observó que entre ambos sexos solamente en las variables ANMA (altura mandibular) para E. diazi; LODI (longitud del diastema), LOFI (longitud del foramen incisivo), LOBA (longitud basal), LDMA (longitud de la hilera mandibular de dientes) y ANMA (altura mandibular) para S. floridanus; ANPO (anchura postdental) para L. callotis y ANBA (anchura del basioccipital), ALRM (altura del ramus mandibular), LOMA (longitud de la mandíbula) y ANMA (altura mandibular) para L. flavigularis hubo diferencias significativas entre sexos (es decir, cuyo valor en prueba de T aproximada fuera menor a 0.05; Cuadro I.7-I.11), por lo que ambos sexos se consideraron como un sólo grupo y se usaron como tal para cálculos posteriores.

Variación individual

Se observó que, en general, en cada una de las especies los

coeficientes de variación (CV) mayores al 10% corresponden a las variables somáticas, siendo mayor al 50% solamente en Sylvilagus floridanus (Cuadro I.13); con respecto a las variables craneales el CV solamente fue mayor al 10% en ANCI (anchura del canal infraorbital) para E. diazi (Cuadro I.12), LOBU (longitud de la bula auditiva; 12.63%) para S. floridanus (Cuadro I.13), ANFC (anchura del foramen carótido; 16.89%) y ANIO (anchura interorbital; 10.47%) para L. galotis (Cuadro I.14) y LOIS (longitud del primer incisivo superior; 13.73%) para L. californicus (Cuadro I.15). En L. flavigularis todas fueron menores al 10% (Cuadro I.16). Haciendo un promedio de los CV para cada especie con y sin variables somáticas, el CV mayor fue de 12.81 con variables somáticas para S. floridanus y 6.70 sin variables somáticas. En el resto de las especies los CV fueron menores al 10% con y sin variables somáticas, aunque son un poco mayores en general para todas las especies si se consideran solamente las variables somáticas (Cuadro I.17).

Variación interespecífica

Estadística univariada

Las diferencias en tamaño entre los tres géneros de lepóridos examinados fue grande. Por ejemplo, el valor promedio de LOMC (longitud mayor del cráneo) de las tres especies de liebres (94.5 mm) resultó ser un 25.6% más grande que el mismo parámetro para S. floridanus y un 38.1% para E. diazi. A su vez, la LOMC de S. floridanus resultó ser 16.8% más grande que la de

R. diazi.

La variación en tamaño entre las especies de liebres también fue detectada. Al comparar los valores promedio de las variables craneales, L. flavigularis fue más grande en 22 de las 29 variables que las otras dos especies de liebres (Cuadro I.14- I.16). Por ejemplo, el valor de LOMC (longitud mayor del cráneo) para L. flavigularis fue significativamente más grande que el de L. californicus ($t = 3.9180$; g.l. = 84; $p < 0.001$) y que el de L. callotis ($t = 5.6095$; g.l. = 96; $p < 0.001$). En contraste, el mismo valor no fue significativamente distinto entre L. californicus y L. callotis ($t = 1.3984$; g.l. = 82; $p > 0.10$). Similarmente, los valores de 27 variables en S. floridanus fueron más grandes que en R. diazi.

Estadística multivariada

Dentro de la estadística multivariada se consideraron las edades 3 y 4 como un sólo grupo (a excepción de R. diazi donde fue solamente la edad 4), hembras y machos juntos y sólo las variables craneales.

Análisis de componentes principales

Se observó que el porcentaje de variación encontrado en los tres primeros componentes fue del 92.8%. El primer componente es responsable del 85.8% de la variación total craneal interespecífica. El segundo componente explica el 3.9% de la variación total y el tercer componente explica el 3.1% (Cuadro I.18). El primer componente refleja diferencias en tamaño por

poseer signos positivos todas las variables, con la variable LOMC que explica el mayor porcentaje de variación y le siguen LOBA y ANZI; el componente 2 y 3 reflejan diferencias en forma por poseer combinaciones de signos (+ y -; Cuadro I.19).

Al hacer una gráfica del componente 1 con el componente 2 se observó una perfecta separación entre las especies de acuerdo a su tamaño (componente 1), con el zacatuche (*E. diazi*) como el más pequeño de todas las especies y las liebres como las más grandes, estando intermedio el conejo castellano (*S. floridanus*); en cuanto al componente 2 referido a la forma se encuentran las especies en el mismo plano espacial por lo que no se observan en esta gráfica diferencias notables en cuanto a la forma de las mismas (Fig.I.3). Al observar la gráfica del componente 2 contra el 3 las diferencias en forma entre las especies son más notorias, ya que a grosso modo, en el componente 2, *L. californicus* y *L. callotis* (los cuales se encuentran básicamente en los valores menores a 0) se separan de *L. flavigularis* (el cual se encuentra en los valores mayores a 0). Lo mismo ocurre en el componente 2 con *E. diazi* (encontrado en el valor de 0 y mayor a éste) ya que se separa de *L. californicus* y *L. callotis* (los cuales se encuentran en el valor de 0 y menores a éste; Fig. I.4). En el componente 3 también se separa *L. californicus* (en valores mayores a 0) del resto de las especies (en valores menores a 0), estando más cercano a *L. californicus* la especie *L. callotis* (Fig. I.4).

Análisis de función discriminante

Todos los ejemplares examinados estuvieron correctamente asignados dentro de su clasificación taxonómica; por ejemplo, los ejemplares correspondientes a la especie S. floridanus fueron considerados por el análisis como tal, es decir, como S. floridanus. Se estimó, entonces, que el 100% de los ejemplares examinados fueron clasificados correctamente (Cuadro I.20). La distancia cuadrada generalizada nos muestra la distancia morfométrica entre un par de especies y se observó que las distancias pequeñas corresponden a aquéllas entre especies de liebres (de 27.1 a 50.6), por un lado, y entre especies de conejos (77.2), por el otro; mientras que las grandes a aquéllas entre R. diazi y las liebres (de 276.5 a 346.3). Las distancias entre S. floridanus y las especies de liebres van de 136.2 a 175.8 (Cuadro I.21).

Análisis canónico

Las variables que mejor explican las diferencias entre las especies y que se encuentran en la variable canónica 1 son LOMC, PRCR, PRBU y ANZI (Cuadro I.22). En este análisis se encontró una perfecta separación entre los conejos y las liebres, pero entre éstas no existe una separación muy clara (Fig. I.5).

Análisis de cluster

Se usó el paquete estadístico NT-SYS con el fin de obtener gráficamente las relaciones de parentesco morfométrico entre las especies y se observó que los conejos (R. diazi y S. floridanus) están menos relacionados entre sí que las liebres y que entre éstas existe una relación más estrecha entre L. californicus y L.

callotis que cualquiera de las dos con L. flavigularis (Fig. I.6). Los conejos (Romerolagus y Sylvilagus) se separan en un valor de 0.98 y las liebres (Lepus) en un valor aproximado de 0.60 y L. californicus y L. callotis se separan en un valor de 0.32 (Fig. I.6).

DISCUSION

Dentro de la variabilidad debida a la edad, las categorías de edad 3 y 4 se consideraron como adultos a excepción de Romerolagus diazi en donde sólomente la edad 4 se consideró como correspondiente a adulto. Estos resultados concuerdan con otro trabajo morfométrico realizado con diferentes especies de conejos (Sylvilagus floridanus, S. auduboni y R. diazi; Vargas, 1992) en donde los ejemplares adultos de R. diazi se consideraron en la categoría de edad 4.

Aunque solamente cinco medidas craneales en S. floridanus fueron significativamente diferentes entre machos y hembras se encontró que la variabilidad debida al sexo fue mínima en los datos obtenidos en los conejos. Estos resultados son consistentes con otros trabajos. Asimismo, ninguna diferencia morfológica significativa entre ambos sexos fue observada entre especies de conejos (Sylvilagus) del oeste y centro de México (Diersing y Wilson, 1980). El mismo patrón se ha observado también en S. floridanus y S. auduboni colectados en Texas, E. U. A. (Scribner y Warren, 1986) y en conejos silvestres de Australia (Taylor et al., 1977).

Por lo que respecta a las liebres, sólo L. flavigularis presentó el mayor número de variables (cuatro) con diferencias significativas entre sexos, siendo en general, mínima la variabilidad debida al sexo en todas las especies de liebres. Esto concuerda, también, con análisis realizados anteriormente en otras especies de liebres. Por ejemplo, un análisis taxonómico

numérico de nueve especies de Lepus menciona que se hizo este análisis separando sexos y se obtuvieron resultados similares al combinar ambos sexos (Dixon et al., 1983). Igualmente un análisis morfométrico realizado en liebres de Sudafrica mostró que los cráneos de hembras y machos no difieren significativamente en tamaño (Robinson y Dippenaar, 1987). Similarmente, ninguna diferencia significativa fue observada en la liebre ártica L. arcticus (Baker et al., 1978) y en lepóridos de Sudafrica, L. saxatilis, L. capensis y Lunolagus monticularis (Robinson y Dippenaar, 1987). El único caso en el que han diferido significativamente machos y hembras es en L. americanus, por lo que fueron tratados separadamente para análisis subsecuentes (Nagorsen, 1985).

Aunque S. floridanus fue la especie más variable con valores de coeficientes de variación relativamente altos en medidas craneales y somáticas (6.7 y 12.8 respectivamente), la variabilidad en los datos obtenidos en todas las especies (incluyendo S. floridanus) sobre variación individual fue pequeña. Esto concuerda con resultados previos en los que se han encontrado que las variaciones individuales son muy bajas en S. floridanus del centro-oeste de México (Diersing y Wilson, 1980).

Por lo anterior, no se consideró dimorfismo sexual ni variación individual en las especies estudiadas, por lo que en el análisis multivariado se combinaron hembras y machos, se consideraron los ejemplares adultos exclusivamente y solamente las variables craneales.

Estudios previos mencionan que existen diferencias observables en algunas medidas craneales entre L. flavigularis y las especies L. callotis y L. californicus. Se ha mencionado que la longitud de la bula (LOBU) en L. flavigularis es la más pequeña de todas las especies de Lepus que existen en México y que la longitud de los nasales (LONA) y la longitud del puente palatino (LOPP) en la misma especie es mayor que en otras especies de Lepus (Hall, 1981; Dixon et al., 1983). Estas diferencias concuerdan con las encontradas en las especies de liebres estudiadas en el presente trabajo.

Los resultados confirman que el tamaño craneal de las liebres es mayor que el de los conejos. De acuerdo con este criterio, la especie más grande es L. flavigularis y en orden decreciente le siguen L. californicus, L. callotis, S. floridanus y R. diazi. El hecho de que L. flavigularis sea la especie más grande concuerda con el estudio de taxonomía numérica en liebres del Nuevo Mundo, en donde se encontró con base en 12 medidas craneales que esta especie es mayor que L. callotis y L. californicus (Dixon et al., 1983).

Dentro de la estadística multivariada, el análisis de componentes principales mostró que el factor más importante que contribuye a las diferencias morfométricas entre las especies es el tamaño. A este respecto se ha encontrado que la variación geográfica encontrada entre los conejos del género Sylvilagus, es debida al tamaño y que el patrón general más notable es el incremento de tamaño en individuos que habitan en áreas

geográficas del norte del Continente Americano y decremanta en individuos que habitan en áreas geográficas al sur del Continente Americano. En S. floridanus una tendencia similar se da en dirección este a oeste (Diersing y Wilson, 1980).

El componente 1 (referido al tamaño) representó el 85.8% de la variación total; a lo largo de este eje, las liebres fueron claramente las más largas seguidas por el conejo castellano S. floridanus y por último el zacatuche R. diazi. El factor forma también contribuyó, pero en muy poca medida, a las diferencias morfométricas interespecíficas entre los taxa; ya que los componentes 2 y 3 (referidos a la forma) explican sólo el 7% de la variación total.

El análisis de componentes principales realizados en diferentes lepóridos, han mostrado que el componente 1 es el que explica en gran medida la variación entre diferentes taxa y está fuertemente influenciado por el tamaño. Por ejemplo, un análisis en tres subespecies de S. floridanus (macrocorpus, holzneri y orizabae) basado en 26 variables craneales, mostró que el componente principal 1 explica el 78.5% de la variación observada y separó las muestras especialmente por tamaño. El componente principal 2 explicó solamente el 11.1% de la variación. Este análisis ilustró el tamaño relativamente largo de S. f. macrocorpus comparado con S. f. orizabae y S. f. holzneri (Diersing y Wilson, 1980). Igualmente en 37 muestras de L. americanus que corresponden a 15 subespecies, el componente 1 considera una gran variación explicada por el tamaño (92.63% en

hembras y 92.8% en machos) basados en 15 caracteres (Nagorsen, 1985). En liebres africanas, la cantidad de variación morfométrica explicada por el componente 1 fue de 70.15% reflejando la importancia del tamaño, en donde L. saxatilis se consideró como la más larga, B. monticularis como la más pequeña y L. capensis se encontró en posición intermedia (Robinson y Dippenaar, 1987). Únicamente S. audubonii y S. floridanus demostraron poca variabilidad en forma y tamaño; sin embargo, esta tendencia no fue significativa (Scribner y Warren, 1986).

Por lo anterior, se deduce que por los resultados obtenidos y por resultados de trabajos previos, la variación total encontrada en diferentes especies de lepóridos se debe principalmente a diferencias en tamaño craneal y en menor medida a diferencias en la forma del cráneo.

La maximización de las distancias entre las especies producidas por el análisis discriminante separó perfectamente a Lepus, de Sylvilagus y de Romerolagus. El hecho de que los ejemplares de todas las especies estudiadas fueran correctamente asignados en su clasificación taxonómica muestra que existe, por un lado, poca variación intraespecífica y por otro, una total separación interespecífica a nivel craneométrico.

Las distancias morfométricas entre cada par de especies (distancias cuadradas generalizadas) demostró que las especies más cercanas fueron L. californicus y L. callotis (con un valor de 27.09). Esto se confirma por resultados de un estudio previo sobre análisis de taxonomía numérica realizado en diferentes

especies de liebres del Nuevo Mundo (Dixon et al., 1983). Asimismo, las especies que más difieren morfométricamente son B. diazi y L. flavigularis (con un valor de 346.32).

Las posiciones de B. diazi y S. floridanus son distintivas considerando a las liebres, ya que entre éstas no existe una perfecta separación (mediante resultados producidos por análisis canónico), por lo que son morfométricamente muy similares entre sí. Las variables que explican en mayor medida las diferencias encontradas entre las especies son: longitud mayor del cráneo (LOMC), profundidad del cráneo (PRCR), profundidad de la bula auditiva (PRBU) y anchura zigomática (ANZI). Curiosamente dos de estas variables (LOMC y PRBU) coinciden en ser las que explican las diferencias más grandes entre ciertas especies de Sylvilagus que se encuentran en el centro-oeste de México (S. cunicularius, S. floridanus, S. graysoni y S. auduboni; Diersing y Wilson, 1980).

El dendrograma obtenido por análisis de cluster usando el método UPGMA (unweighted pair-group method with arithmetic averaging) confirma que las liebres están más relacionadas entre sí que cada una de ellas a cualquier otra especie de conejo. Los resultados demuestran que las especies más relacionadas morfométricamente son L. californicus y L. callotis, esto no ocurre así en una relación morfológica propuesta anteriormente que menciona que las especies más similares morfométricamente son L. flavigularis y L. callotis basadas en estudios biogeográficos y de historia evolutiva (Anderson y Gaunt, 1962). Sin embargo, el

patrón de relación morfométrica obtenido en este trabajo concuerda con un estudio previo basado en medidas craneales, en el que se agrupan a las especies L. californicus y L. callotis mediante análisis de cluster y separa completamente a L. flavigularis (Dixon *et al.*, 1983).

CONCLUSIONES

Se confirman las observaciones previas sobre las diferencias en tamaño entre géneros de conejos y liebres. De mayor a menor tamaño se ordenaron así: Lepus, Sylvilagus y Romerolagus. Similarmente, se confirma que S. floridanus es de mucho mayor talla que Romerolagus. Dentro de las liebres, la más grande es L. flavigularis.

Aunque la variación craneal total encontrada en las diferentes especies estudiadas se debe principalmente a diferencias en tamaño, también existen diferencias en la forma pero no son tan notables. Las variables que explican en mayor medida las diferencias entre las especies son: longitud mayor del cráneo, profundidad del cráneo, profundidad de la bula auditiva y anchura cigomática.

En conjunto, las liebres son morfométricamente más similares entre sí que cualquiera de ellas con S. floridanus o R. diazi. Dentro de las liebres, las especies más cercanas fueron L. californicus y L. callotis, quedando separada L. flavigularis. Las especies que mayormente difieren morfométricamente son R. diazi y L. flavigularis.

Lo anterior concuerda parcialmente con lo que originalmente se esperaba encontrar, ya que por un lado, existe una relación morfométrica estrecha entre los conejos (Sylvilagus y Romerolagus) pero por otro lado, esta relación se acentúa mucho más entre las especies de liebres (Lepus), sobretodo entre L. californicus y L. callotis.

Cuadro I.1.- Variables craneales medidas para la comparación morfométrica entre *Lepus californicus*, *L. callotis*, *L. flavigularis*, *Sylvilagus floridanus* y *Romerolagus diazi* de México, según Diersing y Wilson (1980) y Robinson y Dippenaar (1987).

1. (a-a).- Longitud mayor del cráneo (LOMC).
2. (b-b).- Profundidad del rostro (PRRO).
3. (c-c).- Profundidad del cráneo (PRCR).
4. (d-d).- Longitud de la bula auditiva (LOBU).
5. (e-e).- Profundidad de la bula auditiva (PRBU).
6. (f-f).- Longitud maxilar de dientes (LDMX).
7. (g-g').- Longitud basal (LOBA).
8. (h-h').- Longitud del foramen incisivo (LOFI).
9. (i-i).- Anchura de la hilera maxilar de dientes (ADMX).
10. (j-j).- Anchura postdental (ANPO).
11. (k-k).- Anchura de la caja craneana (ANCC).
12. (l-g).- Longitud del basioccipital (LOBO).
13. (m-h).- Longitud del puente palatino (LOPP).
14. (n-n).- Longitud del diastema (LODI).
15. (o-o).- Anchura interauditiva (ANIN).
16. (p-p).- Anchura del foramen carótido (ANFC).
17. (q-g).- Anchura del basioccipital (ANBA).
18. (r-r).- Longitud de los nasales (LONA).
19. (s-s).- Anchura de los nasales (ANNA).
20. (t-t).- Anchura cigomática (ANZI).
21. (w).- Altura del ramus mandibular (ALRM).
22. (x-x').- Longitud de la mandíbula (LOMA).
23. (y-x).- Longitud de la hilera mandibular de dientes (LDMA).
24. (z-z).- Altura mandibular (ANMA).
25. (aa-aa).- Anchura del canal infraorbital (ANCI).
26. (bb-bb).- Longitud del primer incisivo superior (LOIS).
27. (cc-cc).- Anchura de la fosa mesopterigoidea (ANFM).
28. (dd-dd).- Anchura interorbital (ANIO).
29. (ee-ee).- Constricción postorbital (COP0).

Cuadro I.2.- Variación morfométrica debida a la edad en Romerolagus diazi descrita por medio de un análisis de varianza y la prueba de medias múltiples de Duncan, incluyendo machos y hembras. Las variables y categorías de edad se definen en el texto. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); Duncan=estadístico de Duncan, los promedios con la misma letra indican que no presentan diferencias significativas entre sí; P=probabilidad; F=estadístico de F; *=variables cuya diferencia no es significativa.

Variable	Edad	N	Promedio (mm)	C.V.	F	Pr>F	Duncan
LOTO	4	37	276.81	8.20	103.51	0.0001	A
	3	13	263.77	6.00			A
	2	11	230.82	11.28			B
	1	11	150.54	10.88			C
LOCO	4	30	20.73	31.41	14.17	0.0001	A
	3	13	19.69	24.82			A
	2	10	18.30	22.61			A
	1	11	8.27	49.57			B
LOPA	4	37	48.73	7.50	27.36	0.0001	A
	3	13	45.46	13.81			A
	2	11	43.73	9.38			B
	1	11	35.18	12.51			C
LOOR	4	37	40.86	6.80	71.65	0.0001	A
	3	13	39.15	4.98			A
	2	10	37.00	7.64			B
	1	11	28.18	6.88			C
LOMC	4	47	59.91	2.94	273.67	0.0001	A
	3	16	57.02	3.16			B
	2	12	50.84	5.58			C
	1	13	40.35	8.73			D
PRCR	4	47	25.31	3.39	131.73	0.0001	A
	3	16	24.43	3.12			B
	2	12	23.09	4.24			C
	1	13	19.87	5.39			D
PRRO	4	44	11.08	6.76	48.07	0.0001	A
	3	16	10.29	15.73			B
	2	12	9.50	5.30			C
	1	12	7.48	9.24			D

Variable	Edad	N	Promedio (mm)	C.V.	F	Pr>F	Duncan
PRBU	4	47	20.94	3.38	79.46	0.0001	A B C D
	3	16	20.38	2.95			
	2	12	19.60	3.59			
	1	13	17.64	4.27			
LOBU	4	47	10.34	6.47	29.10	0.0001	A B C D
	3	16	9.77	3.74			
	2	12	9.30	4.29			
	1	13	8.62	10.01			
LODI	4	47	15.31	4.86	205.65	0.0001	A B C D
	3	16	14.37	5.77			
	2	12	12.12	9.44			
	1	13	8.87	11.65			
LOFI	4	47	13.36	6.36	149.82	0.0001	A B C D
	3	16	12.50	7.07			
	2	12	10.49	10.87			
	1	13	7.51	13.11			
LOBA	4	47	49.34	3.06	269.50	0.0001	A B C D
	3	16	46.37	3.88			
	2	12	40.68	6.53			
	1	13	31.67	10.29			
LDMX	4	47	11.94	3.11	189.60	0.0001	A B C D
	3	16	11.19	4.75			
	2	12	10.23	5.81			
	1	13	8.70	5.60			
ADMX	4	47	17.81	3.04	158.01	0.0001	A B C D
	3	16	17.01	3.56			
	2	12	16.04	4.21			
	1	13	13.56	6.70			
LOPP	4	47	6.87	6.98	64.57	0.0001	A A B C
	3	16	6.55	4.21			
	2	12	5.94	8.60			
	1	13	4.84	13.13			
ANFM	4	47	3.73	9.59	61.16	0.0001	A B C D
	3	16	3.36	8.29			
	2	12	2.98	6.59			
	1	13	2.51	8.65			
ANPO	4	46	6.81	5.50	36.98	0.0001	A A B C
	3	16	6.61	4.09			
	2	12	6.17	5.81			
	1	12	5.71	5.01			

Variable	Edad	N	Promedio (mm)	C.V.	F	Pr>F	Duncan
LOBO	4	47	8.29	5.71	116.15	0.0001	A
	3	16	7.59	4.05			B
	2	12	6.99	5.03			C
	1	13	5.80	9.36			D
ANBA	4	47	6.84	5.33	112.57	0.0001	A
	3	16	6.46	5.54			B
	2	12	6.04	7.62			C
	1	13	4.60	10.32			D
ANIN	4	46	22.98	3.11	93.95	0.0001	A
	3	16	22.37	3.02			B
	2	12	21.68	3.34			C
	1	12	18.76	6.16			D
ANCC	4	47	22.73	3.84	42.97	0.0001	A
	3	16	22.25	3.48			A
	2	12	21.29	4.63			B
	1	12	19.75	3.40			C
ANFC	4	47	9.39	4.87	49.87	0.0001	A
	3	15	9.17	4.45			A
	2	12	8.90	5.15			B
	1	13	7.45	10.44			C
LONA	4	42	23.08	7.47	104.92	0.0001	A
	3	16	21.70	5.13			B
	2	12	18.73	8.85			C
	1	11	13.61	14.16			D
ANNA	4	46	10.37	8.12	37.94	0.0001	A
	3	16	9.88	5.44			A
	2	12	9.24	7.63			B
	1	13	8.04	4.37			C
ANZI	4	46	29.12	2.65	132.21	0.0001	A
	3	16	28.30	2.35			B
	2	12	26.94	4.95			C
	1	13	23.25	6.71			D
ANIO	4	46	11.29	7.39	32.92	0.0001	A
	3	16	10.88	5.19			A
	2	12	10.16	7.04			B
	1	13	9.10	5.26			C
COPO	2	12	10.50	4.65	3.14	0.0297	A
	4	47	10.45	5.83			A
	3	16	10.25	5.76			A
	1	13	9.92	4.92			B

Variable	Edad	N	Promedio (mm)	C.V.	F	Pr>F	Duncan
LOIS	4	46	5.66	9.60	47.51	0.0001	A
	3	16	5.36	7.59			A
	2	12	4.60	6.43			B
	1	13	3.87	16.88			C
ANCI	4	46	12.21	10.70	31.59	0.0001	A
	3	16	11.38	4.80			B
	2	12	10.60	5.19			C
	1	13	9.09	9.62			D
LDMA	4	46	12.10	3.15	164.71	0.0001	A
	3	16	11.43	4.79			B
	2	12	10.44	4.39			C
	1	12	8.70	8.83			D
ALRM	4	46	9.29	5.41	100.04	0.0001	A
	3	16	8.90	4.06			B
	2	12	8.10	7.30			C
	1	12	6.47	10.27			D
LOMA	4	45	31.64	2.99	174.34	0.0001	A
	3	14	30.22	3.40			B
	2	12	26.93	6.42			C
	1	10	21.22	11.95			D
ANMA	4	47	28.53	3.33	167.71	0.0001	A
	3	16	27.34	3.58			B
	2	12	23.99	8.31			C
	1	10	18.53	12.47			D

Cuadro I.3.- Variación morfométrica debida a la edad en *Sylvilagus floridanus* descrita por medio de un análisis de varianza y la prueba de medias múltiples de Duncan, incluyendo machos y hembras. Las variables y categorías de edad se definen en el texto. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); Duncan=estadístico de Duncan, los promedios con la misma letra indican que no presentan diferencias significativas entre sí; P=probabilidad; F=estadístico de F; *=variables cuya diferencia no es significativa.

Variable	Edad	N	Promedio (mm)	C.V.	F	Pr>F	Duncan	
LOTO	4	39	322.54	49.09	4.61	0.0065	A	
	3	7	224.86	79.36				A B
	2	4	104.25	142.52				A B
	1	2	21.50	23.02				B
LOCO	4	39	38.05	54.70	4.15	0.0108	A	
	3	7	25.29	79.18				A B
	2	4	11.75	132.10				A B
	1	2	2.50	84.85				B
LOPA	4	39	69.28	52.64	3.66	0.0186	A	
	3	7	52.14	81.01				A B
	2	4	24.50	148.39				A B
	1	2	4.50	15.71				B
LOOR	4	30	45.77	58.10	2.66	0.0617	A	
	3	7	35.14	78.86				A B
	2	4	18.25	145.27				A B *
	1	2	4.50	47.14				B
LOMC	4	47	72.82	4.29	66.82	0.0001	A	
	3	11	68.40	5.80				B
	2	8	58.59	12.30				C
	1	3	46.65	6.41				D
PRCR	4	47	31.08	3.55	46.69	0.0001	A	
	3	11	29.61	3.87				A
	2	8	26.57	11.88				B
	1	3	22.86	4.31				C
PRRO	4	47	14.70	7.22	34.03	0.0001	A	
	3	11	13.65	7.71				A
	2	8	11.75	15.67				B
	1	3	9.10	4.12				C

Variable	Edad	N	Promedio (mm)	C.V.	F	Pr>F	Duncan
PRBU	4	47	23.66	3.97	12.48	0.0001	A A B B
	3	11	23.44	3.31			
	2	8	20.52	22.25			
	1	3	19.15	3.43			
LOBU	4	47	9.87	13.19	5.74	0.0015	A A A B
	3	11	9.26	7.79			
	2	8	8.70	8.00			
	1	3	7.60	1.74			
LODI	4	47	19.85	5.49	61.05	0.0001	A B C D
	3	11	18.29	8.15			
	2	8	15.13	15.22			
	1	3	11.34	10.25			
LOFI	4	47	18.09	5.12	58.13	0.0001	A A B C
	3	11	16.89	7.56			
	2	8	13.46	16.44			
	1	3	11.23	14.48			
LOBA	4	47	59.02	4.57	69.87	0.0001	A B C D
	3	11	55.03	6.45			
	2	8	46.38	13.79			
	1	3	35.53	5.47			
LDMX	4	47	14.01	5.38	47.62	0.0001	A B C D
	3	11	13.11	4.97			
	2	8	11.53	10.32			
	1	3	9.62	6.84			
ADMX	4	47	20.68	5.27	32.81	0.0001	A A B C
	3	11	19.96	6.94			
	2	8	17.75	11.26			
	1	3	14.57	0.74			
LOPP	4	47	6.33	9.23	12.34	0.0001	A A A B
	3	11	6.04	9.94			
	2	8	5.89	12.17			
	1	3	4.24	4.37			
ANFM	4	47	5.97	9.20	23.82	0.0001	A A B B
	3	11	5.47	10.31			
	2	8	4.47	20.77			
	1	3	3.87	8.10			
ANPO	4	45	9.09	7.51	14.96	0.0001	A A B C
	3	11	8.55	6.47			
	2	8	8.06	11.27			
	1	3	6.80	2.30			

Variable	Edad	N	Promedio (mm)	C.V.	F	Pr>F	Duncan
LOBO	4	46	9.03	5.42	44.77	0.0001	A B C D
	3	11	8.30	6.87			
	2	8	7.14	15.09			
	1	3	5.96	6.20			
ANBA	4	47	9.16	6.88	24.48	0.0001	A A B C
	3	11	8.66	6.59			
	2	8	7.70	14.46			
	1	3	6.28	10.48			
ANIN	4	47	25.47	3.55	32.20	0.0001	A A B C
	3	10	24.36	3.97			
	2	7	22.92	8.08			
	1	3	20.26	7.89			
ANCC	4	47	26.34	3.76	16.45	0.0001	A A B C
	3	11	25.53	3.48			
	2	8	24.44	9.06			
	1	3	22.27	2.34			
ANFC	4	46	11.52	5.63	15.71	0.0001	A A B C
	3	10	11.16	7.28			
	2	8	10.38	10.05			
	1	3	8.96	8.65			
LONA	4	46	31.75	7.14	45.18	0.0001	A A B C
	3	11	29.15	8.35			
	2	8	23.53	17.78			
	1	3	18.23	12.14			
ANNA	4	47	15.13	6.09	34.96	0.0001	A A B C
	3	11	14.31	6.84			
	2	8	11.95	18.51			
	1	3	9.87	5.35			
ANZI	4	46	34.64	3.43	36.70	0.0001	A B C D
	3	11	32.86	3.93			
	2	8	30.66	9.61			
	1	3	27.12	5.51			
ANIO	4	47	14.40	8.33	21.93	0.0001	A A B C
	3	11	13.10	8.56			
	2	8	11.70	16.31			
	1	3	9.72	5.85			
COPO	4	8	12.11	14.65	1.18	0.3243	A A A A
	3	11	12.03	5.82			
	2	8	11.73	7.10			
	1	3	11.17	0.72			

Variable	Edad	N	Promedio (mm)	C.V.	F	Pr>F	Duncan
LOIS	4	47	7.51	7.43	17.52	0.0001	A
	3	10	7.06	12.92			B
	2	8	5.98	11.36			B
	1	3	5.81	17.42			B
ANCI	4	47	14.78	6.31	36.05	0.0001	A
	3	11	14.01	6.17			A
	2	8	11.96	15.96			B
	1	3	9.49	4.46			C
LDMA	4	46	14.01	6.05	36.20	0.0001	A
	3	10	12.94	5.64			B
	2	8	11.72	9.45			C
	1	3	9.82	6.39			D
ALRM	4	44	11.01	6.31	36.53	0.0001	A
	3	10	10.00	8.57			B
	2	7	8.97	12.73			C
	1	3	7.09	7.51			D
LOMA	4	40	35.72	5.12	51.70	0.0001	A
	3	9	33.46	8.99			A
	2	3	26.29	20.10			B
	1	3	21.16	4.66			C
ANMA	4	46	31.11	5.00	53.12	0.0001	A
	3	11	29.10	9.67			A
	2	7	24.74	16.24			B
	1	3	17.34	4.11			C

Cuadro I.4.- Variación morfométrica debida a la edad en Lepus callotis descrita por medio de un análisis de varianza y la prueba de medias múltiples de Duncan, incluyendo machos y hembras. Las variables y categorías de edad se definen en el texto. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); Duncan=estadístico de Duncan, los promedios con la misma letra indican que no presentan diferencias significativas; P=probabilidad; F=estadístico de F; *=variables cuya diferencia no es significativa.

Variable	Edad	N	Promedio (mm)	C.V.	F	Pr>F	Duncan
LOTO	4	30	543.73	5.30	60.73	0.0001	A
	3	11	510.91	4.69			A
	2	1	352.91	0.00			B
	1	1	214.00	0.00			C
LOCO	4	30	68.80	16.24	5.49	0.0030	A
	3	11	60.45	18.14			A
	2	1	50.00	0.00			A B
	1	1	31.00	0.00			B
LOPA	4	30	129.80	5.47	41.85	0.0001	A
	3	11	126.09	2.52			A
	2	1	103.00	0.00			B
	1	1	62.00	0.00			C
LOOR	4	15	126.80	6.86	2.68	0.1148	A
	3	11	122.00	4.11			A *
LOMC	4	38	94.60	3.14	103.46	0.0001	A
	3	18	89.48	4.30			A
	2	3	71.38	10.75			B
	1	1	44.34	0.00			C
PRCR	4	38	40.20	4.38	41.80	0.0001	A
	3	18	38.90	3.59			A
	2	3	33.57	8.19			B
	1	1	24.03	0.00			C
PRRO	4	38	21.65	5.14	83.28	0.0001	A
	3	16	19.87	6.41			A
	2	3	13.33	7.44			B
	1	1	9.40	0.00			C

Variable	Edad	N	Promedio (mm)	C.V.	F	Pr>F	Duncan
PRBU	4	38	31.25	2.58	250.46	0.0001	A
	3	18	30.10	4.19			
	2	3	27.27	5.03			
	1	1	4.35	0.00			
LOBU	4	38	12.40	7.18	5.93	0.0014	A
	3	3	12.03	9.06			
	2	18	11.77	7.00			
	1	1	9.19	0.00			
LODI	4	38	26.68	5.22	66.57	0.0001	A
	3	18	25.08	7.12			
	2	3	17.73	14.16			
	1	1	9.48	0.00			
LOFI	4	38	23.75	5.07	56.17	0.0001	A
	3	18	22.43	7.27			
	2	3	16.83	16.88			
	1	1	8.58	0.00			
LOBA	4	38	76.20	4.11	76.09	0.0001	A
	3	18	72.20	5.45			
	2	3	55.25	12.10			
	1	1	33.28	0.00			
LDMX	4	38	17.17	4.27	41.22	0.0001	A
	3	18	16.49	5.36			
	2	1	13.81	11.73			
	1	1	9.59	0.00			
ADMX	4	38	26.03	3.45	35.06	0.0001	A
	3	18	25.05	3.89			
	2	3	15.86	55.54			
	1	1	15.65	0.00			
LOPP	4	38	6.42	9.58	8.12	0.0001	A
	3	18	6.05	8.76			
	2	1	5.14	19.33			
	1	1	4.36	0.00			
ANFM	4	38	8.76	9.46	12.21	0.0001	A
	3	18	8.14	9.34			
	2	3	7.89	28.47			
	1	1	3.62	0.00			
ANPO	4	37	11.65	4.42	32.29	0.0001	A
	3	18	11.18	4.92			
	2	2	9.86	3.65			
	1	1	6.96	0.00			

Variable	Edad	N	Promedio (mm)	C.V.	F	Pr>F	Duncan
LOBO	4	38	11.92	4.61	67.08	0.0001	A A B C
	3	18	11.34	4.46			
	2	3	8.33	12.62			
	1	1	6.34	0.00			
ANBA	4	38	10.84	6.96	34.69	0.0001	A A B C
	3	18	10.02	7.84			
	2	3	7.91	5.43			
	1	1	4.83	0.00			
ANIN	4	37	30.20	3.05	40.26	0.0001	A A B C
	3	15	29.22	3.38			
	2	3	26.34	9.87			
	1	1	20.27	0.00			
ANCC	4	37	30.17	2.72	33.17	0.0001	A A B C
	3	18	29.49	3.47			
	2	3	26.96	4.44			
	1	1	22.66	0.00			
ANFC	3	17	13.96	29.22	3.48	0.0220	A A A B
	4	37	13.51	4.49			
	2	3	11.73	7.79			
	1	1	7.05	0.00			
LONA	4	38	37.88	7.50	32.11	0.0001	A A B C
	3	15	36.98	9.97			
	2	1	20.53	0.00			
	1	1	12.01	0.00			
ANNA	4	38	20.26	8.51	23.09	0.0001	A A B C
	3	18	18.79	6.52			
	2	3	15.54	7.99			
	1	1	9.81	0.00			
ANZI	4	37	43.25	2.96	72.64	0.0001	A A B C
	3	18	41.97	2.66			
	2	3	37.10	6.54			
	1	1	26.54	0.00			
ANIO	4	38	19.08	10.92	12.61	0.0001	A A B C
	3	18	17.62	6.48			
	2	3	14.80	9.66			
	1	1	10.70	0.00			
COPO	2	3	12.66	5.30	1.44	0.2401	A A B B
	4	38	12.39	7.64			
	3	18	12.08	6.41			
	1	1	10.93	0.00			

Variable	Edad	N	Promedio (mm)	C.V.	F	Pr>F	Duncan
LOIS	4	36	10.23	7.54	22.29	0.0001	A
	3	16	9.25	7.57			A
	2	3	7.62	13.64			B
	1	1	6.14	0.00			C
ANCI	4	38	21.41	6.34	27.83	0.0001	A
	3	18	20.51	5.05			A
	2	3	16.91	9.99			B
	1	1	12.06	0.00			C
LDMA	4	38	17.87	4.75	35.81	0.0001	A
	3	18	16.69	5.63			A
	2	3	14.61	10.39			B
	1	1	10.35	0.00			C
ALRM	4	38	15.78	4.44	75.37	0.0001	A
	3	18	14.96	5.71			A
	2	3	11.96	5.61			B
	1	1	6.16	0.00			C
LOMA	4	36	45.12	3.17	50.03	0.0001	A
	3	16	43.39	5.12			A
	2	3	34.11	11.99			B
ANMA	4	35	41.15	5.36	80.63	0.0001	A
	3	18	42.09	4.62			A
	2	3	29.93	14.17			B
	1	1	13.47	0.00			C

Cuadro I.5.- Variación morfométrica debida a la edad en Lepus californicus descrita por medio de un análisis de varianza y la prueba de medias múltiples de Duncan, incluyendo machos y hembras. Las variables y categorías de edad se definen en el texto. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); Duncan=estadístico de Duncan, los promedios con la misma letra indican que no presentan diferencias significativas; P=probabilidad; F=estadístico de F; * = variables cuya diferencia no es significativa.

Variable	Edad	N	Promedio (mm)	C.V.	F	Pr>F	Duncan
LOMC	4	29	94.75	3.23	237.44	0.0001	A
	3	7	90.61	5.49			
	1	2	40.16	1.44			
PRCR	4	29	38.57	2.23	270.17	0.0001	A
	3	7	37.60	3.85			
	1	2	21.88	3.04			
PRRO	4	29	20.25	5.07	39.24	0.0001	A
	3	7	20.23	20.59			
	1	2	7.67	2.58			
PRBU	4	29	31.87	4.76	57.68	0.0001	A
	3	7	30.18	6.35			
	1	2	19.59	2.92			
LOBU	4	29	13.61	7.05	24.76	0.0001	A
	3	7	13.41	8.36			
	1	2	8.59	2.22			
LODI	4	29	26.67	4.35	183.70	0.0001	A
	3	7	24.72	7.52			
	1	2	8.50	10.48			
LOFI	4	29	24.10	4.99	158.45	0.0001	A
	3	7	22.44	6.90			
	1	2	7.80	6.79			
LOBA	4	29	77.44	3.70	201.16	0.0001	A
	3	7	74.00	5.95			
	1	2	31.34	0.56			
LDMX	4	29	16.66	3.79	153.38	0.0001	A
	3	7	15.93	5.52			
	1	2	8.00	6.19			

Variable	Edad	N	Promedio (mm)	C.V.	F	Pr>F	Duncan
ADMX	4	29	25.38	3.28	211.56	0.0001	A
	3	7	25.06	3.81			
	1	2	12.67	3.57			
LOPP	3	7	6.77	10.53	30.29	0.0001	A
	4	29	6.57	7.97			
	1	2	3.49	1.42			
ANFM	4	29	8.98	7.44	66.77	0.0001	A
	3	7	8.37	9.01			
	1	2	3.29	3.65			
ANPO	4	27	12.03	4.79	96.25	0.0001	A
	3	7	11.57	5.63			
	1	2	6.09	4.64			
LOBO	4	29	12.07	6.29	60.99	0.0001	A
	3	7	11.40	4.50			
	1	2	6.34	2.79			
ANBA	4	28	10.01	8.61	40.27	0.0001	A
	3	7	9.66	5.54			
	1	2	4.75	1.04			
ANIN	4	28	30.67	4.80	59.74	0.0001	A
	3	7	29.71	6.05			
	1	2	18.49	4.70			
ANCC	3	7	30.83	3.90	72.20	0.0001	A
	4	29	30.51	3.47			
	1	2	21.21	2.70			
ANFC	4	28	12.11	7.60	37.15	0.0001	A
	3	7	12.03	3.35			
	1	1	6.82	6.63			
LONA	4	28	35.89	4.86	91.45	0.0001	A
	3	6	33.90	6.51			
	1	1	10.90	0.00			
ANNA	4	29	19.15	6.69	57.64	0.0001	A
	3	7	17.73	7.02			
	1	2	9.30	10.80			
ANZI	4	27	42.21	2.02	334.76	0.0001	A
	3	7	42.16	3.17			
	1	2	23.89	5.18			

Variable	Edad	N	Promedio (mm)	C.V.	F	Pr>F	Duncan
ANIO	4	29	19.09	7.68	40.50	0.0001	A A B
	3	7	18.12	6.04			
	1	2	9.89	12.15			
COPO	3	7	12.38	8.98	3.16	0.0546	A A * B
	4	29	11.83	8.92			
	1	2	10.27	3.17			
LOIS	4	29	9.97	13.78	15.64	0.0001	A A B
	3	7	9.45	13.59			
	1	2	4.43	28.73			
ANCI	4	29	20.47	7.35	49.89	0.0001	A A B
	3	7	20.21	6.45			
	1	2	9.88	5.79			
LDMA	4	29	17.60	4.56	123.23	0.0001	A A B
	3	7	16.68	5.53			
	1	2	8.20	5.52			
ALRM	4	29	14.69	4.91	142.82	0.0001	A A B
	3	7	14.64	6.43			
	1	2	5.38	7.22			
LOMA	4	28	45.52	4.09	4.72	0.0370	A B
	3	7	43.62	6.47			
ANMA	4	28	40.24	6.80	4.69	0.0377	A B
	3	7	37.73	7.37			

Cuadro I.6.- Variación morfométrica debida a la edad en *Lepus flavigularis* descrita por medio de un análisis de varianza y la prueba de medias múltiples de Duncan, incluyendo machos y hembras. Las variables y categorías de edad se definen en el texto. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); Duncan = estadístico de Duncan, los promedios con la misma letra indican que no presentan diferencias significativas; P=probabilidad; F=estadístico de F; *=variables cuya diferencia no es significativa.

Variable	Edad	N	Promedio (mm)	C.V.	F	Pr>F	Duncan
LOTO	4	41	578.93	5.27	16.88	0.0001	A
	3	8	566.37	9.03			A
	2	2	436.00	3.24			B
LOCO	3	8	87.12	12.92	2.38	0.1034	A
	2	2	78.50	0.90			A *
	4	41	78.27	13.45			A
LOPA	3	8	128.00	7.80	3.43	0.0404	A
	4	41	127.71	5.58			A
	2	2	113.50	1.87			B
LOOR	4	7	126.29	2.13	61.89	0.0001	A
	3	2	122.00	2.32			A
	2	2	102.00	2.77			B
LOMC	4	46	97.21	3.35	33.56	0.0001	A
	3	8	93.90	6.76			A
	2	2	75.18	3.46			B
PRCR	4	47	40.93	3.02	23.61	0.0001	A
	3	8	40.13	3.98			A
	2	2	34.67	1.16			B
PRRO	4	45	21.97	5.18	23.31	0.0001	A
	3	8	20.99	9.12			A
	2	2	15.89	2.27			B
PRBU	4	44	30.88	5.09	4.84	0.0119	A
	3	8	30.76	3.14			A
	2	2	27.53	0.28			B
LOBU	4	46	11.65	5.81	4.38	0.0173	A
	3	8	11.29	2.09			A
	2	2	10.42	5.56			B

Variable	Edad	N	Promedio (mm)	C.V.	F	Pr>F	Duncan
LODI	4	47	27.63	4.76	27.62	0.0001	A
	3	8	26.26	9.87			
	2	2	19.64	2.88			
LOFI	4	47	25.11	4.57	32.40	0.0001	A
	3	8	23.86	9.75			
	2	2	17.46	2.10			
LOBA	4	46	78.84	3.30	37.97	0.0001	A
	3	8	75.66	7.75			
	2	2	59.06	3.30			
LDMX	4	47	17.21	4.00	19.90	0.0001	A
	3	8	16.63	7.14			
	2	2	13.81	1.89			
ADMX	4	47	26.37	2.97	21.03	0.0001	A
	3	8	25.81	4.31			
	2	2	22.53	4.05			
LOPP	4	47	7.43	5.73	14.58	0.0001	A
	3	8	7.18	7.59			
	2	2	5.74	7.64			
ANFM	4	47	8.49	6.61	9.12	0.0004	A
	3	8	8.23	12.25			
	2	2	6.56	2.05			
ANPO	4	47	11.84	4.15	3.86	0.0272	A
	3	8	11.80	4.81			
	2	2	10.84	0.19			
LOBO	4	46	12.29	4.21	25.16	0.0001	A
	3	8	11.95	6.30			
	2	2	9.50	1.41			
ANBA	4	47	11.88	5.77	20.66	0.0001	A
	3	8	11.34	8.84			
	2	2	8.58	4.45			
ANIN	4	43	28.98	2.64	15.06	0.0001	A
	3	7	28.57	12.93			
	2	2	25.97	0.41			
ANCC	4	47	31.57	2.84	16.55	0.0001	A
	3	8	30.77	3.64			
	2	2	27.95	0.78			

Variable	Edad	N	Promedio (mm)	C.V.	F	Pr>F	Duncan
ANFC	4	47	13.66	4.46	12.32	0.0001	A
	3	8	13.43	3.14			
	2	2	11.58	3.54			
LONA	4	46	41.35	4.19	31.04	0.0001	A
	3	8	39.71	7.64			
	2	2	30.52	1.99			
ANNA	4	47	20.35	5.98	12.75	0.0001	A
	3	8	19.63	10.46			
	2	2	15.55	0.00			
ANZI	4	47	43.45	4.21	7.81	0.0010	A
	3	8	42.48	3.72			
	2	2	38.58	0.88			
ANIO	4	47	21.37	7.27	12.10	0.0001	A
	3	8	20.47	11.77			
	2	2	15.53	4.69			
COPO	3	8	12.75	7.38	2.59	0.0842	A
	2	2	12.19	0.35			
	4	47	12.16	5.33			
LOIS	4	45	10.52	6.82	8.16	0.0008	A
	3	8	10.34	12.14			
	2	2	8.14	10.85			
ANCI	4	47	22.75	4.50	11.30	0.0001	A
	3	8	22.42	5.86			
	2	2	19.10	6.07			
LDMA	4	46	18.24	3.96	21.18	0.0001	A
	3	8	17.59	6.77			
	2	2	14.60	4.70			
ALRM	4	46	16.65	4.46	21.88	0.0001	A
	3	8	15.96	7.73			
	2	2	12.86	1.81			
LOMA	4	46	47.37	3.14	37.99	0.0001	A
	3	8	45.85	6.68			
	2	2	36.36	4.06			
ANMA	4	47	43.83	4.12	25.12	0.0001	A
	3	8	41.97	5.79			
	2	2	34.41	8.10			

Cuadro I.7.- Variación morfométrica debida al sexo en *Romerolagus diazi* descrita por medio de análisis de varianza con la prueba no paramétrica de WILCOXON, incluyendo sólo edad 4. Las variables y las categorías de edad se definen en el texto. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); Z=estadístico de Z; Pr=probabilidad; * = variables cuya diferencia si es significativa.

Variable	Sexo	N	Promedio (mm)	C.V.	Z	Pr> Z	Prueba T aprox.																																																																																																																																												
LOTO	H	21	280.76	9.10	-1.7013	0.0889	0.0978																																																																																																																																												
	M	15	274.53	5.05				LOCO	H	18	21.55	30.58	-0.5856	0.5581	0.5628	M	11	19.45	34.91	LOPA	H	21	49.38	7.21	-1.0830	0.2788	0.2862	M	15	48.07	7.84	LOOR	H	21	40.86	5.04	-0.2108	0.8330	0.8342	M	15	40.80	9.09	LOMC	H	23	59.97	2.30	0.7555	0.4538	0.4499	M	24	59.85	3.49	PRCR	H	23	25.17	2.46	-0.4682	0.6396	0.6418	M	24	25.45	4.09	PRRO	H	21	10.97	6.93	-0.3290	0.7422	0.7438	M	23	11.18	6.62	PRBU	H	23	20.96	2.77	0.4682	0.6396	0.6418	M	24	20.93	3.96	LOBU	H	23	10.19	5.79	-1.2982	0.1942	0.2007	M	24	10.48	6.87	LODI	H	23	15.25	3.47	-0.4150	0.6781	0.6801	M	24	15.37	5.92	LOFI	H	23	13.28	3.99	-0.5853	0.5583	0.5612	M	24	13.43	8.04	LOBA	H	23	49.32	2.66	-0.2128	0.8315	0.8324	M	24	49.35	3.44	LDMX	H	23	12.02	3.08	1.4262	0.1606	0.1538
LOCO	H	18	21.55	30.58	-0.5856	0.5581	0.5628																																																																																																																																												
	M	11	19.45	34.91				LOPA	H	21	49.38	7.21	-1.0830	0.2788	0.2862	M	15	48.07	7.84	LOOR	H	21	40.86	5.04	-0.2108	0.8330	0.8342	M	15	40.80	9.09	LOMC	H	23	59.97	2.30	0.7555	0.4538	0.4499	M	24	59.85	3.49	PRCR	H	23	25.17	2.46	-0.4682	0.6396	0.6418	M	24	25.45	4.09	PRRO	H	21	10.97	6.93	-0.3290	0.7422	0.7438	M	23	11.18	6.62	PRBU	H	23	20.96	2.77	0.4682	0.6396	0.6418	M	24	20.93	3.96	LOBU	H	23	10.19	5.79	-1.2982	0.1942	0.2007	M	24	10.48	6.87	LODI	H	23	15.25	3.47	-0.4150	0.6781	0.6801	M	24	15.37	5.92	LOFI	H	23	13.28	3.99	-0.5853	0.5583	0.5612	M	24	13.43	8.04	LOBA	H	23	49.32	2.66	-0.2128	0.8315	0.8324	M	24	49.35	3.44	LDMX	H	23	12.02	3.08	1.4262	0.1606	0.1538	M	24	11.85	3.04								
LOPA	H	21	49.38	7.21	-1.0830	0.2788	0.2862																																																																																																																																												
	M	15	48.07	7.84				LOOR	H	21	40.86	5.04	-0.2108	0.8330	0.8342	M	15	40.80	9.09	LOMC	H	23	59.97	2.30	0.7555	0.4538	0.4499	M	24	59.85	3.49	PRCR	H	23	25.17	2.46	-0.4682	0.6396	0.6418	M	24	25.45	4.09	PRRO	H	21	10.97	6.93	-0.3290	0.7422	0.7438	M	23	11.18	6.62	PRBU	H	23	20.96	2.77	0.4682	0.6396	0.6418	M	24	20.93	3.96	LOBU	H	23	10.19	5.79	-1.2982	0.1942	0.2007	M	24	10.48	6.87	LODI	H	23	15.25	3.47	-0.4150	0.6781	0.6801	M	24	15.37	5.92	LOFI	H	23	13.28	3.99	-0.5853	0.5583	0.5612	M	24	13.43	8.04	LOBA	H	23	49.32	2.66	-0.2128	0.8315	0.8324	M	24	49.35	3.44	LDMX	H	23	12.02	3.08	1.4262	0.1606	0.1538	M	24	11.85	3.04																				
LOOR	H	21	40.86	5.04	-0.2108	0.8330	0.8342																																																																																																																																												
	M	15	40.80	9.09				LOMC	H	23	59.97	2.30	0.7555	0.4538	0.4499	M	24	59.85	3.49	PRCR	H	23	25.17	2.46	-0.4682	0.6396	0.6418	M	24	25.45	4.09	PRRO	H	21	10.97	6.93	-0.3290	0.7422	0.7438	M	23	11.18	6.62	PRBU	H	23	20.96	2.77	0.4682	0.6396	0.6418	M	24	20.93	3.96	LOBU	H	23	10.19	5.79	-1.2982	0.1942	0.2007	M	24	10.48	6.87	LODI	H	23	15.25	3.47	-0.4150	0.6781	0.6801	M	24	15.37	5.92	LOFI	H	23	13.28	3.99	-0.5853	0.5583	0.5612	M	24	13.43	8.04	LOBA	H	23	49.32	2.66	-0.2128	0.8315	0.8324	M	24	49.35	3.44	LDMX	H	23	12.02	3.08	1.4262	0.1606	0.1538	M	24	11.85	3.04																																
LOMC	H	23	59.97	2.30	0.7555	0.4538	0.4499																																																																																																																																												
	M	24	59.85	3.49				PRCR	H	23	25.17	2.46	-0.4682	0.6396	0.6418	M	24	25.45	4.09	PRRO	H	21	10.97	6.93	-0.3290	0.7422	0.7438	M	23	11.18	6.62	PRBU	H	23	20.96	2.77	0.4682	0.6396	0.6418	M	24	20.93	3.96	LOBU	H	23	10.19	5.79	-1.2982	0.1942	0.2007	M	24	10.48	6.87	LODI	H	23	15.25	3.47	-0.4150	0.6781	0.6801	M	24	15.37	5.92	LOFI	H	23	13.28	3.99	-0.5853	0.5583	0.5612	M	24	13.43	8.04	LOBA	H	23	49.32	2.66	-0.2128	0.8315	0.8324	M	24	49.35	3.44	LDMX	H	23	12.02	3.08	1.4262	0.1606	0.1538	M	24	11.85	3.04																																												
PRCR	H	23	25.17	2.46	-0.4682	0.6396	0.6418																																																																																																																																												
	M	24	25.45	4.09				PRRO	H	21	10.97	6.93	-0.3290	0.7422	0.7438	M	23	11.18	6.62	PRBU	H	23	20.96	2.77	0.4682	0.6396	0.6418	M	24	20.93	3.96	LOBU	H	23	10.19	5.79	-1.2982	0.1942	0.2007	M	24	10.48	6.87	LODI	H	23	15.25	3.47	-0.4150	0.6781	0.6801	M	24	15.37	5.92	LOFI	H	23	13.28	3.99	-0.5853	0.5583	0.5612	M	24	13.43	8.04	LOBA	H	23	49.32	2.66	-0.2128	0.8315	0.8324	M	24	49.35	3.44	LDMX	H	23	12.02	3.08	1.4262	0.1606	0.1538	M	24	11.85	3.04																																																								
PRRO	H	21	10.97	6.93	-0.3290	0.7422	0.7438																																																																																																																																												
	M	23	11.18	6.62				PRBU	H	23	20.96	2.77	0.4682	0.6396	0.6418	M	24	20.93	3.96	LOBU	H	23	10.19	5.79	-1.2982	0.1942	0.2007	M	24	10.48	6.87	LODI	H	23	15.25	3.47	-0.4150	0.6781	0.6801	M	24	15.37	5.92	LOFI	H	23	13.28	3.99	-0.5853	0.5583	0.5612	M	24	13.43	8.04	LOBA	H	23	49.32	2.66	-0.2128	0.8315	0.8324	M	24	49.35	3.44	LDMX	H	23	12.02	3.08	1.4262	0.1606	0.1538	M	24	11.85	3.04																																																																				
PRBU	H	23	20.96	2.77	0.4682	0.6396	0.6418																																																																																																																																												
	M	24	20.93	3.96				LOBU	H	23	10.19	5.79	-1.2982	0.1942	0.2007	M	24	10.48	6.87	LODI	H	23	15.25	3.47	-0.4150	0.6781	0.6801	M	24	15.37	5.92	LOFI	H	23	13.28	3.99	-0.5853	0.5583	0.5612	M	24	13.43	8.04	LOBA	H	23	49.32	2.66	-0.2128	0.8315	0.8324	M	24	49.35	3.44	LDMX	H	23	12.02	3.08	1.4262	0.1606	0.1538	M	24	11.85	3.04																																																																																
LOBU	H	23	10.19	5.79	-1.2982	0.1942	0.2007																																																																																																																																												
	M	24	10.48	6.87				LODI	H	23	15.25	3.47	-0.4150	0.6781	0.6801	M	24	15.37	5.92	LOFI	H	23	13.28	3.99	-0.5853	0.5583	0.5612	M	24	13.43	8.04	LOBA	H	23	49.32	2.66	-0.2128	0.8315	0.8324	M	24	49.35	3.44	LDMX	H	23	12.02	3.08	1.4262	0.1606	0.1538	M	24	11.85	3.04																																																																																												
LODI	H	23	15.25	3.47	-0.4150	0.6781	0.6801																																																																																																																																												
	M	24	15.37	5.92				LOFI	H	23	13.28	3.99	-0.5853	0.5583	0.5612	M	24	13.43	8.04	LOBA	H	23	49.32	2.66	-0.2128	0.8315	0.8324	M	24	49.35	3.44	LDMX	H	23	12.02	3.08	1.4262	0.1606	0.1538	M	24	11.85	3.04																																																																																																								
LOFI	H	23	13.28	3.99	-0.5853	0.5583	0.5612																																																																																																																																												
	M	24	13.43	8.04				LOBA	H	23	49.32	2.66	-0.2128	0.8315	0.8324	M	24	49.35	3.44	LDMX	H	23	12.02	3.08	1.4262	0.1606	0.1538	M	24	11.85	3.04																																																																																																																				
LOBA	H	23	49.32	2.66	-0.2128	0.8315	0.8324																																																																																																																																												
	M	24	49.35	3.44				LDMX	H	23	12.02	3.08	1.4262	0.1606	0.1538	M	24	11.85	3.04																																																																																																																																
LDMX	H	23	12.02	3.08	1.4262	0.1606	0.1538																																																																																																																																												
	M	24	11.85	3.04																																																																																																																																															

Variable	Sexo	N	Promedio (mm)	C.V.	Z	Pr> Z	Prueba T aprox.																																																																																																																																																																																
ADMX	H	23	17.85	3.36	0.4364	0.2770	0.6013																																																																																																																																																																																
	M	24	17.77	2.76				LOPP	H	23	6.85	4.82	0.0000	1.0000	1.0000	M	24	6.89	8.71	ANFM	H	23	3.71	8.35	0.5109	0.6094	0.6118	M	24	3.74	10.69	ANPO	H	23	6.89	3.92	1.9668	0.0492	0.0554	M	23	6.72	6.70	LOBO	H	23	8.24	6.80	-0.3619	0.7175	0.7191	M	24	8.33	4.44	ANBA	H	23	6.82	5.57	0.2767	0.7820	0.7832	M	24	6.87	5.09	ANIN	H	23	23.08	2.73	1.2744	0.2091	0.2025	M	23	22.87	3.45	ANCC	H	23	22.60	3.67	-0.2022	0.8398	0.8406	M	24	22.85	4.03	ANFC	H	23	9.33	4.71	0.8727	0.3828	0.3873	M	24	9.44	5.08	LONA	H	20	23.28	5.20	1.4984	0.1340	0.1417	M	22	22.90	9.17	ANNA	H	23	10.35	3.86	0.4394	0.6604	0.6625	M	23	10.41	10.85	ANZI	H	23	29.13	3.26	0.0220	0.9825	0.9826	M	23	29.12	1.92	ANIO	H	22	11.24	5.52	-0.1703	0.8648	0.8656	M	23	11.32	9.01	COPO	H	23	10.54	6.36	0.9047	0.3656	0.3704	M	24	10.36	5.21	LOIS	H	22	5.53	9.04	-1.2315	0.2181	0.2245	M	24	5.78	9.69	ANCI	H	22	12.25	14.77	-0.9017	0.3672	0.3720
LOPP	H	23	6.85	4.82	0.0000	1.0000	1.0000																																																																																																																																																																																
	M	24	6.89	8.71				ANFM	H	23	3.71	8.35	0.5109	0.6094	0.6118	M	24	3.74	10.69	ANPO	H	23	6.89	3.92	1.9668	0.0492	0.0554	M	23	6.72	6.70	LOBO	H	23	8.24	6.80	-0.3619	0.7175	0.7191	M	24	8.33	4.44	ANBA	H	23	6.82	5.57	0.2767	0.7820	0.7832	M	24	6.87	5.09	ANIN	H	23	23.08	2.73	1.2744	0.2091	0.2025	M	23	22.87	3.45	ANCC	H	23	22.60	3.67	-0.2022	0.8398	0.8406	M	24	22.85	4.03	ANFC	H	23	9.33	4.71	0.8727	0.3828	0.3873	M	24	9.44	5.08	LONA	H	20	23.28	5.20	1.4984	0.1340	0.1417	M	22	22.90	9.17	ANNA	H	23	10.35	3.86	0.4394	0.6604	0.6625	M	23	10.41	10.85	ANZI	H	23	29.13	3.26	0.0220	0.9825	0.9826	M	23	29.12	1.92	ANIO	H	22	11.24	5.52	-0.1703	0.8648	0.8656	M	23	11.32	9.01	COPO	H	23	10.54	6.36	0.9047	0.3656	0.3704	M	24	10.36	5.21	LOIS	H	22	5.53	9.04	-1.2315	0.2181	0.2245	M	24	5.78	9.69	ANCI	H	22	12.25	14.77	-0.9017	0.3672	0.3720	M	24	12.16	4.85								
ANFM	H	23	3.71	8.35	0.5109	0.6094	0.6118																																																																																																																																																																																
	M	24	3.74	10.69				ANPO	H	23	6.89	3.92	1.9668	0.0492	0.0554	M	23	6.72	6.70	LOBO	H	23	8.24	6.80	-0.3619	0.7175	0.7191	M	24	8.33	4.44	ANBA	H	23	6.82	5.57	0.2767	0.7820	0.7832	M	24	6.87	5.09	ANIN	H	23	23.08	2.73	1.2744	0.2091	0.2025	M	23	22.87	3.45	ANCC	H	23	22.60	3.67	-0.2022	0.8398	0.8406	M	24	22.85	4.03	ANFC	H	23	9.33	4.71	0.8727	0.3828	0.3873	M	24	9.44	5.08	LONA	H	20	23.28	5.20	1.4984	0.1340	0.1417	M	22	22.90	9.17	ANNA	H	23	10.35	3.86	0.4394	0.6604	0.6625	M	23	10.41	10.85	ANZI	H	23	29.13	3.26	0.0220	0.9825	0.9826	M	23	29.12	1.92	ANIO	H	22	11.24	5.52	-0.1703	0.8648	0.8656	M	23	11.32	9.01	COPO	H	23	10.54	6.36	0.9047	0.3656	0.3704	M	24	10.36	5.21	LOIS	H	22	5.53	9.04	-1.2315	0.2181	0.2245	M	24	5.78	9.69	ANCI	H	22	12.25	14.77	-0.9017	0.3672	0.3720	M	24	12.16	4.85																				
ANPO	H	23	6.89	3.92	1.9668	0.0492	0.0554																																																																																																																																																																																
	M	23	6.72	6.70				LOBO	H	23	8.24	6.80	-0.3619	0.7175	0.7191	M	24	8.33	4.44	ANBA	H	23	6.82	5.57	0.2767	0.7820	0.7832	M	24	6.87	5.09	ANIN	H	23	23.08	2.73	1.2744	0.2091	0.2025	M	23	22.87	3.45	ANCC	H	23	22.60	3.67	-0.2022	0.8398	0.8406	M	24	22.85	4.03	ANFC	H	23	9.33	4.71	0.8727	0.3828	0.3873	M	24	9.44	5.08	LONA	H	20	23.28	5.20	1.4984	0.1340	0.1417	M	22	22.90	9.17	ANNA	H	23	10.35	3.86	0.4394	0.6604	0.6625	M	23	10.41	10.85	ANZI	H	23	29.13	3.26	0.0220	0.9825	0.9826	M	23	29.12	1.92	ANIO	H	22	11.24	5.52	-0.1703	0.8648	0.8656	M	23	11.32	9.01	COPO	H	23	10.54	6.36	0.9047	0.3656	0.3704	M	24	10.36	5.21	LOIS	H	22	5.53	9.04	-1.2315	0.2181	0.2245	M	24	5.78	9.69	ANCI	H	22	12.25	14.77	-0.9017	0.3672	0.3720	M	24	12.16	4.85																																
LOBO	H	23	8.24	6.80	-0.3619	0.7175	0.7191																																																																																																																																																																																
	M	24	8.33	4.44				ANBA	H	23	6.82	5.57	0.2767	0.7820	0.7832	M	24	6.87	5.09	ANIN	H	23	23.08	2.73	1.2744	0.2091	0.2025	M	23	22.87	3.45	ANCC	H	23	22.60	3.67	-0.2022	0.8398	0.8406	M	24	22.85	4.03	ANFC	H	23	9.33	4.71	0.8727	0.3828	0.3873	M	24	9.44	5.08	LONA	H	20	23.28	5.20	1.4984	0.1340	0.1417	M	22	22.90	9.17	ANNA	H	23	10.35	3.86	0.4394	0.6604	0.6625	M	23	10.41	10.85	ANZI	H	23	29.13	3.26	0.0220	0.9825	0.9826	M	23	29.12	1.92	ANIO	H	22	11.24	5.52	-0.1703	0.8648	0.8656	M	23	11.32	9.01	COPO	H	23	10.54	6.36	0.9047	0.3656	0.3704	M	24	10.36	5.21	LOIS	H	22	5.53	9.04	-1.2315	0.2181	0.2245	M	24	5.78	9.69	ANCI	H	22	12.25	14.77	-0.9017	0.3672	0.3720	M	24	12.16	4.85																																												
ANBA	H	23	6.82	5.57	0.2767	0.7820	0.7832																																																																																																																																																																																
	M	24	6.87	5.09				ANIN	H	23	23.08	2.73	1.2744	0.2091	0.2025	M	23	22.87	3.45	ANCC	H	23	22.60	3.67	-0.2022	0.8398	0.8406	M	24	22.85	4.03	ANFC	H	23	9.33	4.71	0.8727	0.3828	0.3873	M	24	9.44	5.08	LONA	H	20	23.28	5.20	1.4984	0.1340	0.1417	M	22	22.90	9.17	ANNA	H	23	10.35	3.86	0.4394	0.6604	0.6625	M	23	10.41	10.85	ANZI	H	23	29.13	3.26	0.0220	0.9825	0.9826	M	23	29.12	1.92	ANIO	H	22	11.24	5.52	-0.1703	0.8648	0.8656	M	23	11.32	9.01	COPO	H	23	10.54	6.36	0.9047	0.3656	0.3704	M	24	10.36	5.21	LOIS	H	22	5.53	9.04	-1.2315	0.2181	0.2245	M	24	5.78	9.69	ANCI	H	22	12.25	14.77	-0.9017	0.3672	0.3720	M	24	12.16	4.85																																																								
ANIN	H	23	23.08	2.73	1.2744	0.2091	0.2025																																																																																																																																																																																
	M	23	22.87	3.45				ANCC	H	23	22.60	3.67	-0.2022	0.8398	0.8406	M	24	22.85	4.03	ANFC	H	23	9.33	4.71	0.8727	0.3828	0.3873	M	24	9.44	5.08	LONA	H	20	23.28	5.20	1.4984	0.1340	0.1417	M	22	22.90	9.17	ANNA	H	23	10.35	3.86	0.4394	0.6604	0.6625	M	23	10.41	10.85	ANZI	H	23	29.13	3.26	0.0220	0.9825	0.9826	M	23	29.12	1.92	ANIO	H	22	11.24	5.52	-0.1703	0.8648	0.8656	M	23	11.32	9.01	COPO	H	23	10.54	6.36	0.9047	0.3656	0.3704	M	24	10.36	5.21	LOIS	H	22	5.53	9.04	-1.2315	0.2181	0.2245	M	24	5.78	9.69	ANCI	H	22	12.25	14.77	-0.9017	0.3672	0.3720	M	24	12.16	4.85																																																																				
ANCC	H	23	22.60	3.67	-0.2022	0.8398	0.8406																																																																																																																																																																																
	M	24	22.85	4.03				ANFC	H	23	9.33	4.71	0.8727	0.3828	0.3873	M	24	9.44	5.08	LONA	H	20	23.28	5.20	1.4984	0.1340	0.1417	M	22	22.90	9.17	ANNA	H	23	10.35	3.86	0.4394	0.6604	0.6625	M	23	10.41	10.85	ANZI	H	23	29.13	3.26	0.0220	0.9825	0.9826	M	23	29.12	1.92	ANIO	H	22	11.24	5.52	-0.1703	0.8648	0.8656	M	23	11.32	9.01	COPO	H	23	10.54	6.36	0.9047	0.3656	0.3704	M	24	10.36	5.21	LOIS	H	22	5.53	9.04	-1.2315	0.2181	0.2245	M	24	5.78	9.69	ANCI	H	22	12.25	14.77	-0.9017	0.3672	0.3720	M	24	12.16	4.85																																																																																
ANFC	H	23	9.33	4.71	0.8727	0.3828	0.3873																																																																																																																																																																																
	M	24	9.44	5.08				LONA	H	20	23.28	5.20	1.4984	0.1340	0.1417	M	22	22.90	9.17	ANNA	H	23	10.35	3.86	0.4394	0.6604	0.6625	M	23	10.41	10.85	ANZI	H	23	29.13	3.26	0.0220	0.9825	0.9826	M	23	29.12	1.92	ANIO	H	22	11.24	5.52	-0.1703	0.8648	0.8656	M	23	11.32	9.01	COPO	H	23	10.54	6.36	0.9047	0.3656	0.3704	M	24	10.36	5.21	LOIS	H	22	5.53	9.04	-1.2315	0.2181	0.2245	M	24	5.78	9.69	ANCI	H	22	12.25	14.77	-0.9017	0.3672	0.3720	M	24	12.16	4.85																																																																																												
LONA	H	20	23.28	5.20	1.4984	0.1340	0.1417																																																																																																																																																																																
	M	22	22.90	9.17				ANNA	H	23	10.35	3.86	0.4394	0.6604	0.6625	M	23	10.41	10.85	ANZI	H	23	29.13	3.26	0.0220	0.9825	0.9826	M	23	29.12	1.92	ANIO	H	22	11.24	5.52	-0.1703	0.8648	0.8656	M	23	11.32	9.01	COPO	H	23	10.54	6.36	0.9047	0.3656	0.3704	M	24	10.36	5.21	LOIS	H	22	5.53	9.04	-1.2315	0.2181	0.2245	M	24	5.78	9.69	ANCI	H	22	12.25	14.77	-0.9017	0.3672	0.3720	M	24	12.16	4.85																																																																																																								
ANNA	H	23	10.35	3.86	0.4394	0.6604	0.6625																																																																																																																																																																																
	M	23	10.41	10.85				ANZI	H	23	29.13	3.26	0.0220	0.9825	0.9826	M	23	29.12	1.92	ANIO	H	22	11.24	5.52	-0.1703	0.8648	0.8656	M	23	11.32	9.01	COPO	H	23	10.54	6.36	0.9047	0.3656	0.3704	M	24	10.36	5.21	LOIS	H	22	5.53	9.04	-1.2315	0.2181	0.2245	M	24	5.78	9.69	ANCI	H	22	12.25	14.77	-0.9017	0.3672	0.3720	M	24	12.16	4.85																																																																																																																				
ANZI	H	23	29.13	3.26	0.0220	0.9825	0.9826																																																																																																																																																																																
	M	23	29.12	1.92				ANIO	H	22	11.24	5.52	-0.1703	0.8648	0.8656	M	23	11.32	9.01	COPO	H	23	10.54	6.36	0.9047	0.3656	0.3704	M	24	10.36	5.21	LOIS	H	22	5.53	9.04	-1.2315	0.2181	0.2245	M	24	5.78	9.69	ANCI	H	22	12.25	14.77	-0.9017	0.3672	0.3720	M	24	12.16	4.85																																																																																																																																
ANIO	H	22	11.24	5.52	-0.1703	0.8648	0.8656																																																																																																																																																																																
	M	23	11.32	9.01				COPO	H	23	10.54	6.36	0.9047	0.3656	0.3704	M	24	10.36	5.21	LOIS	H	22	5.53	9.04	-1.2315	0.2181	0.2245	M	24	5.78	9.69	ANCI	H	22	12.25	14.77	-0.9017	0.3672	0.3720	M	24	12.16	4.85																																																																																																																																												
COPO	H	23	10.54	6.36	0.9047	0.3656	0.3704																																																																																																																																																																																
	M	24	10.36	5.21				LOIS	H	22	5.53	9.04	-1.2315	0.2181	0.2245	M	24	5.78	9.69	ANCI	H	22	12.25	14.77	-0.9017	0.3672	0.3720	M	24	12.16	4.85																																																																																																																																																								
LOIS	H	22	5.53	9.04	-1.2315	0.2181	0.2245																																																																																																																																																																																
	M	24	5.78	9.69				ANCI	H	22	12.25	14.77	-0.9017	0.3672	0.3720	M	24	12.16	4.85																																																																																																																																																																				
ANCI	H	22	12.25	14.77	-0.9017	0.3672	0.3720																																																																																																																																																																																
	M	24	12.16	4.85																																																																																																																																																																																			

Variable	Sexo	N	Promedio (mm)	C.V.	Z	Pr> Z	Prueba T aprox.																																
LDMA	H	22	12.09	3.14	0.0880	0.9299	0.9303																																
	M	24	12.09	3.22				ALRM	H	22	9.33	4.93	0.0330	0.9738	0.9737	M	24	9.26	5.83	LOMA	H	22	31.71	2.96	0.5790	0.5626	0.5655	M	23	31.58	3.07	ANMA	H	23	28.80	2.99	2.0220	0.0432	0.0490 *
ALRM	H	22	9.33	4.93	0.0330	0.9738	0.9737																																
	M	24	9.26	5.83				LOMA	H	22	31.71	2.96	0.5790	0.5626	0.5655	M	23	31.58	3.07	ANMA	H	23	28.80	2.99	2.0220	0.0432	0.0490 *	M	24	28.28	3.46								
LOMA	H	22	31.71	2.96	0.5790	0.5626	0.5655																																
	M	23	31.58	3.07				ANMA	H	23	28.80	2.99	2.0220	0.0432	0.0490 *	M	24	28.28	3.46																				
ANMA	H	23	28.80	2.99	2.0220	0.0432	0.0490 *																																
	M	24	28.28	3.46																																			

Cuadro I.8.- Variación morfométrica debida al sexo en *Syvilagus floridanus* descrita por medio de análisis de varianza con la prueba no paramétrica de WILCOXON, incluyendo edad 3 y 4. Las variables y las categorías de edad se definen en el texto. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); Z=estadístico de Z; Pr=probabilidad; * = variables cuya diferencia si es significativa.

Variable	Sexo	N	Promedio (mm)	C.V.	Z	Pr> Z	Prueba T aprox.																																																																																																																																												
LOTO	H	21	338.76	44.31	1.8205	0.0687	0.0753																																																																																																																																												
	M	25	281.56	61.19				LOCO	H	21	21.42	52.94	1.2809	0.2002	0.2068	M	25	32.60	64.26	LOPA	H	21	73.76	45.28	0.7074	0.4793	0.4829	M	25	60.72	66.17	LOOR	H	17	49.29	50.72	1.2722	0.2033	0.2114	M	20	39.05	71.45	LOMC	H	28	72.78	4.71	1.7584	0.0787	0.0841	M	30	71.24	5.40	PRCR	H	28	30.90	4.27	0.6691	0.5034	0.5061	M	30	30.71	3.84	PRRO	H	28	14.66	7.43	1.1515	0.2495	0.2543	M	30	14.36	8.15	PRBU	H	28	23.85	3.31	1.4940	0.1352	0.1407	M	30	23.41	4.14	LOBU	H	28	9.53	5.66	-0.9337	0.3504	0.3544	M	30	9.97	16.25	LODI	H	28	20.01	6.40	2.5209	0.0117	0.0145 *	M	30	19.13	6.33	LOFI	H	28	18.23	6.20	2.8088	0.0050	0.0068 *	M	30	17.52	5.70	LOBA	H	28	59.12	5.51	2.0307	0.0423	0.0470 *	M	30	57.47	5.48	LDMX	H	28	13.94	6.46	0.8248	0.4095	0.4129
LOCO	H	21	21.42	52.94	1.2809	0.2002	0.2068																																																																																																																																												
	M	25	32.60	64.26				LOPA	H	21	73.76	45.28	0.7074	0.4793	0.4829	M	25	60.72	66.17	LOOR	H	17	49.29	50.72	1.2722	0.2033	0.2114	M	20	39.05	71.45	LOMC	H	28	72.78	4.71	1.7584	0.0787	0.0841	M	30	71.24	5.40	PRCR	H	28	30.90	4.27	0.6691	0.5034	0.5061	M	30	30.71	3.84	PRRO	H	28	14.66	7.43	1.1515	0.2495	0.2543	M	30	14.36	8.15	PRBU	H	28	23.85	3.31	1.4940	0.1352	0.1407	M	30	23.41	4.14	LOBU	H	28	9.53	5.66	-0.9337	0.3504	0.3544	M	30	9.97	16.25	LODI	H	28	20.01	6.40	2.5209	0.0117	0.0145 *	M	30	19.13	6.33	LOFI	H	28	18.23	6.20	2.8088	0.0050	0.0068 *	M	30	17.52	5.70	LOBA	H	28	59.12	5.51	2.0307	0.0423	0.0470 *	M	30	57.47	5.48	LDMX	H	28	13.94	6.46	0.8248	0.4095	0.4129	M	30	13.78	7.26								
LOPA	H	21	73.76	45.28	0.7074	0.4793	0.4829																																																																																																																																												
	M	25	60.72	66.17				LOOR	H	17	49.29	50.72	1.2722	0.2033	0.2114	M	20	39.05	71.45	LOMC	H	28	72.78	4.71	1.7584	0.0787	0.0841	M	30	71.24	5.40	PRCR	H	28	30.90	4.27	0.6691	0.5034	0.5061	M	30	30.71	3.84	PRRO	H	28	14.66	7.43	1.1515	0.2495	0.2543	M	30	14.36	8.15	PRBU	H	28	23.85	3.31	1.4940	0.1352	0.1407	M	30	23.41	4.14	LOBU	H	28	9.53	5.66	-0.9337	0.3504	0.3544	M	30	9.97	16.25	LODI	H	28	20.01	6.40	2.5209	0.0117	0.0145 *	M	30	19.13	6.33	LOFI	H	28	18.23	6.20	2.8088	0.0050	0.0068 *	M	30	17.52	5.70	LOBA	H	28	59.12	5.51	2.0307	0.0423	0.0470 *	M	30	57.47	5.48	LDMX	H	28	13.94	6.46	0.8248	0.4095	0.4129	M	30	13.78	7.26																				
LOOR	H	17	49.29	50.72	1.2722	0.2033	0.2114																																																																																																																																												
	M	20	39.05	71.45				LOMC	H	28	72.78	4.71	1.7584	0.0787	0.0841	M	30	71.24	5.40	PRCR	H	28	30.90	4.27	0.6691	0.5034	0.5061	M	30	30.71	3.84	PRRO	H	28	14.66	7.43	1.1515	0.2495	0.2543	M	30	14.36	8.15	PRBU	H	28	23.85	3.31	1.4940	0.1352	0.1407	M	30	23.41	4.14	LOBU	H	28	9.53	5.66	-0.9337	0.3504	0.3544	M	30	9.97	16.25	LODI	H	28	20.01	6.40	2.5209	0.0117	0.0145 *	M	30	19.13	6.33	LOFI	H	28	18.23	6.20	2.8088	0.0050	0.0068 *	M	30	17.52	5.70	LOBA	H	28	59.12	5.51	2.0307	0.0423	0.0470 *	M	30	57.47	5.48	LDMX	H	28	13.94	6.46	0.8248	0.4095	0.4129	M	30	13.78	7.26																																
LOMC	H	28	72.78	4.71	1.7584	0.0787	0.0841																																																																																																																																												
	M	30	71.24	5.40				PRCR	H	28	30.90	4.27	0.6691	0.5034	0.5061	M	30	30.71	3.84	PRRO	H	28	14.66	7.43	1.1515	0.2495	0.2543	M	30	14.36	8.15	PRBU	H	28	23.85	3.31	1.4940	0.1352	0.1407	M	30	23.41	4.14	LOBU	H	28	9.53	5.66	-0.9337	0.3504	0.3544	M	30	9.97	16.25	LODI	H	28	20.01	6.40	2.5209	0.0117	0.0145 *	M	30	19.13	6.33	LOFI	H	28	18.23	6.20	2.8088	0.0050	0.0068 *	M	30	17.52	5.70	LOBA	H	28	59.12	5.51	2.0307	0.0423	0.0470 *	M	30	57.47	5.48	LDMX	H	28	13.94	6.46	0.8248	0.4095	0.4129	M	30	13.78	7.26																																												
PRCR	H	28	30.90	4.27	0.6691	0.5034	0.5061																																																																																																																																												
	M	30	30.71	3.84				PRRO	H	28	14.66	7.43	1.1515	0.2495	0.2543	M	30	14.36	8.15	PRBU	H	28	23.85	3.31	1.4940	0.1352	0.1407	M	30	23.41	4.14	LOBU	H	28	9.53	5.66	-0.9337	0.3504	0.3544	M	30	9.97	16.25	LODI	H	28	20.01	6.40	2.5209	0.0117	0.0145 *	M	30	19.13	6.33	LOFI	H	28	18.23	6.20	2.8088	0.0050	0.0068 *	M	30	17.52	5.70	LOBA	H	28	59.12	5.51	2.0307	0.0423	0.0470 *	M	30	57.47	5.48	LDMX	H	28	13.94	6.46	0.8248	0.4095	0.4129	M	30	13.78	7.26																																																								
PRRO	H	28	14.66	7.43	1.1515	0.2495	0.2543																																																																																																																																												
	M	30	14.36	8.15				PRBU	H	28	23.85	3.31	1.4940	0.1352	0.1407	M	30	23.41	4.14	LOBU	H	28	9.53	5.66	-0.9337	0.3504	0.3544	M	30	9.97	16.25	LODI	H	28	20.01	6.40	2.5209	0.0117	0.0145 *	M	30	19.13	6.33	LOFI	H	28	18.23	6.20	2.8088	0.0050	0.0068 *	M	30	17.52	5.70	LOBA	H	28	59.12	5.51	2.0307	0.0423	0.0470 *	M	30	57.47	5.48	LDMX	H	28	13.94	6.46	0.8248	0.4095	0.4129	M	30	13.78	7.26																																																																				
PRBU	H	28	23.85	3.31	1.4940	0.1352	0.1407																																																																																																																																												
	M	30	23.41	4.14				LOBU	H	28	9.53	5.66	-0.9337	0.3504	0.3544	M	30	9.97	16.25	LODI	H	28	20.01	6.40	2.5209	0.0117	0.0145 *	M	30	19.13	6.33	LOFI	H	28	18.23	6.20	2.8088	0.0050	0.0068 *	M	30	17.52	5.70	LOBA	H	28	59.12	5.51	2.0307	0.0423	0.0470 *	M	30	57.47	5.48	LDMX	H	28	13.94	6.46	0.8248	0.4095	0.4129	M	30	13.78	7.26																																																																																
LOBU	H	28	9.53	5.66	-0.9337	0.3504	0.3544																																																																																																																																												
	M	30	9.97	16.25				LODI	H	28	20.01	6.40	2.5209	0.0117	0.0145 *	M	30	19.13	6.33	LOFI	H	28	18.23	6.20	2.8088	0.0050	0.0068 *	M	30	17.52	5.70	LOBA	H	28	59.12	5.51	2.0307	0.0423	0.0470 *	M	30	57.47	5.48	LDMX	H	28	13.94	6.46	0.8248	0.4095	0.4129	M	30	13.78	7.26																																																																																												
LODI	H	28	20.01	6.40	2.5209	0.0117	0.0145 *																																																																																																																																												
	M	30	19.13	6.33				LOFI	H	28	18.23	6.20	2.8088	0.0050	0.0068 *	M	30	17.52	5.70	LOBA	H	28	59.12	5.51	2.0307	0.0423	0.0470 *	M	30	57.47	5.48	LDMX	H	28	13.94	6.46	0.8248	0.4095	0.4129	M	30	13.78	7.26																																																																																																								
LOFI	H	28	18.23	6.20	2.8088	0.0050	0.0068 *																																																																																																																																												
	M	30	17.52	5.70				LOBA	H	28	59.12	5.51	2.0307	0.0423	0.0470 *	M	30	57.47	5.48	LDMX	H	28	13.94	6.46	0.8248	0.4095	0.4129	M	30	13.78	7.26																																																																																																																				
LOBA	H	28	59.12	5.51	2.0307	0.0423	0.0470 *																																																																																																																																												
	M	30	57.47	5.48				LDMX	H	28	13.94	6.46	0.8248	0.4095	0.4129	M	30	13.78	7.26																																																																																																																																
LDMX	H	28	13.94	6.46	0.8248	0.4095	0.4129																																																																																																																																												
	M	30	13.78	7.26																																																																																																																																															

Variable	Sexo	N	Promedio (mm)	C.V.	Z	Pr> Z	Prueba T aprox.																																																																																																																																																																																
ADMX	H	28	20.69	4.83	1.0893	0.2760	0.2806																																																																																																																																																																																
	M	30	20.27	6.76				LOPP	H	28	6.39	8.76	1.3539	0.1758	0.1811	M	30	6.17	9.89	ANFM	H	28	5.87	8.18	-0.0233	0.9814	0.9815	M	30	5.88	11.39	ANPO	H	26	9.10	6.81	1.1337	0.2569	0.2619	M	30	8.90	8.31	LOBO	H	28	8.88	5.97	0.2953	0.7677	0.7688	M	29	8.88	7.09	ANBA	H	28	9.10	7.14	0.2957	0.7675	0.7685	M	30	9.03	7.20	ANIN	H	28	25.48	3.92	1.2451	0.2131	0.2183	M	29	25.08	3.91	ANCC	H	28	26.19	3.82	0.3423	0.7321	0.7333	M	30	26.19	3.97	ANFC	H	28	11.56	5.79	1.2372	0.2160	0.2213	M	28	11.35	6.08	LONA	H	27	31.82	7.13	1.6063	0.1082	0.1138	M	30	30.73	8.52	ANNA	H	28	15.08	6.63	0.7547	0.4504	0.4535	M	30	14.87	6.52	ANZI	H	27	34.43	3.54	0.4396	0.6602	0.6619	M	30	34.17	4.51	ANIO	H	28	14.12	8.00	0.0622	0.9504	0.9506	M	30	14.17	10.09	COPO	H	28	12.18	5.93	1.9842	0.0472	0.0521	M	30	11.78	5.94	LOIS	H	27	7.51	8.52	0.1838	0.8542	0.8548	M	30	7.36	8.97	ANCI	H	28	14.62	7.18	-0.0233	0.9814	0.9815
LOPP	H	28	6.39	8.76	1.3539	0.1758	0.1811																																																																																																																																																																																
	M	30	6.17	9.89				ANFM	H	28	5.87	8.18	-0.0233	0.9814	0.9815	M	30	5.88	11.39	ANPO	H	26	9.10	6.81	1.1337	0.2569	0.2619	M	30	8.90	8.31	LOBO	H	28	8.88	5.97	0.2953	0.7677	0.7688	M	29	8.88	7.09	ANBA	H	28	9.10	7.14	0.2957	0.7675	0.7685	M	30	9.03	7.20	ANIN	H	28	25.48	3.92	1.2451	0.2131	0.2183	M	29	25.08	3.91	ANCC	H	28	26.19	3.82	0.3423	0.7321	0.7333	M	30	26.19	3.97	ANFC	H	28	11.56	5.79	1.2372	0.2160	0.2213	M	28	11.35	6.08	LONA	H	27	31.82	7.13	1.6063	0.1082	0.1138	M	30	30.73	8.52	ANNA	H	28	15.08	6.63	0.7547	0.4504	0.4535	M	30	14.87	6.52	ANZI	H	27	34.43	3.54	0.4396	0.6602	0.6619	M	30	34.17	4.51	ANIO	H	28	14.12	8.00	0.0622	0.9504	0.9506	M	30	14.17	10.09	COPO	H	28	12.18	5.93	1.9842	0.0472	0.0521	M	30	11.78	5.94	LOIS	H	27	7.51	8.52	0.1838	0.8542	0.8548	M	30	7.36	8.97	ANCI	H	28	14.62	7.18	-0.0233	0.9814	0.9815	M	30	14.64	6.08								
ANFM	H	28	5.87	8.18	-0.0233	0.9814	0.9815																																																																																																																																																																																
	M	30	5.88	11.39				ANPO	H	26	9.10	6.81	1.1337	0.2569	0.2619	M	30	8.90	8.31	LOBO	H	28	8.88	5.97	0.2953	0.7677	0.7688	M	29	8.88	7.09	ANBA	H	28	9.10	7.14	0.2957	0.7675	0.7685	M	30	9.03	7.20	ANIN	H	28	25.48	3.92	1.2451	0.2131	0.2183	M	29	25.08	3.91	ANCC	H	28	26.19	3.82	0.3423	0.7321	0.7333	M	30	26.19	3.97	ANFC	H	28	11.56	5.79	1.2372	0.2160	0.2213	M	28	11.35	6.08	LONA	H	27	31.82	7.13	1.6063	0.1082	0.1138	M	30	30.73	8.52	ANNA	H	28	15.08	6.63	0.7547	0.4504	0.4535	M	30	14.87	6.52	ANZI	H	27	34.43	3.54	0.4396	0.6602	0.6619	M	30	34.17	4.51	ANIO	H	28	14.12	8.00	0.0622	0.9504	0.9506	M	30	14.17	10.09	COPO	H	28	12.18	5.93	1.9842	0.0472	0.0521	M	30	11.78	5.94	LOIS	H	27	7.51	8.52	0.1838	0.8542	0.8548	M	30	7.36	8.97	ANCI	H	28	14.62	7.18	-0.0233	0.9814	0.9815	M	30	14.64	6.08																				
ANPO	H	26	9.10	6.81	1.1337	0.2569	0.2619																																																																																																																																																																																
	M	30	8.90	8.31				LOBO	H	28	8.88	5.97	0.2953	0.7677	0.7688	M	29	8.88	7.09	ANBA	H	28	9.10	7.14	0.2957	0.7675	0.7685	M	30	9.03	7.20	ANIN	H	28	25.48	3.92	1.2451	0.2131	0.2183	M	29	25.08	3.91	ANCC	H	28	26.19	3.82	0.3423	0.7321	0.7333	M	30	26.19	3.97	ANFC	H	28	11.56	5.79	1.2372	0.2160	0.2213	M	28	11.35	6.08	LONA	H	27	31.82	7.13	1.6063	0.1082	0.1138	M	30	30.73	8.52	ANNA	H	28	15.08	6.63	0.7547	0.4504	0.4535	M	30	14.87	6.52	ANZI	H	27	34.43	3.54	0.4396	0.6602	0.6619	M	30	34.17	4.51	ANIO	H	28	14.12	8.00	0.0622	0.9504	0.9506	M	30	14.17	10.09	COPO	H	28	12.18	5.93	1.9842	0.0472	0.0521	M	30	11.78	5.94	LOIS	H	27	7.51	8.52	0.1838	0.8542	0.8548	M	30	7.36	8.97	ANCI	H	28	14.62	7.18	-0.0233	0.9814	0.9815	M	30	14.64	6.08																																
LOBO	H	28	8.88	5.97	0.2953	0.7677	0.7688																																																																																																																																																																																
	M	29	8.88	7.09				ANBA	H	28	9.10	7.14	0.2957	0.7675	0.7685	M	30	9.03	7.20	ANIN	H	28	25.48	3.92	1.2451	0.2131	0.2183	M	29	25.08	3.91	ANCC	H	28	26.19	3.82	0.3423	0.7321	0.7333	M	30	26.19	3.97	ANFC	H	28	11.56	5.79	1.2372	0.2160	0.2213	M	28	11.35	6.08	LONA	H	27	31.82	7.13	1.6063	0.1082	0.1138	M	30	30.73	8.52	ANNA	H	28	15.08	6.63	0.7547	0.4504	0.4535	M	30	14.87	6.52	ANZI	H	27	34.43	3.54	0.4396	0.6602	0.6619	M	30	34.17	4.51	ANIO	H	28	14.12	8.00	0.0622	0.9504	0.9506	M	30	14.17	10.09	COPO	H	28	12.18	5.93	1.9842	0.0472	0.0521	M	30	11.78	5.94	LOIS	H	27	7.51	8.52	0.1838	0.8542	0.8548	M	30	7.36	8.97	ANCI	H	28	14.62	7.18	-0.0233	0.9814	0.9815	M	30	14.64	6.08																																												
ANBA	H	28	9.10	7.14	0.2957	0.7675	0.7685																																																																																																																																																																																
	M	30	9.03	7.20				ANIN	H	28	25.48	3.92	1.2451	0.2131	0.2183	M	29	25.08	3.91	ANCC	H	28	26.19	3.82	0.3423	0.7321	0.7333	M	30	26.19	3.97	ANFC	H	28	11.56	5.79	1.2372	0.2160	0.2213	M	28	11.35	6.08	LONA	H	27	31.82	7.13	1.6063	0.1082	0.1138	M	30	30.73	8.52	ANNA	H	28	15.08	6.63	0.7547	0.4504	0.4535	M	30	14.87	6.52	ANZI	H	27	34.43	3.54	0.4396	0.6602	0.6619	M	30	34.17	4.51	ANIO	H	28	14.12	8.00	0.0622	0.9504	0.9506	M	30	14.17	10.09	COPO	H	28	12.18	5.93	1.9842	0.0472	0.0521	M	30	11.78	5.94	LOIS	H	27	7.51	8.52	0.1838	0.8542	0.8548	M	30	7.36	8.97	ANCI	H	28	14.62	7.18	-0.0233	0.9814	0.9815	M	30	14.64	6.08																																																								
ANIN	H	28	25.48	3.92	1.2451	0.2131	0.2183																																																																																																																																																																																
	M	29	25.08	3.91				ANCC	H	28	26.19	3.82	0.3423	0.7321	0.7333	M	30	26.19	3.97	ANFC	H	28	11.56	5.79	1.2372	0.2160	0.2213	M	28	11.35	6.08	LONA	H	27	31.82	7.13	1.6063	0.1082	0.1138	M	30	30.73	8.52	ANNA	H	28	15.08	6.63	0.7547	0.4504	0.4535	M	30	14.87	6.52	ANZI	H	27	34.43	3.54	0.4396	0.6602	0.6619	M	30	34.17	4.51	ANIO	H	28	14.12	8.00	0.0622	0.9504	0.9506	M	30	14.17	10.09	COPO	H	28	12.18	5.93	1.9842	0.0472	0.0521	M	30	11.78	5.94	LOIS	H	27	7.51	8.52	0.1838	0.8542	0.8548	M	30	7.36	8.97	ANCI	H	28	14.62	7.18	-0.0233	0.9814	0.9815	M	30	14.64	6.08																																																																				
ANCC	H	28	26.19	3.82	0.3423	0.7321	0.7333																																																																																																																																																																																
	M	30	26.19	3.97				ANFC	H	28	11.56	5.79	1.2372	0.2160	0.2213	M	28	11.35	6.08	LONA	H	27	31.82	7.13	1.6063	0.1082	0.1138	M	30	30.73	8.52	ANNA	H	28	15.08	6.63	0.7547	0.4504	0.4535	M	30	14.87	6.52	ANZI	H	27	34.43	3.54	0.4396	0.6602	0.6619	M	30	34.17	4.51	ANIO	H	28	14.12	8.00	0.0622	0.9504	0.9506	M	30	14.17	10.09	COPO	H	28	12.18	5.93	1.9842	0.0472	0.0521	M	30	11.78	5.94	LOIS	H	27	7.51	8.52	0.1838	0.8542	0.8548	M	30	7.36	8.97	ANCI	H	28	14.62	7.18	-0.0233	0.9814	0.9815	M	30	14.64	6.08																																																																																
ANFC	H	28	11.56	5.79	1.2372	0.2160	0.2213																																																																																																																																																																																
	M	28	11.35	6.08				LONA	H	27	31.82	7.13	1.6063	0.1082	0.1138	M	30	30.73	8.52	ANNA	H	28	15.08	6.63	0.7547	0.4504	0.4535	M	30	14.87	6.52	ANZI	H	27	34.43	3.54	0.4396	0.6602	0.6619	M	30	34.17	4.51	ANIO	H	28	14.12	8.00	0.0622	0.9504	0.9506	M	30	14.17	10.09	COPO	H	28	12.18	5.93	1.9842	0.0472	0.0521	M	30	11.78	5.94	LOIS	H	27	7.51	8.52	0.1838	0.8542	0.8548	M	30	7.36	8.97	ANCI	H	28	14.62	7.18	-0.0233	0.9814	0.9815	M	30	14.64	6.08																																																																																												
LONA	H	27	31.82	7.13	1.6063	0.1082	0.1138																																																																																																																																																																																
	M	30	30.73	8.52				ANNA	H	28	15.08	6.63	0.7547	0.4504	0.4535	M	30	14.87	6.52	ANZI	H	27	34.43	3.54	0.4396	0.6602	0.6619	M	30	34.17	4.51	ANIO	H	28	14.12	8.00	0.0622	0.9504	0.9506	M	30	14.17	10.09	COPO	H	28	12.18	5.93	1.9842	0.0472	0.0521	M	30	11.78	5.94	LOIS	H	27	7.51	8.52	0.1838	0.8542	0.8548	M	30	7.36	8.97	ANCI	H	28	14.62	7.18	-0.0233	0.9814	0.9815	M	30	14.64	6.08																																																																																																								
ANNA	H	28	15.08	6.63	0.7547	0.4504	0.4535																																																																																																																																																																																
	M	30	14.87	6.52				ANZI	H	27	34.43	3.54	0.4396	0.6602	0.6619	M	30	34.17	4.51	ANIO	H	28	14.12	8.00	0.0622	0.9504	0.9506	M	30	14.17	10.09	COPO	H	28	12.18	5.93	1.9842	0.0472	0.0521	M	30	11.78	5.94	LOIS	H	27	7.51	8.52	0.1838	0.8542	0.8548	M	30	7.36	8.97	ANCI	H	28	14.62	7.18	-0.0233	0.9814	0.9815	M	30	14.64	6.08																																																																																																																				
ANZI	H	27	34.43	3.54	0.4396	0.6602	0.6619																																																																																																																																																																																
	M	30	34.17	4.51				ANIO	H	28	14.12	8.00	0.0622	0.9504	0.9506	M	30	14.17	10.09	COPO	H	28	12.18	5.93	1.9842	0.0472	0.0521	M	30	11.78	5.94	LOIS	H	27	7.51	8.52	0.1838	0.8542	0.8548	M	30	7.36	8.97	ANCI	H	28	14.62	7.18	-0.0233	0.9814	0.9815	M	30	14.64	6.08																																																																																																																																
ANIO	H	28	14.12	8.00	0.0622	0.9504	0.9506																																																																																																																																																																																
	M	30	14.17	10.09				COPO	H	28	12.18	5.93	1.9842	0.0472	0.0521	M	30	11.78	5.94	LOIS	H	27	7.51	8.52	0.1838	0.8542	0.8548	M	30	7.36	8.97	ANCI	H	28	14.62	7.18	-0.0233	0.9814	0.9815	M	30	14.64	6.08																																																																																																																																												
COPO	H	28	12.18	5.93	1.9842	0.0472	0.0521																																																																																																																																																																																
	M	30	11.78	5.94				LOIS	H	27	7.51	8.52	0.1838	0.8542	0.8548	M	30	7.36	8.97	ANCI	H	28	14.62	7.18	-0.0233	0.9814	0.9815	M	30	14.64	6.08																																																																																																																																																								
LOIS	H	27	7.51	8.52	0.1838	0.8542	0.8548																																																																																																																																																																																
	M	30	7.36	8.97				ANCI	H	28	14.62	7.18	-0.0233	0.9814	0.9815	M	30	14.64	6.08																																																																																																																																																																				
ANCI	H	28	14.62	7.18	-0.0233	0.9814	0.9815																																																																																																																																																																																
	M	30	14.64	6.08																																																																																																																																																																																			

Variable	Sexo	N	Promedio (mm)	C.V.	Z	Pr> Z	Prueba T aprox.																																
LDMA	H	26	14.08	6.46	2.1608	0.0307	0.0351 *																																
	M	30	13.59	6.47				ALRM	H	26	10.87	6.99	0.4674	0.6402	0.6421	M	28	10.79	8.25	LOMA	H	24	35.85	6.16	1.6900	0.0910	0.0975	M	25	34.77	6.24	ANMA	H	28	31.21	6.98	2.4024	0.0163	0.0196 *
ALRM	H	26	10.87	6.99	0.4674	0.6402	0.6421																																
	M	28	10.79	8.25				LOMA	H	24	35.85	6.16	1.6900	0.0910	0.0975	M	25	34.77	6.24	ANMA	H	28	31.21	6.98	2.4024	0.0163	0.0196 *	M	29	30.26	5.68								
LOMA	H	24	35.85	6.16	1.6900	0.0910	0.0975																																
	M	25	34.77	6.24				ANMA	H	28	31.21	6.98	2.4024	0.0163	0.0196 *	M	29	30.26	5.68																				
ANMA	H	28	31.21	6.98	2.4024	0.0163	0.0196 *																																
	M	29	30.26	5.68																																			

Cuadro I.9.- Variación morfométrica debida al sexo en Lepus callotis descrita por medio de análisis de varianza con la prueba no paramétrica de WILCOXON, incluyendo edad 3 y 4. Las variables y las categorías de edad se definen en el texto. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); Z=estadístico de Z; Pr=probabilidad; * = variables cuya diferencia si es significativa.

Variable	Sexo	N	Promedio (mm)	C.V.	Z	Pr> Z	Prueba T aprox.																																																																																																																																												
LOTO	H	23	541.30	5.82	-1.5250	0.1273	0.1351																																																																																																																																												
	M	18	526.78	5.55				LOCO	H	23	67.56	19.06	-0.9474	0.3434	0.3491	M	18	65.28	15.22	LOPA	H	23	129.30	5.80	-1.1082	0.2678	0.2744	M	18	128.17	3.91	LOOR	H	16	124.87	6.44	-0.3191	0.7497	0.7523	M	10	124.60	9.00	LOMC	H	31	93.06	5.21	-0.7746	0.4385	0.4419	M	25	92.82	3.05	PRCR	H	31	39.87	4.84	-0.2143	0.8303	0.8311	M	25	39.67	3.88	PRRO	H	29	21.09	7.35	-0.3643	0.7156	0.7171	M	25	21.16	5.95	PRBU	H	31	31.01	3.87	-1.3681	0.1713	0.1768	M	25	30.71	3.16	LOBU	H	31	12.27	7.67	-0.4285	0.6683	0.6699	M	25	12.11	7.27	LODI	H	31	26.08	7.48	0.3379	0.7354	0.7367	M	25	26.27	5.02	LOFI	H	31	23.26	7.35	-1.3379	0.8951	0.8956	M	25	23.42	4.99	LOBA	H	31	74.95	6.35	-0.6428	0.5203	0.5230	M	25	74.87	3.26	LDMX	H	31	16.96	5.53	-0.7417	0.4582	0.4614
LOCO	H	23	67.56	19.06	-0.9474	0.3434	0.3491																																																																																																																																												
	M	18	65.28	15.22				LOPA	H	23	129.30	5.80	-1.1082	0.2678	0.2744	M	18	128.17	3.91	LOOR	H	16	124.87	6.44	-0.3191	0.7497	0.7523	M	10	124.60	9.00	LOMC	H	31	93.06	5.21	-0.7746	0.4385	0.4419	M	25	92.82	3.05	PRCR	H	31	39.87	4.84	-0.2143	0.8303	0.8311	M	25	39.67	3.88	PRRO	H	29	21.09	7.35	-0.3643	0.7156	0.7171	M	25	21.16	5.95	PRBU	H	31	31.01	3.87	-1.3681	0.1713	0.1768	M	25	30.71	3.16	LOBU	H	31	12.27	7.67	-0.4285	0.6683	0.6699	M	25	12.11	7.27	LODI	H	31	26.08	7.48	0.3379	0.7354	0.7367	M	25	26.27	5.02	LOFI	H	31	23.26	7.35	-1.3379	0.8951	0.8956	M	25	23.42	4.99	LOBA	H	31	74.95	6.35	-0.6428	0.5203	0.5230	M	25	74.87	3.26	LDMX	H	31	16.96	5.53	-0.7417	0.4582	0.4614	M	25	16.92	4.25								
LOPA	H	23	129.30	5.80	-1.1082	0.2678	0.2744																																																																																																																																												
	M	18	128.17	3.91				LOOR	H	16	124.87	6.44	-0.3191	0.7497	0.7523	M	10	124.60	9.00	LOMC	H	31	93.06	5.21	-0.7746	0.4385	0.4419	M	25	92.82	3.05	PRCR	H	31	39.87	4.84	-0.2143	0.8303	0.8311	M	25	39.67	3.88	PRRO	H	29	21.09	7.35	-0.3643	0.7156	0.7171	M	25	21.16	5.95	PRBU	H	31	31.01	3.87	-1.3681	0.1713	0.1768	M	25	30.71	3.16	LOBU	H	31	12.27	7.67	-0.4285	0.6683	0.6699	M	25	12.11	7.27	LODI	H	31	26.08	7.48	0.3379	0.7354	0.7367	M	25	26.27	5.02	LOFI	H	31	23.26	7.35	-1.3379	0.8951	0.8956	M	25	23.42	4.99	LOBA	H	31	74.95	6.35	-0.6428	0.5203	0.5230	M	25	74.87	3.26	LDMX	H	31	16.96	5.53	-0.7417	0.4582	0.4614	M	25	16.92	4.25																				
LOOR	H	16	124.87	6.44	-0.3191	0.7497	0.7523																																																																																																																																												
	M	10	124.60	9.00				LOMC	H	31	93.06	5.21	-0.7746	0.4385	0.4419	M	25	92.82	3.05	PRCR	H	31	39.87	4.84	-0.2143	0.8303	0.8311	M	25	39.67	3.88	PRRO	H	29	21.09	7.35	-0.3643	0.7156	0.7171	M	25	21.16	5.95	PRBU	H	31	31.01	3.87	-1.3681	0.1713	0.1768	M	25	30.71	3.16	LOBU	H	31	12.27	7.67	-0.4285	0.6683	0.6699	M	25	12.11	7.27	LODI	H	31	26.08	7.48	0.3379	0.7354	0.7367	M	25	26.27	5.02	LOFI	H	31	23.26	7.35	-1.3379	0.8951	0.8956	M	25	23.42	4.99	LOBA	H	31	74.95	6.35	-0.6428	0.5203	0.5230	M	25	74.87	3.26	LDMX	H	31	16.96	5.53	-0.7417	0.4582	0.4614	M	25	16.92	4.25																																
LOMC	H	31	93.06	5.21	-0.7746	0.4385	0.4419																																																																																																																																												
	M	25	92.82	3.05				PRCR	H	31	39.87	4.84	-0.2143	0.8303	0.8311	M	25	39.67	3.88	PRRO	H	29	21.09	7.35	-0.3643	0.7156	0.7171	M	25	21.16	5.95	PRBU	H	31	31.01	3.87	-1.3681	0.1713	0.1768	M	25	30.71	3.16	LOBU	H	31	12.27	7.67	-0.4285	0.6683	0.6699	M	25	12.11	7.27	LODI	H	31	26.08	7.48	0.3379	0.7354	0.7367	M	25	26.27	5.02	LOFI	H	31	23.26	7.35	-1.3379	0.8951	0.8956	M	25	23.42	4.99	LOBA	H	31	74.95	6.35	-0.6428	0.5203	0.5230	M	25	74.87	3.26	LDMX	H	31	16.96	5.53	-0.7417	0.4582	0.4614	M	25	16.92	4.25																																												
PRCR	H	31	39.87	4.84	-0.2143	0.8303	0.8311																																																																																																																																												
	M	25	39.67	3.88				PRRO	H	29	21.09	7.35	-0.3643	0.7156	0.7171	M	25	21.16	5.95	PRBU	H	31	31.01	3.87	-1.3681	0.1713	0.1768	M	25	30.71	3.16	LOBU	H	31	12.27	7.67	-0.4285	0.6683	0.6699	M	25	12.11	7.27	LODI	H	31	26.08	7.48	0.3379	0.7354	0.7367	M	25	26.27	5.02	LOFI	H	31	23.26	7.35	-1.3379	0.8951	0.8956	M	25	23.42	4.99	LOBA	H	31	74.95	6.35	-0.6428	0.5203	0.5230	M	25	74.87	3.26	LDMX	H	31	16.96	5.53	-0.7417	0.4582	0.4614	M	25	16.92	4.25																																																								
PRRO	H	29	21.09	7.35	-0.3643	0.7156	0.7171																																																																																																																																												
	M	25	21.16	5.95				PRBU	H	31	31.01	3.87	-1.3681	0.1713	0.1768	M	25	30.71	3.16	LOBU	H	31	12.27	7.67	-0.4285	0.6683	0.6699	M	25	12.11	7.27	LODI	H	31	26.08	7.48	0.3379	0.7354	0.7367	M	25	26.27	5.02	LOFI	H	31	23.26	7.35	-1.3379	0.8951	0.8956	M	25	23.42	4.99	LOBA	H	31	74.95	6.35	-0.6428	0.5203	0.5230	M	25	74.87	3.26	LDMX	H	31	16.96	5.53	-0.7417	0.4582	0.4614	M	25	16.92	4.25																																																																				
PRBU	H	31	31.01	3.87	-1.3681	0.1713	0.1768																																																																																																																																												
	M	25	30.71	3.16				LOBU	H	31	12.27	7.67	-0.4285	0.6683	0.6699	M	25	12.11	7.27	LODI	H	31	26.08	7.48	0.3379	0.7354	0.7367	M	25	26.27	5.02	LOFI	H	31	23.26	7.35	-1.3379	0.8951	0.8956	M	25	23.42	4.99	LOBA	H	31	74.95	6.35	-0.6428	0.5203	0.5230	M	25	74.87	3.26	LDMX	H	31	16.96	5.53	-0.7417	0.4582	0.4614	M	25	16.92	4.25																																																																																
LOBU	H	31	12.27	7.67	-0.4285	0.6683	0.6699																																																																																																																																												
	M	25	12.11	7.27				LODI	H	31	26.08	7.48	0.3379	0.7354	0.7367	M	25	26.27	5.02	LOFI	H	31	23.26	7.35	-1.3379	0.8951	0.8956	M	25	23.42	4.99	LOBA	H	31	74.95	6.35	-0.6428	0.5203	0.5230	M	25	74.87	3.26	LDMX	H	31	16.96	5.53	-0.7417	0.4582	0.4614	M	25	16.92	4.25																																																																																												
LODI	H	31	26.08	7.48	0.3379	0.7354	0.7367																																																																																																																																												
	M	25	26.27	5.02				LOFI	H	31	23.26	7.35	-1.3379	0.8951	0.8956	M	25	23.42	4.99	LOBA	H	31	74.95	6.35	-0.6428	0.5203	0.5230	M	25	74.87	3.26	LDMX	H	31	16.96	5.53	-0.7417	0.4582	0.4614	M	25	16.92	4.25																																																																																																								
LOFI	H	31	23.26	7.35	-1.3379	0.8951	0.8956																																																																																																																																												
	M	25	23.42	4.99				LOBA	H	31	74.95	6.35	-0.6428	0.5203	0.5230	M	25	74.87	3.26	LDMX	H	31	16.96	5.53	-0.7417	0.4582	0.4614	M	25	16.92	4.25																																																																																																																				
LOBA	H	31	74.95	6.35	-0.6428	0.5203	0.5230																																																																																																																																												
	M	25	74.87	3.26				LDMX	H	31	16.96	5.53	-0.7417	0.4582	0.4614	M	25	16.92	4.25																																																																																																																																
LDMX	H	31	16.96	5.53	-0.7417	0.4582	0.4614																																																																																																																																												
	M	25	16.92	4.25																																																																																																																																															

Variable	Sexo	N	Promedio (mm)	C.V.	Z	Pr> Z	Prueba T aprox.																																																																																																																																																																																
ADMX	H	31	25.86	4.13	-1.2033	0.2289	0.2340																																																																																																																																																																																
	M	25	25.54	3.76				LOPP	H	31	6.26	9.58	0.7171	0.4733	0.4763	M	25	6.36	9.90	ANFM	H	31	8.59	11.06	-0.2060	0.8368	0.8375	M	25	8.52	8.57	ANPO	H	30	11.65	5.15	-2.2060	0.0274	0.0317 *	M	26	11.31	4.16	LOBO	H	31	11.76	5.53	-0.6346	0.5257	0.5283	M	25	11.70	4.44	ANBA	H	31	10.64	7.99	-0.3792	0.7046	0.7060	M	25	10.50	8.19	ANIN	H	28	30.02	11.52	-0.6058	0.5447	0.5473	M	24	29.79	2.56	ANCC	H	31	29.93	3.21	0.0849	0.9344	0.9327	M	24	29.97	3.10	ANFC	H	29	13.82	22.57	1.2060	0.2278	0.2332	M	25	13.45	4.01	LONA	H	28	37.62	9.25	0.0089	0.9929	0.9929	M	25	37.63	7.07	ANNA	H	31	19.90	7.79	-1.1455	0.2520	0.2569	M	25	19.65	9.82	ANZI	H	31	43.00	3.32	-1.1966	0.2315	0.2367	M	24	42.61	2.93	ANIO	H	31	18.67	13.12	0.2225	0.8239	0.8247	M	25	18.54	5.88	COPO	H	31	12.28	7.25	0.0330	0.9737	0.9738	M	25	12.31	7.55	LOIS	H	28	9.65	9.84	-0.6609	0.5087	0.5117	M	24	9.91	7.91	ANCI	H	31	21.12	6.72	0.0906	0.9278	0.9281
LOPP	H	31	6.26	9.58	0.7171	0.4733	0.4763																																																																																																																																																																																
	M	25	6.36	9.90				ANFM	H	31	8.59	11.06	-0.2060	0.8368	0.8375	M	25	8.52	8.57	ANPO	H	30	11.65	5.15	-2.2060	0.0274	0.0317 *	M	26	11.31	4.16	LOBO	H	31	11.76	5.53	-0.6346	0.5257	0.5283	M	25	11.70	4.44	ANBA	H	31	10.64	7.99	-0.3792	0.7046	0.7060	M	25	10.50	8.19	ANIN	H	28	30.02	11.52	-0.6058	0.5447	0.5473	M	24	29.79	2.56	ANCC	H	31	29.93	3.21	0.0849	0.9344	0.9327	M	24	29.97	3.10	ANFC	H	29	13.82	22.57	1.2060	0.2278	0.2332	M	25	13.45	4.01	LONA	H	28	37.62	9.25	0.0089	0.9929	0.9929	M	25	37.63	7.07	ANNA	H	31	19.90	7.79	-1.1455	0.2520	0.2569	M	25	19.65	9.82	ANZI	H	31	43.00	3.32	-1.1966	0.2315	0.2367	M	24	42.61	2.93	ANIO	H	31	18.67	13.12	0.2225	0.8239	0.8247	M	25	18.54	5.88	COPO	H	31	12.28	7.25	0.0330	0.9737	0.9738	M	25	12.31	7.55	LOIS	H	28	9.65	9.84	-0.6609	0.5087	0.5117	M	24	9.91	7.91	ANCI	H	31	21.12	6.72	0.0906	0.9278	0.9281	M	25	21.13	5.73								
ANFM	H	31	8.59	11.06	-0.2060	0.8368	0.8375																																																																																																																																																																																
	M	25	8.52	8.57				ANPO	H	30	11.65	5.15	-2.2060	0.0274	0.0317 *	M	26	11.31	4.16	LOBO	H	31	11.76	5.53	-0.6346	0.5257	0.5283	M	25	11.70	4.44	ANBA	H	31	10.64	7.99	-0.3792	0.7046	0.7060	M	25	10.50	8.19	ANIN	H	28	30.02	11.52	-0.6058	0.5447	0.5473	M	24	29.79	2.56	ANCC	H	31	29.93	3.21	0.0849	0.9344	0.9327	M	24	29.97	3.10	ANFC	H	29	13.82	22.57	1.2060	0.2278	0.2332	M	25	13.45	4.01	LONA	H	28	37.62	9.25	0.0089	0.9929	0.9929	M	25	37.63	7.07	ANNA	H	31	19.90	7.79	-1.1455	0.2520	0.2569	M	25	19.65	9.82	ANZI	H	31	43.00	3.32	-1.1966	0.2315	0.2367	M	24	42.61	2.93	ANIO	H	31	18.67	13.12	0.2225	0.8239	0.8247	M	25	18.54	5.88	COPO	H	31	12.28	7.25	0.0330	0.9737	0.9738	M	25	12.31	7.55	LOIS	H	28	9.65	9.84	-0.6609	0.5087	0.5117	M	24	9.91	7.91	ANCI	H	31	21.12	6.72	0.0906	0.9278	0.9281	M	25	21.13	5.73																				
ANPO	H	30	11.65	5.15	-2.2060	0.0274	0.0317 *																																																																																																																																																																																
	M	26	11.31	4.16				LOBO	H	31	11.76	5.53	-0.6346	0.5257	0.5283	M	25	11.70	4.44	ANBA	H	31	10.64	7.99	-0.3792	0.7046	0.7060	M	25	10.50	8.19	ANIN	H	28	30.02	11.52	-0.6058	0.5447	0.5473	M	24	29.79	2.56	ANCC	H	31	29.93	3.21	0.0849	0.9344	0.9327	M	24	29.97	3.10	ANFC	H	29	13.82	22.57	1.2060	0.2278	0.2332	M	25	13.45	4.01	LONA	H	28	37.62	9.25	0.0089	0.9929	0.9929	M	25	37.63	7.07	ANNA	H	31	19.90	7.79	-1.1455	0.2520	0.2569	M	25	19.65	9.82	ANZI	H	31	43.00	3.32	-1.1966	0.2315	0.2367	M	24	42.61	2.93	ANIO	H	31	18.67	13.12	0.2225	0.8239	0.8247	M	25	18.54	5.88	COPO	H	31	12.28	7.25	0.0330	0.9737	0.9738	M	25	12.31	7.55	LOIS	H	28	9.65	9.84	-0.6609	0.5087	0.5117	M	24	9.91	7.91	ANCI	H	31	21.12	6.72	0.0906	0.9278	0.9281	M	25	21.13	5.73																																
LOBO	H	31	11.76	5.53	-0.6346	0.5257	0.5283																																																																																																																																																																																
	M	25	11.70	4.44				ANBA	H	31	10.64	7.99	-0.3792	0.7046	0.7060	M	25	10.50	8.19	ANIN	H	28	30.02	11.52	-0.6058	0.5447	0.5473	M	24	29.79	2.56	ANCC	H	31	29.93	3.21	0.0849	0.9344	0.9327	M	24	29.97	3.10	ANFC	H	29	13.82	22.57	1.2060	0.2278	0.2332	M	25	13.45	4.01	LONA	H	28	37.62	9.25	0.0089	0.9929	0.9929	M	25	37.63	7.07	ANNA	H	31	19.90	7.79	-1.1455	0.2520	0.2569	M	25	19.65	9.82	ANZI	H	31	43.00	3.32	-1.1966	0.2315	0.2367	M	24	42.61	2.93	ANIO	H	31	18.67	13.12	0.2225	0.8239	0.8247	M	25	18.54	5.88	COPO	H	31	12.28	7.25	0.0330	0.9737	0.9738	M	25	12.31	7.55	LOIS	H	28	9.65	9.84	-0.6609	0.5087	0.5117	M	24	9.91	7.91	ANCI	H	31	21.12	6.72	0.0906	0.9278	0.9281	M	25	21.13	5.73																																												
ANBA	H	31	10.64	7.99	-0.3792	0.7046	0.7060																																																																																																																																																																																
	M	25	10.50	8.19				ANIN	H	28	30.02	11.52	-0.6058	0.5447	0.5473	M	24	29.79	2.56	ANCC	H	31	29.93	3.21	0.0849	0.9344	0.9327	M	24	29.97	3.10	ANFC	H	29	13.82	22.57	1.2060	0.2278	0.2332	M	25	13.45	4.01	LONA	H	28	37.62	9.25	0.0089	0.9929	0.9929	M	25	37.63	7.07	ANNA	H	31	19.90	7.79	-1.1455	0.2520	0.2569	M	25	19.65	9.82	ANZI	H	31	43.00	3.32	-1.1966	0.2315	0.2367	M	24	42.61	2.93	ANIO	H	31	18.67	13.12	0.2225	0.8239	0.8247	M	25	18.54	5.88	COPO	H	31	12.28	7.25	0.0330	0.9737	0.9738	M	25	12.31	7.55	LOIS	H	28	9.65	9.84	-0.6609	0.5087	0.5117	M	24	9.91	7.91	ANCI	H	31	21.12	6.72	0.0906	0.9278	0.9281	M	25	21.13	5.73																																																								
ANIN	H	28	30.02	11.52	-0.6058	0.5447	0.5473																																																																																																																																																																																
	M	24	29.79	2.56				ANCC	H	31	29.93	3.21	0.0849	0.9344	0.9327	M	24	29.97	3.10	ANFC	H	29	13.82	22.57	1.2060	0.2278	0.2332	M	25	13.45	4.01	LONA	H	28	37.62	9.25	0.0089	0.9929	0.9929	M	25	37.63	7.07	ANNA	H	31	19.90	7.79	-1.1455	0.2520	0.2569	M	25	19.65	9.82	ANZI	H	31	43.00	3.32	-1.1966	0.2315	0.2367	M	24	42.61	2.93	ANIO	H	31	18.67	13.12	0.2225	0.8239	0.8247	M	25	18.54	5.88	COPO	H	31	12.28	7.25	0.0330	0.9737	0.9738	M	25	12.31	7.55	LOIS	H	28	9.65	9.84	-0.6609	0.5087	0.5117	M	24	9.91	7.91	ANCI	H	31	21.12	6.72	0.0906	0.9278	0.9281	M	25	21.13	5.73																																																																				
ANCC	H	31	29.93	3.21	0.0849	0.9344	0.9327																																																																																																																																																																																
	M	24	29.97	3.10				ANFC	H	29	13.82	22.57	1.2060	0.2278	0.2332	M	25	13.45	4.01	LONA	H	28	37.62	9.25	0.0089	0.9929	0.9929	M	25	37.63	7.07	ANNA	H	31	19.90	7.79	-1.1455	0.2520	0.2569	M	25	19.65	9.82	ANZI	H	31	43.00	3.32	-1.1966	0.2315	0.2367	M	24	42.61	2.93	ANIO	H	31	18.67	13.12	0.2225	0.8239	0.8247	M	25	18.54	5.88	COPO	H	31	12.28	7.25	0.0330	0.9737	0.9738	M	25	12.31	7.55	LOIS	H	28	9.65	9.84	-0.6609	0.5087	0.5117	M	24	9.91	7.91	ANCI	H	31	21.12	6.72	0.0906	0.9278	0.9281	M	25	21.13	5.73																																																																																
ANFC	H	29	13.82	22.57	1.2060	0.2278	0.2332																																																																																																																																																																																
	M	25	13.45	4.01				LONA	H	28	37.62	9.25	0.0089	0.9929	0.9929	M	25	37.63	7.07	ANNA	H	31	19.90	7.79	-1.1455	0.2520	0.2569	M	25	19.65	9.82	ANZI	H	31	43.00	3.32	-1.1966	0.2315	0.2367	M	24	42.61	2.93	ANIO	H	31	18.67	13.12	0.2225	0.8239	0.8247	M	25	18.54	5.88	COPO	H	31	12.28	7.25	0.0330	0.9737	0.9738	M	25	12.31	7.55	LOIS	H	28	9.65	9.84	-0.6609	0.5087	0.5117	M	24	9.91	7.91	ANCI	H	31	21.12	6.72	0.0906	0.9278	0.9281	M	25	21.13	5.73																																																																																												
LONA	H	28	37.62	9.25	0.0089	0.9929	0.9929																																																																																																																																																																																
	M	25	37.63	7.07				ANNA	H	31	19.90	7.79	-1.1455	0.2520	0.2569	M	25	19.65	9.82	ANZI	H	31	43.00	3.32	-1.1966	0.2315	0.2367	M	24	42.61	2.93	ANIO	H	31	18.67	13.12	0.2225	0.8239	0.8247	M	25	18.54	5.88	COPO	H	31	12.28	7.25	0.0330	0.9737	0.9738	M	25	12.31	7.55	LOIS	H	28	9.65	9.84	-0.6609	0.5087	0.5117	M	24	9.91	7.91	ANCI	H	31	21.12	6.72	0.0906	0.9278	0.9281	M	25	21.13	5.73																																																																																																								
ANNA	H	31	19.90	7.79	-1.1455	0.2520	0.2569																																																																																																																																																																																
	M	25	19.65	9.82				ANZI	H	31	43.00	3.32	-1.1966	0.2315	0.2367	M	24	42.61	2.93	ANIO	H	31	18.67	13.12	0.2225	0.8239	0.8247	M	25	18.54	5.88	COPO	H	31	12.28	7.25	0.0330	0.9737	0.9738	M	25	12.31	7.55	LOIS	H	28	9.65	9.84	-0.6609	0.5087	0.5117	M	24	9.91	7.91	ANCI	H	31	21.12	6.72	0.0906	0.9278	0.9281	M	25	21.13	5.73																																																																																																																				
ANZI	H	31	43.00	3.32	-1.1966	0.2315	0.2367																																																																																																																																																																																
	M	24	42.61	2.93				ANIO	H	31	18.67	13.12	0.2225	0.8239	0.8247	M	25	18.54	5.88	COPO	H	31	12.28	7.25	0.0330	0.9737	0.9738	M	25	12.31	7.55	LOIS	H	28	9.65	9.84	-0.6609	0.5087	0.5117	M	24	9.91	7.91	ANCI	H	31	21.12	6.72	0.0906	0.9278	0.9281	M	25	21.13	5.73																																																																																																																																
ANIO	H	31	18.67	13.12	0.2225	0.8239	0.8247																																																																																																																																																																																
	M	25	18.54	5.88				COPO	H	31	12.28	7.25	0.0330	0.9737	0.9738	M	25	12.31	7.55	LOIS	H	28	9.65	9.84	-0.6609	0.5087	0.5117	M	24	9.91	7.91	ANCI	H	31	21.12	6.72	0.0906	0.9278	0.9281	M	25	21.13	5.73																																																																																																																																												
COPO	H	31	12.28	7.25	0.0330	0.9737	0.9738																																																																																																																																																																																
	M	25	12.31	7.55				LOIS	H	28	9.65	9.84	-0.6609	0.5087	0.5117	M	24	9.91	7.91	ANCI	H	31	21.12	6.72	0.0906	0.9278	0.9281	M	25	21.13	5.73																																																																																																																																																								
LOIS	H	28	9.65	9.84	-0.6609	0.5087	0.5117																																																																																																																																																																																
	M	24	9.91	7.91				ANCI	H	31	21.12	6.72	0.0906	0.9278	0.9281	M	25	21.13	5.73																																																																																																																																																																				
ANCI	H	31	21.12	6.72	0.0906	0.9278	0.9281																																																																																																																																																																																
	M	25	21.13	5.73																																																																																																																																																																																			

Variable	Sexo	N	Promedio (mm)	C.V.	Z	Pr> Z	Prueba T aprox.																																
LDMA	H	31	17.52	6.62	-0.7005	0.4836	0.4866																																
	M	25	17.45	4.99				ALRM	H	31	15.53	6.50	-0.2555	0.7983	0.7993	M	25	15.50	3.68	LOMA	H	27	44.81	4.91	-1.5935	0.1111	0.1172	M	25	44.35	3.25	ANMA	H	29	43.17	5.04	-1.3759	0.1688	0.1747
ALRM	H	31	15.53	6.50	-0.2555	0.7983	0.7993																																
	M	25	15.50	3.68				LOMA	H	27	44.81	4.91	-1.5935	0.1111	0.1172	M	25	44.35	3.25	ANMA	H	29	43.17	5.04	-1.3759	0.1688	0.1747	M	24	42.33	3.80								
LOMA	H	27	44.81	4.91	-1.5935	0.1111	0.1172																																
	M	25	44.35	3.25				ANMA	H	29	43.17	5.04	-1.3759	0.1688	0.1747	M	24	42.33	3.80																				
ANMA	H	29	43.17	5.04	-1.3759	0.1688	0.1747																																
	M	24	42.33	3.80																																			

Cuadro I.10.- Variación morfométrica debida al sexo en Lepus californicus descrita por medio de análisis de varianza con la prueba no paramétrica de WILCOXON, incluyendo edad 3 y 4. Las variables y las categorías de edad se definen en el texto. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); Z=estadístico de Z; Pr=probabilidad; * = variables cuya diferencia si es significativa.

Variable	Sexo	N	Promedio (mm)	C.V.	Z	Pr> Z	Prueba T aprox.																																																																																																																																												
LOTO	H	18	543.17	7.91	-1.1550	0.2481	0.2582																																																																																																																																												
	M	10	516.50	15.57				LOCO	H	18	77.89	13.48	-1.6677	0.0954	0.1069	M	10	70.70	15.40	LOPA	H	18	115.67	19.01	0.0000	0.9999	0.9999	M	10	119.80	5.49	LOOR	H	13	137.00	4.57	-0.3414	0.7328	0.7375	M	3	134.33	1.14	LOMC	H	20	94.26	4.58	-1.3530	0.1760	0.1847	M	16	93.55	3.34	PRCR	H	20	38.44	3.07	-0.3343	0.7381	0.7401	M	16	38.30	2.32	PRRO	H	20	19.73	5.37	1.2258	0.2203	0.2284	M	16	20.89	12.39	PRBU	H	20	32.72	6.30	-0.9074	0.3642	0.3704	M	16	31.32	4.09	LOBU	H	20	13.71	8.02	-1.2099	0.2263	0.2344	M	16	13.40	5.97	LODI	H	20	26.03	6.34	1.0983	0.2721	0.2796	M	16	26.62	4.84	LOFI	H	20	23.50	6.55	0.9233	0.3558	0.3621	M	16	24.13	5.01	LOBA	H	20	76.94	5.00	-0.7323	0.4640	0.4689	M	16	76.56	3.85	LDMX	H	20	16.63	4.93	-1.9581	0.0502	0.0582
LOCO	H	18	77.89	13.48	-1.6677	0.0954	0.1069																																																																																																																																												
	M	10	70.70	15.40				LOPA	H	18	115.67	19.01	0.0000	0.9999	0.9999	M	10	119.80	5.49	LOOR	H	13	137.00	4.57	-0.3414	0.7328	0.7375	M	3	134.33	1.14	LOMC	H	20	94.26	4.58	-1.3530	0.1760	0.1847	M	16	93.55	3.34	PRCR	H	20	38.44	3.07	-0.3343	0.7381	0.7401	M	16	38.30	2.32	PRRO	H	20	19.73	5.37	1.2258	0.2203	0.2284	M	16	20.89	12.39	PRBU	H	20	32.72	6.30	-0.9074	0.3642	0.3704	M	16	31.32	4.09	LOBU	H	20	13.71	8.02	-1.2099	0.2263	0.2344	M	16	13.40	5.97	LODI	H	20	26.03	6.34	1.0983	0.2721	0.2796	M	16	26.62	4.84	LOFI	H	20	23.50	6.55	0.9233	0.3558	0.3621	M	16	24.13	5.01	LOBA	H	20	76.94	5.00	-0.7323	0.4640	0.4689	M	16	76.56	3.85	LDMX	H	20	16.63	4.93	-1.9581	0.0502	0.0582	M	16	16.38	3.66								
LOPA	H	18	115.67	19.01	0.0000	0.9999	0.9999																																																																																																																																												
	M	10	119.80	5.49				LOOR	H	13	137.00	4.57	-0.3414	0.7328	0.7375	M	3	134.33	1.14	LOMC	H	20	94.26	4.58	-1.3530	0.1760	0.1847	M	16	93.55	3.34	PRCR	H	20	38.44	3.07	-0.3343	0.7381	0.7401	M	16	38.30	2.32	PRRO	H	20	19.73	5.37	1.2258	0.2203	0.2284	M	16	20.89	12.39	PRBU	H	20	32.72	6.30	-0.9074	0.3642	0.3704	M	16	31.32	4.09	LOBU	H	20	13.71	8.02	-1.2099	0.2263	0.2344	M	16	13.40	5.97	LODI	H	20	26.03	6.34	1.0983	0.2721	0.2796	M	16	26.62	4.84	LOFI	H	20	23.50	6.55	0.9233	0.3558	0.3621	M	16	24.13	5.01	LOBA	H	20	76.94	5.00	-0.7323	0.4640	0.4689	M	16	76.56	3.85	LDMX	H	20	16.63	4.93	-1.9581	0.0502	0.0582	M	16	16.38	3.66																				
LOOR	H	13	137.00	4.57	-0.3414	0.7328	0.7375																																																																																																																																												
	M	3	134.33	1.14				LOMC	H	20	94.26	4.58	-1.3530	0.1760	0.1847	M	16	93.55	3.34	PRCR	H	20	38.44	3.07	-0.3343	0.7381	0.7401	M	16	38.30	2.32	PRRO	H	20	19.73	5.37	1.2258	0.2203	0.2284	M	16	20.89	12.39	PRBU	H	20	32.72	6.30	-0.9074	0.3642	0.3704	M	16	31.32	4.09	LOBU	H	20	13.71	8.02	-1.2099	0.2263	0.2344	M	16	13.40	5.97	LODI	H	20	26.03	6.34	1.0983	0.2721	0.2796	M	16	26.62	4.84	LOFI	H	20	23.50	6.55	0.9233	0.3558	0.3621	M	16	24.13	5.01	LOBA	H	20	76.94	5.00	-0.7323	0.4640	0.4689	M	16	76.56	3.85	LDMX	H	20	16.63	4.93	-1.9581	0.0502	0.0582	M	16	16.38	3.66																																
LOMC	H	20	94.26	4.58	-1.3530	0.1760	0.1847																																																																																																																																												
	M	16	93.55	3.34				PRCR	H	20	38.44	3.07	-0.3343	0.7381	0.7401	M	16	38.30	2.32	PRRO	H	20	19.73	5.37	1.2258	0.2203	0.2284	M	16	20.89	12.39	PRBU	H	20	32.72	6.30	-0.9074	0.3642	0.3704	M	16	31.32	4.09	LOBU	H	20	13.71	8.02	-1.2099	0.2263	0.2344	M	16	13.40	5.97	LODI	H	20	26.03	6.34	1.0983	0.2721	0.2796	M	16	26.62	4.84	LOFI	H	20	23.50	6.55	0.9233	0.3558	0.3621	M	16	24.13	5.01	LOBA	H	20	76.94	5.00	-0.7323	0.4640	0.4689	M	16	76.56	3.85	LDMX	H	20	16.63	4.93	-1.9581	0.0502	0.0582	M	16	16.38	3.66																																												
PRCR	H	20	38.44	3.07	-0.3343	0.7381	0.7401																																																																																																																																												
	M	16	38.30	2.32				PRRO	H	20	19.73	5.37	1.2258	0.2203	0.2284	M	16	20.89	12.39	PRBU	H	20	32.72	6.30	-0.9074	0.3642	0.3704	M	16	31.32	4.09	LOBU	H	20	13.71	8.02	-1.2099	0.2263	0.2344	M	16	13.40	5.97	LODI	H	20	26.03	6.34	1.0983	0.2721	0.2796	M	16	26.62	4.84	LOFI	H	20	23.50	6.55	0.9233	0.3558	0.3621	M	16	24.13	5.01	LOBA	H	20	76.94	5.00	-0.7323	0.4640	0.4689	M	16	76.56	3.85	LDMX	H	20	16.63	4.93	-1.9581	0.0502	0.0582	M	16	16.38	3.66																																																								
PRRO	H	20	19.73	5.37	1.2258	0.2203	0.2284																																																																																																																																												
	M	16	20.89	12.39				PRBU	H	20	32.72	6.30	-0.9074	0.3642	0.3704	M	16	31.32	4.09	LOBU	H	20	13.71	8.02	-1.2099	0.2263	0.2344	M	16	13.40	5.97	LODI	H	20	26.03	6.34	1.0983	0.2721	0.2796	M	16	26.62	4.84	LOFI	H	20	23.50	6.55	0.9233	0.3558	0.3621	M	16	24.13	5.01	LOBA	H	20	76.94	5.00	-0.7323	0.4640	0.4689	M	16	76.56	3.85	LDMX	H	20	16.63	4.93	-1.9581	0.0502	0.0582	M	16	16.38	3.66																																																																				
PRBU	H	20	32.72	6.30	-0.9074	0.3642	0.3704																																																																																																																																												
	M	16	31.32	4.09				LOBU	H	20	13.71	8.02	-1.2099	0.2263	0.2344	M	16	13.40	5.97	LODI	H	20	26.03	6.34	1.0983	0.2721	0.2796	M	16	26.62	4.84	LOFI	H	20	23.50	6.55	0.9233	0.3558	0.3621	M	16	24.13	5.01	LOBA	H	20	76.94	5.00	-0.7323	0.4640	0.4689	M	16	76.56	3.85	LDMX	H	20	16.63	4.93	-1.9581	0.0502	0.0582	M	16	16.38	3.66																																																																																
LOBU	H	20	13.71	8.02	-1.2099	0.2263	0.2344																																																																																																																																												
	M	16	13.40	5.97				LODI	H	20	26.03	6.34	1.0983	0.2721	0.2796	M	16	26.62	4.84	LOFI	H	20	23.50	6.55	0.9233	0.3558	0.3621	M	16	24.13	5.01	LOBA	H	20	76.94	5.00	-0.7323	0.4640	0.4689	M	16	76.56	3.85	LDMX	H	20	16.63	4.93	-1.9581	0.0502	0.0582	M	16	16.38	3.66																																																																																												
LODI	H	20	26.03	6.34	1.0983	0.2721	0.2796																																																																																																																																												
	M	16	26.62	4.84				LOFI	H	20	23.50	6.55	0.9233	0.3558	0.3621	M	16	24.13	5.01	LOBA	H	20	76.94	5.00	-0.7323	0.4640	0.4689	M	16	76.56	3.85	LDMX	H	20	16.63	4.93	-1.9581	0.0502	0.0582	M	16	16.38	3.66																																																																																																								
LOFI	H	20	23.50	6.55	0.9233	0.3558	0.3621																																																																																																																																												
	M	16	24.13	5.01				LOBA	H	20	76.94	5.00	-0.7323	0.4640	0.4689	M	16	76.56	3.85	LDMX	H	20	16.63	4.93	-1.9581	0.0502	0.0582	M	16	16.38	3.66																																																																																																																				
LOBA	H	20	76.94	5.00	-0.7323	0.4640	0.4689																																																																																																																																												
	M	16	76.56	3.85				LDMX	H	20	16.63	4.93	-1.9581	0.0502	0.0582	M	16	16.38	3.66																																																																																																																																
LDMX	H	20	16.63	4.93	-1.9581	0.0502	0.0582																																																																																																																																												
	M	16	16.38	3.66																																																																																																																																															

Variable	Sexo	N	Promedio (mm)	C.V.	Z	Pr> Z	Prueba T aprox.
ADMX	H	20	25.41	3.62	-0.5253	0.5994	0.6027
	M	16	25.19	3.09			
LOPP	H	20	6.67	9.59	-0.3503	0.7261	0.7282
	M	16	6.52	6.85			
ANFM	H	20	8.79	8.76	0.1910	0.8485	0.8496
	M	16	8.94	7.38			
ANPO	H	18	11.92	5.12	-0.2416	0.8091	0.8106
	M	16	11.96	5.35			
LOBO	H	20	12.10	13.84	-1.4169	0.1565	0.1645
	M	16	11.74	5.79			
ANBA	H	19	9.81	8.76	0.5962	0.5511	0.5550
	M	16	10.09	7.43			
ANIN	H	19	30.60	5.46	-0.4636	0.6429	0.6459
	M	16	30.33	4.81			
ANCC	H	20	30.42	4.24	-0.2865	0.7745	0.7762
	M	16	30.77	2.31			
ANFC	H	19	11.90	7.56	1.2087	0.2268	0.2351
	M	16	12.32	5.84			
LONA	H	18	35.58	5.51	-0.2070	0.8360	0.8373
	M	16	35.49	5.63			
ANNA	H	20	19.18	7.51	-1.6875	0.0915	0.1004
	M	16	18.50	6.70			
ANZI	H	19	42.05	2.42	0.6243	0.5324	0.5367
	M	15	42.38	2.00			
ANIO	H	20	18.62	8.27	0.9712	0.3314	0.3381
	M	16	19.25	6.54			
COPO	H	20	12.01	10.49	-0.7323	0.4640	0.4689
	M	16	11.85	6.92			
LOIS	H	20	10.19	9.91	-1.4966	0.1345	0.1435
	M	16	9.46	17.34			
ANCI	H	20	20.42	7.10	-0.0318	0.9746	0.9748
	M	16	20.41	7.40			

Variable	Sexo	N	Promedio (mm)	C.V.	Z	Pr> Z	Prueba T aprox.																																
LDMA	H	20	17.57	5.80	-1.5762	0.1150	0.1240																																
	M	16	17.23	4.06				ALRM	H	20	14.74	6.04	-0.7165	0.4737	0.4784	M	16	14.60	3.77	LOMA	H	19	45.35	5.65	-1.3080	0.1909	0.1997	M	16	44.89	3.74	ANMA	H	19	39.64	7.84	0.1490	0.8815	0.8824
ALRM	H	20	14.74	6.04	-0.7165	0.4737	0.4784																																
	M	16	14.60	3.77				LOMA	H	19	45.35	5.65	-1.3080	0.1909	0.1997	M	16	44.89	3.74	ANMA	H	19	39.64	7.84	0.1490	0.8815	0.8824	M	16	39.84	6.78								
LOMA	H	19	45.35	5.65	-1.3080	0.1909	0.1997																																
	M	16	44.89	3.74				ANMA	H	19	39.64	7.84	0.1490	0.8815	0.8824	M	16	39.84	6.78																				
ANMA	H	19	39.64	7.84	0.1490	0.8815	0.8824																																
	M	16	39.84	6.78																																			

Cuadro I.11.- Variación morfométrica debida al sexo en Lepus flavigularis descrita por medio de análisis de varianza con la prueba no paramétrica de WILCOXON, incluyendo edad 3 y 4. Las variables y las categorías de edad se definen en el texto. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de Variación (%); Z=estadístico de Z; Pr=probabilidad; * = variables cuya diferencia si es significativa.

Variable	Sexo	N	Promedio (mm)	C.V.	Z	Pr> Z	Prueba T aprox.																																																																																																																																												
LOTO	H	29	579.27	6.24	-0.7632	0.4453	0.4491																																																																																																																																												
	M	20	573.40	5.59				LOCO	H	29	78.76	14.28	0.9385	0.3480	0.3527	M	20	81.10	13.38	LOPA	H	29	126.72	6.22	1.5340	0.1250	0.1316	M	20	129.25	5.16	LOOR	H	5	125.00	2.82	0.1235	0.9017	0.9048	M	4	125.75	2.96	LOMC	H	30	97.31	3.71	-1.0271	0.3044	0.3090	M	24	95.99	4.52	PRCR	H	31	40.97	2.44	-0.8740	0.3821	0.3860	M	24	40.61	3.15	PRRO	H	29	22.08	5.21	-1.6174	0.1058	0.1118	M	24	21.51	6.69	PRBU	H	28	30.87	6.06	-1.6247	0.1042	0.1104	M	24	30.85	2.92	LOBU	H	30	11.64	6.53	-0.4701	0.6383	0.6402	M	24	11.53	3.99	LODI	H	31	27.69	4.91	-0.7552	0.4501	0.4534	M	24	27.10	6.86	LOFI	H	31	25.15	4.97	-0.8146	0.4153	0.4188	M	24	24.64	6.49	LOBA	H	30	79.12	3.54	-1.6973	0.0896	0.0955	M	24	77.42	5.02	LDMX	H	31	17.28	3.29	-1.8246	0.0681	0.0736
LOCO	H	29	78.76	14.28	0.9385	0.3480	0.3527																																																																																																																																												
	M	20	81.10	13.38				LOPA	H	29	126.72	6.22	1.5340	0.1250	0.1316	M	20	129.25	5.16	LOOR	H	5	125.00	2.82	0.1235	0.9017	0.9048	M	4	125.75	2.96	LOMC	H	30	97.31	3.71	-1.0271	0.3044	0.3090	M	24	95.99	4.52	PRCR	H	31	40.97	2.44	-0.8740	0.3821	0.3860	M	24	40.61	3.15	PRRO	H	29	22.08	5.21	-1.6174	0.1058	0.1118	M	24	21.51	6.69	PRBU	H	28	30.87	6.06	-1.6247	0.1042	0.1104	M	24	30.85	2.92	LOBU	H	30	11.64	6.53	-0.4701	0.6383	0.6402	M	24	11.53	3.99	LODI	H	31	27.69	4.91	-0.7552	0.4501	0.4534	M	24	27.10	6.86	LOFI	H	31	25.15	4.97	-0.8146	0.4153	0.4188	M	24	24.64	6.49	LOBA	H	30	79.12	3.54	-1.6973	0.0896	0.0955	M	24	77.42	5.02	LDMX	H	31	17.28	3.29	-1.8246	0.0681	0.0736	M	24	16.93	5.85								
LOPA	H	29	126.72	6.22	1.5340	0.1250	0.1316																																																																																																																																												
	M	20	129.25	5.16				LOOR	H	5	125.00	2.82	0.1235	0.9017	0.9048	M	4	125.75	2.96	LOMC	H	30	97.31	3.71	-1.0271	0.3044	0.3090	M	24	95.99	4.52	PRCR	H	31	40.97	2.44	-0.8740	0.3821	0.3860	M	24	40.61	3.15	PRRO	H	29	22.08	5.21	-1.6174	0.1058	0.1118	M	24	21.51	6.69	PRBU	H	28	30.87	6.06	-1.6247	0.1042	0.1104	M	24	30.85	2.92	LOBU	H	30	11.64	6.53	-0.4701	0.6383	0.6402	M	24	11.53	3.99	LODI	H	31	27.69	4.91	-0.7552	0.4501	0.4534	M	24	27.10	6.86	LOFI	H	31	25.15	4.97	-0.8146	0.4153	0.4188	M	24	24.64	6.49	LOBA	H	30	79.12	3.54	-1.6973	0.0896	0.0955	M	24	77.42	5.02	LDMX	H	31	17.28	3.29	-1.8246	0.0681	0.0736	M	24	16.93	5.85																				
LOOR	H	5	125.00	2.82	0.1235	0.9017	0.9048																																																																																																																																												
	M	4	125.75	2.96				LOMC	H	30	97.31	3.71	-1.0271	0.3044	0.3090	M	24	95.99	4.52	PRCR	H	31	40.97	2.44	-0.8740	0.3821	0.3860	M	24	40.61	3.15	PRRO	H	29	22.08	5.21	-1.6174	0.1058	0.1118	M	24	21.51	6.69	PRBU	H	28	30.87	6.06	-1.6247	0.1042	0.1104	M	24	30.85	2.92	LOBU	H	30	11.64	6.53	-0.4701	0.6383	0.6402	M	24	11.53	3.99	LODI	H	31	27.69	4.91	-0.7552	0.4501	0.4534	M	24	27.10	6.86	LOFI	H	31	25.15	4.97	-0.8146	0.4153	0.4188	M	24	24.64	6.49	LOBA	H	30	79.12	3.54	-1.6973	0.0896	0.0955	M	24	77.42	5.02	LDMX	H	31	17.28	3.29	-1.8246	0.0681	0.0736	M	24	16.93	5.85																																
LOMC	H	30	97.31	3.71	-1.0271	0.3044	0.3090																																																																																																																																												
	M	24	95.99	4.52				PRCR	H	31	40.97	2.44	-0.8740	0.3821	0.3860	M	24	40.61	3.15	PRRO	H	29	22.08	5.21	-1.6174	0.1058	0.1118	M	24	21.51	6.69	PRBU	H	28	30.87	6.06	-1.6247	0.1042	0.1104	M	24	30.85	2.92	LOBU	H	30	11.64	6.53	-0.4701	0.6383	0.6402	M	24	11.53	3.99	LODI	H	31	27.69	4.91	-0.7552	0.4501	0.4534	M	24	27.10	6.86	LOFI	H	31	25.15	4.97	-0.8146	0.4153	0.4188	M	24	24.64	6.49	LOBA	H	30	79.12	3.54	-1.6973	0.0896	0.0955	M	24	77.42	5.02	LDMX	H	31	17.28	3.29	-1.8246	0.0681	0.0736	M	24	16.93	5.85																																												
PRCR	H	31	40.97	2.44	-0.8740	0.3821	0.3860																																																																																																																																												
	M	24	40.61	3.15				PRRO	H	29	22.08	5.21	-1.6174	0.1058	0.1118	M	24	21.51	6.69	PRBU	H	28	30.87	6.06	-1.6247	0.1042	0.1104	M	24	30.85	2.92	LOBU	H	30	11.64	6.53	-0.4701	0.6383	0.6402	M	24	11.53	3.99	LODI	H	31	27.69	4.91	-0.7552	0.4501	0.4534	M	24	27.10	6.86	LOFI	H	31	25.15	4.97	-0.8146	0.4153	0.4188	M	24	24.64	6.49	LOBA	H	30	79.12	3.54	-1.6973	0.0896	0.0955	M	24	77.42	5.02	LDMX	H	31	17.28	3.29	-1.8246	0.0681	0.0736	M	24	16.93	5.85																																																								
PRRO	H	29	22.08	5.21	-1.6174	0.1058	0.1118																																																																																																																																												
	M	24	21.51	6.69				PRBU	H	28	30.87	6.06	-1.6247	0.1042	0.1104	M	24	30.85	2.92	LOBU	H	30	11.64	6.53	-0.4701	0.6383	0.6402	M	24	11.53	3.99	LODI	H	31	27.69	4.91	-0.7552	0.4501	0.4534	M	24	27.10	6.86	LOFI	H	31	25.15	4.97	-0.8146	0.4153	0.4188	M	24	24.64	6.49	LOBA	H	30	79.12	3.54	-1.6973	0.0896	0.0955	M	24	77.42	5.02	LDMX	H	31	17.28	3.29	-1.8246	0.0681	0.0736	M	24	16.93	5.85																																																																				
PRBU	H	28	30.87	6.06	-1.6247	0.1042	0.1104																																																																																																																																												
	M	24	30.85	2.92				LOBU	H	30	11.64	6.53	-0.4701	0.6383	0.6402	M	24	11.53	3.99	LODI	H	31	27.69	4.91	-0.7552	0.4501	0.4534	M	24	27.10	6.86	LOFI	H	31	25.15	4.97	-0.8146	0.4153	0.4188	M	24	24.64	6.49	LOBA	H	30	79.12	3.54	-1.6973	0.0896	0.0955	M	24	77.42	5.02	LDMX	H	31	17.28	3.29	-1.8246	0.0681	0.0736	M	24	16.93	5.85																																																																																
LOBU	H	30	11.64	6.53	-0.4701	0.6383	0.6402																																																																																																																																												
	M	24	11.53	3.99				LODI	H	31	27.69	4.91	-0.7552	0.4501	0.4534	M	24	27.10	6.86	LOFI	H	31	25.15	4.97	-0.8146	0.4153	0.4188	M	24	24.64	6.49	LOBA	H	30	79.12	3.54	-1.6973	0.0896	0.0955	M	24	77.42	5.02	LDMX	H	31	17.28	3.29	-1.8246	0.0681	0.0736	M	24	16.93	5.85																																																																																												
LODI	H	31	27.69	4.91	-0.7552	0.4501	0.4534																																																																																																																																												
	M	24	27.10	6.86				LOFI	H	31	25.15	4.97	-0.8146	0.4153	0.4188	M	24	24.64	6.49	LOBA	H	30	79.12	3.54	-1.6973	0.0896	0.0955	M	24	77.42	5.02	LDMX	H	31	17.28	3.29	-1.8246	0.0681	0.0736	M	24	16.93	5.85																																																																																																								
LOFI	H	31	25.15	4.97	-0.8146	0.4153	0.4188																																																																																																																																												
	M	24	24.64	6.49				LOBA	H	30	79.12	3.54	-1.6973	0.0896	0.0955	M	24	77.42	5.02	LDMX	H	31	17.28	3.29	-1.8246	0.0681	0.0736	M	24	16.93	5.85																																																																																																																				
LOBA	H	30	79.12	3.54	-1.6973	0.0896	0.0955																																																																																																																																												
	M	24	77.42	5.02				LDMX	H	31	17.28	3.29	-1.8246	0.0681	0.0736	M	24	16.93	5.85																																																																																																																																
LDMX	H	31	17.28	3.29	-1.8246	0.0681	0.0736																																																																																																																																												
	M	24	16.93	5.85																																																																																																																																															

Variable	Sexo	N	Promedio (mm)	C.V.	Z	Pr> Z	Prueba T aprox.																																																																																																																																																																																
ADMX	H	31	26.41	24.23	-0.8741	0.3820	0.3859																																																																																																																																																																																
	M	24	26.13	4.06				LOPP	H	31	7.46	5.89	-1.2137	0.2249	0.2302	M	24	7.31	6.16	ANFM	H	31	8.41	5.95	1.3493	0.1772	0.1829	M	24	8.49	9.30	ANPO	H	31	11.84	3.46	0.6535	0.5134	0.5162	M	24	11.84	5.06	LOBO	H	30	12.34	4.05	-1.1317	0.2577	0.2628	M	24	12.12	5.28	ANBA	H	31	11.98	5.26	-2.0366	0.0417	0.0466 *	M	24	11.57	7.26	ANIN	H	27	29.08	3.44	-1.3530	0.1760	0.1823	M	23	28.73	2.96	ANCC	H	31	31.56	2.34	-1.1018	0.9189	0.9193	M	24	31.32	3.83	ANFC	H	31	13.72	4.37	-1.4430	0.1490	0.1548	M	24	13.51	4.22	LONA	H	30	41.51	4.73	-1.7060	0.0880	0.0939	M	24	40.60	5.22	ANNA	H	31	20.35	6.09	-0.1782	0.8586	0.8592	M	24	20.11	7.61	ANZI	H	31	43.37	4.16	-0.5346	0.5929	0.5951	M	24	43.23	3.75	ANIO	H	31	21.31	7.37	-0.3394	0.7343	0.7356	M	24	21.14	8.94	COPO	H	31	12.06	5.31	1.9349	0.0530	0.0583	M	24	12.47	6.09	LOIS	H	30	10.61	6.41	-0.7897	0.4297	0.4333	M	23	10.34	9.09	ANCI	H	31	22.74	4.09	-0.0933	0.9256	0.9260
LOPP	H	31	7.46	5.89	-1.2137	0.2249	0.2302																																																																																																																																																																																
	M	24	7.31	6.16				ANFM	H	31	8.41	5.95	1.3493	0.1772	0.1829	M	24	8.49	9.30	ANPO	H	31	11.84	3.46	0.6535	0.5134	0.5162	M	24	11.84	5.06	LOBO	H	30	12.34	4.05	-1.1317	0.2577	0.2628	M	24	12.12	5.28	ANBA	H	31	11.98	5.26	-2.0366	0.0417	0.0466 *	M	24	11.57	7.26	ANIN	H	27	29.08	3.44	-1.3530	0.1760	0.1823	M	23	28.73	2.96	ANCC	H	31	31.56	2.34	-1.1018	0.9189	0.9193	M	24	31.32	3.83	ANFC	H	31	13.72	4.37	-1.4430	0.1490	0.1548	M	24	13.51	4.22	LONA	H	30	41.51	4.73	-1.7060	0.0880	0.0939	M	24	40.60	5.22	ANNA	H	31	20.35	6.09	-0.1782	0.8586	0.8592	M	24	20.11	7.61	ANZI	H	31	43.37	4.16	-0.5346	0.5929	0.5951	M	24	43.23	3.75	ANIO	H	31	21.31	7.37	-0.3394	0.7343	0.7356	M	24	21.14	8.94	COPO	H	31	12.06	5.31	1.9349	0.0530	0.0583	M	24	12.47	6.09	LOIS	H	30	10.61	6.41	-0.7897	0.4297	0.4333	M	23	10.34	9.09	ANCI	H	31	22.74	4.09	-0.0933	0.9256	0.9260	M	24	22.65	5.43								
ANFM	H	31	8.41	5.95	1.3493	0.1772	0.1829																																																																																																																																																																																
	M	24	8.49	9.30				ANPO	H	31	11.84	3.46	0.6535	0.5134	0.5162	M	24	11.84	5.06	LOBO	H	30	12.34	4.05	-1.1317	0.2577	0.2628	M	24	12.12	5.28	ANBA	H	31	11.98	5.26	-2.0366	0.0417	0.0466 *	M	24	11.57	7.26	ANIN	H	27	29.08	3.44	-1.3530	0.1760	0.1823	M	23	28.73	2.96	ANCC	H	31	31.56	2.34	-1.1018	0.9189	0.9193	M	24	31.32	3.83	ANFC	H	31	13.72	4.37	-1.4430	0.1490	0.1548	M	24	13.51	4.22	LONA	H	30	41.51	4.73	-1.7060	0.0880	0.0939	M	24	40.60	5.22	ANNA	H	31	20.35	6.09	-0.1782	0.8586	0.8592	M	24	20.11	7.61	ANZI	H	31	43.37	4.16	-0.5346	0.5929	0.5951	M	24	43.23	3.75	ANIO	H	31	21.31	7.37	-0.3394	0.7343	0.7356	M	24	21.14	8.94	COPO	H	31	12.06	5.31	1.9349	0.0530	0.0583	M	24	12.47	6.09	LOIS	H	30	10.61	6.41	-0.7897	0.4297	0.4333	M	23	10.34	9.09	ANCI	H	31	22.74	4.09	-0.0933	0.9256	0.9260	M	24	22.65	5.43																				
ANPO	H	31	11.84	3.46	0.6535	0.5134	0.5162																																																																																																																																																																																
	M	24	11.84	5.06				LOBO	H	30	12.34	4.05	-1.1317	0.2577	0.2628	M	24	12.12	5.28	ANBA	H	31	11.98	5.26	-2.0366	0.0417	0.0466 *	M	24	11.57	7.26	ANIN	H	27	29.08	3.44	-1.3530	0.1760	0.1823	M	23	28.73	2.96	ANCC	H	31	31.56	2.34	-1.1018	0.9189	0.9193	M	24	31.32	3.83	ANFC	H	31	13.72	4.37	-1.4430	0.1490	0.1548	M	24	13.51	4.22	LONA	H	30	41.51	4.73	-1.7060	0.0880	0.0939	M	24	40.60	5.22	ANNA	H	31	20.35	6.09	-0.1782	0.8586	0.8592	M	24	20.11	7.61	ANZI	H	31	43.37	4.16	-0.5346	0.5929	0.5951	M	24	43.23	3.75	ANIO	H	31	21.31	7.37	-0.3394	0.7343	0.7356	M	24	21.14	8.94	COPO	H	31	12.06	5.31	1.9349	0.0530	0.0583	M	24	12.47	6.09	LOIS	H	30	10.61	6.41	-0.7897	0.4297	0.4333	M	23	10.34	9.09	ANCI	H	31	22.74	4.09	-0.0933	0.9256	0.9260	M	24	22.65	5.43																																
LOBO	H	30	12.34	4.05	-1.1317	0.2577	0.2628																																																																																																																																																																																
	M	24	12.12	5.28				ANBA	H	31	11.98	5.26	-2.0366	0.0417	0.0466 *	M	24	11.57	7.26	ANIN	H	27	29.08	3.44	-1.3530	0.1760	0.1823	M	23	28.73	2.96	ANCC	H	31	31.56	2.34	-1.1018	0.9189	0.9193	M	24	31.32	3.83	ANFC	H	31	13.72	4.37	-1.4430	0.1490	0.1548	M	24	13.51	4.22	LONA	H	30	41.51	4.73	-1.7060	0.0880	0.0939	M	24	40.60	5.22	ANNA	H	31	20.35	6.09	-0.1782	0.8586	0.8592	M	24	20.11	7.61	ANZI	H	31	43.37	4.16	-0.5346	0.5929	0.5951	M	24	43.23	3.75	ANIO	H	31	21.31	7.37	-0.3394	0.7343	0.7356	M	24	21.14	8.94	COPO	H	31	12.06	5.31	1.9349	0.0530	0.0583	M	24	12.47	6.09	LOIS	H	30	10.61	6.41	-0.7897	0.4297	0.4333	M	23	10.34	9.09	ANCI	H	31	22.74	4.09	-0.0933	0.9256	0.9260	M	24	22.65	5.43																																												
ANBA	H	31	11.98	5.26	-2.0366	0.0417	0.0466 *																																																																																																																																																																																
	M	24	11.57	7.26				ANIN	H	27	29.08	3.44	-1.3530	0.1760	0.1823	M	23	28.73	2.96	ANCC	H	31	31.56	2.34	-1.1018	0.9189	0.9193	M	24	31.32	3.83	ANFC	H	31	13.72	4.37	-1.4430	0.1490	0.1548	M	24	13.51	4.22	LONA	H	30	41.51	4.73	-1.7060	0.0880	0.0939	M	24	40.60	5.22	ANNA	H	31	20.35	6.09	-0.1782	0.8586	0.8592	M	24	20.11	7.61	ANZI	H	31	43.37	4.16	-0.5346	0.5929	0.5951	M	24	43.23	3.75	ANIO	H	31	21.31	7.37	-0.3394	0.7343	0.7356	M	24	21.14	8.94	COPO	H	31	12.06	5.31	1.9349	0.0530	0.0583	M	24	12.47	6.09	LOIS	H	30	10.61	6.41	-0.7897	0.4297	0.4333	M	23	10.34	9.09	ANCI	H	31	22.74	4.09	-0.0933	0.9256	0.9260	M	24	22.65	5.43																																																								
ANIN	H	27	29.08	3.44	-1.3530	0.1760	0.1823																																																																																																																																																																																
	M	23	28.73	2.96				ANCC	H	31	31.56	2.34	-1.1018	0.9189	0.9193	M	24	31.32	3.83	ANFC	H	31	13.72	4.37	-1.4430	0.1490	0.1548	M	24	13.51	4.22	LONA	H	30	41.51	4.73	-1.7060	0.0880	0.0939	M	24	40.60	5.22	ANNA	H	31	20.35	6.09	-0.1782	0.8586	0.8592	M	24	20.11	7.61	ANZI	H	31	43.37	4.16	-0.5346	0.5929	0.5951	M	24	43.23	3.75	ANIO	H	31	21.31	7.37	-0.3394	0.7343	0.7356	M	24	21.14	8.94	COPO	H	31	12.06	5.31	1.9349	0.0530	0.0583	M	24	12.47	6.09	LOIS	H	30	10.61	6.41	-0.7897	0.4297	0.4333	M	23	10.34	9.09	ANCI	H	31	22.74	4.09	-0.0933	0.9256	0.9260	M	24	22.65	5.43																																																																				
ANCC	H	31	31.56	2.34	-1.1018	0.9189	0.9193																																																																																																																																																																																
	M	24	31.32	3.83				ANFC	H	31	13.72	4.37	-1.4430	0.1490	0.1548	M	24	13.51	4.22	LONA	H	30	41.51	4.73	-1.7060	0.0880	0.0939	M	24	40.60	5.22	ANNA	H	31	20.35	6.09	-0.1782	0.8586	0.8592	M	24	20.11	7.61	ANZI	H	31	43.37	4.16	-0.5346	0.5929	0.5951	M	24	43.23	3.75	ANIO	H	31	21.31	7.37	-0.3394	0.7343	0.7356	M	24	21.14	8.94	COPO	H	31	12.06	5.31	1.9349	0.0530	0.0583	M	24	12.47	6.09	LOIS	H	30	10.61	6.41	-0.7897	0.4297	0.4333	M	23	10.34	9.09	ANCI	H	31	22.74	4.09	-0.0933	0.9256	0.9260	M	24	22.65	5.43																																																																																
ANFC	H	31	13.72	4.37	-1.4430	0.1490	0.1548																																																																																																																																																																																
	M	24	13.51	4.22				LONA	H	30	41.51	4.73	-1.7060	0.0880	0.0939	M	24	40.60	5.22	ANNA	H	31	20.35	6.09	-0.1782	0.8586	0.8592	M	24	20.11	7.61	ANZI	H	31	43.37	4.16	-0.5346	0.5929	0.5951	M	24	43.23	3.75	ANIO	H	31	21.31	7.37	-0.3394	0.7343	0.7356	M	24	21.14	8.94	COPO	H	31	12.06	5.31	1.9349	0.0530	0.0583	M	24	12.47	6.09	LOIS	H	30	10.61	6.41	-0.7897	0.4297	0.4333	M	23	10.34	9.09	ANCI	H	31	22.74	4.09	-0.0933	0.9256	0.9260	M	24	22.65	5.43																																																																																												
LONA	H	30	41.51	4.73	-1.7060	0.0880	0.0939																																																																																																																																																																																
	M	24	40.60	5.22				ANNA	H	31	20.35	6.09	-0.1782	0.8586	0.8592	M	24	20.11	7.61	ANZI	H	31	43.37	4.16	-0.5346	0.5929	0.5951	M	24	43.23	3.75	ANIO	H	31	21.31	7.37	-0.3394	0.7343	0.7356	M	24	21.14	8.94	COPO	H	31	12.06	5.31	1.9349	0.0530	0.0583	M	24	12.47	6.09	LOIS	H	30	10.61	6.41	-0.7897	0.4297	0.4333	M	23	10.34	9.09	ANCI	H	31	22.74	4.09	-0.0933	0.9256	0.9260	M	24	22.65	5.43																																																																																																								
ANNA	H	31	20.35	6.09	-0.1782	0.8586	0.8592																																																																																																																																																																																
	M	24	20.11	7.61				ANZI	H	31	43.37	4.16	-0.5346	0.5929	0.5951	M	24	43.23	3.75	ANIO	H	31	21.31	7.37	-0.3394	0.7343	0.7356	M	24	21.14	8.94	COPO	H	31	12.06	5.31	1.9349	0.0530	0.0583	M	24	12.47	6.09	LOIS	H	30	10.61	6.41	-0.7897	0.4297	0.4333	M	23	10.34	9.09	ANCI	H	31	22.74	4.09	-0.0933	0.9256	0.9260	M	24	22.65	5.43																																																																																																																				
ANZI	H	31	43.37	4.16	-0.5346	0.5929	0.5951																																																																																																																																																																																
	M	24	43.23	3.75				ANIO	H	31	21.31	7.37	-0.3394	0.7343	0.7356	M	24	21.14	8.94	COPO	H	31	12.06	5.31	1.9349	0.0530	0.0583	M	24	12.47	6.09	LOIS	H	30	10.61	6.41	-0.7897	0.4297	0.4333	M	23	10.34	9.09	ANCI	H	31	22.74	4.09	-0.0933	0.9256	0.9260	M	24	22.65	5.43																																																																																																																																
ANIO	H	31	21.31	7.37	-0.3394	0.7343	0.7356																																																																																																																																																																																
	M	24	21.14	8.94				COPO	H	31	12.06	5.31	1.9349	0.0530	0.0583	M	24	12.47	6.09	LOIS	H	30	10.61	6.41	-0.7897	0.4297	0.4333	M	23	10.34	9.09	ANCI	H	31	22.74	4.09	-0.0933	0.9256	0.9260	M	24	22.65	5.43																																																																																																																																												
COPO	H	31	12.06	5.31	1.9349	0.0530	0.0583																																																																																																																																																																																
	M	24	12.47	6.09				LOIS	H	30	10.61	6.41	-0.7897	0.4297	0.4333	M	23	10.34	9.09	ANCI	H	31	22.74	4.09	-0.0933	0.9256	0.9260	M	24	22.65	5.43																																																																																																																																																								
LOIS	H	30	10.61	6.41	-0.7897	0.4297	0.4333																																																																																																																																																																																
	M	23	10.34	9.09				ANCI	H	31	22.74	4.09	-0.0933	0.9256	0.9260	M	24	22.65	5.43																																																																																																																																																																				
ANCI	H	31	22.74	4.09	-0.0933	0.9256	0.9260																																																																																																																																																																																
	M	24	22.65	5.43																																																																																																																																																																																			

Variable	Sexo	N	Promedio (mm)	C.V.	Z	Pr> Z	Prueba T aprox.																																
LDMA	H	30	18.31	3.77	-1.8021	0.0715	0.0772																																
	M	24	17.94	5.57				ALRM	H	30	16.83	3.62	-2.4897	0.0128	0.0160 *	M	24	16.20	6.11	LOMA	H	30	47.63	3.43	-2.5764	0.0100	0.0128 *	M	24	46.55	4.19	ANMA	H	31	44.28	4.52	-3.3688	0.0008	0.0014 *
ALRM	H	30	16.83	3.62	-2.4897	0.0128	0.0160 *																																
	M	24	16.20	6.11				LOMA	H	30	47.63	3.43	-2.5764	0.0100	0.0128 *	M	24	46.55	4.19	ANMA	H	31	44.28	4.52	-3.3688	0.0008	0.0014 *	M	24	42.62	3.73								
LOMA	H	30	47.63	3.43	-2.5764	0.0100	0.0128 *																																
	M	24	46.55	4.19				ANMA	H	31	44.28	4.52	-3.3688	0.0008	0.0014 *	M	24	42.62	3.73																				
ANMA	H	31	44.28	4.52	-3.3688	0.0008	0.0014 *																																
	M	24	42.62	3.73																																			

Cuadro I.12.- Variación de las medidas somáticas y craneales de Romerolagus diazi, para la categoría de edad 4 incluyendo machos y hembras. N = número de individuos; C.V. = coeficiente de variación (%); * = variables cuyo C.V. es mayor al 10%.

Variable	N	Promedio (mm)	C.V.
LOTO	37	276.81	8.20
LOCO	30	20.73	31.41 *
LOPA	37	48.73	7.50
LOOR	37	40.86	6.80
LOMC	47	59.91	2.94
PRCR	47	25.31	3.39
PRRO	44	11.08	6.76
PRBU	47	20.94	3.38
LOBU	47	10.34	6.47
LODI	47	15.31	4.86
LOFI	47	13.36	6.36
LOBA	47	49.34	3.06
LDMX	47	11.94	3.11
ADMX	47	17.81	3.04
LOPP	47	6.87	6.98
ANFM	47	3.73	9.59
ANPO	46	6.80	5.50
LOBO	47	8.29	5.71
ANBA	47	6.84	5.33
ANIN	46	22.98	3.11
ANFC	47	9.39	4.87
ANCC	47	22.73	3.84
LOMA	46	23.08	7.47
ANNA	46	10.37	8.12
ANZI	46	29.12	2.65
ANIO	46	11.29	7.39
COPO	47	10.45	5.83
LOIS	46	5.66	9.60
ANCI	46	12.21	10.70 *
LDMA	46	12.09	3.15
ALRM	46	9.29	5.41
LOMA	45	31.64	2.99
ANMA	47	28.53	3.33

Cuadro I.13.- Variación de las medidas somáticas y craneales de *Sylvilagus floridanus*, para las categorías de edad 3 y 4 incluyendo machos y hembras. N = número de individuos; C.V.= coeficiente de variación (%); **Variables cuyo C.V. es mayor al 10%.

Variable	N	Promedio (mm)	C.V.	
LOTO	46	307.67	53.09	*
LOCO	46	36.11	58.15	*
LOPA	46	66.67	56.12	*
LOOR	37	43.76	61.13	*
LOMC	58	71.99	5.14	
PRCR	58	30.80	4.04	
PRRO	58	14.50	7.79	
PRBU	58	23.62	3.85	
LOBU	58	9.75	12.63	*
LODI	58	19.56	6.73	
LOFI	58	17.86	6.15	
LOBA	58	58.26	5.58	
LDMX	58	13.86	5.89	
ADMX	58	20.47	5.94	
LOPP	58	6.27	9.44	
ANFM	58	5.87	9.89	
ANPO	56	8.99	7.68	
LOBO	57	8.89	6.51	
ANBA	58	9.07	7.13	
ANIN	57	25.28	3.96	
ANCC	58	26.19	3.88	
ANFC	56	11.46	5.99	
LONA	57	31.25	8.01	
ANNA	58	14.97	6.51	
ANZI	57	34.29	4.05	
ANIO	58	14.15	9.07	
COPO	58	11.97	6.13	
LOIS	57	7.43	8.71	
ANCI	58	14.64	6.58	
LDMA	56	13.82	6.66	
ALRM	54	10.83	7.60	
LOMA	49	35.30	6.34	
ANMA	57	30.73	6.51	

Cuadro I.14.- Variación de las medidas somáticas y craneales de *Lepus calotia*, para las categorías de edad 3 y 4, incluyendo machos y hembras. N = número de individuo; C.V.= coeficiente de variación (%); *=variables cuyo C.V. es mayor al 10%.

Variable	N	Promedio (mm)	C.V.
LOTO	41	534.93	5.80
LOCO	41	66.56	17.43 *
LOPA	41	128.80	5.03
LOOR	26	124.77	6.12
LOMC	56	92.95	4.35
PRCR	56	39.78	4.40
PRRO	54	21.13	6.69
PRBU	56	30.88	3.58
LOBU	56	12.20	7.47
LODI	56	26.17	6.47
LOFI	56	23.33	6.35
LOBA	56	74.92	5.16
LDMX	56	16.95	4.96
ADMX	56	25.72	3.99
LOPP	56	6.30	9.68
ANFM	56	8.56	9.96
ANPO	55	11.50	4.92
LOBO	56	11.73	5.08
ANBA	56	10.58	8.03
ANIN	52	29.92	3.45
ANCC	55	29.95	3.11
ANFC	54	13.65	16.89 *
LONA	53	37.63	8.22
ANNA	56	19.79	8.67
ANZI	55	42.83	3.18
ANIO	56	18.61	10.47 *
COPO	56	12.29	7.32
LOIS	52	9.93	8.79
ANCI	56	21.12	6.26
LDMA	56	17.49	5.91
ALRM	56	15.51	5.41
LOMA	52	44.59	4.20
ANMA	53	42.79	5.22

Cuadro I.15.- Variación de las medidas somáticas y craneales de *Lotus californicus*, para las categorías de edad 3 y 4, incluyendo machos y hembras. N = número de individuos; C.V. = coeficiente de variación (%); *=variables cuyo C.V. es mayor al 10%.

Variable	N	Promedio (mm)	C.V.
LOTO	28	533.64	11.07 *
LOCO	28	75.32	14.62 *
LOPA	28	117.14	15.34 *
LOOR	16	136.50	4.20
LOMC	36	93.95	4.05
PRCR	36	38.38	2.74
PRRO	36	20.25	9.65
PRBU	36	31.54	5.43
LOBU	36	13.57	7.21
LODI	36	26.29	5.75
LOFI	36	23.78	5.97
LOBA	36	76.77	4.47
LDMX	36	16.52	4.44
LDMX	36	25.32	3.37
LOPP	36	6.61	8.47
ANFM	36	8.86	8.10
ANPO	34	11.94	5.14
LOBO	36	11.94	6.37
ANBA	35	9.94	8.18
ANIN	35	30.48	5.13
ANCC	36	30.57	3.52
ANFC	35	12.09	6.93
LONA	34	35.54	5.50
ANNA	36	18.88	7.31
ANZI	34	42.20	2.25
ANIO	36	18.90	7.62
COPO	36	11.94	8.99
LOIS	36	9.87	13.73 *
ANCI	36	20.42	7.12
LDMA	36	17.42	5.14
ALRM	36	14.68	5.14
LOMA	35	45.14	4.83
ANMA	35	39.74	7.27

Cuadro I.16.- Variación de las medidas somáticas y craneales de *Lepus flavigularis*, para las categorías de edad 3 y 4 incluyendo machos y hembras. N = número de individuos; C.V. = coeficiente de variación (%); **=variables cuyo C.V. es mayor al 10%.

Variable	N	Promedio (mm)	C.V.
LOTO	49	576.88	5.95
LCCC	49	79.71	13.85
LOPA	49	127.76	5.90
LOOR	9	125.33	2.52
LOMC	54	96.72	4.10
PRCR	55	40.81	3.20
PRRO	53	21.82	6.00
PRBU	52	30.86	4.82
LOBU	54	11.60	5.54
LODI	55	27.43	5.86
LOFI	55	24.93	5.71
LOBA	55	78.33	4.32
LDMX	55	17.13	4.63
ADMX	55	26.29	3.24
LOPP	55	7.40	6.06
ANFM	55	8.45	7.57
ANPO	55	11.84	4.21
LOBO	54	12.24	4.60
ANBA	55	11.80	6.38
ANIN	50	28.92	2.69
ANCC	55	31.46	3.07
ANFC	55	13.63	4.32
LONA	54	41.11	4.94
ANU	55	20.25	6.76
ANZI	55	43.31	4.19
ANIO	55	21.24	8.03
COPO	55	12.24	5.88
LOIS	53	10.49	7.69
ANCI	55	22.70	4.68
LDMA	54	18.15	4.56
ALRM	54	16.55	5.15
LOMA	54	47.15	3.92
ANMA	55	43.56	4.58

Cuadro I.17.- Variación de las medidas craneales y somáticas promedio para cada una de las especies, incluyendo categorías de edad 3 y 4.

ESPECIE	COEFICIENTE DE VARIACION (%) DE HEMBRAS Y MACHOS	
	Variables somáticas y craneales	Variables craneales
<u>Romerolagus diazi</u>	6.33	5.34
<u>Sylvilagus floridanus</u>	12.81	6.70
<u>Lepus californicus</u>	6.81	6.20
<u>Lepus flavivularis</u>	5.30	5.06
<u>Lepus calotis</u>	6.74	6.49

Cuadro I.18.- Análisis de componentes principales para Romerolagus diazi para la categoría de edad 4, Sylvilagus floridanus, Lepus flavicollaris, L. sallowii y L. californicus para las categorías de edad 3 y 4, incluyendo machos y hembras, en el cual se muestra la proporción que tiene cada uno de los componentes para explicar las diferencias entre especies.

Componente	Proporción %	Proporción Acumulativa %
COMP1	85.7993	85.7999
COMP2	3.8994	89.6993
COMP3	3.1117	92.8110
COMP4	1.8155	94.6265
COMP5	1.2663	95.8928
COMP6	0.5417	96.4345
COMP7	0.4654	96.8999
COMP8	0.3718	97.2717
COMP9	0.3522	97.6239
COMP10	0.3040	97.9279
COMP11	0.2859	98.2138
COMP12	0.2368	98.4506
COMP13	0.2162	98.6668
COMP14	0.1833	98.8501
COMP15	0.1698	99.0200
COMP16	0.1583	99.1783
COMP17	0.1328	99.3111
COMP18	0.1208	99.4319
COMP19	0.1010	99.5329
COMP20	0.0947	99.6276
COMP21	0.0740	99.7016
COMP22	0.0677	99.7693
COMP23	0.0590	99.8283
COMP24	0.0498	99.8781
COMP25	0.0439	99.9220
COMP26	0.0298	99.9518
COMP27	0.0215	99.9733
COMP28	0.0156	99.9889
COMP29	0.0118	100.0000

Cuadro I.19.- Conjunto de variables de los tres primeros componentes principales, resultado del análisis de componentes principales para *Romerolagus diazi* para la categoría de edad 4, *Sylvilagus floridanus*, *Lepus flaviscularis*, *L. sylvaticus* y *L. californicus* para las categorías de edad 3 y 4, basado en las 29 variables craneales, incluyendo machos y hembras. * = variables que explican el mayor porcentaje de variación.

Variable	Componente 1	Componente 2	Componente 3
LOMC	0.201046 *	0.007327	0.033715
PRCR	0.198832	-0.013197	-0.024518
PRRO	0.196969	-0.02033	-0.024518
PRBU	0.195113	-0.086088	0.114182
LOBU	0.122974	-0.152281	0.651095
LODI	0.198789	0.016026	-0.02789
LOFI	0.198376	0.010334	-0.027093
LOBA	0.199963 *	0.026523	0.051678
LDMX	0.195935	-0.005013	0.010333
ADMX	0.198732	-0.008455	0.017009
LOPP	0.017393	0.925050	0.155246
ANFM	0.193733	-0.149771	0.028685
ANPO	0.196096	-0.072066	0.025371
LOBO	0.192728	0.035435	0.125966
ANBA	0.183351	0.145923	-0.179985
ANIN	0.187990	-0.162375	0.144754
ANCC	0.194485	0.017695	-0.010027
ANFC	0.148558	-0.054711	-0.348317
LONA	0.188068	0.089920	-0.198273
ANNA	0.196200	-0.029720	-0.076560
ANZI	0.199469 *	-0.024970	-0.000937
ANIO	0.191189	0.112715	-0.047150
COPO	0.117212	-0.020318	-0.533243
LOIS	0.187553	0.006090	-0.06893
ANCI	0.194145	0.020855	-0.002008
LDMA	0.196240	0.015110	0.045181
ALRM	0.195021	0.065719	0.022792
LOMA	0.198167	0.067820	0.071121
ANMA	0.190808	-0.010112	0.042182

Cuadro I.20.- Análisis de función discriminante para Romerolagus diazi para la categoría de edad 4, Sylvilagus floridanus, Lepus flavigularis, L. callotis y L. californicus para las categorías de edad 3 y 4, en el cual se muestra la proporción de ejemplares diferenciados (denominador) con respecto del total examinado (numerador), basado en las 29 variables craneales, incluyendo machos y hembras. A = Romerolagus diazi; B = Lepus californicus; C = Lepus flavigularis; D = Lepus callotis; E = Sylvilagus floridanus.

ESPECIE	A	B	C	D	E	TOTAL
A	36 100.00	0 0.00	0 0.00	0 0.00	0 0.00	36 100.00
B	0 0.00	20 100.00	0 0.00	0 0.00	0 0.00	20 100.00
C	0 0.00	0 0.00	43 100.00	0 0.00	0 0.00	43 100.00
D	0 0.00	0 0.00	0 0.00	41 100.00	0 0.00	41 100.00
E	0 0.00	0 0.00	0 0.00	0 0.00	22 100.00	22 100.00
TOTAL	36	20	43	41	22	162
PORCENTAJE	22.22	12.35	26.54	25.31	13.58	100.00

Cuadro I.21.- Análisis canónico en Romerolagus diazi para la categoría de edad 4, Sylvilagus floridanus, Lepus flavigularis, L. calletis y L. californicus para las categorías de edad 3 y 4, en el cual se muestra la distancia cuadrada generalizada existente entre las cinco especies, basado en las 29 variables craneales, incluyendo machos y hembras. A = Romerolagus diazi; B= Lepus californicus; C = Lepus flavigularis; D = Lepus calletis; E= Sylvilagus floridanus.

ESPECIE	A	B	C	D	E
A	0				
B	276.5182	0			
C	346.3196	50.6435	0		
D	332.8001	27.0948	29.4286	0	
E	77.1854	136.2052	175.8053	157.8920	0

Cuadro I.22.- Discriminantes múltiples para las 29 variables craneales usando análisis canónico, en donde se compararon individuos de *Romerolagus diazi* de la categoría de edad 4, *Sylvilagus floridanus*, *Lepus flavicularis*, *L. sallowii* y *L. sallowii* de las categorías de edad 3 y 4, incluyendo machos y hembras. CAN1 = variable canónica 1; CAN2 = variable canónica 2; **=variables cuyo valor es mayor a 0.97.

Variables	CAN1	CAN2	CAN3
LOMC	0.977431 *	-0.000237	-0.019684
PRCR	0.983663 *	-0.060679	-0.061570
PRRO	0.962288	-0.019411	-0.034182
PRBU	0.971884 *	0.122514	0.021377
LOBU	0.635738	0.496765	0.238384
LODI	0.962150	-0.016874	-0.049229
LOFI	0.958904	-0.042825	-0.077809
LOBA	0.967886	0.021473	0.002710
LDMX	0.940161	-0.006358	-0.084198
ADMX	0.969610	-0.005686	-0.007274
LOPP	0.107989	-0.358687	0.514482
ANFM	0.937736	0.108523	-0.141312
ANPO	0.955147	0.049466	-0.112693
LOBO	0.939794	0.035457	0.139005
ANBA	0.865609	-0.322717	-0.136192
ANIN	0.919856	0.240272	-0.087606
ANCC	0.948284	-0.056495	-0.086919
ANFC	0.735108	-0.198452	-0.163798
LONA	0.902520	-0.265212	-0.153561
ANNA	0.939530	-0.065979	-0.188451
ANZI	0.984109 *	0.001342	-0.059367
ANIO	0.923116	-0.160344	0.040812
COPO	0.542077	-0.155974	-0.159793
LOIS	0.905226	-0.045939	-0.071251
ANCI	0.962462	-0.081139	0.080752
LDMA	0.945010	-0.014781	0.016042
ALRM	0.964708	-0.096684	0.094777
LOMA	0.967139	-0.021453	0.085733
ANMA	0.947346	-0.032886	0.121464

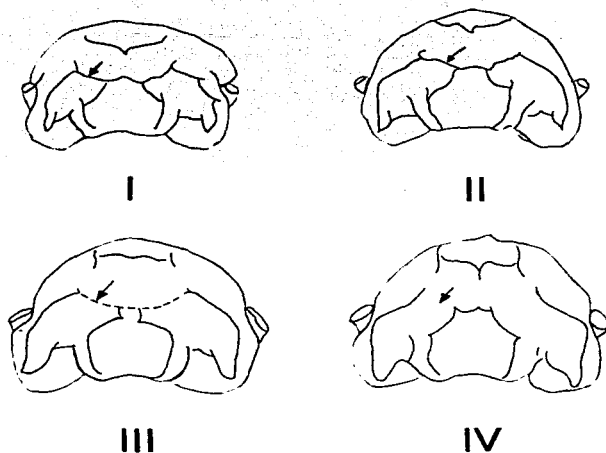


Fig.1.1.- Vista posterior del cráneo de *Sylvilagus floridanus* donde se muestra la evolución de la sutura exoccipital-supraoccipital (mediante flechas) de acuerdo a cuatro categorías de edad (Hoffmeister y Zimmerman, 1967).

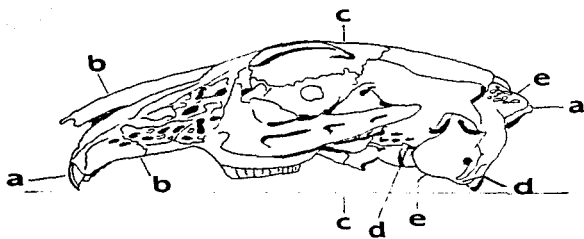


Fig. 1.2a.- Medidas craneales de *Sylvilagus floridanus* (Diersing, 1981). Vista lateral. Ver texto para explicación.

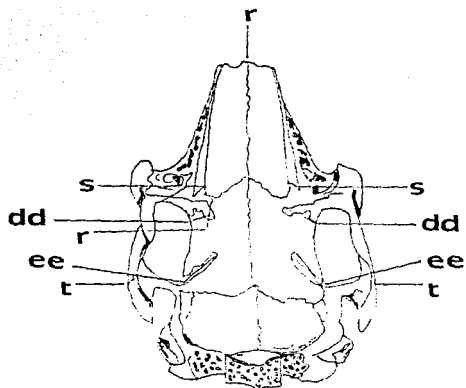


Fig.1.2b.- Continuación.
Vista dorsal.

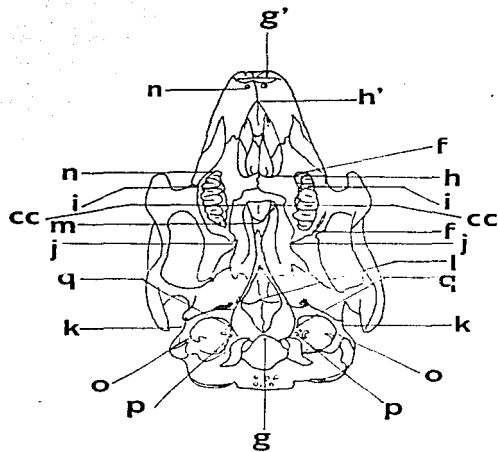


Fig.1.2c.- Continuación.
Vista ventral.

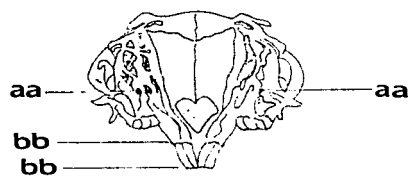
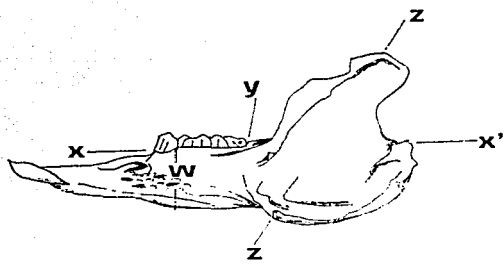


Fig. 1.2d.- Continuación. Vista lateral de la mandíbula y vista frontal del cráneo.

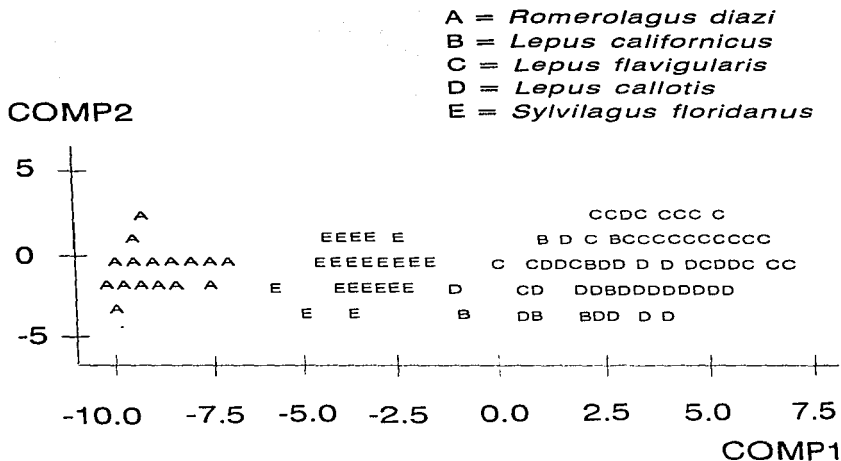


Fig. 1.3.- Análisis de componentes principales basados en 29 variables craneales para machos y hembras de edades 3 y 4. COMP1 = Componente principal 1; COMP2 = Componente principal 2.

COMP3

A = *Romerolagus diazi*
 B = *Lepus californicus*
 C = *Lepus flavigularis*
 D = *Lepus callotis*
 E = *Sylvilagus floridanus*

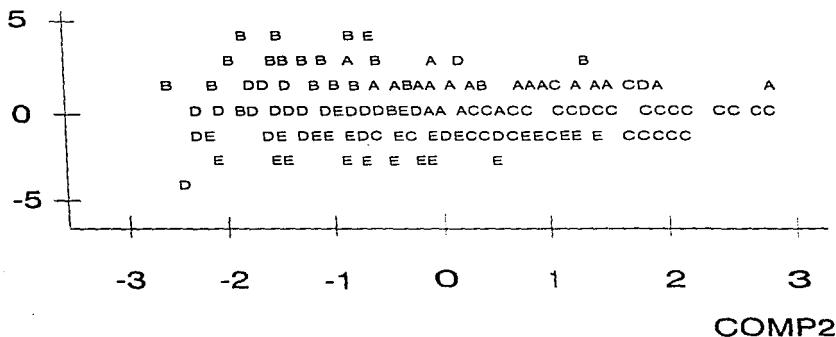


Fig. 1.4.- Análisis de componentes principales basados en 29 variables craneales para machos y hembras de edades 3 y 4. COMP2 = Componente principal 2; COMP3 = Componente principal 3.

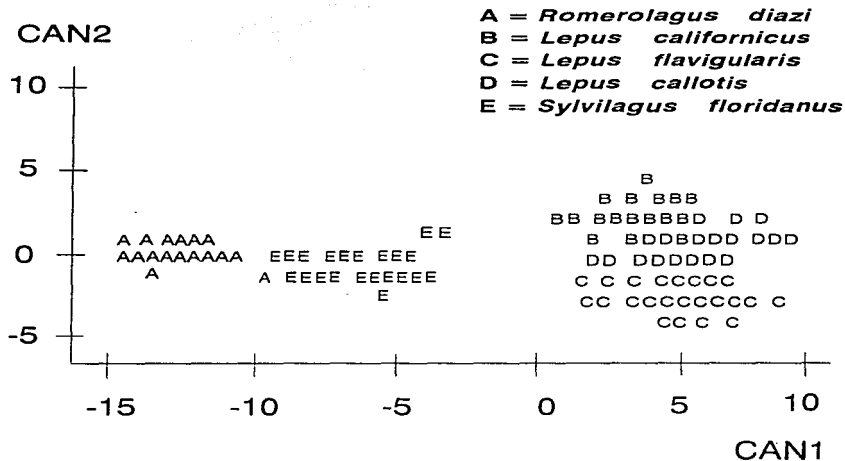


Fig. 1.5.- Análisis canónico para machos y hembras de edades 3 y 4. CAN1 = Variable canónica 1, CAN2 = Variable canónica 2.

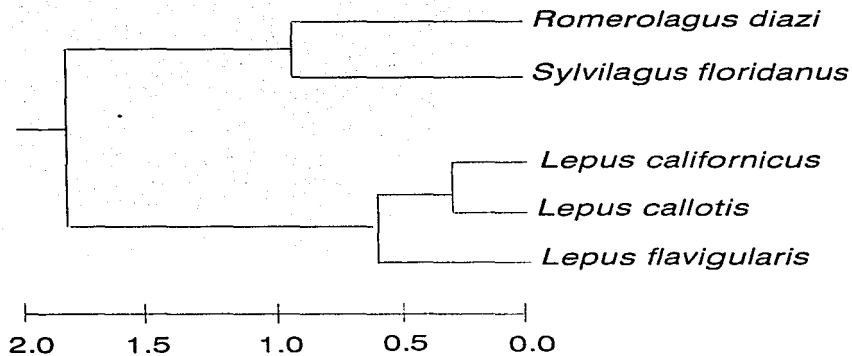


Fig 1.6.- Fenograma de distancia elaborado mediante análisis de cluster en el que se usó el procedimiento UPGMA (unweighted pair-group method with arithmetic averaging).

II. ESTUDIO CITOGENETICO

Se han estudiado los cariotipos de algunos lagomorfos mexicanos, pero se desconocen aún en detalle las similitudes y diferencias a nivel cromosómico, existiendo datos cariotípicos aislados que sugieren similitudes filogenéticas entre algunos de ellos (Diersing y Wilson, 1980; Holden y Eabry, 1970; Lorenzo et al., 1993; Robinson, 1980; Robinson et al., 1981; Stock, 1976; Van der Loo et al., 1979). No existe, sin embargo, una comparación directa entre los tres géneros de lepóridos Sylvilagus, Lepus y Romerolagus. Se conocen, la mayoría de los números cromosómicos diploides (2n) de las especies que existen en México. Los conejos del género Sylvilagus muestran una extensa variación cariotípica (2n=36-48), por lo que mediante el análisis de sus cariotipos se podría profundizar en las relaciones cromosómicas de las especies que lo constituyen, a través de los procesos de especiación favorecidos por sus cariotipos en este grupo altamente exitoso del continente americano (Robinson et al., 1983b). En contraste, todas las liebres del género Lepus presentan un 2n de 48; igualmente, el género Romerolagus también presenta un 2n de 48 (Cuadro II.1). El hecho de que se presente un cariotipo de 2n=48 en los tres géneros de la familia Leporidae, sugiere un cariotipo ancestral común y un cariotipo conservador (Robinson et al., 1981).

Por otro lado, existen estudios morfológicos que demuestran que dentro de las liebres (conocidas como "de costado blanco"), Lepus flavigularis, se derivó de una población de L. callotis,

que a su vez se derivó de otra población de *L. californicus* y que posteriormente ocurrieron eventos de aislamiento reproductivo entre estas poblaciones para ser consideradas como especies distintas (Anderson y Gaunt, 1962). Se considera, entonces, que *L. flavigularis* está más relacionada a nivel morfológico y biogeográfico con *L. callotis* que con *L. californicus*.

Se han observado diferencias en la posición centromérica de algunos cromosomas (incluyendo el par cromosómico sexual) entre ejemplares de *G. floridanus* capturados en Estados Unidos (Holden y Eabry, 1970; Robinson *et al.*, 1983b) y ejemplares provenientes del Distrito Federal, México, debidas probablemente a rearreglos cromosómicos del tipo de inversiones pericéntricas entre los pares birrámeos y/o a deficiencia o adición de cromatina en sus cromosomas (Cuadro II.2; Lorenzo *et al.*, 1993). Igualmente, en *L. californicus* se han observado diferencias intraespecíficas en la posición del centrómero del cromosoma Y y en el número de cromosomas monorrámeos (Cuadro II.2; Worthington y Sutton, 1966). Lo mismo ocurre con *E. diazi* cuyas diferencias incluyen también a los autosomas y a los cromosomas sexuales (Cuadro II.2; Uribe-Alcocer *et al.*, 1975; Van der Loo *et al.*, 1979; González, 1992).

Los métodos más comunes que han ayudado a conocer las relaciones de parentesco entre diferentes taxa es el conocido como bandas cromosómicas G y C. Las bandas cromosómicas G involucran un breve tratamiento con tripsina y tinción con Giemsa en un amortiguador de fosfato; el resultado son bandas alternas

claras y oscuras, las bandas oscuras representan regiones ricas en pares de bases A-T (adenina-timina). Las bandas cromosómicas C requieren una extracción rigurosa de casi toda la cromatina resultando una pérdida significativa de ADN cromosómico (al menos 60%), lo que deja solamente heterocromatina constitutiva, la cual usualmente contiene secuencias repetidas de ADN. Este método consiste en tratar los cromosomas con una fuerte base a temperaturas elevadas, incubadas en solución salina de citrato a altas temperaturas y teñidas en una solución concentrada de Giemsa (Sessions, 1990).

Se han realizado estudios del patrón de bandas cromosómicas G en algunas especies de Sylvilagus y por resultados de comparaciones se sabe que es variable y que el mecanismo más común de cambio cromosómico durante el proceso evolutivo son las fusiones céntricas, es decir, la fusión de dos cromosomas no homólogos en uno, involucrando la pérdida de un centrómero (Robinson et al., 1983b).

Se ha demostrado igualmente, que en los conejos (Sylvilagus) las regiones centroméricas presentan heterocromatina constitutiva (bandas C positivas) y es probable encontrar grandes cantidades de heterocromatina constitutiva en sus genomas (Robinson et al., 1983b). Se ha propuesto, igualmente, que los cambios cariotípicos tales como las fusiones Robertsonianas pueden ser más difíciles de llevarse a cabo en aquellas especies caracterizadas por pequeñas cantidades de heterocromatina, por lo que se especula que la heterocromatización de regiones eucromáticas ancestrales

pudieron haber participado en la evolución del cariotipo en Sylvilagus (Robinson et al., 1983a). S. floridanus presenta en todos sus cromosomas heterocromatina cerca del centrómero; el cromosoma sexual X presenta pequeñas cantidades de heterocromatina cerca del centrómero mientras que el cromosoma sexual Y es enteramente heterocromático (Robinson et al., 1983b).

Por otro lado, se ha comparado cromosómicamente a L. californicus (del continente americano) con L. europaeus (del continente europeo) y se ha observado, mediante el patrón de bandas cromosómicas G, que estas liebres son muy similares, pero no idénticas y se concluye que difieren por la presencia únicamente, de dos inversiones paracéntricas (Van der Loo et al., 1981). Esto puede indicar que la especiación tomó lugar independientemente en los dos hemisferios (Flux y Angermann, 1990). Sin embargo, el alto grado de homología en el patrón de bandas G en especies de Lepus indican que el género tiene un cariotipo muy conservado (Robinson, 1981). Aunque Lepus presenta un gran número de especies y está ampliamente distribuido, no han ocurrido a través de su evolución rearrreglos cromosómicos drásticos; de hecho, el género ha retenido lo que parece ser un cariotipo lepórico antecesor. En cambio, en Sylvilagus los rearrreglos cromosómicos, particularmente del tipo Robertsoniano, han sido responsables, en parte, de su estructura cromosómica (Robinson et al., 1983a).

En cuanto a la cantidad de heterocromatina constitutiva, el género Lepus está caracterizado por tener pequeñas cantidades en

muchos de sus cromosomas, incluyendo el par cromosómico sexual (Robinson *et al.*, 1981); la tinción de bandas cromosómicas C se debe a material sumamente repetido y es posible que su función evolutiva pueda ser adaptativa en ciertas regiones cromosómicas al facilitar el que se realicen cambios cariotípicos (como las fusiones Robertsonianas) en el género *Sylvilagus*. Esto puede ser una explicación de la falta de variación en el género *Lepus*. El material eucromático conservado en *Lepus* parece coincidir, entonces, con la distribución de la heterocromatina en sus cromosomas (Robinson *et al.*, 1983a).

Se han propuesto otras razones para explicar la estabilidad cariotípica de las liebres tales como las diferencias en la estructura social y la movilidad entre liebres y conejos (Van der Loo *et al.*, 1979). Se ha observado que en los conejos, cuya organización social es temporalmente estable, la cual contiene un sólo macho reproductivo y varias hembras destinadas a la crianza, estos mamíferos pueden mantener la subdivisión poblacional requerida para observar tasas rápidas de especiación y evolución cariotípica sin la necesidad de aislamiento geográfico estricto. En cambio, organismos que viven solos excepto en la época de apareamiento (como las liebres) presentan aparentemente una tasa lenta de evolución cariotípica sin que guíe a una tasa de evolución cromosómica rápida ni a la especiación (Bush *et al.*, 1977).

Se ha observado que existe una similitud notable entre la morfología cromosómica y el patrón de bandas G en el género

Romerolagus y la especie Lepus crawshayi. Sin embargo, existen pequeñas diferencias debidas al incremento de heterocromatina constitutiva en los brazos cortos de los pares autosómicos de R. diazi ya que posee mayor cantidad de este tipo de cromatina que L. crawshayi. Esta evidencia podría apoyar la idea de un origen evolutivo cercano entre ambos géneros (Robinson et al., 1981).

Igualmente, se han realizado comparaciones cromosómicas entre el zacatuche y el conejo matorralero S. bachmani y se ha observado una notable similitud, por poseer ambos 48 cromosomas y cuatro pares de cromosomas telocéntricos. Se ha mencionado que particularmente la posición taxonómica correcta de S. bachmani y R. diazi merece estudios cromosómicos detallados (Schröder y Vander Loo, 1979). Aunque no se incluyó S. bachmani en el presente trabajo, sería importante realizar este tipo de estudio en un futuro próximo.

El conocer los patrones de bandas cromosómicas G y C de las especies en estudio, nos ayudará a obtener información de los rearrreglos cromosómicos ocurridos al través de su evolución cariotípica, identificando sus semejanzas y diferencias. Sería de gran importancia comparar el patrón de bandas cromosómicas G y C entre otras especies de lepóridos mexicanos así como de otras especies de distribución más amplia para tener un panorama general acerca de sus patrones de bandas cromosómicas G y C, a fin de establecer los rearrreglos que han ocurrido en todos los taxa de lepóridos.

Por lo anterior, el objetivo de esta parte del trabajo fue

determinar los cariotipos de cinco especies de lagomorfos mexicanos (B. diazi, S. floridanus, L. flavigularis, L. californicus y L. gallotis) pertenecientes a tres géneros diferentes, para compararlos entre sí y, por otro lado, determinar los patrones de bandas cromosómicas G y C con el fin de indentificar los posibles rearrreglos cromosómicos que hayan ocurrido a través de su evolución y así entender sus relaciones de parentesco. Citogenéticamente se espera encontrar una relación más estrecha entre Romerolagus y las liebres ya que presentan el mismo número cromosómico diploide (2n), por su cercanía en el número fundamental (NF) y por la similitud en el patrón de bandas cromosómicas G entre B. diazi y L. crawshayi.

En cuanto a las liebres, se esperaba que su cariotipo sea altamente conservado, con rearrreglos cromosómicos del tipo de inversiones paracéntricas. Por lo que respecta a la cantidad de heterocromatina constitutiva cromosómica, en Lepus se esperaba encontrar pequeñas cantidades, incluyendo en los sexuales, al contrario que en los conejos. Haciendo una comparación entre las liebres y el zacatuche con los conejos se esperaba que rearrreglos cromosómicos del tipo de la fusión céntrica expliquen mejor las diferencias encontradas en el número cromosómico diploide (2n) y número fundamental (NF).

MATERIALES Y METODOS

Colecta de ejemplares

Las localidades de colecta para cada una de las especies estudiadas se mencionan en el capítulo I (estudio morfométrico). Se estudiaron 12 ejemplares de Lepus flavigularis (8 hembras y 4 machos), 25 de L. californicus (13 machos y 12 hembras), 8 de L. callotis (5 machos y 3 hembras) y 14 de Sylvilagus floridanus (5 machos y 9 hembras). En el caso de Romerolagus diazi se trabajó con material celular de 7 individuos (4 machos y 3 hembras) colectados previamente en un proyecto de investigación anterior.

Obtención de cromosomas

Los cromosomas se obtuvieron mediante dos procedimientos:

1.- Cultivo de linfocitos.- la sangre se obtuvo directamente del corazón con jeringas previamente heparinizadas y mantenidas a 4°C hasta llegar al laboratorio para realizar la siembra de sangre completa (5 gotas) bajo condiciones de esterilidad en una campana de flujo laminar y mechero, usando 2 ml de medio Mc Coy 5a modificado (1X, Microlab), 0.1 ml de fitohemaglutinina (P, Microlab), 0.1 ml de antibac (1000 U de penicilina y 10 mg de estreptomocina/ml, Microlab), 0.1 ml de L-glutamina (solución 200 mM, Microlab) y 2 gotas de heparina (1000 UI/ml, Microlab) en tubos de centrifuga estériles de 15 ml y con tapón de rosca (Arakaki y Sparkes, 1963).

Los tubos se incubaron durante 72 horas a 37°C en una estufa y se procedió a realizar la cosecha, la cual consistió en agregar 0.1 ml de colchicina (0.004 g/ml, Gibco) en los tubos durante 15

minutos y posteriormente centrifugar a 1000 rpm (472.72 X g) durante 10 minutos. Al paquete celular se le agregaron 5 ml de solución hipotónica (KCl a 0.057 M) y se dejó durante 40 minutos a 37°C; se centrifugó de la misma forma que antes y al paquete celular se le agregaron 5 ml de solución fijadora fresca de metanol-ácido acético en proporción 3:1. Después de centrifugar en iguales condiciones (hasta que el sobrenadante lució transparente), los tubos se refrigeraron durante 24 horas; después de este tiempo el botón celular se resuspendió en aproximadamente 0.5 ml del fijador para hacer las preparaciones fijas (Moorhead et al., 1960).

2.- Extracción de médula ósea de los huesos largos (tibia y húmero).- consistió en romper las epífisis de los huesos y colocar la médula ósea con ayuda de jeringas en tubos de centrifuga cónicos de 15 ml con tapón de rosca que contienen 5 ml de medio Mc Coy 5a modificado (Microlab), según modificaciones de Baker et al., (1987). Se incubó en esta solución durante 45 minutos a 37°C y se realizó la cosecha como se describió arriba, a excepción de que no se agregó colchicina a los tubos.

Elaboración de preparaciones

El material celular se resuspendió con la solución fijadora fresca y con ayuda de pipetas Pasteur se dejó caer sobre portaobjetos limpios y previamente humedecidos con agua fría desde una altura aproximada de 50 cm. Se dejaron secar a temperatura ambiente y se tiñeron con Giemsa al 5% durante 5 minutos y se observaron al microscopio. Se realizó un promedio de

cuatro preparaciones por ejemplar, pero solamente en 5 individuos de L. flavigularis (4 machos y 1 hembra), 7 individuos de L. californicus (4 machos y 3 hembras), 3 individuos de L. callotis (2 machos y 1 hembra), 6 individuos de S. floridanus (3 machos y 3 hembras) y 4 de E. diazi (2 machos y 2 hembras) se observaron mayor número de campos mitóticos y con estos ejemplares se procedió a realizar la técnica de bandas cromosómicas G y C.

Obtención de bandas cromosómicas G

Se dejaron envejecer cinco días a temperatura ambiente las preparaciones no teñidas y se trataron con solución al 0.025% de tripsina (Difco) en buffer de fosfato salino (PBS) a diferentes tiempos (2 a 4 minutos) hasta lograr obtener un mejor patrón de bandas. Las preparaciones se lavaron inmediatamente varias veces en amortiguador de fosfato salino (PBS); se enjuagaron inmediatamente en solución de etanol al 70% y en etanol al 100%; se tiñeron en solución Wright durante 3 minutos y posteriormente en Giemsa durante 3 minutos, preparada según Seabright (1971), se enjuagaron en agua destilada dejando secar a temperatura ambiente para observarlas directamente al microscopio de campo claro (deGrouchy y Turleau, 1977).

Obtención de bandas cromosómicas C

Se dejaron envejecer las preparaciones durante 5 días y se colocaron en un vaso Coplin que contenía 0.2 N HCl durante 15 minutos; se enjuagaron en agua destilada y se secaron a temperatura ambiente, después se incubaron en una estufa a 65°C durante 25 minutos y después se trataron a diferentes tiempos (2

a 10 minutos) en una solución saturada de hidróxido de bario (5 g de hidróxido de bario en 50 ml de agua destilada). El hidróxido de bario actúa en la disociación de la eucromatina.

Inmediatamente después se sumergieron las preparaciones en HCl (0.2 N) y a continuación dos o tres veces en agua destilada. Se secaron a temperatura ambiente y se colocaron en cámaras húmedas, las cuales son cajas Petri con papel filtro humedecido con solución salina citrato 2XSSC (NaCl 1.5M + citrato de sodio 0.15 M en 100 ml de agua destilada, pH 7.0). Se dejaron caer a lo largo de la preparación 4 gotas de la solución salina citrato con pipeta Pasteur y se acomodó un cubreobjetos encima del mismo. Las laminillas se incubaron posteriormente a 65°C durante una hora, se retiró el cubreobjetos y se lavaron las preparaciones tres veces en agua destilada.

Se deshidrataron durante 5 minutos en etanol al 70 y 95% y se dejaron secar a temperatura ambiente. Las preparaciones se tiñeron en Giemsa 4% preparada en amortiguador de fosfatos de sodio pH 7.0 durante 12 minutos y se enjuagaron en agua destilada y se secaron a temperatura ambiente (Arrighi y Hsu, 1971; Summer *et al.*, 1971). Se emplearon filtros verdes para observar con mejor detalle las bandas débiles.

Elaboración de cariotipos

Los cromosomas teñidos convencionalmente se fotografiaron utilizando película blanco y negro (Technical Pan Film) y se imprimieron en papel Kodabrome II. Los cromosomas se recortaron y se agruparon por pares de homólogos para después clasificarlos

por la posición del centrómero de acuerdo con Naranjo *et al.*, 1983 y Levan *et al.*, 1964. El par sexual, se reconoció en cada especie mediante la determinación del par cromosómico heteromórfico en los ejemplares machos.

Elaboración de idiogramas

En cada especie, los brazos cortos y largos de los cromosomas de, por lo menos, 10 cariotipos se midieron con ayuda de un vernier digital con un nivel de precisión de 0.01 mm. Se obtuvieron sus promedios para obtener la longitud de cada cromosoma. Posteriormente se calculó el índice centromérico, el cual corresponde a la relación que existe entre la longitud de los brazos cortos y largos y se determinó la clasificación que les corresponden de acuerdo con la posición del centrómero. La suma de estas medidas se consideró como el 100% para calcular el porcentaje correspondiente a las longitudes del brazo cromosómico largo y corto de cada par cromosómico (valores relativos). Estos valores se utilizaron para elaborar los idiogramas con ayuda de una computadora PC Acer 915P usando el editor FLOW2 Charting.

Comparación interespecífica del patrón de bandas cromosómicas

Se identificaron las bandas cromosómicas G más notorias y constantes entre las especies y se compararon entre todas las especies para establecer su correspondencia y establecer los tipos de rearrreglos cromosómicos involucrados en la evolución de las especies estudiadas.

En cuanto a las bandas cromosómicas C, se comparó en cada

especie la intensidad de tinción y distribución de la heterocromatina constitutiva en los autosomas y en los cromosomas sexuales y estos patrones se compararon a nivel genérico.

RESULTADOS

En cada especie se obtuvieron los valores absolutos promedio de los brazos cromosómicos de cada par cromosómico, la proporción entre éstos y su clasificación (Cuadros II.3-II.7). También se obtuvieron los valores relativos promedio de cada par cromosómico para cada especie (Cuadros II.8-II.12). Los cromosomas que conforman los cariotipos convencionales y su representación esquemática se arreglaron en orden decreciente de acuerdo con su tamaño y posición del centrómero.

El $2n$ observado para Romerolagus diazi y las especies de Lepus es de 48 (Cuadro II.13). R. diazi presenta un NF de 78 con 16 pares cromosómicos birrámeos y 7 monorrámeos (Cuadro II.13, Fig. II.1, II.2); Sylvilagus floridanus presenta un $2n$ de 42 y un NF de 80 con 20 pares cromosómicos birrámeos (Cuadro II.13; Fig. II.5, II.6). Lepus flavigularis presenta un NF de 88, con 21 pares cromosómicos birrámeos y 2 pares cromosómicos monorrámeos (Cuadro II.13, Fig. II.9, II.10); L. californicus presenta un NF de 82 con 18 pares cromosómicos birrámeos y 5 pares cromosómicos monorrámeos (Cuadro II.13, Fig. II.13, II.14) y L. callotis presenta un NF de 90 con 22 pares cromosómicos birrámeos y un par cromosómico monorrámico (Cuadro II.13, Fig. II.17, II.18). En todas las especies se observó que los pares cromosómicos sexuales X y Y son birrámeos (Cuadro II.13).

Este arreglo de los cromosomas en los cariotipos convencionales se repitió en los cariotipos con patrones de bandas cromosómicas G y C. Cabe hacer notar que el patrón

observado en las bandas cromosómicas es constante y se repite en todos los campos observados en cada una de las especies.

Romerolagus diazi.

Todos los pares cromosómicos presentan bandas cromosómicas G y en general todos los pares homólogos fueron fácilmente apareados (Fig. II.3).

Todos los cromosomas que conforman su cariotipo tienen una región heterocromática alrededor del centrómero; solamente dos pares subteloecéntricos grandes no presentan heterocromatina y los cromosomas sexuales presentan heterocromatina pericentromérica (Fig. II.4).

Sylvilagus floridanus.

Las bandas cromosómicas G no fueron tan notorias en esta especie, pero fueron apareados sus cromosomas homólogos con cierta facilidad, incluyendo el par sexual (Fig. II.7).

En cuanto a las bandas cromosómicas C, todos los pares cromosómicos, inclusive los sexuales presentan heterocromatina constitutiva alrededor del centrómero (Fig. II.8).

Lepus flavigularis.

Los cromosomas fueron fácilmente apareados en homólogos y sólo por el tamaño reducido de los cromosomas subteloecéntricos y telocéntricos pequeños, sus bandas no fueron tan visibles (Fig. II.11). Esta especie presenta algunas bandas cromosómicas G más notorias en ciertos cromosomas.

Se encuentra poca cantidad de bandas cromosómicas C en todos sus cromosomas y en posición pericentromérica; sólo en algunos

pares cromosómicos la tinción es significativa como en dos pares metacéntricos grandes, dos pares submetacéntricos pequeños, dos pares subteloecéntricos medianos y los cromosomas sexuales (Fig. II.12).

Lepus californicus.

En esta especie hubo cierta dificultad para obtener bandas G de buena calidad, por lo que solamente en algunos pares cromosómicos las bandas son notorias. El tamaño de los cromosomas homólogos se usó como auxiliar para su apareamiento (Fig. II.15).

Al igual que la especie anterior, se encuentra poca cantidad de heterocromatina constitutiva en sus cromosomas, siendo poco visible y pericentromérica en dos pares submetacéntricos grandes, cuatro pares subteloecéntricos medianos y un par telocéntrico grande. El cromosoma sexual X presenta muy poca heterocromatina en su centrómero y el Y tiene mayor cantidad y se distribuye en el brazo cromosómico largo del mismo (Fig. II.16).

Lepus callotis.

Esta especie presentó bandas G de buena calidad por lo que sus pares cromosómicos homólogos fueron apareados con facilidad, incluyendo los cromosomas sexuales (Fig. II.19).

En esta especie se encuentra mayor cantidad de heterocromatina constitutiva en sus cromosomas que las dos especies anteriores de liebres; solamente en dos pares de submetacéntricos grandes no es visible, lo mismo que en dos pares subteloecéntricos medianos. Los cromosomas sexuales también presentan heterocromatina constitutiva en sus centrómeros (Fig. II.20).

Comparación interespecífica entre el patrón de bandas cromosómicas G. Un cromosoma de cada par homólogo de cada especie se incorporó en una sola figura con el fin de compararlos entre sí; los cromosomas se acomodaron en orden decreciente y por la clasificación cromosómica (Fig. II.21). A diferencia de Sylvilagus, se observó que el patrón de bandas G fue muy similar entre las liebres y el zacatuche, y aunque en estas especies existen diferencias en la clasificación centromérica de sus cromosomas, no hubo posibilidad de error al aparearlos, debido a que en éstos pares el patrón de bandas es muy similar.

La morfología y el patrón de bandas en el cromosoma X fue consistente en las especies estudiadas. En contraste, el cromosoma Y difiere en la posición centromérica y su patrón de bandas no es similar (Fig. II.21).

Comparación interespecífica entre el patrón de bandas cromosómicas C. Se realizaron los cariotipos con bandas cromosómicas C para cada especie y el patrón observado es igual al descrito en estudios previos en estos géneros, es decir, los conejos (Sylvilagus) presentan mayor cantidad de heterocromatina constitutiva que las liebres (Lepus). Por primera vez, se da a conocer el patrón de estas bandas en Romerolagus y es, en general, más parecido a los conejos por poseer gran cantidad de heterocromatina constitutiva en su genoma. En los tres géneros dicha cromatina se encuentra en la región pericentromérica de los cromosomas que conforman su cariotipo.

DISCUSION

Los cariotipos convencionales de cada uno de los géneros estudiados confirman el mismo $2n$ hallado en estudios previos, encontrándose, como se esperaba, para el conejo zacatuche (R. diazi) y las liebres (Lepus) un número de 48 y para el conejo castellano (S. floridanus) un número de 42. Debido a que todas las liebres y el zacatuche presentan $2n$ iguales, se considera que son parientes cercanos. Asimismo el $2n$ similar entre las especies de liebres concuerda con el material cromosómico conservado del grupo, sugiriendo que no hay cambios cariotípicos notables que caractericen los eventos de especiación en el género Lepus (Uribe-Alcocer et al., 1989). Lo contrario ocurre con las especies del género Sylvilagus cuyo $2n$ es más variable (36 a 48).

En cuanto a los números fundamentales (NF), es decir, el número total de brazos cromosómicos, sin considerar los brazos correspondientes al par cromosómico sexual (Ruedas et al., 1989), los más cercanos entre sí y a su vez los más grandes (mayores de 80) corresponden a las tres especies de liebres. Entre éstas, los valores más cercanos corresponden a L. callotis y L. flavigularis, existiendo entre ambas una diferencia en sólo un par cromosómico monorrámeo (Cuadro II.8), debida probablemente a una inversión pericéntrica (giro de 180° de un fragmento de cromosoma que incluye al centrómero y produce cambio en la morfología del cromosoma). Esto sugiere una relación cromosómica más estrecha entre estas especies. El NF más bajo (78) de los $2n = 48$ corresponde a R. diazi, debido a que el número de cromosomas

monorráneos que presenta es menor.

La morfología del cromosoma sexual X sigue un patrón bien definido en todas las especies estudiadas, ya que en todas es submetacéntrico mediano. Esto concuerda con el esquema que se presenta en general en todos los lagomorfos. En cuanto al patrón que sigue el cromosoma sexual Y, se considera en la literatura como telocéntrico pequeño (Hsu y Benirschke, 1967, 1971; Worthington y Sutton, 1966; Worthington, 1970; Holden y Eabry, 1970; Gúereña et al., 1983); sin embargo, en las especies en estudio varió su clasificación desde metacéntrico, pasando por submetacéntrico hasta subtelocéntrico, y casi en todas las especies es de tamaño medio.

Al comparar los resultados obtenidos con los datos existentes en la literatura, la variación en la morfología cromosómica (tanto en los autosomas como en los sexuales) fue más notoria en especies como *R. diari*, *L. californicus* y *S. floridanus*. Respecto a la primera especie solamente un estudio previo difiere en la determinación del NF debido a que considera la presencia de dos pares más de cromosomas como monorráneos en lugar de birráneos (Van der Loo et al., 1979; Cuadro II.2). En cambio, existen otros informes que coinciden con el estudio actual en cuanto al número total de cromosomas birráneos que presenta el zacatuche variando la clasificación de metacéntricos y submetacéntricos en sólo un par cromosómico (Uribe-Alcocer et al., 1975; González, 1992; Cuadro II.2). En esta especie también se encuentran diferencias en la clasificación de los cromosomas

sexuales, debido a que, por un lado, se ha considerado al cromosoma sexual X como subteloecéntrico y al Y como metacéntrico (Uribe-Alcocer et al., 1975), y por otro lado, se han clasificado ambos cromosomas sexuales como submetacéntricos (Van der Loo et al., 1979; González, 1992; Cuadro II.2).

El caso de L. californicus es similar, ya que un estudio realizado previamente muestra que el NF es mayor debido a que considera tres pares de cromosomas monorrámeos como birrámeos. Las diferencias en la clasificación también se muestran en el cromosoma sexual Y, ya que se clasificó como telocéntrico (Worthington y Sutton, 1966; Cuadro II.2). Igualmente, en S. floridanus se ha considerado que presenta 4 pares de cromosomas telocéntricos, aunque en este estudio no se encontraron para esta especie cromosomas monorrámeos, lo que hace una diferencia en el NF. Lo mismo ocurre en el cromosoma sexual X, el cual se ha considerado como metacéntrico (Lorenzo et al., 1993; Cuadro II.2).

Estas diferencias en la clasificación de los cromosomas pueden depender, por un lado, del sistema de clasificación utilizada por cada autor y, por otro lado, de una probable variación cromosómica dentro de las poblaciones de estas especies. A este respecto, la única variación cromosómica encontrada a nivel del $2n$ es en la especie de conejo silvestre S. transitionalis, cuyos números cromosómicos diploides observados son de 52 y 46 (Robinson et al., 1983b; Ruedas, et al., 1989).

En cuanto al patrón de bandas cromosómicas G, los conejos

del género Sylvilagus presentan variación en su patrón, mientras que las liebres del género Lepus no presentan variación en estas bandas, existiendo una homología en el patrón de bandas G en todas las especies. Lo anterior confirma los patrones observados en este estudio, ya que, en general, en las liebres se observan patrones de bandas cromosómicas similares. Otros estudios indican que las regiones euromáticas de varios cromosomas de Lepus se han observado como heterocromáticas en los genomas de Sylvilagus (Robinson et al., 1983a).

El patrón de bandas cromosómicas G en todas las especies estudiadas es bastante regular, encontrándose en algunos pares cromosómicos bandas más notorias que otras. En L. californicus y S. floridanus las bandas no fueron tan claras como en el resto de las especies estudiadas. La comparación de las bandas G muestra que las liebres son más parecidas entre sí por poseer patrones similares a lo largo de sus cromosomas y que R. diazi es más parecido a las liebres por el patrón de sus bandas que al propio conejo castellano S. floridanus.

Los tipos de rearrreglos que ocurrieron en estos géneros y los pares cromosómicos involucrados no fue posible identificarlos, pero parece ser que el cambio cromosómico ocurrido entre Sylvilagus y las especies de liebres (lo mismo que Romerolagus) han sido tres fusiones Robertsonianas en el genoma de S. floridanus para coincidir con el 2n del resto de las especies que es 48, ya que existe una tendencia a la reducción del 2n en los lagomorfos . Esto concuerda con estudios previos

entre el conejo *S. floridanus* y la liebre *L. saxatilis*, en donde se identificaron tres fusiones céntricas. El cromosoma 1 del conejo se homologó a los cromosomas 13 y 15 de la liebre, el cromosoma 2 del conejo se homologó a los cromosomas 12 y 21 de la liebre y el cromosoma 8 del conejo corresponde a los cromosomas 17 y 23 de la liebre (Robinson *et al.*, 1983b).

Igualmente, fue difícil determinar los rearrreglos cromosómicos ocurridos entre las especies de liebres y *Romerolagus*; en general, el patrón de bandas cromosómicas C es muy similar entre algunos pares cromosómicos de estas especies. Es probable que hayan ocurrido en ellas cambios del tipo de inversiones pericéntricas, las cuales podrían explicar las diferencias en el número fundamental del cariotipo.

Aunque el significado de las diferencias en la cantidad y distribución de la heterocromatina en los lepóridos no se ha podido explicar a nivel evolutivo, probablemente mayor cantidad de este tipo de cromatina facilite la realización de cambios cariotípicos específicos. Por ejemplo, en el caso de los conejos (*Sylvilagus*) uno de los rearrreglos cromosómicos más comunes son las fusiones Robertsonianas, en cambio en las liebres, los rearrreglos cromosómicos más comunes son del tipo de inversiones paracéntricas (giros de 180° de un fragmento de cromosoma que no incluyen al centrómero y no producen cambios en la morfología del cromosoma). Igualmente, se ha mencionado que las fusiones y las adiciones de heterocromatina son los mecanismos más importantes de cambio cariotípico en los lagomorfos (Stock, 1976).

El patrón de bandas cromosómicas C en R. diazi y S. floridanus fue muy similar, ya que presentan mayor cantidad de heterocromatina constitutiva en sus cromosomas que las liebres. Esta cromatina se encuentra en la región centromérica y solamente en dos pares de cromosomas subtelo-céntricos en R. diazi no es notoria; en cambio, todos los pares cromosómicos de S. floridanus presentan heterocromatina constitutiva, lo que concuerda con un trabajo previo en tres especies de Sylvilagus, incluyendo S. floridanus (Robinson et al., 1983b). El hecho de que R. diazi presente menor cantidad de heterocromatina constitutiva que Sylvilagus sugiere que durante la evolución cariotípica en R. diazi han existido pocos cambios cromosómicos.

Cabe hacer notar que no han existido comparaciones de este tipo de bandas cromosómicas entre R. diazi con cualquier otra especie de la familia, considerando que se trata de una especie endémica y en peligro de extinción, por lo que los resultados generados son importantes para su comparación con otras especies de lepóridos.

El cromosoma sexual X posee poca cantidad de heterocromatina constitutiva en S. floridanus y R. diazi y el cromosoma sexual Y no es enteramente heterocromático; en ambas especies este tipo de cromatina se encuentra alrededor del centrómero. Lo anterior concuerda con la literatura existente sobre estudios cromosómicos en lepóridos, excepto que en ninguna de las dos especies el cromosoma sexual Y es heterocromático en su totalidad (Stock, 1976).

Todas las liebres presentaron pocas regiones de heterocromatina constitutiva en sus cromosomas, incluyendo los sexuales, siendo aparente sólo en algunos pares cromosómicos de L. californicus y L. flavigularis. En cambio, en L. callotis se observa con mayor claridad y en casi todos los pares cromosómicos, aunque en poca cantidad. Este patrón es idéntico al observado en estudios cromosómicos previos con otras especies de liebres (Robinson et al., 1983b). Estas comparaciones no se habían realizado anteriormente entre estas especies mexicanas, endémicas (L. callotis y L. flavigularis) y en peligro de extinción (L. flavigularis).

El patrón de bandas cromosómicas C en todas las especies estudiadas muestra que la heterocromatina constitutiva se encuentra alrededor del centrómero, aunque su cantidad es diferente como se aprecia a través de la intensidad de tinción en algunos pares autosómicos; en general, los conejos presentan mayor intensidad. Igualmente, en todas las especies existen algunos pares autosómicos en los que no se aprecia este tipo de cromatina y a su vez, los cromosomas sexuales Y presentan mayor cantidad que el cromosoma sexual X. Este patrón de bandas demuestra que los conejos (S. floridanus y B. diazi) son más cercanos (ya que ambos presentan mayor número de regiones heterocromáticas que las liebres), aunque existe menor cantidad de heterocromatina constitutiva en algunos pares cromosómicos en B. diazi, por lo que se sugiere que esta especie se encuentra en posición intermedia entre Sylvilagus y Lepus. Los resultados de

estas diferencias se deben entonces, exclusivamente, a la cantidad de la heterocromatina constitutiva más que a su distribución.

En resumen, se observó que el zacatuche es más parecido a las liebres, ya que presentan números $2n$ idénticos (48) y las liebres son más semejantes entre sí por poseer NF cercanos. Entre éstas, las especies más emparentadas cromosómicamente son L. callotis y L. flavigularis debido a que no existen entre ellas diferencias notorias en su clasificación cromosómica, presentan patrones de bandas cromosómicas G similares y la cantidad de heterocromatina constitutiva es similar en sus genomas. Igualmente, la especie que más difiere cromosómicamente es S. floridanus ya que su $2n$ es el más bajo y tiene un NF intermedio entre las especies estudiadas. Esto concuerda con lo que se esperaba originalmente.

Aunque las relaciones de parentesco entre todos los géneros de lepóridos se encuentran aún sin resolver, evidencias paleontológicas sugieren que la historia evolutiva de los lepóridos está caracterizada por un patrón conservado de cambios graduales (Dawson, 1981). Los datos del número $2n$ y bandas cromosómicas G y C indican que Lepus está más relacionado cromosómicamente con Romerolagus. Se sabe que ambos géneros se encuentran cercanamente emparentados desde el punto de vista cromosómico a S. bachmani ($2n = 48$). Por lo tanto, es factible considerar un desarrollo evolutivo muy estrecho entre éstos, en los cuales puede existir un origen evolutivo común a partir de un

cariotipo antecesor.

CONCLUSIONES

El estudio de los cromosomas teñidos convencionalmente en las cinco especies estudiadas demuestra que existe una relación más estrecha entre R. diazi y las tres especies de Lepus que con el género Sylvilagus resultado de la comparación de sus 2n y sus NF. La variación cromosómica observada en el zacatuche (R. diazi), la liebre cola negra (L. californicus) y el conejo castellano (S. floridanus) se deben al sistema de clasificación utilizado por cada autor, o bien, a polimorfismos cromosómicos en sus poblaciones.

La comparación en el patrón de bandas cromosómicas G entre las liebres (Lepus) y el zacatuche (Romerolagus) es similar, aunque no ocurre lo mismo en el conejo (Sylvilagus), lo que indica una estrecha relación cromosómica entre las especies de liebres y el zacatuche.

El patrón de bandas cromosómicas C observado en estas especies es, en general, similar al encontrado en estudios previos. En este trabajo las especies de conejos fueron más semejantes entre sí por presentar mayor cantidad de heterocromatina constitutiva, y las liebres fueron más semejantes entre sí por poseer poca cantidad de heterocromatina constitutiva. A nivel genérico el zacatuche se encuentra intermedio entre el conejo castellano y las liebres en cuanto a cantidad de heterocromatina constitutiva. Las diferencias observadas se deben, entonces, a la cantidad de heterocromatina encontrada en el genoma de las especies estudiadas.

Este estudio cromosómico, así como estudios morfológicos y biogeográficos sugieren una relación filogenética más estrecha entre *L. flavigularis* y *L. callotis* que cualquiera de las dos con *L. californicus*.

Los rearrreglos cromosómicos involucrados que diferencian a los géneros estudiados se deben principalmente a fusiones Robertsonianas y a inversiones paracéntricas, así como a cambios en la cantidad de heterocromatina constitutiva. A nivel específico se diferencian principalmente por rearrreglos del tipo de inversiones pericéntricas.

Para poder interpretar mejor los resultados de este trabajo, es importante realizar un estudio citogenético que englobe la mayoría de las especies existentes en México y comparar los resultados con otras especies de diferente distribución (inclusive el Viejo Mundo), con el fin de obtener un panorama general de su clasificación cromosómica, sus patrones de bandas cromosómicas y los rearrreglos cromosómicos ocurridos a través de su evolución.

Es necesario, también, difundir y promover este tipo de estudios en México, ya que son una herramienta útil para el estudio de la sistemática en cualquier grupo, así como también porque se trata de un importante sector de la fauna nacional constituido por lepóridos endémicos y en algunos casos en peligro de extinción.

Cuadro II.1.- Número cromosómico de las especies de lagomorfos de México (tomado de Leopold, 1977; Hall, 1981). 2n = número cromosómico diploide.

Especies de lagomorfos de México	2n	Referencia
<u>Sylvilagus audubonii</u>	42	Robinson <i>et al.</i> , 1984
<u>Sylvilagus bachmani</u>	48	Worthington, 1970; Stock, 1976
<u>Sylvilagus brasiliensis</u>	36	Güereña <i>et al.</i> , 1983
<u>Sylvilagus cunicularius</u>	42	Lorenzo <i>et al.</i> , 1993
<u>Sylvilagus floridanus</u>	42	Holden y Eabry, 1970
<u>Sylvilagus graysoni</u>	42	Diersing y Wilson, 1980
<u>Sylvilagus mansuetus</u>	48	Cervantes <i>et al.</i> Enviado a publicación
<u>Sylvilagus insonus</u>		Desconocido
<u>Romerolagus diazi</u>	48	Uribe- Alcocer <i>et al.</i> , 1975; Van der Loo <i>et al.</i> , 1979; Robinson <i>et al.</i> , 1981
<u>Lepus alleni</u>	48	Hsu y Benirschke, 1967
<u>Lepus californicus</u>	48	Worthington y Sutton, 1966
<u>Lepus flavigularis</u>	48	Uribe <i>et al.</i> , 1989
<u>Lepus callotis</u>	48	González y Cervantes. En prensa
<u>Lepus insularis</u>	48	Rojas V., 1996

Cuadro II.2.- Diferencias en la clasificación cromosómica en tres de las especies estudiadas.

	2n	NF	Autosomas				Sexuales		
			m	sm	st	t	X	Y	
<u>Romerolagus diazi</u>									
Uribe-Alcocer <i>et al.</i> 1975	48	78	-----16-----				7	st	m
Van der Loo <i>et al.</i> 1979	48	78	3	11		9	sm	sm	
González, 1992	48	78	7	2	7	7	sm	sm	
<u>Lepus californicus</u>									
Werthington y Sutton, 1966	48	88	-----21-----				2	sm	t
<u>Sylvilagus floridanus</u>									
Lorenzo, <i>et al.</i> 1993	42	72	10	2		4	m	m	

2n = número cromosómico diploide
 NF = número fundamental
 m = cromosomas metacéntricos
 sm = cromosomas submetacéntricos
 st = cromosomas subtlocéntricos
 t = cromosomas telocéntricos
 X Y = cromosomas sexuales

Cuadro II.3.- Valores absolutos promedio (dado en mm; donde 1 mm corresponde a 0.052 μ del tamaño real del cromosoma) de los brazos cromosómicos del conejo zacatuche *Romerolagus diazi*.

No. par	q	Sq	p	Sp	i	Clasificación
1	3.83	0.576	5.30	1.860	41.95	m
2	3.53	0.793	4.62	1.065	43.29	m
3	3.18	0.890	4.27	1.720	42.68	m
4	2.80	0.964	3.56	0.969	44.07	m
5	2.06	0.936	3.24	1.416	38.86	m
6	3.26	0.372	4.95	1.288	39.92	m
7	3.53	0.564	6.54	1.533	35.05	sm
8	3.44	0.604	6.05	1.720	36.22	sm
9	1.53	0.783	4.46	1.413	25.61	sm
10	2.51	0.779	8.60	2.189	22.60	st
11	2.44	0.772	7.89	1.699	23.63	st
12	2.17	0.839	6.97	1.385	23.79	st
13	2.02	0.937	6.58	1.497	23.47	st
14	1.91	0.730	6.03	1.311	24.04	st
15	1.64	0.246	4.99	0.952	24.82	st
16	1.25	0.379	4.15	0.854	23.14	st
17	0.25	0.476	5.89	1.288	4.13	t
18	0	0	5.90	1.185	0	t
19	0	0	5.38	0.850	0	t
20	0	0	5.07	1.142	0	t
21	0	0	4.36	0.910	0	t
22	0	0	3.50	0.809	0	t
23	0	0	3.38	1.017	0	t
X	2.58	0.973	6.02	2.328	30.02	sm
Y	2.02	1.163	3.92	1.605	33.97	sm

q = promedio de brazos cortos
 p = promedio de brazos largos
 Sp = desviación estándar de p
 Sq = desviación estándar de q
 i = índice centromérico

m = cromosoma metacéntrico
 sm = cromosoma submetacéntrico
 st = cromosoma subteloecéntrico
 t = cromosoma telocéntrico
 X Y = cromosomas sexuales

Cuadro II.4.- Valores relativos promedio de los brazos cromosómicos del conejo zacatuche Romerolagus diazi.

No. par	q	p	q+p
1	2.15	2.98	5.13
2	1.98	2.60	4.58
3	1.79	2.40	4.19
4	1.57	2.00	3.57
5	1.16	1.82	2.98
6	1.83	2.78	4.61
7	1.98	3.68	5.66
8	1.93	3.40	5.33
9	0.86	2.51	3.37
10	1.41	4.84	6.25
11	1.37	4.44	5.81
12	1.22	3.92	5.14
13	1.13	3.70	4.83
14	1.07	3.39	4.46
15	0.92	2.81	3.73
16	0.70	2.33	3.03
17	0.14	3.31	3.45
18	0	3.32	3.32
19	0	3.02	3.02
20	0	2.85	2.85
21	0	2.45	2.45
22	0	1.97	1.97
23	0	1.90	1.90
X	1.45	3.39	4.84
Y	1.13	2.20	3.33

q = promedio de brazos cortos
 p = promedio de brazos largos

Cuadro II.5.- Valores absolutos promedio (dado en mm; donde 1 mm corresponde a 0.052 μ del tamaño real del cromosoma) de los brazos cromosómicos del conejo *Sylvilagus floridanus*.

No. par	q	Sq	p	Sp	i	Clasificación
1	4.68	0.818	5.47	1.316	46.12	m
2	4.42	0.773	5.16	1.124	46.14	m
3	3.68	0.659	4.24	0.941	46.48	m
4	3.51	0.517	4.07	0.626	46.34	m
5	3.44	0.600	3.75	0.621	47.86	m
6	3.00	0.887	3.75	0.741	44.44	m
7	2.99	0.693	3.49	0.543	46.14	m
8	2.55	0.712	3.10	0.415	45.21	m
9	2.16	0.765	2.91	0.418	42.56	m
10	1.72	0.834	2.77	0.745	38.39	m
11	3.42	0.596	7.49	2.426	31.35	sm
12	3.35	0.582	6.84	2.010	32.91	sm
13	2.97	0.710	6.32	1.920	32.03	sm
14	2.96	0.723	5.65	1.869	34.23	sm
15	2.51	0.761	4.74	1.361	34.65	sm
16	2.91	0.638	5.94	1.825	32.89	sm
17	2.73	0.913	5.32	1.727	33.92	sm
18	1.98	0.673	4.56	0.987	30.32	sm
19	1.68	0.876	3.68	0.572	31.40	sm
20	1.38	1.093	3.14	0.656	30.51	sm
X	2.94	0.849	5.12	1.197	36.45	sm
Y	1.89	0.739	3.12	0.997	37.72	m

q = promedio de brazos cortos
 p = promedio de brazos largos
 Sp = desviación estándar de p
 Sq = desviación estándar de q
 i = índice centromérico

m = cromosoma metacéntrico
 sm = cromosoma submetacéntrico
 X Y = cromosomas sexuales

Cuadro II.6.- Valores relativos promedio de los brazos cromosómicos del conejo *Sylvilagus floridanus*.

No. par	q	p	q+p
1	2.86	3.34	6.20
2	2.70	3.15	5.85
3	2.25	2.59	4.84
4	2.14	2.48	4.62
5	2.10	2.29	4.39
6	1.83	2.29	4.12
7	1.82	2.13	3.95
8	1.55	1.89	3.44
9	1.32	1.77	3.09
10	1.05	1.69	2.74
11	2.09	4.58	6.67
12	2.04	4.28	6.22
13	1.81	3.86	5.67
14	1.81	3.45	5.26
15	1.53	2.89	4.42
16	1.77	3.63	5.40
17	1.66	3.25	4.91
18	1.21	2.78	3.99
19	1.02	2.25	3.27
20	0.84	1.92	2.76
X	1.79	3.13	4.92
Y	1.15	1.90	3.05

q = promedio de brazos cortos
p = promedio de brazos largos

Cuadro II.7.- Valores absolutos promedio (dado en mm; donde 1 mm corresponde a 0.052 μ del tamaño real del cromosoma) de los brazos cromosómicos de la liebre Lepus flaviularis.

No. par	q	Sq	p	Sp	i	Clasificación
1	3.53	0.696	4.83	0.886	42.21	m
2	3.30	0.426	4.03	0.628	45.02	m
3	3.20	0.453	3.91	1.068	44.96	m
4	2.55	0.628	3.11	0.334	45.02	m
5	1.40	0.665	2.29	0.597	37.96	m
6	3.10	0.466	5.64	1.186	31.51	sm
7	2.69	0.660	4.96	1.634	35.18	sm
8	2.29	0.840	4.02	1.169	36.33	sm
9	1.49	0.919	3.15	1.282	32.12	sm
10	1.83	0.620	6.59	1.208	21.75	st
11	2.02	0.707	6.08	0.533	24.94	st
12	1.62	0.703	5.87	0.977	21.61	st
13	1.45	0.666	5.60	1.179	20.63	st
14	1.35	0.757	5.20	0.920	20.71	st
15	1.24	0.616	4.61	0.911	21.23	st
16	1.11	0.373	4.15	0.737	21.10	st
17	1.05	0.152	4.13	0.755	20.30	st
18	1.06	0.177	4.18	1.285	20.33	st
19	0.92	0.776	3.97	0.776	18.88	st
20	0.90	0.201	3.37	0.718	21.07	st
21	0.79	0.164	2.57	0.831	23.55	st
22	0.11	0.347	2.27	0.717	4.61	t
23	0	0	1.90	0.739	0	t
X	2.49	1.057	4.65	1.662	34.87	sm
Y	1.73	0.636	3.61	1.666	32.42	sm

q = promedio de brazos cortos
 p = promedio de brazos largos
 Sp = desviación estándar de p
 Sq = desviación estándar de q
 i = índice centromérico

m = cromosoma metacéntrico
 sm = cromosoma submetacéntrico
 st = cromosoma subtelocéntrico
 t = cromosoma telocéntrico
 X Y = cromosomas sexuales

Cuadro II.8.- Valores relativos promedio de los brazos cromosómicos de la liebre Lepus flavigularis.

No. par	q	p	q+p
1	2.38	3.26	5.64
2	2.23	2.72	4.95
3	2.16	2.64	4.80
4	1.72	2.10	3.82
5	0.94	1.54	2.48
6	2.09	3.81	5.90
7	1.81	3.35	5.16
8	1.54	2.71	4.25
9	1.00	2.12	3.12
10	1.23	4.45	5.68
11	1.36	4.11	5.47
12	1.09	3.96	5.05
13	0.98	3.78	4.76
14	0.91	3.51	4.42
15	0.83	3.11	3.94
16	0.75	2.80	3.55
17	0.70	2.79	3.49
18	0.71	2.82	3.53
19	0.62	2.68	3.30
20	0.60	2.27	2.87
21	0.53	1.73	2.26
22	0.07	1.53	1.60
23	0	1.28	1.28
X	1.68	3.14	4.82
Y	1.16	2.44	3.60

q = promedio de brazos cortos
p = promedio de brazos largos

Cuadro II.9.- Valores absolutos promedio (dado en mm; donde 1 mm corresponde a 0.052 μ del tamaño real del cromosoma) de los brazos cromosómicos de la liebre *Lepus californicus*.

No. par	q	Sq	p	Sp	i	Clasificación
1	3.85	0.533	4.36	0.586	46.88	m
2	3.40	0.417	4.07	0.657	45.48	m
3	3.34	0.305	3.71	0.395	47.42	m
4	2.69	0.676	3.46	0.830	43.78	m
5	2.99	0.216	4.52	1.734	39.81	m
6	2.77	0.339	4.00	1.161	40.95	m
7	2.65	0.292	3.64	0.858	42.15	m
8	3.00	0.890	5.30	1.198	36.20	sm
9	2.75	0.670	4.61	1.637	37.35	sm
10	2.77	0.469	6.03	1.684	31.45	sm
11	2.54	0.456	5.60	1.557	31.23	sm
12	1.85	0.620	7.44	0.260	19.91	st
13	1.93	0.408	6.43	0.633	23.08	st
14	1.69	0.335	5.99	1.695	22.05	st
15	1.53	0.388	5.02	1.446	23.35	st
16	1.64	0.182	5.50	0.257	22.96	st
17	1.40	0.336	4.73	0.905	22.85	st
18	1.16	0.254	4.66	1.264	20.02	st
19	0.61	0.742	4.80	0.966	11.40	t
20	0.45	0.719	4.71	0.990	8.80	t
21	0.28	0.689	3.70	0.617	7.05	t
22	0.16	0.391	2.69	0.165	5.06	t
23	0	0	2.49	0.356	0	t
X	2.80	0.526	5.03	2.045	35.77	sm
Y	2.17	1.358	3.68	2.182	37.05	sm

q = promedio de brazos cortos
 p = promedio de brazos largos
 Sp = desviación estándar de p
 Sq = desviación estándar de q
 i = índice centromérico

m = cromosoma metacéntrico
 sm = cromosoma submetacéntrico
 st = cromosoma subteloacéntrico
 t = cromosoma telocéntrico
 X Y = cromosomas sexuales

Cuadro II.10.- Valores relativos promedio de los brazos cromosómicos de la liebre *Lepus californicus*.

No. par	q	p	q+p
1	2.31	2.61	4.92
2	2.04	2.44	4.48
3	2.00	2.22	4.22
4	1.61	2.07	3.68
5	1.79	2.71	4.50
6	1.66	2.40	4.06
7	1.59	2.18	3.77
8	1.80	3.18	4.98
9	1.65	2.76	4.41
10	1.66	3.61	5.27
11	1.52	3.36	4.88
12	1.11	4.46	5.57
13	1.15	3.85	5.00
14	1.01	3.59	4.60
15	0.91	3.01	3.92
16	0.98	3.30	4.28
17	0.84	2.83	3.67
18	0.69	2.79	3.48
19	0.36	2.88	3.24
20	0.27	2.82	3.09
21	0.16	2.22	2.38
22	0.09	1.61	1.70
23	0	1.49	1.49
X	1.68	3.01	4.69
Y	1.30	2.20	3.50

q = promedio de brazos cortos
p = promedio de brazos largos

Cuadro II.11.- Valores absolutos promedio (dado en mm; donde 1 mm corresponde a 0.052 μ del tamaño real del cromosoma) de los brazos cromosómicos de la liebre Lepus sallowi.

No. par	q	Sq	p	Sp	i	Clasificación
1	3.36	0.623	4.79	1.524	41.19	m
2	3.14	0.488	4.13	0.067	43.23	m
3	2.97	0.540	3.62	0.581	45.04	m
4	2.37	0.751	3.10	0.398	43.34	m
5	1.86	0.643	2.45	0.663	41.27	m
6	3.00	0.868	5.33	1.843	35.99	sm
7	2.78	0.726	5.31	0.950	34.40	sm
8	2.73	0.581	4.54	1.080	37.54	sm
9	2.30	0.709	4.38	0.637	34.43	sm
10	2.00	0.563	3.72	0.872	35.00	sm
11	1.57	0.451	3.08	0.726	33.85	sm
12	2.01	0.624	6.93	1.948	22.46	st
13	1.82	0.369	6.50	1.790	21.91	st
14	1.81	0.492	6.32	1.655	22.32	st
15	1.42	0.393	5.53	1.656	20.48	st
16	1.50	0.509	4.96	1.157	23.22	st
17	1.30	0.542	4.98	1.716	20.77	st
18	1.19	0.206	4.78	1.117	20.02	st
19	1.28	0.354	4.33	0.886	22.81	st
20	1.23	0.222	4.27	1.075	22.45	st
21	0.97	0.507	3.71	1.222	20.77	st
22	0.87	0.380	3.18	0.429	21.55	st
23	0	0	2.89	0.274	0	t
X	2.04	0.740	4.63	1.002	30.48	sm
Y	0.77	0.766	2.69	0.462	22.38	st

q = promedio de brazos cortos
p = promedio de brazos largos
Sp = desviación standard de p
Sq = desviación standard de q
i = índice centromérico

m = cromosoma metacéntrico
sm = cromosoma submetacéntrico
st = cromosoma subtelocéntrico
t = cromosoma telocéntrico
X Y = cromosomas sexuales

Cuadro II.12.- Valores relativos promedio de los brazos cromosómicos de la liebre Lepus callois.

No. par	q	p	q+p
1	2.14	3.06	5.20
2	2.00	2.63	4.63
3	1.89	2.31	4.20
4	1.51	1.98	3.49
5	1.18	1.56	2.74
6	1.91	3.40	5.31
7	1.77	3.39	5.16
8	1.74	2.90	4.64
9	1.47	2.79	4.26
10	1.27	2.37	3.64
11	1.00	1.96	2.96
12	1.28	4.42	5.70
13	1.16	4.15	5.31
14	1.15	4.03	5.18
15	0.90	3.53	4.43
16	0.95	3.17	4.12
17	0.83	3.18	4.01
18	0.76	3.05	3.81
19	0.81	2.76	3.57
20	0.78	2.72	3.50
21	0.62	2.37	2.99
22	0.55	2.03	2.58
23	0	1.84	1.84
X	1.30	2.95	4.25
Y	0.49	1.71	2.20

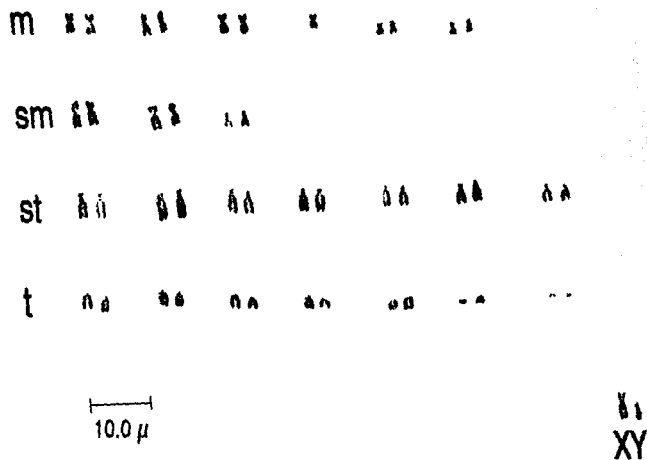
q = promedio de brazos cortos
p = promedio de brazos largos

Cuadro II.13.- Números cromosómicos diploides (2n), números fundamentales (NF) y clasificación cromosómica de las especies estudiadas.

Especie	2n	NF	Autosomas				Sexuales	
			m	sm	st	t	X	Y
<i>B. diazi</i>	48	78	6	3	7	7	sm mediano	sm mediano
<i>S. floridanus</i>	42	80	10	10			sm mediano	m mediano
<i>L. callotis</i>	48	90	5	6	11	1	sm mediano	st pequeño
<i>L. flavigularis</i>	48	88	5	4	12	2	sm mediano	sm mediano
<i>L. californicus</i>	48	82	7	4	7	5	sm mediano	sm mediano

m = cromosomas metacéntricos
sm = cromosomas submetacéntricos
st = cromosomas subteloicéntricos
t = cromosomas telocéntricos
X Y = cromosomas sexuales

Romerolagus diazi $2n = 48$



134 Fig. 11.1.- Cariotipo convencional del conejo zacatuche (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subteloacéntricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales).

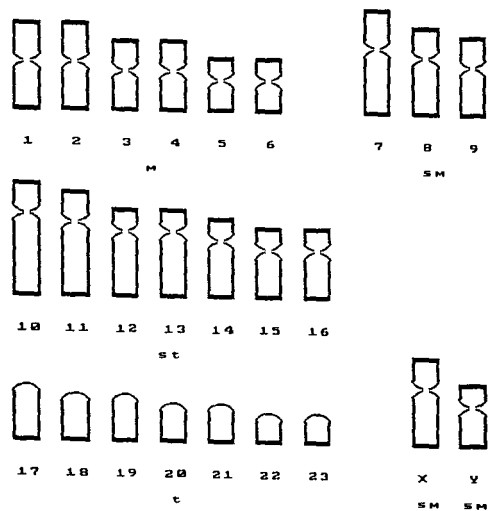


Fig. II.2.- Idiograma del conejo zacatuche, Romerolagus diazi (M= cromosomas metacentricos; SM= cromosomas submetacentricos; st= cromosomas subtelocentricos; t= cromosomas telocentricos).

Bandas "G" *Romerolagus diazi*



Fig. 11.3.- Bandas cromosómicas G del conejo zacatucho (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subteloacéntricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales).

Bandas "C" *Romerolagus diazi*

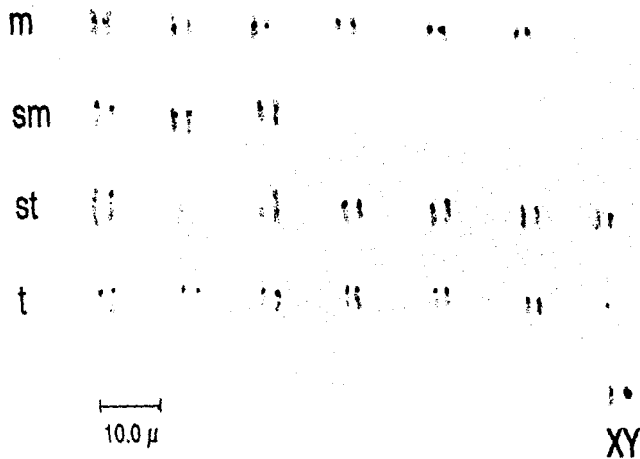


Fig. II.4.- Bandas cromosómicas C del conejo zacatuche (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subtelocéntricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales).

Sylvilagus floridanus $2n = 42$

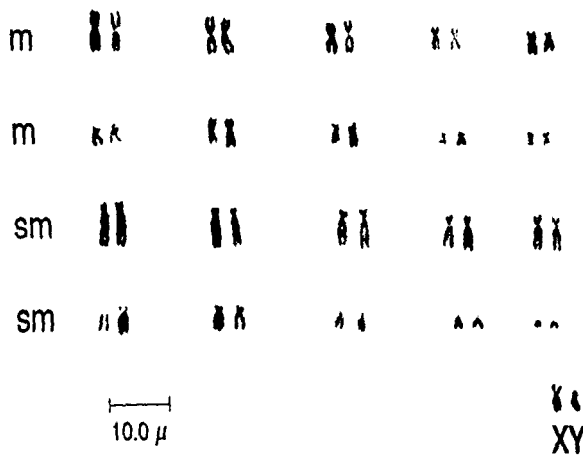


Fig. 11.5.- Cariotipo convencional del conejo castellano (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, XY = cromosomas sexuales).

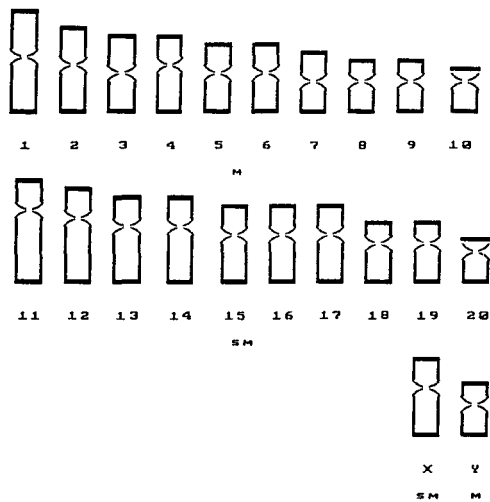


Fig.II. 6.- Idiograma del conejo *Sylvilagus floridanus*
 (M= CROMOSOMAS METACENTRICOS; SM= CROMOSOMAS
 submetacentricos).

Bandas "G" *Sylvilagus floridanus*

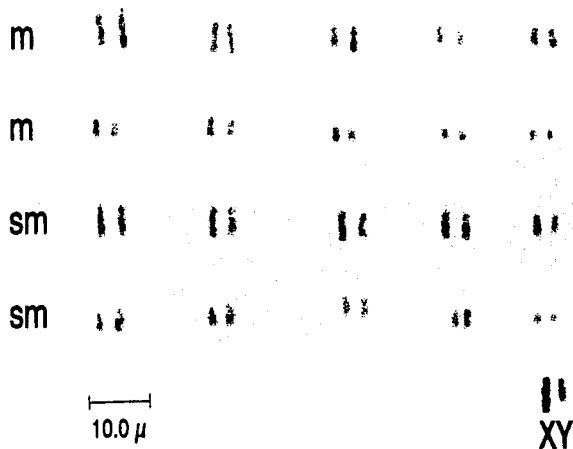


Fig. 11.7.- Bandas cromosómicas G del conejo castellano (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, XY = cromosomas sexuales).

Bandas "C" *Sylvilagus floridanus*

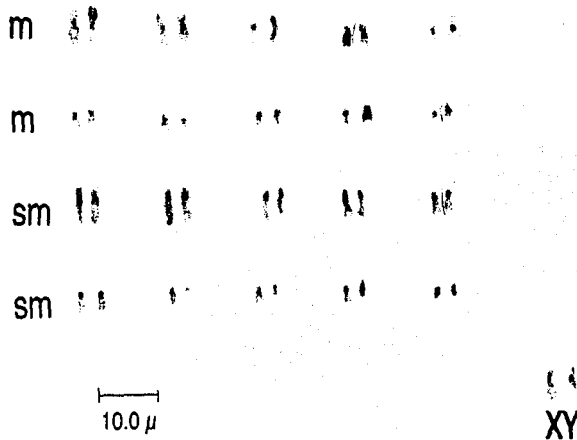


Fig. 11.8.- Bandas cromosómicas C del conejo castellano (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, XY = cromosomas sexuales).

Lepus flavigularis $2n = 48$

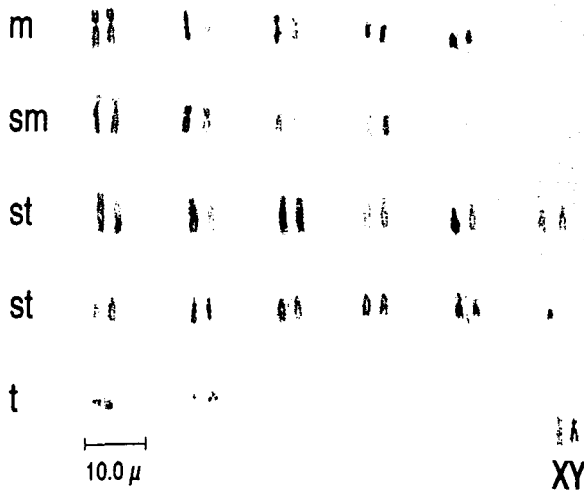


Fig. 11.9.- Cariotipo convencional de la liebre tropical (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subteloicéntricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales).

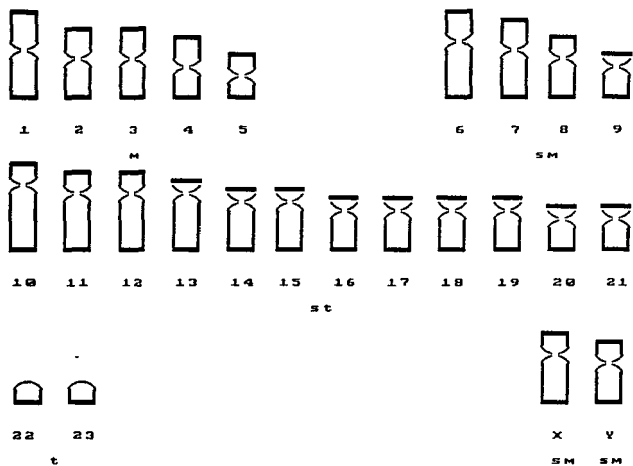


Fig.II.10.-Idiograma de la liebre Lepus flavivularis
 (M= cromosomas metacentricos; SM= cromosomas
 submetacentricos; st= cromosomas subtelocentricos;
 t= cromosomas telocentricos).

Bandas "G" *Lepus flavigularis*

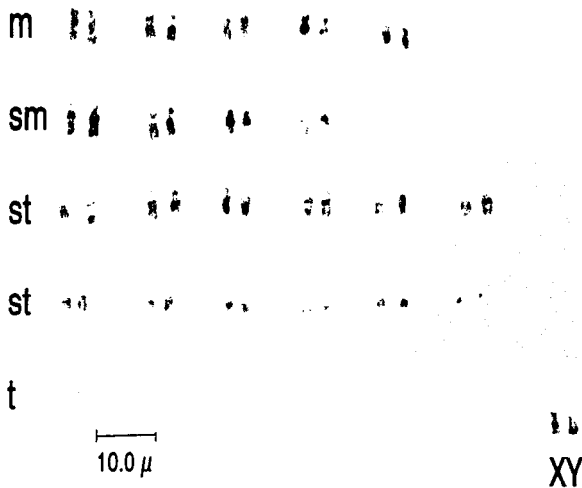


Fig. II.11.- Bandas cromosómicas G de la liebre tropical (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subtelocéntricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales).

Bandas "C" *Lepus flavigularis*

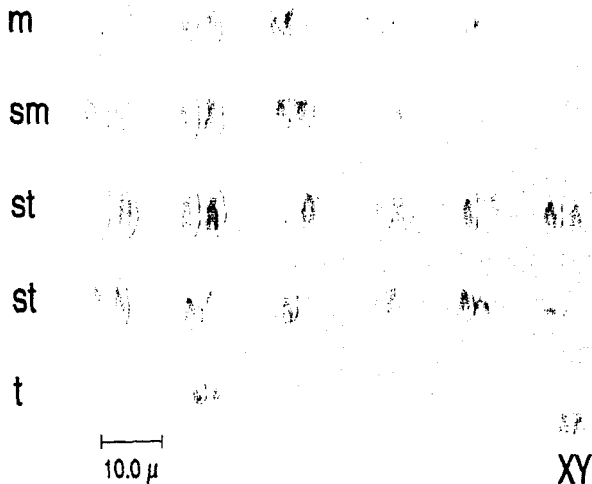


Fig. II.12.- Bandas cromosómicas C de la liebre tropical (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subteloacéntricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales).

Lepus californicus $2n = 48$

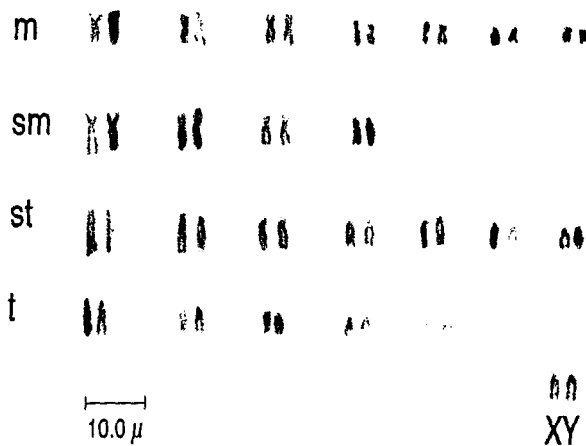


Fig. II.13.- Cariotipo convencional de la liebre cola negra (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subteloacéntricos, t = cromosomas telocéntricos. XY = cromosomas sexuales).

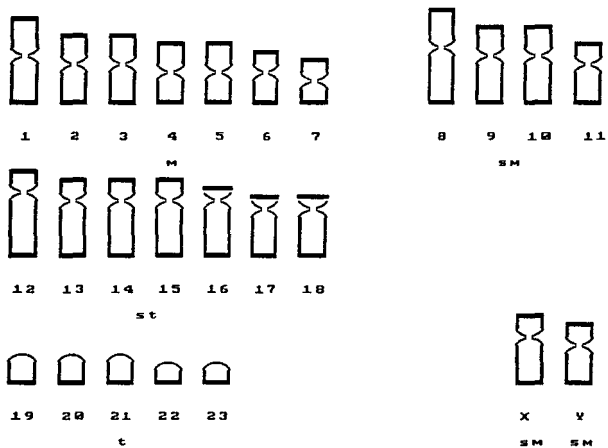


Fig.II.14.- Idiograma de la liebre Lepus californicus
 (M= cromosomas metacentricos; SM= cromosomas
 submetacentricos; st= cromosomas subteloceñtricos;
 t= cromosomas telocentricos).

Bandas "G" *Lepus californicus*

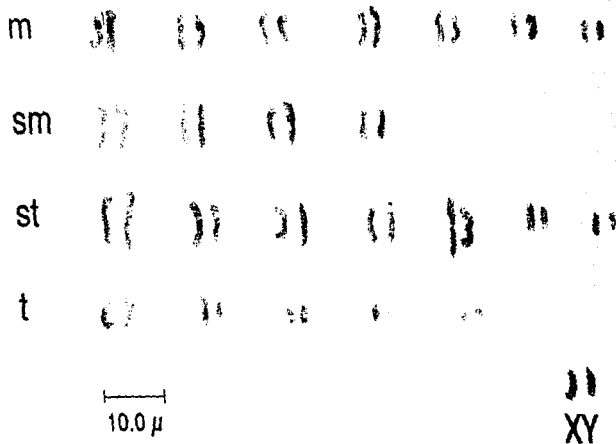


Fig. 11.15.- Bandas cromosómicas G de la liebre cola negra (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subtelocéntricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales).

Bandas "C" *Lepus californicus*

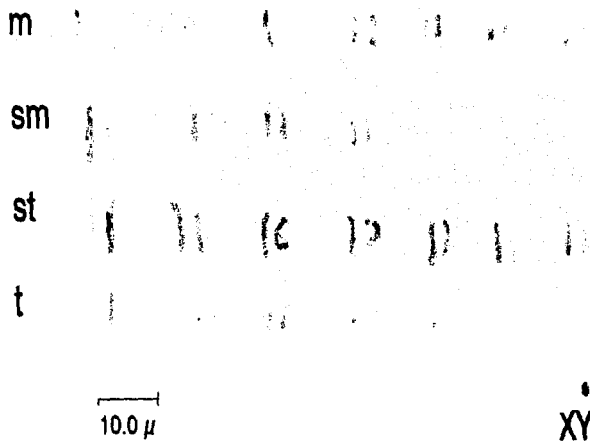


Fig. 11.16.- Bandas cromosómicas C de la liebre cola negra (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subteloicéntricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales).

Lepus callotis $2n = 48$



Fig. 17.- Cariotipo convencional de la liebre torda (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subtelocéntricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales).

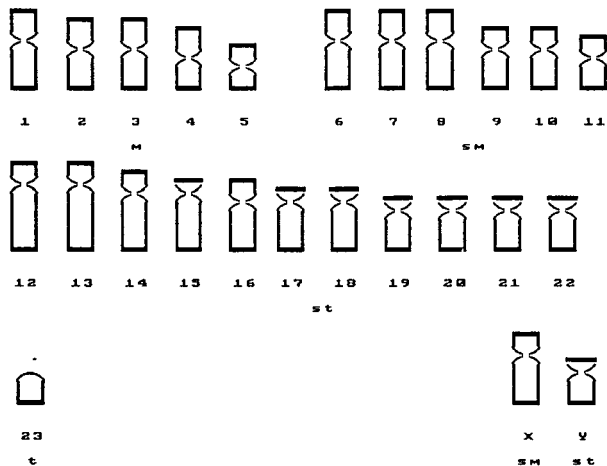


Fig. II. 18.- Idiograma de la liebre Lepus callotis
 (M= cromosomas metacentricos; SM= cromosomas
 submetacentricos; st= cromosomas subtelocentricos;
 t= cromosomas telocentricos).

Bandas "G" *Lepus callotis*

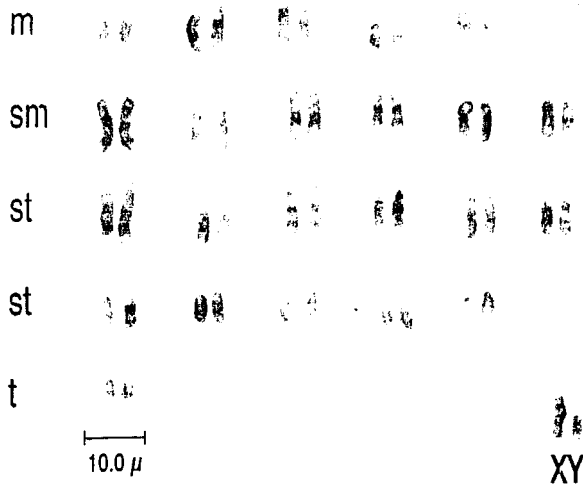


Fig. II.19.- Bandas cromosómicas G de la liebre torda (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subteloicéntricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales).

Bandas "C" *Lepus callotis*

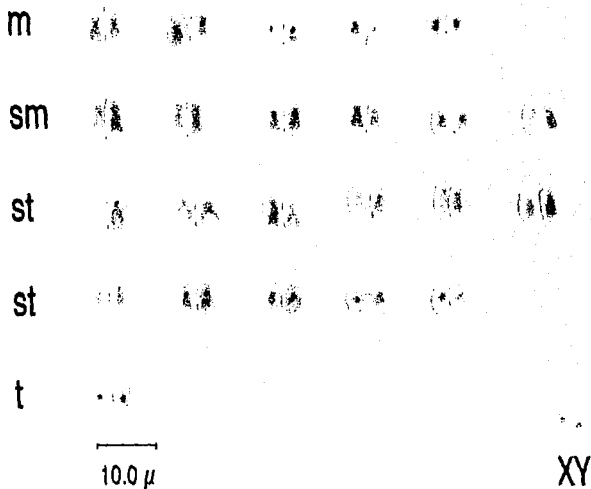


Fig. 11.20.- Bandas cromosómicas C de la liebre torda (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subteloicéntricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales).

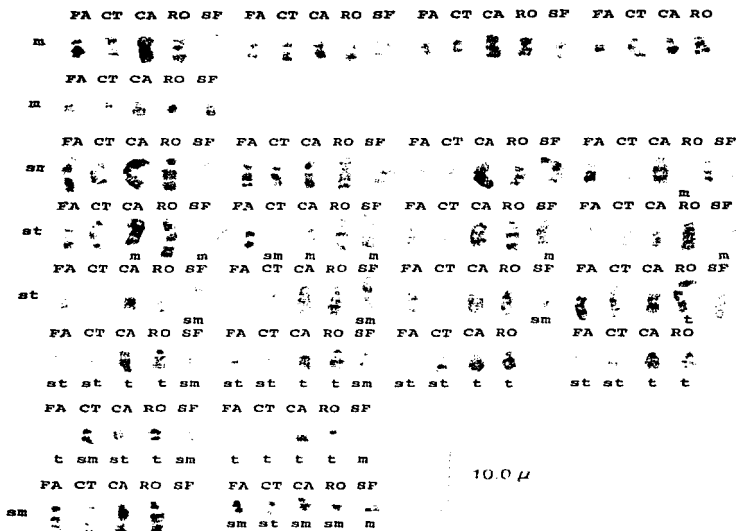


Fig. II-21.- Comparación entre el patrón de bandas cromosómicas G de *Lepus flavigularis* (FA), *L. californicus* (CT), *L. californicus* (CA), *Hesperomys sinuatus* (RO) y *Hesperomys sinuatus* (SF). El orden de cada uno de los cromosomas corresponde al asignado en su cariotipo, lo mismo que su morfología. m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subtelocéntricos, t = cromosomas telocéntricos, X y Y = cromosomas sexuales.

III. ESTUDIO ELECTROFORETICO

El análisis de la variación genética mediante la cuantificación de diferencias aloenzimáticas basadas en frecuencias alélicas proporciona una gran información sobre las relaciones sistemáticas de cualquier taxón (Chapman y Morgan, 1973). Estos datos sistemáticos sobre la información filogenética de los lepóridos son escasos.

Estudios electroforéticos en *S. floridanus* y *S. audubonii* de Texas, han llevado a la conclusión que ambas especies muestran un alto grado de similitud genética (Scribner y Warren, 1986).

Otros estudios mencionan que las proteínas del suero en ejemplares de *Sylvilagus floridanus* de Maryland, E.U.A., son bastante variables y esto se atribuye a introducciones masivas de esta especie en el área (Chapman y Morgan, 1973; Morgan y Chapman, 1981). Poblaciones aisladas de *S. floridanus* en Texas han sido diferenciadas genéticamente y se observó que están caracterizadas por presentar altas tasas de dispersión periódica y escaso flujo genético entre sus poblaciones debido al uso del suelo como a las prácticas agrícolas (Van Den Bussche *et al.*, 1987).

Igualmente, se han encontrado polimorfismos en inmunoglobulinas de dos especies de liebres (*Lepus europaeus* y *L. timidus*), aunque, en general, la evolución protéica es bastante conservada (Schröder *et al.*, 1978). También en *L. europaeus* se han realizado estudios de diversidad genética entre poblaciones de Austria, encontrándose que la diferencia genética entre sus

poblaciones fue baja. Las proporciones genotípicas en L. europaeus mostraron deficiencia de heterocigotos lo que puede deberse a la ocurrencia de alelos nulos, alelos con expresión reducida o ausente de un producto protéico, detectados por la intensidad de tinción reducida de alguna isoenzima (Hartl et al., 1993).

La variación protéica en dos especies simpátricas de Lepus (capensis y saxatilis) y Pronolagus se utilizó como herramienta sistemática para delimitar el complejo taxonómico en los lepóridos de Sudafrica. Las diferencias intergenéricas marcadas en la movilidad de la albúmina, anhidrasa carbónica, hemoglobina, 6 fosfato deshidrogenasa y transferrina se consideraron como una fuerte evidencia de las diferencias entre Lepus y Pronolagus. Se reconocieron las dos especies de Lepus como biológicamente distintas y con ausencia de flujo genético entre ellas, debido a las diferencias únicamente en la movilidad de la enzima anhidrasa carbónica y en el resto de las enzimas no se presentaron diferencias (Robinson y Osterhoff, 1983).

En el género Romerolagus no se ha efectuado un análisis electroforético de sus proteínas para conocer sus relaciones de parentesco con otras especies. Solamente se conoce un ensayo donde se observaron polimorfismos a nivel de genes de inmunoglobulina que pudo haberse establecido en el linaje ancestral (Van der Loo y Hamers-Casterman, 1981).

En estudios de otros géneros del orden Lagomorpha, se ha encontrado que las poblaciones de pikas (Ochotona princeps)

tienen un alto grado de diferenciación genética, por lo que parece ser una especie con poblaciones altamente fragmentadas (Glover et al., 1977). Las poblaciones silvestres del conejo europeo (Oryctolagus cuniculus) en el continente australiano, muestran diferencias significativamente altas en la frecuencias génicas atribuidas principalmente a la deriva genética y a la selección en poblaciones pequeñas (Richardson et al., 1980).

Es evidente que el estudio de la variación protéica puede proporcionar información valiosa sobre la diferenciación génica y relaciones sistemáticas entre poblaciones y especies de lagomorfos. Por lo tanto, resulta importante desarrollar estudios electroforéticos en mayor número de especies de conejos y liebres a fin de poder caracterizar bioquímicamente los patrones de diferenciación y evolución protéica del grupo de los lagomorfos.

Desafortunadamente, no existe información a este respecto proveniente de lepóridos mexicanos. Por un lado, no se ha efectuado ningún estudio génico comparativo entre los géneros Romerolagus, Sylvilagus y Lepus de Norteamérica y, por otro lado, se desconoce si su patrón de variación génica confirma o refuta los hallazgos realizados en otros conejos y liebres. Por lo que resulta importante realizar estudios de variación proteínica y conocer la relaciones sistemáticas que existen entre los tres géneros de lepóridos mexicanos.

Por lo tanto, el presente trabajo tiene como objetivo conocer las relaciones de parentesco génico entre el conejo G. floridanus, las liebres L. californicus, L. callotis y L.

flavigularis y el conejo zacatuche R. diazi por medio de la movilidad electroforética de algunas de sus proteínas.

Aunque no existen antecedentes de este tipo de estudios entre géneros diferentes de lepóridos mexicanos, es probable que exista un grupo similar genéticamente formado por los conejos Sylvilagus y Romerolagus, ya que externamente representan un morfotipo cercano. Por otro lado, otro grupo con mayor similitud genética podría estar formado por las tres especies de liebres (Lepus), ya que éstas últimas se consideran un grupo estrechamente relacionado a través de su evolución, con un origen común.

MATERIALES Y METODOS

Colecta de ejemplares.

Las localidades de colecta para cada una de las especies estudiadas se mencionan en el capítulo I (Estudio morfométrico). Se estudiaron 25 ejemplares de S. floridanus, 6 ejemplares de E. diazi, 10 ejemplares de L. flavigularis, 17 ejemplares de L. callotis y 11 ejemplares de L. californicus.

Obtención de muestras.

Se tomaron muestras de órganos de los ejemplares recién sacrificados, colocando una parte del corazón, riñón e hígado en criotubos NUNC de 5 ml. Enseguida se depositaron en tanque de nitrógeno líquido para su conservación y en el laboratorio se congelaron a -80°C en un ultracongelador hasta antes de ser procesadas.

Homogenización de tejidos.

Con el fin de que los resultados se puedan comparar con estudios previos sobre lagomorfos, se procesaron juntos el corazón y el riñón. Los tejidos se homogeneizaron en una solución amortiguadora 0.01M Tris- 0.001M EDTA pH 6.8, en proporción 1:1. Este proceso se efectuó con ayuda de un taladro eléctrico (Black & Decker) con un homogenizador de teflón.

Los homogenados se centrifugaron a 5°C en una centrifuga Sorvall a $2,416 \times g$ (4000 rpm) durante 25 minutos; el sobrenadante se congeló a -80°C hasta ser procesado para la electroforésis horizontal usando gel de almidón (Sigma) según los métodos de Harris y Hopkinson (1976).

Una vez que las muestras fueron sacadas del ultracongelador se mantuvieron siempre en hielo; el sobrenadante restante se conservó a bajas temperaturas en refrigeración a -20°C para su uso continuo.

Electroforésis

Preparación del gel de almidón.

Los geles se prepararon a una concentración del 12% usando almidón de papa (Sigma). Se mezclaron 45 g de almidón con 375 ml de solución amortiguadora, la cual se utilizó en diferentes proporciones, que son 1:7, 1:9, 1:19, 1:29 (donde la primera cifra indica la proporción de solución stock de solución amortiguadora y la segunda representa la proporción de agua destilada) dependiendo del loci a examinar. En total se emplearon cinco soluciones amortiguadoras (Cuadro III.1).

La mezcla de la solución amortiguadora-almidón se revolvió muy bien para evitar la formación de grumos y posteriormente se calentó con mechero hasta su ebullición. Se sometió al vacío para eliminar burbujas de aire, colocándose posteriormente en moldes de acrílico de 18.5 cm de largo x 17.5 cm de ancho.

Colocación de muestras.

Se dejó solidificar el gel a temperatura ambiente en el molde de acrílico. El gel se dividió después cortándolo longitudinalmente a una distancia aproximada de 5 cm en uno de los extremos del molde. Se separaron las dos porciones del gel para insertar entre ellas pequeños rectángulos de papel filtro (Whatman No.3) de 8x4 mm, previamente humedecidos con la muestra

(sobrenadante), correspondiente al tejido (corazón-riñón e hígado) de un individuo. El exceso de muestra fue eliminado con ayuda de papel absorbente.

El número de muestras colocadas en cada gel fue de 22, correspondientes a 10 individuos. Esto es, para cada individuo, se colocó un papel con la muestra de hígado y enseguida otro papel con la muestra de corazón-riñón. Para tener duplicados, se insertaron dos repeticiones de hígado del primer ejemplar en medio y al final del gel.

Corrimiento de proteínas.

El gel con las muestras se colocó en una cámara de electroforesis horizontal y se mantuvo en contacto en cada uno de sus extremos con el buffer iónico usando esponjas. El gel se sometió a corriente eléctrica conectado a una fuente de poder; se emplearon diferentes voltajes (150 V en promedio) y tiempos que variaron según la solución amortiguadora empleada (generalmente de 6 a 12 horas).

Durante el tiempo de corrimiento, la cámara se colocó en refrigeración y encima del gel se colocó una bolsa refrigerante para evitar el calentamiento. El corrimiento de las proteínas se repitió dos veces por cada individuo en cada gel, para tener puntos de referencia en la movilidad de aloenzimas. Se examinaron 31 loci diferentes correspondientes a 22 enzimas (Cuadro III.1) en todos los individuos de cada una de las especies estudiadas.

Corte del gel y tinción histoquímica.

Cada uno de los geles se cortó en cinco rebanadas delgadas

(aproximadamente 2 mm de grosor) y cada una se colocó en charolas de plástico; cada rebanada se tiñó para una enzima particular colocando en cada charola una solución conteniendo un sustrato para la enzima con un colorante que precipita donde la reacción enzimática ocurre. La forma en la cual la tinción específica se lleva al cabo para cada loci puede consultarse en las fórmulas de tinción de Murphy et al., 1990.

Las rebanadas se incubaron en la obscuridad a 37°C durante 20 minutos, apareciendo las bandas en el gel revelando la posición de la enzima. Se enjuagaron las rebanadas con solución fijadora (ácido acético-metanol-agua en proporción 1:5:5) durante una hora. Posteriormente se quitó el fijador lavando con agua corriente.

Fotografía de geles.

Cada uno de los geles se fotografió con película blanco y negro (Technical Pan Film) y algunos se imprimieron en papel Kodabrome IIRC.

Interpretación de resultados.

Se determinó el número de alelos por locus presentes en cada una de las enzimas y en cada especie a partir del examen de todos los geles, de acuerdo a la movilidad que presentaban las bandas (A, B, C, etc.) de acuerdo también con la técnica de Rogers (1972) y Nei (1978). Posteriormente, en cada uno de los ejemplares se examinaron los alelos que correspondían a cada locus, tomando en cuenta aquéllos que son homocigotos y heterocigotos (Cuadro III.2); esta matriz se convirtió a un

archivo en código ASCII para ser leído por el programa BIOSYS-1 (en una computadora personal) a fin de determinar los valores de variabilidad genética, divergencia genética (F_{ST}),

Se construyeron matrices utilizando el índice de similitud genética de Rogers (1972) y de distancia genética de Cavalli-Sforza & Edwards (1967) para fines comparativos con estudios anteriores.

De acuerdo con estas matrices se construyeron los fenogramas correspondientes para mostrar las relaciones de parentesco genético, mediante el método UPCMA (Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic Averaging; Swofford y Selander, 1989).

RESULTADOS

Se hicieron corrimientos de proteínas en 83 geles. Se obtuvieron las frecuencias alélicas por locus en todas las especies (Cuadro III.3). El corrimiento de un gel se puede observar en la variación en la movilidad de SDH (Fig. III.1). Las abreviaturas correspondientes a cada enzima se pueden observar en el Cuadro III.1. El mayor número de alelos por locus corresponde en orden decreciente a 6PGD con seis alelos, las peptidasas (PEP-A, PEP-B, PEP-C y PEP-D) y las deshidrogenasas MDH-1 y SDH con 4 alelos. A su vez, *L. callotis* presenta el mayor número de alelos por locus (cinco) en la enzima 6PGD.

Existe un total de 25 loci polimórficos en los 31 loci examinados y cinco alelos fijos (alelos que se encuentran exclusivamente en una especie dada) en *E. diazi*: GOT-2, LDH-1, 6PGD, ADH y PEP-C; dos alelos fijos en *L. californicus*: MDH-1 y ME-1; siete alelos fijos en *L. callotis*: ICD-2, LDH-2, 6PGD (2), NP, GDH y GPI y dos alelos fijos en *S. floridanus*: MDH-2 y PEP-B (Cuadro III.3).

El criterio usado para determinar polimorfismo fue el de que el alelo más común tuviera una frecuencia no superior a 0.95. A este respecto, *Sylvilagus floridanus* y *L. flavigularis* presentan el menor porcentaje de loci polimórficos (22.6) y el menor número de alelos promedio por locus lo presentó *L. flavigularis* (1.3; Cuadro III.4). La especie con mayor porcentaje de loci polimórficos y número de alelos promedio por locus (51.6 y 1.8, respectivamente) fue *L. callotis*. Esta liebre también presenta el

mayor valor observado de individuos heterocigotos por locus (0.019; Cuadro III.4). L. flavigularis fue la de menor porcentaje con un valor de 0.0, aunque el valor de Hardy-Weinberg esperado haya sido mayor (0.106), por lo que esta especie presenta la menor variabilidad genética. Dentro del tamaño de muestra promedio por locus (Cuadro III.4) en ninguna especie está representado el total de los individuos, es decir, en algunos geles no se observaron bandas que representan las muestras de algunas especies (Cuadro III.2).

El valor promedio de F_{ST} fue 0.625. Del total de 27 loci, los valores de F_{ST} para 23 de ellos resultaron ser significativamente diferentes de los valores esperados ($p < 0.05$; Cuadro III.5). Las cuatro loci restantes no mostraron diferencias significativas: ICD-1, ICD-2, LDH-2 y GDH.

La matriz de similitud genética muestra que L. flavigularis y L. callotis son las especies con mayor parecido genético, ya que su valor de similitud (abajo de la diagonal) es el mayor con 0.875, seguidos por L. californicus y L. flavigularis con 0.783; las especies con menor parecido genético son L. callotis y R. diazi con el valor menor de 0.516 (Cuadro III.6). Similarmente, la matriz de distancia genética muestra que las especies más distantes genéticamente son L. flavigularis y R. diazi ya que su valor de distancia (arriba de la diagonal) es el mayor con 0.597 y las menos distantes genéticamente son L. callotis y L. flavigularis con un valor de 0.229 (Cuadro III.6).

De acuerdo con la matriz de similitud genética de Rogers

(1972) se construyó un fenograma, en donde las liebres forman un sólo grupo, lo mismo que los conejos; el coeficiente de correlación cofenética fue de 0.940 (Fig. III.2). Se construyó igualmente otro fenograma con la matriz de distancia genética de Cavalli-Sforza & Edwards (1967), con un coeficiente de correlación cofenética de 0.98 y se encuentra el mismo patrón que el fenograma anterior, es decir, que los conejos forman un sólo grupo (en un valor próximo a 0.37) y las liebres forman otro grupo (valor próximo a 0.40; Fig. III.3).

DISCUSION

Los resultados electroforéticos obtenidos muestran que la especie que posee el mayor número de alelos por locus así como de alelos fijos es *L. gallotis*. En contraste, *L. flavigularis* no presenta alelos fijos.

Como medida de variación genética se calculó el promedio porcentual de loci polimórficos en las diferentes especies estudiadas y resultó que fue mayor (36.6%) que en otros trabajos realizados en lepidóridos (Scribner y Warren, 1986; Hartl *et al.*, 1993), probablemente porque se compararon en el presente estudio tres géneros diferentes, cada uno con diferentes grados de variación genética, y no especies pertenecientes a un sólo género. Esto concuerda con trabajos realizados al comparar diferentes géneros de lepidóridos que presentaron diferencias notables en la movilidad aloenzimática (Robinson y Osterhoff, 1983).

La especie que presentó mayor porcentaje de loci polimórficos fue *L. gallotis* y las de menor porcentaje fueron *S. floridanus* y *L. flavigularis*. También, el promedio de heterocigosidad media (H) por conteo directo en las especies estudiadas ha sido mucho menor que el resto de los estudios realizados en otros lepidóridos (0.14%; Cuadro III.7). La heterocigosidad es una buena medida de variación porque estima la probabilidad de que dos alelos tomados al azar de la población sean diferentes.

La frecuencia de heterocigotos está relacionada al tamaño

poblacional (Weir, 1990); de aquí que, probablemente, *L. flavigularis* haya presentado menor valor de heterocigosidad media por individuo, por presentar un tamaño poblacional reducido. Aunque no se ha determinado la densidad poblacional de individuos de esta especie, el área que ocupó en el pasado fue aparentemente de 150 km², la cual probablemente se reduce por el uso de prácticas agrícolas que destruyen la mayoría de su habitat (Flux y Angermann, 1990). Estas medidas de variabilidad genética (polimorfismo y heterocigosidad) demostraron que existen muy pocos heterocigotos y gran cantidad de alelos por locus en las poblaciones estudiadas. Como se ha observado en poblaciones de *L. europaeus* la deficiencia en heterocigotos puede deberse a la ocurrencia de alelos nulos (Hartl *et al.*, 1993), aunque en el presente trabajo no se pudieron identificar.

Por presentar mayor número de alelos por locus, mayor número de alelos fijos y mayor porcentaje de loci polimórficos, *L. callotis* se considera como la especie más variable genéticamente de las especies examinadas. Asimismo, *L. flavigularis* es la menos variable por no presentar alelos fijos, tener pocos alelos por locus y menor porcentaje de loci polimórficos.

El hecho de que *L. flavigularis* presente pocos alelos por locus y menor porcentaje de loci polimórficos puede ser consecuencia de un aislamiento a lo largo de su evolución en una pequeña área restringida al Istmo de Tehuantepec. Esto puede ser resultado de los efectos de deriva genética, como se ha observado en poblaciones de *O. cuniculus* en Australia (Richardson *et al.*,

1980). En cambio, L. californicus muestra un gran número de subespecies que se distribuyen casi a lo largo de toda la República Mexicana y la fragmentación de sus poblaciones pudo ocasionar que cada una de ellas estuviera sujeta a presiones de selección particulares y, por lo mismo, que las diferencias genéticas se acentúen al habitar en localidades diferentes.

Por los resultados obtenidos de los fenogramas derivados de las matrices de similitud genética de Rogers (1972) y de distancia genética de Cavalli-Sforza & Edwards (1967), se observó que las especies de liebres más estrechamente relacionadas genéticamente entre sí son L. flavigularis y L. callotis y la menos relacionada con las dos especies anteriores es L. californicus; esto concuerda con estudios biogeográficos y morfométricos realizados anteriormente con las liebres de costado blanco (L. alleni, L. flavigularis y L. callotis; Anderson y Gaunt, 1962). En general, entre las liebres existe mayor similitud genética que con los conejos, observándose el mismo patrón en ambos fenogramas generados por coeficientes diferentes.

Se cree que la restringida distribución del género Romerolagus puede deberse a que tuvo su origen al sur de la meseta desértica norteamericana, pudiendo ser un producto de la evolución de un tipo semejante a Lepus. Este proceso fue probablemente un resultado de la dispersión que tuvo lugar durante el Plioceno tardío, cuando este género emigró hacia la Cuenca de México y se estableció en áreas restringidas. El avance de los periodos interglaciares y la respectiva retracción de los

casquetes polares, presionaron a las poblaciones a emigrar hacia regiones septentrionales o hacia las cumbres más altas de las montañas, donde podrían encontrar habitats semejantes a los que anteriormente se encontraban adaptados (Uribe- Alcocer, 1977). Este hecho ocasionó una interrupción en el flujo genético con otras poblaciones favoreciendo la diferenciación genética.

Esto se ve reflejado en la cantidad de alelos fijos que presenta Romerolagus (cinco), en comparación con S. floridanus que presentó dos. Esta especie a su vez, presenta un menor porcentaje de loci polimórficos, por lo que se concluye que presenta poca variabilidad genética, a pesar de la extensa distribución que presenta y el gran número de subespecies, por lo que se puede considerar como genéticamente conservada.

Igualmente, la divergencia genética ocurrida entre los géneros en estudio fue alta ($F_{ST} = 0.625$) comparada con otros lepóridos (Cuadro III.7), lo que indica que probablemente la diferenciación genética a nivel genérico ocurrió en las poblaciones ancestrales y que, actualmente, las poblaciones se encuentran aisladas sin que exista flujo genético entre las mismas.

Se puede considerar que los géneros y especies en estudio se diferencian totalmente a nivel genético como consecuencia del tiempo de divergencia de sus poblaciones ancestrales, a partir del Mioceno (Chapman y Flux, 1990) y, de la distribución que presentan ocupando diferentes habitats. Por esto se puede considerar un grupo con una gran diversidad evolutiva, como se

puede observar por el número de especies que lo conforman
(Chapman y Flux, 1990).

CONCLUSIONES

Los valores de variación genética encontrados en este estudio, muestran que la especie más variable genéticamente del total de especies examinadas es Lepus callotis, mientras que la menos variable genéticamente es L. flavigularis, debido probablemente a aspectos biogeográficos de estas especies que las hicieron tomar rumbos diferentes en cuanto a la evolución de su genoma. Igualmente se observó que el número de alelos fijos para L. callotis y R. diazi es alto comparado con otras especies de lepóridos. La cantidad de diferencia genética encontrada en las cinco especies es alta comparada con otras poblaciones de lepóridos.

Los valores de similitud genética mostraron que las especies más relacionadas son Lepus flavigularis y L. callotis y que cualquiera de ellas está menos relacionada con L. californicus, siendo, a su vez, estas especies, un grupo genéticamente más cercano entre sí que con las especies de conejos. Confirmándose lo que se esperaba originalmente de las relaciones de similitud genética entre los géneros, ya que los conejos (Romerolagus y Sylvilagus) forman un grupo relacionado genéticamente, ocurriendo lo mismo con las especies de liebres (Lepus).

Cuadro III.1.- Soluciones amortiguadoras, enzimas con el número establecido por la International Union of Biochemistry y la Enzyme Commission (E.C.) y tejidos utilizados en Romerolagus diazi, Sylvilagus floridanus, Lepus flavigularis, L. californicus y L. callosis de México. H = Hígado; C,R = Corazón y Riñón.

SISTEMA DE SOLUCIONES AMORTIGUADORAS	LOCUS GENETICO	No. E.C.	TEJIDO
Tris-citrato I pH 6.7/6.3 Proporción 1:7	Isocitrato Deshidrogenasa (ICD 1,2)	1.1.1.42	H C,R
	Lactato Deshidrogenasa (LDH 1,2)	1.1.1.27	H C,R
	Malato Deshidrogenasa (MDH 1,2)	1.1.1.37	H C,R
	Enzima Malica (ME 1,2)	1.1.1.40	H C,R
	Fosfoglucomutasa (PGM 1,2)	5.4.2.2	H C,R
	Fructuosa-1,6-difosfato (FDP)	3.1.3.11	H C,R
	Fosfatasa Acida (ACP)	3.1.3.2	H C,R
	Glucosa-6-fosfato Isomerasa (GPI)	5.3.1.9	H C,R
Tris-citrato II pH 8.0 Proporción 1:29	Superoxido dismutasa (SOD 1,2)	1.15.1.1	H C,R
	6-Fosfogluconato Deshidrogenasa (6-PGD)	1.1.1.44	H C,R
	Glucosa Deshidrogenasa (GDH)	1.1.1.118	H C,R
	Purina Nucleosido Fosforilasa (NP)	2.4.2.1	H C,R

Cuadro III.1.- Continuación.

SISTEMA DE SOLUCIONES AMORTIGUADORAS	LOCUS GENETICO	No. E.C.	TEJIDO
PGI-Fosfato de Potasio pH 6.7 Proporción 1:19	Glutamato-Oxaloacetato Transaminasa (GOT 1,2)	2.6.1.1	H C,R
	Sorbitol Deshidrogenasa (SDH)	1.1.1.14	H C,R
	Glicerol-3-Fosfato Deshidrogenasa (aGPD)	1.1.1.8	H C,R
	Leucine Aminopeptidasa (LAP)	3.4.1.1	H C,R
Tris-Malato-EDTA pH 7.4 Proporción 1:9	Glucosa-6-Fosfato Deshidrogenasa (G-6-PDH)	1.1.1.49	H C,R
	Hexocinasa (HK)	2.7.1.1	H C,R
	Creatinacinasa (CK)	2.7.3.2	H C,R
Hidroxido de Litio (A+B) pH 8.1/8.4 10% sol. A 90% sol. B	Peptidasas (PEP-A, PEP-B, PEP-C, PEP-D)	3.4.13	H C,R
	Albumina (Alb)	No específico	H C,R
	Alcohol Deshidrogenasa (ADH)	1.1.1.1	H C,R

Cuadro III.2.- Tipos de alelos por locus en Romerolagus diazi, Sylvilagus floridanus, Lepus flayigularis, L. californicus y L. callotis de México. Los siguientes loci están acomodados por columnas: GOT-1 GOT-2 MDH-1 MDH-2 ICD-1 ICD-2 LDH-1 LDH-2 SDH SOD ALB ME-1 ME-2 GPGD PGM-1 PGM-2 a-GPD NP FDP GDH HK CK ACP GPI G6PDH ADH LAP PEP-A PEP-C PEP-B PEP-D. 0 = locus sin registro.

Romerolagus diazi

Ejemplar

0067F BB BB BB BB AA AA BB BB AA BB BB AA 00 EE 00 BB 00 BB AA AA 00 00
 AA BB 00 00 00 CC DD BB DD
 AA CC BB BB AA AA CC DD BB BB 00 BB AA 00 DF BB BB BB BB AA AA BB AA
 AA BB 00 00 AA CC BB DD CC
 0041F AA BB BB BB AA AA BB BB BB BB BB CC AA AA EE 00 BB 00 BB AA 00 BB CC
 CC BB AA BB AA CC BB DD BB
 0042F AA BB BB BB AA AA BB BB BB BB BB CC AA AA EE 00 BB 00 00 AA 00 BB CC
 CC BB AA BB AA CC BB DD CC
 0043F AA BB BB BB AA AA BB BB BB BB BB CC 00 00 00 00 00 00 BB AA 00 BB CC
 CC BB AA 00 AA CC AA DD BB
 0059F AA BB BB BB AA AA BB BB BB BB BB CC AA 00 EE 00 BB 00 BB AA 00 BB AA
 00 BB AA 00 AA 00 BB DD BB

Sylvilagus floridanus

0048F BB BB BB BB AA AA BB BB AA BB BB AA AA EE 00 BB BB BB AA AA 00 AA
 AA BB 00 00 00 BB BB BB BB
 0268C BB BB BB BB AA AA BB BB AA BB BB AA AA EE 00 BB 00 BB AA AA 00 00
 AA BB 00 00 AA BB BB CC
 0274C BB BB BB BB AA AA BB BB AA BB BB 00 00 EE 00 BB 00 BB 00 AA 00 00
 AA BB 00 00 00 00 00 00
 0053F BB BB BB BB AA AA BB BB AA 00 BB AA AA EE BB BB BB BB AA AA BB 00
 AA BB 00 00 AA BB BB AA
 0054F BB BB BB BB AA AA BB BB AA 00 BB AA AA 00 BB BB BB BB AA AA BB AA
 AA 00 00 00 BB DD
 0258C AA BB BB BB AA AA BB BB AA 00 BB AA AA EE BB BB BB BB 00 AA BB AA
 AA 00 00 00 00 BB BB BB
 0051F AA BB BB BB AA 00 BB BB AA BB BB AA AA EE BB BB 00 BB AA AA BB AA
 00 BB AA AA BB BB BB DD
 0056F AA BB AD BB AA 00 BB BB AA BB BB AA AA EE 00 BB 00 BB AA AA BB AA
 00 BB AA AA AA BB BB BB DD
 0065F AA BB AD BB AA AA BB BB AA 00 BB 00 00 EE 00 00 00 00 AA 00 BB AA
 00 BB AA 00 AA DD BB BB BB
 0286C BB BB BB AA AA AA BB 00 00 BB BB AA AA EE 00 00 00 BB AA 00 00 00
 AA BB 00 00 AA DD DD BB BB
 0262C 00 BB BB BB AA AA BB BB AA 00 BB AA AA EE 00 00 00 00 AA 00 BB AA
 00 BB 00 00 AA BB BB BB BB
 0016F BB BB BB BB AA AA BB BB AA BB BB AA AA EE BB BB BB BB AA AA 00 AA
 AA BB 00 00 DD BB BB AA
 0017F BB 00 BB AA AA BB AA BB BB AA BB BB AA AA EE BB BB 00 BB AA AA 00 AA
 AA BB 00 00 AA DD BB BB AA
 0019F BB BB BB BB AA AA BB BB AA BB BB AA AA EE BB BB 00 BB AA AA 00 AA
 AA BB 00 00 AA DD BB BB AA
 0020F 00 BB BB BB AA AA BB 00 AA BB BB AA AA EE BB 00 BB BB 00 AA 00 AA

0033F AA BB 00 00 00 DD BB BB AA
 AA BB BB BB AA AA BB BB 00 BB BB AA AA EE BB BB BB BB AA AA 00 AA
 AA BB 00 00 00 DD BB BB AA
 0039F BB BB BB BB AA 00 BB 00 00 BB BB 00 00 EE BB 00 BB BB 00 AA 00 00
 AA BB 00 00 00 DD BB BB AA
 0040F AA BB 00 00 AA 00 BB AA BB
 00 00 BB BB BB AA AA BB BB AA BB BB AA AA 00 BB BB 00 00 AA 00 BB BB
 AA BB 00 00 AA DD BB AA BB
 0046F 00 00 BB BB AA AA BB BB AA 00 00 AA AA EE 00 00 00 00 00 00 00
 00 00 00 AA BB BB BB BB
 0047F 00 BB BB BB AA BB BB AA BB BB AA AA 00 BB 00 00 BB AA 00 BB BB
 AA 00 00 00 AA BB BB BB BB
 0049F 00 00 BB BB AA AA BB BB AA BB BB AA AA 00 BB 00 00 BB AA 00 BB BB
 AA 00 00 00 AA BB BB BB BB
 0050F BB BB BB 00 AA 00 BB 00 AA BB BB AA AA EE 00 BB 00 BB AA AA 00 00
 00 BB 00 00 AA BB BB BB BB
 0052F BB BB BB 00 AA 00 BB 00 AA BB BB AA AA EE 00 BB 00 BB AA AA 00 00
 00 BB 00 00 AA BB BB BB DD
 0285C BB BB BB AA AA AA BB 00 00 BB BB 00 00 EE 00 00 BB 00 00 00 00
 00 00 00 00 AA DD 00 BB BB

Lepus flavicularis

0259C BB BB BB CC AA AA AA BB CC CC AA AA BB BB BB BB 00 BB AA AA AA AA
 00 BB 00 00 AA BB DD CC BB
 0260C BB BB BB CC AA AA AA BB CC CC AA AA BB BB BB BB 00 BB AA AA AA AA
 00 BB 00 00 AA 00 BB CC AA
 0261C BB BB BB CC AA AA AA BB CC CC AA AA BB BB BB BB 00 BB AA AA AA AA
 00 BB 00 00 AA 00 BB CC AA
 0264C BB BB BB CC AA AA AA BB CC CC AA AA AA BB AA BB AA AA AA AA
 AA BB 00 00 AA BB BB CC AA
 0270C BB BB BB CC AA AA AA BB CC 00 AA AA 00 00 AA BB AA BB AA AA AA AA
 AA BB 00 00 BB BB CC AA
 0273C BB BB BB CC AA AA AA BB CC 00 AA 00 00 AA BB AA BB AA AA AA AA
 00 BB 00 00 00 BB BB CC AA
 0263C BB BB BB CC AA AA AA BB CC CC AA AA BB DD 00 BB 00 00 AA 00 AA AA
 00 BB AA AA AA CC BB CC AA
 0265C BB BB BB CC AA AA AA BB CC CC AA AA AA BB DD 00 BB 00 BB AA 00 AA AA
 AA BB AA 00 AA BB BB CC AA
 0266C BB BB BB CC AA AA AA BB DD 00 AA AA AA DD 00 00 00 00 AA 00 AA AA
 00 BB 00 00 AA BB DD CC BB
 0271C BB BB BB CC 00 AA AA BB DD 00 AA 00 00 DD 00 00 00 BB AA 00 AA AA
 AA 00 00 00 AA CC CC AA

Lepus californicus

5080A BB BB BB CC AA AA AA BB BB CC BB AA 00 DD BB BB AA BB AA AA AA AA
 AA BB AA AA AA CC CC AA
 5087A BB BB BB CC AA AA AA BB DD CC BB AA 00 DD BB BB AA BB AA AA AA AA
 AA BB AA AA AA CC CC AA
 5089A BB BB BB CC AA AA AA BB DD CC BB AA 00 DD 00 BB 00 BB AA AA AA AA
 AA BB AA 00 AA AA CC CC AA
 5090A BB BB BB CC AA AA AA BB 00 CC BB AA 00 DD 00 BB 00 BB AA AA AA AA

5099A AA BB AA 00 AA AA CC CC AA
 BB BB BB CC AA AA AA BB DD CC BB 00 00 DD BB BB 00 BB AA AA AA AA
 AA BB AA 00 AA AA CC CC AA
 0283C BB BB BB CC AA AA BB 00 00 CC BB BB BB EE BB 00 00 BB AA AA 00 00
 AA BB 00 00 00 AA CC CC AA
 0284C BB BB BB CC AA AA BB 00 00 CC BB BB BB EE BB 00 00 BB 00 AA 00 BB
 AA BB 00 00 AA CC DD CC AA
 0608FA BB BB BB CC AA AA BB 00 00 CC BB 00 00 EE 00 00 00 BB 00 00 00 00
 00 00 00 00 AA 00 CC CC AA
 0693FA BB BB CC CC AA AA 00 00 CC CC BB BB BB EE BB 00 CC BB 00 AA 00 BB
 AA BB 00 00 AA DD CD BB
 0694FA BB BB CC CC AA AA 00 00 CC CC BB BB BB EE BB 00 CC BB 00 AA 00 BB
 AA BB 00 00 AA DD CC BB
 0695FA BB BB CC CC BB AA 00 00 CC CC BB BB BB EE BB 00 CC BB 00 AA 00 BB
 AA BB 00 00 AA DD CD BB

Lepus callotis

0031F BB BB BB CC AA AA AA BB CC 00 AA 00 AA CC AA BB AA CC 00 AA AA AA
 AA 00 00 AA AA CC CC CC AA
 0061F BB BB BB CC AA AA AA BB CC CC AA AA AA DD AA BB AA BB 00 AA AA AA
 AA BB 00 AA AA BB DD CC DD
 0063F BB BB BB CC AA AA AA BB CC CC AA AA AA 00 AA BB AA BB 00 AA AA AA
 AA BB 00 00 00 DD CC DD
 0037F CC AA BB CC AA AA AA BB CC AA AA AA BB DD 00 BB 00 BB AA BB 00 00
 AA BB 00 00 AA DD 00 CC 00
 0055F BB BB BB CC AA AA AA BB CC CC AA 00 00 DD 00 BB 00 BB AA AA AA AA
 AA BB 00 00 AA BB DD CC AA
 0064F AA BB AD AA AA BB DD CC CC AA 00 00 DD 00 BB 00 BB AA AA AA AA
 AA BB 00 00 AA BB DD CC BB
 0013F BB BB AD CC AA AA AA BB 00 CC BB AA BB DD 00 00 00 00 AA 00 AA
 00 00 00 00 AA BB BB CC 00
 0032F BB BB AD CC AA BB AA BB 00 CC AA AA BB DD 00 00 00 00 AA AA AA
 00 00 00 00 AA BB 00 CC 00
 0038F BB BB AD CC AA AA 00 CC 00 00 AA AA BB 00 00 00 00 00 00 AA AA
 00 00 00 00 AA 00 CC 00
 0062F BB BB AD CC 00 AA AA BB DD 00 AA 00 00 DD 00 00 00 00 00 AA AA
 00 00 AA 00 AA 00 00 00
 3800A BB BB BB CC AA AA AA BB DD CC AA 00 00 CE 00 00 00 BB AA 00 AA AA
 00 AA 00 00 AA BB DD CC BB
 3801A BB BB BB CC AA AA BB DD AA AA AA 00 CE 00 BB 00 BB AA 00 00 00
 AA BB AD CC AA BB DD CC DD
 5014A BB BB BB CC AA AA BB DD AA AA 00 00 BE 00 00 BB AA 00 00 00
 00 BB 00 00 AA 00 00 00
 5015A 00 00 BB CC AA AA BB DD AA AA 00 00 BE 00 00 BB 00 00 00 00
 00 00 00 00 AA 00 00 00
 28931A BB BB BB CC AA AA BB DD AA AA AA AA AE 00 BB 00 BB AA 00 00 00
 AA BB 00 00 AA BB DD CC DD
 0018F AA BB 00 00 AA AA AA 00 00 00 AA BB 00 00 00 00 00 00 00 00
 00 00 00 00 AA 00 DD 00 CC BB
 0014F BB BB BB 00 AA 00 AA 00 CC CC CC 00 00 DD 00 00 00 00 AA 00 00
 00 00 00 00 AA CC CC CC AA

Cuadro III.3.- Frecuencias alélicas de 31 loci en *Sylvilagus floridanus* (Sf), *Romerolagus diazi* (Rd), *Lepus flavigularis* (Lf), *L. callosus* (Lc1) y *L. californicus* (Lc2) de México. n= número de individuos.

	No.alelos por locus	Sf	Rd	Lf	Lc1	Lc2
GOT-1	3	n=17 A(0.235) B(0.765)	n=6 A(0.833) B(0.167)	n=10 B(0.700) C(0.300)	n=15 B(0.800) C(0.200)	n=10 A(0.100) B(0.900)
GOT-2	3	n=21 B	n=6 B(0.500) C(0.500)	n=10 A(0.300) B(0.700)	n=15 A(0.200) B(0.800)	n=11 B
MDH-1	4	n=25 A(0.040) B(0.920) D(0.040)	n=6 B	n=10 B	n=17 A(0.118) B(0.765) D(0.118)	n=11 B(0.727) C(0.273)
MDH-2	3	n=23 A(0.087) B(0.913)	n=6 B	n=10 C	n=16 C	n=11 C
ICD-1	2	n=25 A	n=6 A(0.917) B(0.083)	n=8 A	n=14 A	n=11 A(0.909) B(0.091)
ICD-2	2	n=20 A	n=6 A	n=10 A	n=16 A(0.938) B(0.063)	n=11 A
LDH-1	3	n=25 B	n=6 B(0.833) C(0.167)	n=10 A	n=17 A	n=8 A(0.625) B(0.375)
LDH-2	2	n=13 B	n=6 B	n=10 B	n=15 A(0.067) B(0.933)	n=5 B
SDH	4	n=21 A	n=6 A(0.167) B(0.833)	n=10 C(0.800) D(0.200)	n=13 C(0.538) D(0.462)	n=8 B(0.125) C(0.500) D(0.375)
SOD	3	n=13 B	n=3 B	n=6 C	n=8 A	n=11 A(0.455) C(0.545)

Cuadro III.3.- Continuación.

ALB	3	n=24 B	n=6 B(0.233) C(0.667)	n=10 A	n=16 A(0.875) B(0.063) C(0.063)	n=11 B
ME-1	2	n=17 A	n=4 A	n=5 A	n=9 A	n=5 B
ME-2	2	n=17 A	n=2 B	n=7 A(0.143) B(0.857)	n=9 A(0.444) B(0.556)	n=5 B
6PGD	6	n=20 E	n=5 D(0.100) E(0.800) F(0.100)	n=8 B(0.500) D(0.500)	n=14 A(0.036) B(0.071) C(0.143) D(0.571) E(0.179)	n=11 D(0.455) E(0.545)
PGM-1	2	n=10 B	n=1 B	n=3 A	n=3 A	n=8 B
PGM-2	1	n=10 B	n=4 B	n=8 B	n=8 B	n=5 B
a-GPD	2	n=3 B	n=1 B	n=3 A	n=3 A	n=2 A
NP	3	n=20 B	n=5 B	n=8 B	n=11 B(0.909) C(0.091)	n=11 B
FDP	1	n=9 A	n=4 A	n=6 A	n=6 A	n=4 A
GDH	2	n=12 A	n=2 A	n=6 A	n=6 A(0.833) B(0.167)	n=5 A
HK	2	n=7 B	n=5 B	n=7 A	n=6 A	n=2 A
CK	1	n=6 A	n=5 A	n=7 A	n=7 A	n=2 A
AcP	1	n=14 A	n=2 A	n=2 A	n=6 A	n=10 A

Cuadro III.3.- Continuación.

GPI	2	n=15 B	n=4 B	n=5 B	n=9 A(0.111) B(0.889)	n=5 B
G6PDH	1	n=3 A	n=4 A	n=2 A	n=1 A	n=5 A
ADH	2	n=2 A	n=2 B	n=1 A	n=2 A	n=2 A
LAP	1	n=9 A	n=5 A	n=7 A	n=11 A	n=6 A
PEP-A	4	n=23 B(0.565) D(0.435)	n=5 C	n=8 A(0.125) B(0.750) C(0.125)	n=12 B(0.667) C(0.167) D(0.167)	n=10 A(0.900) C(0.100)
PEP-B	4	n=24 A(0.083) B(0.917)	n=6 B(0.167) D(0.833)	n=10 C	n=14 C	n=11 C(0.909) D(0.091)
PEP-C	4	n=23 B(0.957) D(0.043)	n=6 A(0.167) B(0.667) C(0.167)	n=10 B(0.700) C(0.100) D(0.200)	n=10 B(0.100) C(0.200) D(0.700)	n=11 C(0.636) D(0.364)
PEP-D	4	n=24 A(0.292) B(0.500) C(0.042) D(0.167)	n=6 B(0.500) C(0.333) D(0.167)	n=10 A(0.800) B(0.200)	n=10 A(0.300) B(0.300) D(0.400)	n=11 A(0.727) B(0.273)

Cuadro III.4.- Variabilidad genética en 31 loci pertenecientes a Sylvilagus floridanus (Sf), Romerolagus diazi (Rd), Lepus flavigularis (Lf), L. callosus (Lc1) y L. californicus (Lc2) de México. Sp = especie. El error estandar se encuentra entre paréntesis.

Sp	Tamaño de la muestra promedio por locus	Número de alelos promedio por locus	Porcentaje de loci polimórficos	Heterocigosidad media	
				Conteo directo	HdyWbg esperado
Sf	18.5 (1.1)	1.4 (0.1)	22.6	.003 (0.003)	.067 (0.028)
Rd	4.9 (0.3)	1.5 (0.1)	38.7	.012 (0.008)	.129 (0.037)
Lf	8.1 (0.5)	1.3 (0.1)	22.6	.000 (0.000)	.106 (0.034)
Lc1	11.0 (0.8)	1.8 (0.2)	51.6	.019 (0.018)	.185 (0.043)
Lc2	8.6 (0.5)	1.4 (0.1)	35.5	.006 (0.006)	.136 (0.038)

Cuadro III.5.- Valores del estadístico F de Wright para cada locus en *Sylvilagus floridanus*, *BomeroLAGUS diazi*, *Lepus flavigularis*, *L. californicus* y *L. callotis* de México. La estimación de la significancia de F_{ST} es indicada por los valores de Chi-cuadrada (X^2). * = Alelos significativamente diferentes de los valores esperados ($p < 0.05$); G.L. = grados de libertad.

Locus	F_{ST}	X^2	G.L.
GOT-1	0.58	138.48*	8
GOT-2	0.10	27.30*	8
MDH-1	0.14	56.30*	12
MDH-2	0.94	247.10*	8
ICD-1	0.05	7.02	4
ICD-2	0.05	6.43	4
LDH-1	0.72	189.29*	8
LDH-2	0.05	5.94	4
SDH	0.54	187.22*	12
SOD	0.83	179.50*	8
ALB	0.78	208.77*	8
ME-1	0.50	52.00*	4
ME-2	0.70	60.54*	4
6PGD	0.38	212.08*	20
PGM	0.76	47.24*	4
a-GPD	1.00	72.00*	8
NP	0.07	16.28*	8
GDH	0.09	7.83	4
HK	1.00	78.00*	4
CK	0.36	70.76*	8
ACP	0.54	95.92*	8
GPI	0.09	9.83*	4
ADH	1.00	18.00*	4
PEP-A	0.25	193.14*	12
PEP-C	0.39	139.68*	12
PEP-B	0.79	310.05*	12
PEP-D	0.21	78.32*	12
Promedio	0.625	2,721.02*	212

Cuadro III.6.- Matriz de similitud genética y coeficientes de distancia de *Sylvilagus floridanus* (Sf), *Romerolagus diazi* (Rd), *Lepus flavigularis* (Lf), *L. sallowi* (Lc1) y *L. californicus* (Lc2) de México. Abajo de la diagonal corresponde a la similitud genética de Rogers (1972) y arriba a la distancia genética de Cavalli-Sforza y Edwards (1967).

Especie	Sf	Rd	Lf	Lc1	Lc2
Sf	\	.375	.532	.534	.522
Rd	.768	\	.597	.596	.572
Lf	.627	.530	\	.229	.364
Lc1	.609	.516	.875	\	.401
Lc2	.640	.542	.783	.738	\

Cuadro III.7.- Porcentaje de loci polimórficos (P), heterocigicidad media (H) y valores del estadístico F (F_{ST}) en diferentes especies de lepóridos.

Especie	P	H	F_{ST}	Referencia
<u>Lepus europaeus</u>	15.3%	18.7%	5.4%	Hartl, <u>et al.</u> , 1993
<u>Oryctolagus cuniculus</u>		5.9%		Richardson, <u>et al.</u> , 1980
<u>Sylvilagus floridanus</u>	33.0%	2.8%	16.8%	Scribner y Warren, 1986
<u>Sylvilagus audubonii</u>	25.0%	4.5%	4.1%	Scribner y Warren, 1986
<u>Ochotona princeps</u>		4.6%		Glover <u>et al.</u> , 1977

Correlación cofenética = 0.940

Similitud

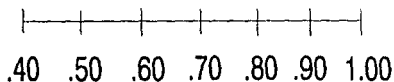
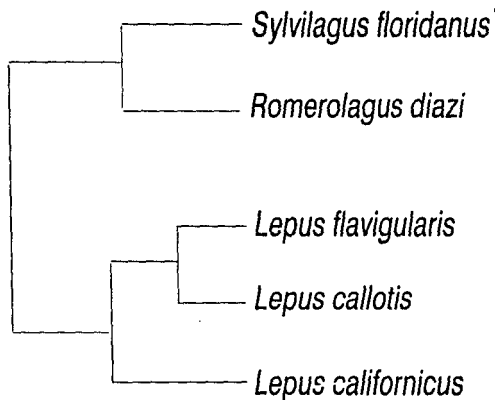


Fig.III.2.- Fenograma de similitud elaborado con un análisis de agrupamiento por el método UPGMA (unweighted pair-group method with arithmetic averaging), mediante el coeficiente de similitud genética de Rogers (1972).

Correlación cofenética = 0.976

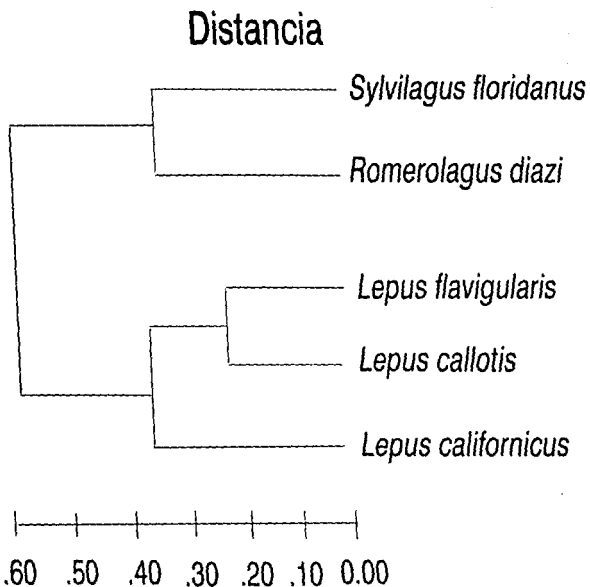


Fig.III.3.- Fenograma de distancia elaborado con un análisis de agrupamiento por el método UPGMA (unweighted pair-group method with arithmetic averaging), mediante el coeficiente de distancia de Cavalli-Sforza y Edwards (1967).

DISCUSION GENERAL

Las relaciones de parentesco de los géneros estudiados se examinaron con distintas técnicas. En los fenogramas resultantes de los estudios morfométrico y electroforético, así como en el estudio cromosómico, se encontró que las tres especies de liebres estudiadas muestran relaciones filéticas similares, es decir, que todas ellas forman un grupo emparentado cercanamente, lo que concuerda con otras clasificaciones (Anderson y Gaunt, 1962; Dixon *et al.*, 1983; Hall, 1981). Se observó que morfométricamente y electroforéticamente, Romerolagus parece estar más estrechamente relacionado con Sylvilagus que con Lepus, sin embargo, los resultados obtenidos en el estudio cromosómico muestran que Romerolagus está más estrechamente relacionado con Lepus que con Sylvilagus.

En el estudio morfométrico la variación encontrada en las diferentes especies se debe principalmente a diferencias en tamaño; el género Lepus es de mayor tamaño, le sigue Sylvilagus y el de menor tamaño es Romerolagus. Dentro de las liebres L. flavigularis es la de mayor talla, siendo más similares entre sí L. californicus y L. callotis. Con base en el estudio cromosómico L. diazi está emparentado más cercanamente con las liebres (Lepus) pues ambas poseen un número cromosómico diploide (2n) idéntico y un patrón similar de bandas cromosómicas G. La cantidad de heterocromatina constitutiva en el genoma de Lepus es menor que en los conejos y dentro de éstos, el de mayor cantidad es Sylvilagus, estando intermedio Romerolagus. Por su cercanía en

el número fundamental (NF), las especies de liebres más estrechamente relacionadas son L. flavigularis y L. callotis que cualquiera de éstas con L. californicus.

Los resultados de electroforesis de proteínas demostraron que la cantidad de diferencia genética entre las cinco especies estudiadas es alta comparada con otras poblaciones de leporidos. La especie más variable genéticamente es L. callotis, mientras que la menos variable es L. flavigularis, encontrándose más relacionada esta especie con L. callotis. Los conejos también se encuentran estrechamente relacionados formando un sólo grupo.

Se puede resumir que los estudios morfométrico y electroforético muestran resultados similares, esto es, que las relaciones de parentesco (a nivel genérico) concuerdan mediante ambas técnicas, pero esto no sucede así con los resultados del estudio citogenético, siendo difícil inclinarse a favor de los resultados de alguna de las técnicas utilizadas en este trabajo, ya que cada una tiene diferentes bases.

Por ejemplo, la técnica morfométrica considera las diferencias puramente craneales, es decir, en cuanto a tamaño y forma de los cráneos entre especies; la técnica citogenética considera las diferencias a nivel cromosómico y los tipos de rearrreglos cromosómicos que han ocurrido en la evolución de las especies y la técnica electroforética toma en cuenta el nivel de la variación protéica por sustituciones de aminoácidos.

Si bien es cierto que con estas técnicas se pueden conocer las relaciones de parentesco entre los taxa, no se puede dar

mayor validez a ninguna de ellas. La diferencia en los resultados se pueden deber al grado de variación en las tasas de cambio (cariotípico, morfológico y aloenzimático) a nivel evolutivo. Por ejemplo, la tasa de evolución cariotípica ha permanecido baja en los géneros Romerolagus y Lepus, dado que no se han producido cambios en el número de sus cromosomas y no ha variado drásticamente aún después de la diversificación de los géneros. En cambio, las tasas de evolución morfológica y aloenzimática han sido altas (en comparación con la evolución cromosómica) en estos géneros, ya que sí han producido cambios a nivel craneal y a nivel de movilidad de proteínas respectivamente, lo que permite diferenciar filogenéticamente a ambos géneros y a relacionar más cercanamente a Romerolagus con Sylvilagus.

Los resultados obtenidos significan que la diferencia morfológica y electroforética no corresponden con la diferencia cromosómica. Las diferencias morfológicas se debieron principalmente a variaciones en el tamaño craneal de los ejemplares examinados. Sin embargo, fue posible detectar variación en la forma craneal entre las especies estudiadas, por medio de análisis multivariados. Aunque se desconoce aún la tendencia evolutiva sobre las variaciones en forma y tamaño craneal en los lagomorfos (por la escasa evidencia de registros fósiles), es probable que la variación en la forma de los mismos sea conservada, es decir, que no ha variado o ha variado muy poco a lo largo de su evolución. Se sabe, por ejemplo, que la evolución morfológica en lepóridos ha sido estable siguiendo

ciertas tendencias evolutivas generales, como el hecho de que el cráneo primitivo era aplanado y cambió a ser arqueado, teniendo un ángulo más grande entre los ejes basicraneal y palatal. El esqueleto postcraneal se ha encaminado más hacia la adaptación de la locomoción cursorial, con un grado máximo de especialización cursorial presentado en las liebres.

La información aloenzimática mostró que las variaciones en la diferenciación genética entre los géneros en estudio son claras y se pueden deber probablemente a diferencias en la tasa de divergencia evolutiva entre los taxa comparados. La tasa de evolución a nivel genético en los lagomorfos es desconocida pero se sabe que las substituciones de aminoácidos en las proteínas se fijan en los organismos como resultado de la selección que actúa sobre la variabilidad génica generada por las mutaciones.

Muchos cambios de nucleótidos pueden ocurrir sin alterar la secuencia de aminoácidos y muchos cambios de aminoácidos pueden ocurrir sin alterar la carga neta de los polipéptidos. Se ha estimado que solamente el 30% de la substitución nucleotídica codifica para aminoácidos con diferentes cargas, por lo que no todas las substituciones de aminoácidos dan como resultado cambios detectables electroforéticamente. Este sesgo junto con probabilidades idénticas en movilidad de bandas puede causar subestimación de los resultados al comparar diferentes proteínas entre las poblaciones (Avise, 1974). Si todas las substituciones de aminoácidos fueran detectables y estuvieran favorecidas por selección natural, se esperaría que los resultados obtenidos

electroforéticamente no sufrieran variación entre las especies estudiadas.

Algunos resultados de este estudio han aportado elementos para el conocimiento de la pauta de evolución cromosómica de los lagomorfos. Sin embargo, se requiere mayor información que la encontrada en el estudio sobre los cambios cromosómicos que han ocurrido dentro de los géneros Romerolagus, Sylvilagus y Lepus, ya que cada uno de estos géneros se encontraba bien establecido desde el Pleistoceno. Se conoce, sin embargo, que existe una tendencia a la reducción del $2n$ causada por rearrreglos cromosómicos del tipo de las fusiones céntricas, a partir de un cariotipo ancestral que presentaba un $2n$ de 48 cromosomas (Güereña et al., 1983).

Probablemente la tasa de evolución cromosómica sea muy baja, ya que la probabilidad de que un rearrreglo cromosómico se fije en una población es pequeña, pues se requiere que la población sea pequeña y que exista poco flujo genético con poblaciones cercanas; además de que el cambio tiene que ser viable en las generaciones futuras, por lo que en los mamíferos no son comunes los polimorfismos cromosómicos.

Las condiciones sociales de liebres y zacatuche podrían haber dificultado también, el establecimiento de reacomodos cromosómicos, por lo que ambos presentan características ancestrales. Por otra parte, las características que se pudieron considerar independientes de las condiciones sociales pueden tener una tasa de mutación, y por ello de evolución más alta.

Los resultados obtenidos satisfacen el objetivo de conocer las relaciones de parentesco entre tres géneros de lepóridos que se encuentran en México y que representan una parte importante de la fauna de nuestro territorio, ya que se cuenta con un 27% del total de las especies de conejos y liebres de todo el mundo. Estas relaciones sistemáticas se obtuvieron mediante estudios morfométricos, citogenéticos y electroforéticos, aunque en el estudio cariotípico, no se identificaron con precisión los rearrreglos cromosómico que pudieran explicar claramente las diferencias cromosómicas entre las especies estudiadas. Por lo tanto, la información más relevante fue aportada por sus atributos cromosómicos con base en el 2n, NF y patrones de bandas cromosómicas C.

Existen, por un lado, estudios morfológicos clásicos previos que demuestran mayor similitud en ciertas características del cráneo y esqueleto postcraneal (detrás del cráneo) entre los géneros Lepus y Sylvilagus que la que existe entre cualquiera de éstos con Romerolagus. Por otro lado, se ha visto que las características reproductivas entre Lepus y Romerolagus son muy semejantes. Por lo que se sugiere que, aunque el zacatuche en apariencia externa es más similar a un conejo, sus características reproductivas y cromosómicas lo hacen más parecido a una liebre.

Aunque las técnicas empleadas en sistemática se refieren exclusivamente a las realizadas mediante análisis fenético en el presente trabajo; otro tipo de análisis que nos puede dar

información de las hipótesis de relaciones de parentesco es el análisis cladístico, en el cual se reconocen estados de caracteres (atributos particulares) ancestrales y derivados de cualquier taxa, mediante el uso de un grupo externo, el cual es un grupo relacionado estrechamente, que idealmente debería ser el ancestro del grupo estudiado (Baverstock et al., 1979).

Dado que los resultados cromosómicos y morfométricos obtenidos no fueron concordantes, puede ser de gran utilidad abordar etapas progresivas de la evolución morfológica y cromosómica dentro de los lagomorfos que puedan ayudar a conocer ampliamente sus relaciones de parentesco. Por ejemplo, sería importante considerar ejemplares de diferentes tamaños que pertenezcan a especies relacionadas, como el caso de Sylvilagus cunicularius, el cual es de tamaño grande (parecido a las liebres) y con un $2n$ de 42, así como ejemplares de otro género de conejo silvestre como lo es Oryctolagus cuniculus, que aunque su tamaño es grande, su $2n$ de 44 es intermedio entre las especies estudiadas en este trabajo.

Además, sería importante emplear como complemento, otras técnicas que han sido utilizadas para elaborar relaciones filogenéticas, como lo es el estudio de la divergencia en los patrones de la secuencia de nucleótidos en el ADN nuclear y mitocondrial (Hillis et al., 1990). Los estudios paleontológicos en los lepóridos pueden aportar, también, información relevante para complementar el conocimiento de las relaciones filogenéticas entre los mismos, aunque los hallazgos de fósiles en este grupo

han sido escasos.

Sería necesario, también, tomar en cuenta otros géneros que se han considerado primitivos y a su vez filogenéticamente próximos como son Pronolagus (distribuido en Sudafrica) y Pentalagus (distribuido en la isla Amami en Japón), que junto con Romerolagus son considerados dentro de la subfamilia Palaeolaginae (Corbet, 1983).

El cariotipo del conejo de Amami (Pentalagus furnesi) presenta un 2n de 46, pero el estudio se basó únicamente en un ejemplar macho (Van der Loo et al., 1981). El conocer los cariotipos en conjunto de estos géneros primitivos permitiría tener un panorama más claro de las relaciones sistemáticas de las especies examinadas en este estudio y del grupo en general.

Se espera que los resultados de este trabajo sirvan como pauta para generar el interés por el conocimiento de las especies de lepóridos, en especial, las que se encuentran en áreas de distribución restringida y son endémicas de México, considerándose algunas de ellas como raras, amenazadas o en peligro de extinción. Asimismo, se espera que ayude a incrementar los esfuerzos para promover el conocimiento y el consecuente aprovechamiento y protección de una parte importante de la fauna silvestre mexicana como son los lagomorfos, ya que para conservarla es necesario comprender, antes que nada, cómo viven las comunidades que la integran.

CONCLUSIONES GENERALES

Los estudios morfométrico y aloenzimáticos mostraron que Romerolagus está más estrechamente relacionado con Sylvilagus que con Lepus, mientras que el estudio cromosómico mostró que Romerolagus está más estrechamente relacionado con Lepus que con Sylvilagus. Las tres especies de liebres estudiadas están cercanamente emparentadas, esto es, muestran relación filética similar mediante las tres técnicas utilizadas. Los resultados obtenidos muestran que la diferencia morfológica y aloenzimática no corresponden con la diferencia cromosómica.

Aunque faltan resultados para entender claramente las pautas de evolución morfológica, cromosómica y aloenzimática de los lagomorfos, es probable que cada una siga ciertas tendencias, como se ha visto en este estudio. Para complementar los resultados de este trabajo y poder facilitar su interpretación, es recomendable considerar otras herramientas que puedan ayudar a esclarecer las relaciones sistemáticas del grupo, como estudios de divergencia en los patrones del ADN, paleontológicos, así como estudiar otras especies de lepóridos considerando géneros primitivos.

Es necesario realizar estudios sobre la biología en general de nuestra fauna que ayuden al conocimiento y conservación de las especies en un futuro cercano.

LITERATURA CITADA

- Anderson, S. y A. S. Gaunt. 1962. A Classification of the White-sided Jack Rabbits of Mexico. American Museum Novitates. 2088:1-15.
- Angermann, R., J. E. C. Flux, J. A. Chapman y A. T. Smith. 1990. Lagomorph Classification. Pp. 7-13, in Rabbits, Hares and Pikas. Status Survey and Conservation Action Plan (J. A. Chapman y J. E. C. Flux, eds.). IUCN/SSC Lagomorph Specialist Group. Gland, Switzerland. 168 pp.
- Arakaki, D. T., y R. S. Sparkes. 1963. Microtechnique for culturing leukocytes from whole blood. Cytogenetics, 2:57-60.
- Arrighi, F. E., y T. C. Hsu. 1971. Localization of heterocromatin in human chromosomes. Cytogenetics, 10:81-86.
- Awise, J. C. 1974. Systematic value of electrophoretic data. Systematic Zoology. 23(4):465-481.
- Baker, A. J., R. L. Paterson, J. L. Eger y T. H. Manning. 1978. Statistical analysis of geographic variation in the skull of the arctic hare (Lepus arcticus). Canadian Journal of Zoology, 56:2067-2082.
- Baker, R. J., M. B. Qumsiyeh y C. S. Hood. 1987. Role of chromosomal banding patterns in understanding mammalian evolution. Pp. 67-95, in Current Mammalogy (H. H. Genoways, ed.), Vol. 1. Plenum Publishing Corporation, U. S. A.
- Baverstock, P. R., S. R. Cole, B. J. Richardson y Ch. H. S.

- Watts. 1979. Electrophoresis and Cladistics. *Systematic Zoology*. 28(2):214-219.
- Bush, G. L., S. M. Case, A. C. Wilson y J. L. Patton. 1977. Rapid speciation and chromosomal evolution in mammals. *Proceedings of Natural Academy of Sciences*. 74:3942-3946.
- Cavalli-Sforza A. W. y F. Edwards. 1967. Phylogenetic analysis: models and estimation procedures. *Evolution*, 21:550-570.
- Ceballos, G. G., y C. L. Galindo. 1984. *Mamíferos Silvestres de la Cuenca de México*. Ed. Limusa. México. 299 pp.
- Cervantes, F. A., C. Lorenzo y R. S. Hoffmann. 1990. Romerolagus diazi. *Mammalian Species*, 360:1-7.
- Cervantes, F. A., C. Lorenzo, S. T. Alvarez-Castañeda, A. Rojas y J. Vargas. Chromosomal study of the San Jose Brush Rabbit (Sylvilagus mansuetus) from Mexico. *The Southwestern Naturalist*. Enviado a publicación.
- Chapman, J. A., y R. P. Morgan II. 1973. Systematic status of the cottontail complex in western Maryland and nearby West Virginia. *Wildlife Monography*, 36. 54 pp.
- Chapman, J. A., y G. Ceballos. 1990. The Cottontails. Pp. 95-110, in Rabbits, Hares and Pikas. Status Survey and Conservation Action Plan (J. A. Chapman y J. E. C. Flux, eds.). IUCN/SSC Lagomorph Specialist Group Gland, Switzerland. 168 pp.
- Chapman, J. A., y J. E. C. Flux. 1990. Chapter 1:Introduction and Overview of the Lagomorphs. Pp. 1-6, in Rabbits, Hares and Pikas. Status Survey and Conservation Action Plan (J. A.

- Chapman y J. E. C. Flux, eds.). IUCN/SSC Lagomorph Specialist Group Gland, Switzerland. 168 pp.
- Corbet, G. B. 1983. A review of classification in the family Leporidae. Acta Zoologica Fennica, 174:11-15.
- Cothran, E. G., y M. H. Smith. 1983. Chromosomal and genic divergence in mammals. Systematic Zoology, 32(4):360-368.
- Dawson, M. R. 1981. Evolution of the modern lagomorphs. Pp. 1-8, in Proceeding of the World Lagomorph Conference (K. Myers y C. D. MacInnes, eds.). University of Guelph, Guelph, Canada, 983 pp.
- DeBlase, A. F., y R. E. Martin. 1981. A Manual of Mammalogy with keys to families of the world. Brown Company Publishers. Dubuque, Iowa. U.S.A. 436 pp.
- deGrouchy, J., y C. Turleau. 1977. Clinical Atlas of Human Chromosomes. John Wiley and Sons, New York, U.S.A. p. 270-271.
- 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. 872 pp.
- Diersing, V. E. 1981. Systematic status of Sylvilagus brasiliensis and S. insonus from North America. Journal of Mammalogy, 62(3):539-556.
- 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.

- Dixon, K. R., J. A. Chapman, G. R. Willner, D. E. Wilson y W. Lopez-Forment. 1983. The New World jackrabbits and hares (genus Lepus).-2. Numerical taxonomic analysis. Acta Zoologica Fennica, 174:53-56.
- Fa., J. E. y D. J. Bell. 1990. The volcano rabbit Romerolagus diazi. Pp. 143-146, in Rabbits, Hares and Pikas. Status Survey and Conservation Action Plan (J. A. Chapman y J. E. C. Flux, eds.). IUCN/SSC Lagomorph Specialist Group. Gland, Switzerland. 168 pp.
- Flux, J. E. C. y R. Angermann. 1990. The hares and jackrabbits. Pp. 61-94, in Rabbits, Hares and Pikas. Status Survey and Conservation Action Plan (J. A. Chapman y J. E. C. Flux, eds.). IUCN/SSC Lagomorph Specialist Group Gland, Switzerland. 168 pp.
- Glover, D. G., M. H. Smith y L. Ames. 1977. Genetic variation in pikas populations. Canadian Journal of Zoology, 55:1841-1845.
- González, F. X. G. 1992. Comparación cromosómica entre el conejo zacatuche, Romerolagus diazi y la liebre torda, Lepus callotis (Mammalia:Lagomorpha). Tesis Licenciatura. Facultad de Ciencias, UNAM. 52 pp.
- González, F. X. y F. A. Cervantes. The chromosomes of the white-sided jackrabbit (Lepus callotis) from Mexico. The Southwestern Naturalist.
- Gúereña, G. L., M. Uribe-Alcocer y F. A. Cervantes-Reza. 1983. Estudio cromosómico del conejo tropical (Sylvilagus

- brasiliensis). Mammalian Chromosomes Newsletter, 23(4):157-161.
- Hall, E. R. 1981. The mammals of North America. 2a. ed. John Wiley and Sons, New York, U.S.A. 1:1-606+90.
- Harris H. y D. A. Hopkinson. 1976. Handbook of enzyme electrophoresis in human genetics. American Elsevier Publishing Company, Inc., New York.
- Hartl, G. B., F. Suchentrunk, K. Nadlinger y R. Willing. 1993. An integrative analysis of genetic differentiation in the brown hare Lepus europaeus based on morphology, allozymes, and mitochondrial DNA. Acta Theriologica 38, Suppl. 2:33-57.
- Hibbard, C. W. 1963. The origin of the P₃ pattern of Sylvilagus, Caprolagus, Oryctolagus and Lepus. Journal of Mammalogy, 44(1):1-15.
- Hillis, D. M. A. Larson, S. K. Davis y E. A. Zimmer. 1990. Nucleic Acids III: Sequencing. p. 138-370 in Molecular Systematics (Hillis, D. M. y C. Moritz, eds.). Sinauer Associates, INC. Publishers. Sunderland, Massachusetts, U. S. A. 588 pp.
- Hoffmeister, D. F., y E. G. Zimmerman. 1967. Growth of the skull in the cottontail (Sylvilagus floridanus) and its application to age determination. American Midland Naturalist, 78:198-206.
- Holden, E. H., y H. S. Eabry. 1970. Chromosomes of Sylvilagus floridanus and Sylvilagus transitionalis. Journal of Mammalogy, 51(1):166-168.

- 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 K. Benirschke. 1971. The karyotype of Lepus townsendii. An atlas of mammalian chromosomes. Vol. 5. Folio 211. Springer-Verlag. Nueva York.
- Leopold, S. 1977. Fauna silvestre de México. 2a. ed. Pax-México e Instituto Mexicano de Recursos Naturales Renovables. México. p. 391-410.
- Levan, A., K. Fredga y A. Sandberg. 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. Hereditas, 52:201-220.
- Lewis, A. E. 1975. Bioestadística. Compañía Editorial Continental, S.A. México. 279 pp.
- López-Forment, W. y F. Cervantes-Reza. 1981. Preliminary observations on the ecology of Romerolagus diazi in Mexico. Pp. 949-955, in Proceedings of the world lagomorph conference (K. Myers and C. D. MacInnes, eds.). University of Guelph, Guelph, Ontario, 983 pp.
- Lorenzo, C., F. A. Cervantes y M. A. Aguilar. 1993. The chromosomes of some Mexican cottontail of the genus Sylvilagus. Pp. 129-136, in Avances de la Mastozoología en México (G. Ceballos y R. Medellín, eds.). Asociación Mexicana de Mastozoología, A. C. México, D. F., 464 pp.
- Moorhead, P. S., P. C. Nowell, W. J. Mellman, D. M. Battips y D. A. Hungerford. 1960. Chromosome preparation of leukocytes cultured from human peripheral blood. Experimental Cell

- Research, 20613-616.
- Morgan, R. P. y J. A. Chapman. 1981. Serum proteins of the Sylvilagus complex. Pp. 64-72, in Proceedings of the World Lagomorph Conference (K. Myers y C. D. MacInnes, eds.). University of Guelph, Guelph, Ontario, 983 pp.
- Murphy, R. W., J. W. Sites, Jr., D. G. Buth y Ch. H. Haufler. 1990. Proteins I: Isozyme Electrophoresis. Pp. 45-126, in Molecular Systematics (Hillis, D. M. y C. Moritz, eds.). Sinauer Associates, INC. Publishers. Sunderland, Massachusetts, U. S. A. 588 pp.
- Naranjo, C. A., L. Poggio y P. E. Brandham. 1983. A practical method of chromosome classification on the basis of centromere position. *Genetica*, 62:51-53.
- Nagorsen, D. W. 1985. A morphometric study of geographic variation in the snowshoe hare (Lepus americanus). *Canadian Journal of Zoology*, 63:567-579.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89:583-590.
- Nelson, E. W. 1909. The rabbits of North America. *North American Fauna*, 29:9-287.
- Richardson, B. J., P. M. Rogers y G. M. Hewitt. 1980. Ecological Genetics of the Wild Rabbit in Australia, II. Protein Variation in British, French and Australian Rabbits and the Geographical Distribution of the Variation in Australia. *Australian Journal of Biological Sciences*,

33:371-383.

- Robinson, T. J. 1980. Comparative chromosomes studies in the family Leporidae (Lagomorpha, Mammalia). *Cytogenetic and Cell Genetic*, 28:64-70.
- Robinson, T. J. 1981. Chromosome homologies in South African Lagomorphs. Pp. 56-63, in *Proceedings of the World Lagomorph conference* (K. Myers y C. D. MacInnes, eds.). University of Guelph, Guelph, Ontario, 983 pp.
- Robinson, T. J., G. 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. *Canadian Journal of Genetic and Cytology*, 23:469-474.
- Robinson, T. J., F. F. B. Elder y J. A. Chapman. 1983a. Karyotypic conservatism in the genus Lepus (Order Lagomorpha). *Canadian Journal of Genetic and Cytology*, 25:540-544.
- Robinson, T. J., F. F. B. Elder y J. A. Chapman. 1983b. Evolution of chromosomal variation in cottontails, genus Sylvilagus (Mammalia:Lagomorpha): S. aquaticus, S. floridanus, and S. transitionalis. *Cytogenetic and Cell Genetic*, 35:216-222.
- Robinson, T. J. y R. Osterhoff. 1983. Protein variation and its systematic implications for the South African Leporidae (Mammalia: Lagomorpha). *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics*, 14:139-149.

- 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. Cytogenetic and Cell Genetic, 38:282-289.
- Robinson, T. J., y N. J. Dippenaar. 1987. Morphometrics of the South African Leporidae. II: Lepus Linnaeus, 1758, and Bunolagus Thomas, 1929. Annals Transvaal Museum, 34:379-404.
- Rogers, J. S. 1972. Measures of genetic similarity and genetic distance. Studies in Genetics VII, The University of Texas Publications, 7213:145-153.
- Rojas, P. 1951. Estudio biológico del conejo de los volcanes (género Romerolagus) (Mammalia:Lagomorpha). Tesis de Licenciatura. Universidad Nacional Autónoma de México. México. 71 pp.
- Rojas, V. 1996. Comparación cromosómica entre la liebre negra, Lepus insularis y la liebre cola negra, Lepus californicus (Lagomorpha:Leporidae) de Baja California Sur. Tesis de Licenciatura. Universidad Autónoma de Puebla. 61 pp.
- Rohlf, F. J. 1989. NTSYS-pc. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. Version 1.5. Exeter Publishing, LTD. Setauket, New York, 11-15 pp.
- Ruedas, L. A., R. C. Dowler y E. Aita. 1989. Chromosomal variation in the New England cottontail Sylvilagus transitionalis. Journal of Mammalogy, 70:860-864.

- Schröder J., H. Suomalainen, W. Van der Loo y E. Schröder. 1978. Karyotype in lymphocytes of two strains of rabbit and two species of hare. *Hereditas*. 88:183-188.
- Schröder J. J. A. y W. Van der Loo. 1979. Comparison of the karyotypes in the Jack rabbit (*Lepus californicus deserticola*) and the European hare (*Lepus europaeus*). *Hereditas*, 89:134-135.
- Scribner, K. T. y R. J. Warren. 1986. Electrophoretic and morphologic comparisons of *Sylvilagus floridanus* and *S. auduboni* in Texas. *The Southwestern Naturalist*, 31:65-71.
- Seabright, M. 1971. A rapid banding technique for human chromosomes. *Lancet*, 2:291-292.
- Sessions, S. K. 1990. Chromosomes:Molecular Cytogenetics. Pp. 156-203, in *molecular Systematics* (Hillis, D. M. y C. Moritz, eds.). Sinauer Associates Inc. Publishers. Sunderland, Massachusetts, U. S. A. 588 pp.
- Smith, A. T. 1995. Lagomorph Specialist Group. Species. Newsletter of the Species Survival Commission. IUCN. The World Conservation Union. No. 24.
- Statistical Analysis System Institute Ins. 1988. SAS user's guide: Statistics. SAS Institute Inc., Cary, North Carolina. pp. 956.
- Stock, A. D. 1976. Chromosome banding pattern relationships of hare, rabbits, and pikas (Order Lagomorpha). A phyletic interpretation. *Cytogenetic and Cell Genetic*, 17:78-88.
- Summer, A. T., H. J. Evans y R. Buckland. 1971. New technique

- for distinguishing between human chromosomes. *Nature New Biology*, 232:31-32.
- Swofford, D. L. y R. B. Selander. 1989. Biosys-1. A computer program for the analysis of allelic variation in population genetics and biochemical systematics. Release 1.7. Department of Genetics and Development, University of Illinois, Urbana, Illinois. 65 pp.
- Taylor, J., L. Freedman, T. J. Olivier y J. McCluskey. 1977. Morphometric distances between Australian Wild Rabbit Populations. *Australian Journal of Zoology*, 25:721-732.
- Uribe-Alcocer, M. 1977. Estudios citogenéticos de algunas especies de roedores y lagomorfos de México. Tesis Doctoral. Facultad de Ciencias, UNAM. 169 pp.
- Uribe-Alcocer, M., S. García-Rey y A. Laguarda-Figueras. 1975. Chromosomes analysis of Romerolagus diazi (Díaz). *Mammalian Chromosomes Newsletter*, 16(3):116-117.
- Uribe-Alcocer, M., F. A. Cervantes, C. Lorenzo-Monterrubicio y L. Güereña-Gándara. 1989. Karyotype of the tropical hare (Lepus flavigularis, Leporidae). *The Southwestern Naturalist*, 34(2):304-306.
- Van Den Bussche, R. A., M. J. Hamilton, R. K. Chesser y K. T. Scribner. 1987. Genetic differentiation among cottontails from isolated playa basins. *Genetica*, 75:153-157.
- 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. y C. Hamers-Casterman. 1981. Genetic polymorphisms of the immunoglobulin heavy chain in Romerolagus diazi. Pp. 17-27, in Proceedings of the World Lagomorph conference (K. Myers y C. D. MacInnes, eds.). University of Guelph, Guelph, Ontario, 983 pp.
- Van der Loo, W., A. James y J. Schröder. 1981. Chromosome evolution in Leporid. Pp. 28-36, in Proceedings of the World Lagomorph conference (K. Myers y C.D. MacInnes, eds.). University of Guelph, Guelph, Ontario, 983 pp.
- Vargas, J. C. 1992. Comparación morfométrica entre el conejo zacatuche Romerolagus diazi, el conejo castellano Sylvilagus floridanus y el conejo del desierto S. audubonii (Mammalia:Lagomorpha). Tesis de Licenciatura, Facultad de Ciencias, UNAM. 74 pp.
- Weir, B. S. 1990. Intraspecific differentiation. pp. 373-410 in Molecular Systematics. (D. M. Hillis y C. Moritz, eds.). Sinauer Associates, Inc. Publishers, Sunderland, Massachusetts, U. S. A., 588 pp.
- Worthington, D. H. 1970. The karyotype of the brush rabbit Sylvilagus bachmani. Mammalian Chromosomes Newsletter, 11:21-22.
- Worthington, D. H. y D. A. Sutton. 1966. Chromosome number and analysis in three species of Leporidae. Mammalian Chromosomes Newsletter, 22:194.
- Zar, J. H. 1974. Biostatistical Analysis. Prentice-Hall, Inc., U.S.A. 620 pp.

LISTA DE CUADROS

Página

- I.1.- Variables craneales medidas para la comparación morfométrica entre Lepus californicus, L. callotis, L. flavigularis, Sylvilagus floridanus y Romerolagus diazi de México, según Diersing y Wilson (1980) y Robinson y Dippenaar (1987). 39
- I.2.- Variación morfométrica debida a la edad en Romerolagus diazi descrita por medio de un análisis de varianza y la prueba de medias múltiples de Duncan, incluyendo machos y hembras. Las variables y categorías de edad se definen en el texto. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); Duncan=estadístico de Duncan, los promedios con la misma letra indican que no presentan diferencias significativas entre sí; P=probabilidad; F=estadístico de F; *=variables cuya diferencia no es significativa. 40
- I.3.- Variación morfométrica debida a la edad en Sylvilagus floridanus descrita por medio de un análisis de varianza y la prueba de medias múltiples de Duncan, incluyendo machos y hembras. Las variables y categorías de edad se definen en el texto. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); Duncan=estadístico de Duncan, los promedios con la misma letra indican que no presentan diferencias significativas entre sí; P=probabilidad; F=estadístico de F; *=variables cuya diferencia no es significativa. 44
- I.4.- Variación morfométrica debida a la edad en Lepus callotis descrita por medio de un análisis de varianza y la prueba de medias múltiples de Duncan, incluyendo machos y hembras. Las variables y categorías de edad se definen en el texto. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); Duncan=estadístico de Duncan, los promedios con la misma letra indican que no presentan diferencias significativas entre sí; P=probabilidad; F=estadístico de F; *=variables cuya diferencia no es significativa. 48
- I.5.- Variación morfométrica debida a la edad en Lepus californicus descrita por medio de un análisis de varianza y la prueba de medias múltiples de Duncan, incluyendo machos y hembras. Las variables y categorías de edad se definen en

el texto. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); Duncan=estadístico de Duncan, los promedios con la misma letra indican que no presentan diferencias significativas entre sí; P=probabilidad; F=estadístico de F; *=variables cuya diferencia no es significativa.

52

I.6.- Variación morfométrica debida a la edad en Lepus flavivularis descrita por medio de un análisis de varianza y la prueba de medias múltiples de Duncan, incluyendo machos y hembras. Las variables y categorías de edad se definen en el texto. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); Duncan=estadístico de Duncan, los promedios con la misma letra indican que no presentan diferencias significativas entre sí; P=probabilidad; F=estadístico de F; *=variables cuya diferencia no es significativa.

55

I.7.- Variación morfométrica debida al sexo en Romerolagus diazi descrita por medio de análisis de varianza con la prueba no paramétrica de WILCOXON, incluyendo sólo edad 4. Las variables y las categorías de edad se definen en el texto. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); Z=estadístico de Z; P=probabilidad. * = variables cuya diferencia si es significativa.

58

I.8.- Variación morfométrica debida al sexo en Sylvilagus floridanus descrita por medio de análisis de varianza con la prueba no paramétrica de WILCOXON, incluyendo edad 3 y 4. Las variables y las categorías de edad se definen en el texto. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); Z=estadístico de Z; P=probabilidad. * = variables cuya diferencia si es significativa.

61

I.9.- Variación morfométrica debida al sexo en Lepus callotis descrita por medio de análisis de varianza con la prueba no paramétrica de WILCOXON, incluyendo edad 3 y 4. Las variables y las categorías de edad se definen en el texto. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); Z=estadístico de Z; P=probabilidad. * = variables cuya diferencia si es significativa.

64

I.10.- Variación morfométrica debida al sexo en Lepus californicus descrita por medio de análisis de varianza con la prueba no paramétrica de

- WILCOXON, incluyendo edad 3 y 4. Las variables y las categorías de edad se definen en el texto. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); Z=estadístico de Z; Pr=probabilidad. * = variables cuya diferencia si es significativa. 67
- I.11.- Variación morfométrica debida al sexo en Lepus flavigularis descrita por medio de análisis de varianza con la prueba no paramétrica de WILCOXON, incluyendo edad 3 y 4. Las variables y las categorías de edad se definen en el texto. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); Z=estadístico de Z; Pr=probabilidad. * = variables cuya diferencia si es significativa. 70
- I.12.- Variación de las medidas somáticas y craneales de Romerolagus diazi, para la categoría de edad 4 incluyendo machos y hembras. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); **=variables cuyo C.V. es mayor al 10%. 73
- I.13.- Variación de las medidas somáticas y craneales de Sylvilagus floridanus, para las categorías de edad 3 y 4 incluyendo machos y hembras. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); **=variables cuyo C.V. es mayor al 10%. 74
- I.14.- Variación de las medidas somáticas y craneales de Lepus callotis, para las categorías de edad 3 y 4 incluyendo machos y hembras. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); **=variables cuyo C.V. es mayor al 10%. 75
- I.15.- Variación de las medidas somáticas y craneales de Lepus californicus, para las categorías de edad 3 y 4 incluyendo machos y hembras. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); **=variables cuyo C.V. es mayor al 10%. 76
- I.16.- Variación de las medidas somáticas y craneales de Lepus flavigularis, para las categorías de edad 3 y 4 incluyendo machos y hembras. N=número de individuos; C.V.=coeficiente de variación (%); **=variables cuyo C.V. es mayor al 10%. 77

I.17.- Variación de las medidas craneales y somáticas promedio para cada una de las especies, incluyendo categorías de edad 3 y 4. 78

I.18.- Análisis de componentes principales para Romerolagus diazi para la categoría de edad 4, Sylvilagus floridanus, Lepus flavigularis, L. callotis y L. californicus para las categorías de edad 3 y 4, incluyendo machos y hembras, en el cual se muestra la proporción que tiene cada uno de los componentes para explicar las diferencias entre especies. 79

I.19.- Conjunto de variables de los tres primeros componentes principales, resultado del análisis de componentes principales para Romerolagus diazi para la categoría de edad 4, Sylvilagus floridanus, Lepus flavigularis, L. callotis y L. californicus para las categorías de edad 3 y 4, basado en las 29 variables craneales, incluyendo machos y hembras. *=variables que explican el mayor porcentaje de variación. 80

I.20.- Análisis de función discriminante para Romerolagus diazi para la categoría de edad 4, Sylvilagus floridanus, Lepus flavigularis, L. callotis y L. californicus para las categorías de edad 3 y 4, en el cual se muestra la proporción de ejemplares diferenciados (denominador) con respecto del total examinado (numerador), basado en las 29 variables craneales, incluyendo machos y hembras. A=Romerolagus diazi; B=Lepus californicus; C=Lepus flavigularis; D=Lepus callotis; E=Sylvilagus floridanus. 81

I.21.- Análisis canónico en Romerolagus diazi para la categoría de edad 4, Sylvilagus floridanus, Lepus flavigularis, L. callotis y L. californicus para las categorías de edad 3 y 4, en el cual se muestra la distancia cuadrada generalizada existente entre las cinco especies, basado en las 29 variables craneales, incluyendo machos y hembras. A=Romerolagus diazi; B=Lepus californicus; C=Lepus flavigularis; D=Lepus callotis; E=Sylvilagus floridanus. 82

I.22.- Discriminantes múltiples para las 29 variables craneales usando análisis canónico, en donde se compararon individuos de Romerolagus diazi de la categoría de edad 4, Sylvilagus floridanus, Lepus flavigularis, L. callotis y L. californicus de las categorías de edad 3 y 4, incluyendo machos y hembras. CAN1=variable canónica 1; CAN2=variable

canónica 2; *=variables cuyo valor es mayor a 0.97.	83
II.1.- Número cromosómico de las especies de lagomorfos de México (tomado de Leopold, 1977; Hall, 1981). $2n$ = número cromosómico diploide.	121
II.2.- Diferencias en la clasificación cromosómica en tres de las especies estudiadas.	122
II.3.- Valores absolutos promedio (dado en mm; donde 1 mm corresponde a 0.052μ del tamaño real del cromosoma) de los brazos cromosómicos del conejo zacatuche <u>Romerolagus diazi</u> .	123
II.4.- Valores relativos promedio de los brazos cromosómicos del conejo zacatuche <u>Romerolagus diazi</u> .	124
II.5.- Valores absolutos promedio (dado en mm; donde 1 mm corresponde a 0.052μ del tamaño real del cromosoma) de los brazos cromosómicos del conejo <u>Sylvilagus floridanus</u> .	125
II.6.- Valores relativos promedio de los brazos cromosómicos del conejo <u>Sylvilagus floridanus</u> .	126
II.7.- Valores absolutos promedio (dado en mm; donde 1 mm corresponde a 0.052μ del tamaño real del cromosoma) de los brazos cromosómicos de la liebre <u>Lepus flavigularis</u> .	127
II.8.- Valores relativos promedio de los brazos cromosómicos de la liebre <u>Lepus flavigularis</u> .	128
II.9.- Valores absolutos promedio (dado en mm; donde 1 mm corresponde a 0.052μ del tamaño real del cromosoma) de los brazos cromosómicos de la liebre <u>Lepus californicus</u> .	129
II.10.- Valores relativos promedio de los brazos cromosómicos de la liebre <u>Lepus californicus</u> .	130
II.11.- Valores absolutos promedio (dado en mm; donde 1 mm corresponde a 0.052μ del tamaño real del cromosoma) de los brazos cromosómicos de la liebre <u>Lepus callotis</u> .	131
II.12.- Valores relativos promedio de los brazos cromosómicos de la liebre <u>Lepus callotis</u> .	132
II.13.- Números cromosómicos diploides ($2n$),	

números fundamentales (NF) y clasificación cromosómica de las especies estudiadas.	133
III.1.- Soluciones amortiguadoras, enzimas con el número establecido por la International Union of Biochemistry y la Enzyme Commission (E.C.) y tejidos utilizados en <u>Romerolagus diazi</u> , <u>Sylvilagus floridanus</u> , <u>Lepus flavigularis</u> , <u>L. californicus</u> y <u>L. callotis</u> de México. H = Hígado; C,R = Corazón y Riñón.	173
III.2.- Tipos de alelos por locus en <u>Romerolagus diazi</u> , <u>Sylvilagus floridanus</u> , <u>Lepus flavigularis</u> , <u>L. californicus</u> y <u>L. callotis</u> de México. Los siguientes loci están acomodados por columnas: GOT-1 GOT-2 MDH-1 MDH-2 ICD-1 ICD-2 LDH-1 LDH-2 SDH SOD ALB ME-1 ME-2 6PGD PGM-1 PGM-2 a-GPD NP FDP GDH HK CK ACP GPI G6PDH ADH LAP PEP-A PEP-C PEP-B PEP-D. 0 = locus sin registro.	175
III.3.- Frecuencias alélicas de 31 loci en <u>Sylvilagus floridanus</u> (Sf), <u>Romerolagus diazi</u> (Rd), <u>Lepus flavigularis</u> (Lf), <u>Lepus callotis</u> (Lc1), <u>Lepus californicus</u> (Lc2) de México. n = número de individuos.	178
III.4.- Variabilidad genética en 31 loci pertenecientes a <u>Sylvilagus floridanus</u> (Sf), <u>Romerolagus diazi</u> (Rd), <u>Lepus flavigularis</u> (Lf), <u>L. callotis</u> (Lc1) y <u>L. californicus</u> (Lc2) de México. Sp= especie. El error estandar se encuentra entre paréntesis.	181
III.5.- Valores del estadístico F de Wright para cada locus en <u>Sylvilagus floridanus</u> , <u>Romerolagus diazi</u> , <u>Lepus flavigularis</u> , <u>L. californicus</u> y <u>L. callotis</u> de México. La estimación de la significancia de F_{st} es indicada por los valores de Chi-cuadrada (χ^2). * = Alelos significativamente diferentes de los valores esperados ($p \leq 0.05$); G.L. = grados de libertad.	182
III.6.- Matriz de similitud genética y coeficientes de distancia de <u>sylvilagus floridanus</u> (Sf), <u>Romerolagus diazi</u> (Rd), <u>Lepus flavigularis</u> (Lf), <u>Lepus callotis</u> (Lc1), y <u>Lepus californicus</u> (Lc2) de México. Abajo de la diagonal corresponde a la similitud genética de Rogers (1972) y arriba a la distancia genética de Cavalli-Sforza y Edwards (1967).	183

III.7.- Porcentaje de loci polimórficos (P), heterocigosidad media (H) y valores del estadístico F (F_{ST}) en diferentes especies de lepidóidos.

184

LISTA DE FIGURAS

	Página
1.- Distribución geográfica de <u>Sylvilagus floridanus</u> en México (Hall, 1981).	8
2.- <u>Sylvilagus floridanus</u> (Fotografía de J. Harris).	9
3.- Distribución geográfica de <u>Lepus californicus</u> y <u>Romerolagus diazi</u> en México (Hall, 1981).	10
4.- <u>Lepus californicus</u> (Fotografía de M. Barrs).	11
5.- Distribución geográfica de <u>Lepus callotis</u> y <u>Lepus flavivularis</u> en México (Hall, 1981).	12
6.- <u>Lepus callotis</u> (Fotografía de M. Fogden).	13
7.- <u>Lepus flavivularis</u> (Fotografía de F. Cervantes).	14
8.- <u>Romerolagus diazi</u> (Fotografía de J. Harris).	15
I.1.- Vista posterior del cráneo de <u>Sylvilagus floridanus</u> donde se muestra la evolución de la sutura exoccipital-supraoccipital (mediante flechas) de acuerdo a cuatro categorías de edad (Hoffmeister y Zimmerman, 1967).	84
I.2a.- Medidas craneales de <u>Sylvilagus floridanus</u> (Diersing, 1981). Vista lateral. Ver texto para explicación.	85
I.2b.- Continuación. Vista dorsal.	86
I.2c.- Continuación. Vista ventral.	87
I.2d.- Continuación. Vista lateral de la mandíbula y vista frontal del cráneo.	88
I.3.- Análisis de componentes principales basados en 29 variables craneales para machos y hembras de edades 3 y 4. COMP1 = Componente principal 1; COMP2 = Componente principal 2.	89
I.4.- Análisis de componentes principales basados en 29 variables craneales para machos y hembras de edades 3 y 4. COMP2 = Componente principal 2; COMP3 = Componente principal 3.	90

1.5.- Análisis canónico para machos y hembras de edades 3 y 4. CAN1 = Variable canónica 1, CAN2 = Variable canónica 2.	91
1.6.- Fenograma de distancia elaborado mediante análisis de cluster en el que se usó el procedimiento UPGMA (unweighted pair-group method with arithmetic averaging).	92
II.1.- Cariotipo convencional del conejo zacatuche (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subteloacéntricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales).	134
II.2.- Idiograma del conejo zacatuche, <u>Romerolagus diazi</u> (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subteloacéntricos, t = cromosomas telocéntricos).	135
II.3.- Bandas cromosómicas G del conejo zacatuche (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subteloacéntricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales).	136
II.4.- Bandas cromosómicas C del conejo zacatuche (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subteloacéntricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales).	137
II.5.- Cariotipo convencional del conejo castellano (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, XY = cromosomas sexuales).	138
II.6.- Idiograma del conejo <u>Sylvilagus floridanus</u> (m = cromosomas metacéntricos; sm = cromosomas submetacéntricos).	139
II.7.- Bandas cromosómicas G del conejo castellano (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, XY = cromosomas sexuales).	140
II.8.- Bandas cromosómicas C del conejo castellano (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, XY = cromosomas sexuales).	141
II.9.- Cariotipo convencional de la liebre tropical (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subteloacéntricos,	

- t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales). 142
- II.10.- Idiograma de la liebre Lepus flavigularis (m = cromosomas metacéntricos; sm = cromosomas submetacéntricos; st = cromosomas subtlocétricos; t = cromosomas telocéntricos). 143
- II.11.- Bandas cromosómicas G de la liebre tropical (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subtlocétricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales). 144
- II.12.- Bandas cromosómicas C de la liebre tropical (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subtlocétricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales). 145
- II.13.- Cariotipo convencional de la liebre cola negra (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subtlocétricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales). 146
- II.14.- Idiograma de la liebre Lepus californicus (m = cromosomas metacéntricos; sm = cromosomas submetacéntricos; st = cromosomas subtlocétricos; t = cromosomas telocéntricos). 147
- II.15.- Bandas cromosómicas G de la liebre cola negra (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subtlocétricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales). 148
- II.16.- Bandas cromosómicas C de la liebre cola negra (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subtlocétricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales). 149
- II.17.- Cariotipo convencional de la liebre torda (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subtlocétricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales). 150
- II.18.- Idiograma de la liebre Lepus callotis (m = cromosomas metacéntricos; sm = cromosomas submetacéntricos; st = cromosomas subtlocétricos;

t = cromosomas telocéntricos).	151
II.19.- Bandas cromosómicas G de la liebre torda (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subteloacéntricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales).	152
II.20.- Bandas cromosómicas C de la liebre torda (m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subteloacéntricos, t = cromosomas telocéntricos, XY = cromosomas sexuales).	153
II.21.- Comparación entre el patrón de bandas cromosómicas G de <i>Lepus flavigularis</i> (FA), <i>L. sallowii</i> (CT), <i>L. sallowii</i> (CA), <i>Romerolagus diazi</i> (RO) y <i>Sylvilagus floridanus</i> (SF). El orden de cada uno de los cromosomas corresponde al asignado en su cariotipo, lo mismo que su morfología. m = cromosomas metacéntricos, sm = cromosomas submetacéntricos, st = cromosomas subteloacéntricos, t = cromosomas telocéntricos, X y Y = cromosomas sexuales.	154
III.1.- Variación alélica de Sorbitol Deshidrogenasa (SDH); buffer PGI, pH 6.7 en extractos de corazón-riñón (CR) e hígado (H) de algunas especie de lagomorfos de México. Las letras indican los alelos designados por especie.	185
III.2.- Fenograma de similitud elaborado con un análisis de agrupamiento por el método UPGMA (unweighted pair-group method with arithmetic averaging), mediante el coeficiente de similitud genética de Rogers (1972).	186
III.3.- Fenograma de distancia elaborado con un análisis de agrupamiento por el método UPGMA (unweighted pair-group method with arithmetic averaging), mediante el coeficiente de distancia de Cavalli-Sforza y Edwards (1967).	187