



BENEMÉRITA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE PUEBLA

FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS

DESCRIPCIÓN CROMOSÓMICA DE *Liomys irroratus*
(Gray, 1868) (RODENTIA: HETEROMYIDAE) DE SAN
PEDRO CHOLULA, PUEBLA

Tesis que para obtener el título de
LICENCIADA EN BIOLOGÍA

PRESENTA:
LAURA ALEJANDRA SALAZAR ROMERO

DIRECTORA:
M. EN C. ROSA MARÍA GONZÁLEZ MONROY



PUEBLA

ABRIL, 2021

Índice

AGRADECIMIENTOS.....	III
DEDICATORIA	IV
RESUMEN	V
INTRODUCCIÓN	1
BIOLOGÍA DE LA ESPECIE	11
CLASIFICACIÓN.....	11
DESCRIPCIÓN MORFOLÓGICA	11
ECOLOGÍA.....	12
DISTRIBUCIÓN	13
ANTECEDENTES.....	15
JUSTIFICACIÓN.....	19
OBJETIVOS.....	20
OBJETIVO GENERAL	20
OBJETIVOS PARTICULARES.....	20
MATERIAL Y MÉTODOS.....	21
ÁREA DE ESTUDIO	21
<i>Ubicación</i>	21
<i>Clima</i>	22
<i>Recursos Naturales</i>	23
TRABAJO DE CAMPO	24
TRABAJO DE LABORATORIO	25
<i>Método de extracción de médula ósea</i>	25
<i>Elaboración de laminillas</i>	26
<i>Construcción del cariotipo</i>	27
RESULTADOS.....	28
DISCUSIÓN	36
CONCLUSIÓN	40
LITERATURA CITADA.....	41

Agradecimientos

A la Mtra. Rosa María González Monroy directora de esta tesis, por el apoyo incondicional, asesoría, paciencia y confianza en la realización de este proyecto.

Al Doctor Jesús Martínez Vázquez por todo el apoyo y asesoría que me brindo en la realización de este proyecto, además de la confianza, paciencia y amistad brindada.

A mis revisores de tesis la Dra. Adriana Martínez Guevara y el Dr. Jesús Martínez Vázquez, por el tiempo dedicado a la revisión de este proyecto, ya que sus observaciones me permitieron mejorar el documento.

A mis compañeros del laboratorio de Mastozoología, por hacer más amena mi estancia en el laboratorio y hacerme sentir como en familia, además de compartir sus conocimientos conmigo.

Dedicatoria

En primera instancia para mis padres Raquel Romero Miranda y Alejandro Salazar Sirio, por el amor y la confianza brindada a lo largo mi trayecto como estudiante, por enseñarme a ser perseverante y luchar por mis sueños, además de brindarme su apoyo y consejos en los momentos más difíciles y estar en los momentos alegres de mi vida.

Para mi compañero de vida Antonio Moreno Bermúdez, por apoyarme en cada lapso de la vida y confiar en mí, aun cuando yo dudaba, por desvelarse a mi lado cada noche alentándome a luchar por mis sueños, cuidando de nuestra hija, para así, lograr mis sueños y por su amor incondicional a lo largo de estos años.

Para mi hija Marley Moreno Salazar, aunque aún eres pequeña te agradezco con todo el corazón, tu amor y comprensión en aquellos días y noches de estudio, ya que desde tu llegada has sido mi motor en cada objetivo de mi vida, con tus travesuras, tu alegría, tu amor y sobre todo tu compañía.

Para mi hermano Jorge Luis Salazar Romero, por enseñarme que todo aquello en lo que un día soñamos se puede hacer realidad, con esfuerzo, dedicación y muchas ganas, todo se puede lograr.

Para Ana Cirio Pérez, por su preocupación y apoyo hacia mí, mientras yo estudiaba, gracias a Dios que aún estas a mi lado y eres prueba de uno de los amores más puros que existe, el de una abuela.

Para mis queridas amigas, Brenda Sánchez Hernández, Diana Nereida Fonseca Reyes y Vanesa Carrera Aldana, por todos sus consejos, por su compañía y además por hacer más amena y alegre esta etapa de mi vida, pero sobre todo por su valiosa amistad.

Resumen

Los cromosomas pueden tener información muy valiosa sobre muchas áreas del conocimiento, por lo que realizar técnicas de citogenética clásica y molecular es de suma importancia, es decir, obtener las características del cariotipo permite realizar importantes aportaciones sobre el estado actual de los organismos, desde los defectos cromosómicos hasta posibles fenómenos de especiación. En el presente estudio se realizó la descripción del cariotipo de una población del ratón “espinoso mexicano” *Liomys irroratus* presente en la localidad de San Pedro Cholula, Puebla. Para la captura de los ejemplares se utilizaron trampas tipo Sherman. Los organismos vivos fueron posteriormente trasladarlos al laboratorio en donde se les realizó la técnica de extracción de médula ósea para obtener el cariotipo convencional. Los resultados indicaron que *L. irroratus* presentó un número diploide $2n= 60$ y un número fundamental $NF= 62$, los cuales corresponden a dos pares de cromosomas birrámeos, un par de autosomas metacéntricos medianos y un par de autosomas submetacéntricos grandes, y además se obtuvieron 27 pares telocéntricos. En cuanto a los cromosomas sexuales, el cromosoma X fue telocéntrico grande y el cromosoma Y metacéntrico pequeño. La especie *Liomys irroratus* en el estado de Puebla, presenta variación en cuanto al número fundamental, que oscila entre 62 y 74, esto en comparación con otros estudios que se han realizado en México, también se encontraron diferencias en cuanto a la morfología y en cuanto al número diploide.

Introducción

La genética apareció alrededor de 1860 gracias a los trabajos realizados por el fraile Gregor Mendel que, basado en la recopilación de datos de entrecruzamiento de plantas de guisantes, estableció las bases de la herencia, las cuales se encuentran descritas por tres leyes que dependen de “los factores de herencia”, y que más tarde se llamaron “genes” (Karp, 2009). Sin embargo, estos estudios eran basados en características heredables de los organismos y no en la molécula como tal. Años más tarde, alrededor de 1880, los científicos estudiaban a mayor profundidad la actividad celular, concluyendo que estos factores que determinan la herencia debían ser transmitidos de una célula a otra (Méndez y Casanueva, 2012). Entre ellos estaba el biólogo alemán Walther Flemming quien realizaba estudios para dilucidar la transmisión de estos genes, para lo cual realizó observaciones sobre la división celular que sirvieron para determinar que al momento de que las células se multiplican, el material del núcleo se organiza en filamentos visibles que se comparten de célula madre a hijas, lo que hoy en día conocemos como cromosoma (Karp, 2009).

En 1940 cuando el genetista Morgan realizó experimentos con *Drosophila melanogaster* se encontró con una mutación en un gen que afectaba el color de los ojos de la mosca, el cual los hacía tener un color blanco, en lugar de su color rojo normal, al analizarlo, se dio cuenta de que el gen del color de los ojos era heredado en patrones diferentes en las moscas macho y hembra. Este experimento determinó que estas estructuras celulares transmitidas de una célula a otra eran las que contienen la información genética que determinaría las características de los individuos (Jiménez y Merchant, 2003).

Al estudiar a los cromosomas, estos se describieron como estructuras complejas localizadas en el núcleo de las células, compuestos principalmente por la cromatina y ésta a su vez de ADN, histonas, otras proteínas y ARN, los cuales almacenan toda

la información genética de los individuos, es decir, todas las instrucciones que determinan todas las características y funciones de un organismo se encuentran en su material genético (Copelli, 2010). En su punto más condensado se distinguen diferentes partes, principalmente brazo corto (p), brazo largo (q), cromátidas, telómeros, un centrómero, entre otros (Copelli, 2010; Figura 1). Estas estructuras son muy sofisticadas, se sabe que contienen los elementos necesarios para procesos como la replicación y la segregación, además, cada especie tiene un conjunto característico de cromosomas con respecto a su número y organización (De la Fuente, 2011). Por ejemplo, los humanos tenemos 23 pares de cromosomas, 22 pares de cromosomas llamados autosomas, numerados del 1 al 22, y un par de cromosomas sexuales, X y Y. Cada progenitor contribuye con un cromosoma de cada uno de sus pares a la descendencia (Ramírez-Velazco *et al.*, 2018).

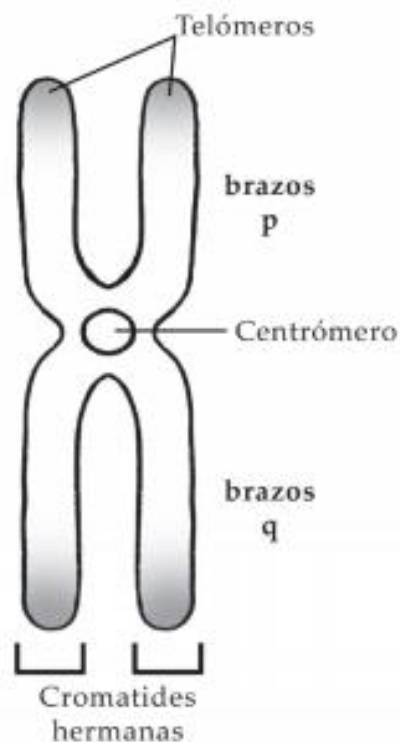


Figura 1. Estructura de los cromosomas. Modificado de Copelli (2010).

En la identificación morfológica de los cromosomas la técnica más utilizada es la clasificación de acuerdo con la posición del centrómero que se ubica en la zona de

unión del cromosoma al huso mitótico anteriormente mencionada (Herráez, 2002). Existen dos tipos generales de áreas: la terminal o telomérica ubicada en la zona terminal en donde el brazo corto (p) es casi imperceptible, y la no terminal o atelomérica ubicada entre los brazos corto y largo (Levan *et al.*, 1964). A su vez, esta última se divide en metacéntrico donde los brazos p y q son aproximadamente de la misma longitud, submetacéntrico donde p es un poco menor que q y subtelocéntrico donde p es significativamente menor que q (Levan *et al.*, 1964).

Así bien, para lograr la transmisión de la información genética de una célula madre a una hija se requiere de un proceso de reproducción, ya que, de acuerdo con la tercera doctrina de la teoría celular, las células solo se originan de células preexistentes, proceso que es llamado división celular (Berón, 2006). Aunque la división celular ocurre en todos los organismos, éste puede variar entre procariontes y eucariotes, en donde esta última se puede dividir a su vez en mitosis y meiosis. La mitosis es la encargada de la producción de células con características idénticas a las de su predecesora y consta de cuatro fases: la primera fase es la profase, aquí la membrana nuclear permanece intacta y el nucléolo es visible, ocurre una duplicación del ADN y del centrosoma, el huso mitótico se comienza a formar entre los centrosomas, en el núcleo, la cromatina se condensa y se organiza en forma de cromosomas, es ahí cuando el nucléolo desaparece (Curtis, 2008).

Durante la segunda fase, la metafase, los cromosomas se alinean en la placa metafásica, en ese punto ciertas proteínas reguladoras verifican si no existen cromosomas rezagados o si existe algún elemento no enganchado o anclado a los microtúbulos, llamado “punto de control del huso”, en caso de que un cromosoma no esté correctamente anclado, el proceso de la mitosis se detiene hasta que los microtúbulos lo direccionen a la posición correcta (Curtis, 2008). Después en la tercera fase, conocida como anafase, las proteínas que unen las cromátidas de los cromosomas se separan y se alejan hacia polos opuestos de la célula, a la vez que los microtúbulos que anclan las cromátidas se degradan. Las uniones entre

microtúbulos que ocurrieron en la metafase empujan la célula hacia polos distintos, alargando la célula (Curtis, 2008).

Por último, la cuarta fase llamada telofase, todos los microtúbulos han sido degradados y la membrana nuclear se forma alrededor de las cromátidas que fueron separadas en cada polo, es decir, se forman dos membranas nucleares ubicadas a los extremos. Dentro de cada membrana nuclear aparece un nucléolo, la estructura de los cromosomas se dispersa y el ADN contenido adquiere un aspecto filamentosos que tenía en la interfase (Curtis, 2008). Ocurre la citocinesis, concluyendo el proceso de la mitosis (Curtis, 2008). Mientras que la meiosis se lleva a cabo únicamente en las células gaméticas, pues produce células con la mitad del contenido genético de la madre, es decir, se encarga de producir organismos con reproducción sexual (Karp, 2009).

Esta consiste en dos subdivisiones nucleares sucesivas, designadas como meiosis I y meiosis II (de la fuente, 2011). Durante el proceso de la división se redistribuyen los cromosomas y se producen células que tienen un número haploide de cromosomas (n) (de la Fuente, 2011). En la interfase que precede a la meiosis se duplican los cromosomas, en la profase I los cromosomas se aparean, cada par homólogo corresponde a un progenitor y cada homólogo consta de dos cromátidas hermanas idénticas que se mantienen unidas por el centrómero (Curtis, 2008). Mientras están apareados ocurre el entrecruzamiento dando como resultado el intercambio de material cromosómico. Al finalizar la meiosis I los homólogos se separan, se producen dos núcleos, cada uno con un número haploide (n) (Curtis, 2008). Cada cromosoma a su vez está formado por dos cromátidas. Ocurre una interfase, pero el material cromosómico no se duplica. En la meiosis II las cromátidas hermanas de cada cromosoma se separan como si fuese la mitosis (Curtis, 2008). Cuando los dos núcleos se dividen en cuatro células haploides. En este punto las cromátidas hermanas ya no son idénticas, el entrecruzamiento ocurrido da como resultado la recombinación del material genético de los homólogos (Curtis, 2008).

La diversidad genómica ha sido ampliamente estudiada desde la perspectiva de la citogenética, la cual es una herramienta crucial en la resolución de problemas relacionados con la taxonomía y la evolución, ya que puede dilucidar conocimientos sobre el origen y los cambios de los organismos en el tiempo (Avisé, 2004). La variabilidad genética que estudia la citogenética nos permite realizar comparaciones entre poblaciones o especies, ayudando a resolver preguntas de importancia evolutiva, de estudios ecológicos e incluso de sistemática en diferentes áreas (Avisé, 2004).

En el siglo XIX, Flemming realizó una ilustración del cromosoma humano a partir de observaciones en el microscopio, lo cual generó muchas preguntas, principalmente en el campo de la medicina humana, sobre cuál era el número total de cromosomas humanos, y si existían variantes de acuerdo con la raza o al sexo, pues investigadores anteriormente habían sugerido tales diferencias (Moreira, 2016). Esto fue un detonante del aumento de estudios genéticos y su especialización, por lo cual, surge la citogenética como una disciplina que estudia los cromosomas, tanto su número como su estructura y no solo eso, ésta fue la encargada de estudiar las implicaciones genéticas de la estructura y el comportamiento de los cromosomas, es decir, las enfermedades relacionadas causadas por un número o una estructura anómala de los cromosomas (Herrera, 2007).

Sin embargo, fue hasta principios del siglo XX cuando la citogenética clásica se consolida con estudios sobre la estructura y comportamiento de los cromosomas del maíz, los cuales dominaron una buena parte de la biología de la época (e.g. Longley, 1927; Randolph, 1941 y Roman, 1947), y el mayor auge, de acuerdo con Herrera (2007), se da a partir de la determinación del número cromosómico humano $2n=46$ por Tjio y Levan en 1956, descubrimiento que fue corroborado por diferentes pares científicos, permitiendo así el desarrollo de una nomenclatura estándar propuesta por Denver (1960).

No obstante, existió una limitante, pues muchos arreglos cromosómicos se vieron afectados por la imposibilidad de la identificación de los cromosomas individuales, por lo que fueron propuestas nuevas técnicas complementarias que permitieron el desarrollo de la citogenética, y debido a la implementación de estas nuevas técnicas destinadas al análisis de cromosomas, tanto mitóticos como meióticos, se tuvo la posibilidad de estudiar regiones específicas de la cromatina directamente sobre los cromosomas, gracias a la información derivada de la secuencia misma del ADN, y no solamente por simples características morfológicas (Herrera, 2007).

Las técnicas desarrolladas que destacan en este tipo de estudios son el bandeo de cromosomas y la hibridación *in situ*. Puntualmente se puede mencionar la solución hipotónica de Tao-Chiuh Hsu (1971) con la que obtenía una mejor diseminación de los cromosomas, la fitohemaglutinina de Peter Nowell (1960) que estimula la división de los glóbulos blancos, la colchicina que inhibe la división celular y las técnicas de bandeo cromosómico por Caspersson *et al.* (1968) que permite diferenciar a los cromosomas de otras cosas de tamaño similar, así como, dilucidar las interrupciones y los cromosomas constituyentes que intervengan en translocaciones cromosómicas (Drets, 2016). Entre las principales características a obtener de los cromosomas que aportan información son: la posición del centrómero, número, tipo y posición de zonas organizadoras del nucleolo, el tamaño absoluto y relativo de los cromosomas, la composición del ADN repetido (por técnicas moleculares), el contenido de ADN total y las cantidad y distribución de la heterocromatina (Poggio *et al.*, 2008).

Así bien, para realizar un estudio de los cromosomas se debe elaborar un cariotipo que consiste en la representación de los cromosomas de un individuo ordenados por estructura y tamaño, por lo tanto, para lograr esta clasificación se requiere de diferentes herramientas como la identificación morfológica a partir de la localización del centrómero anteriormente mencionada. Sin embargo, atendiendo solamente a estos parámetros no es posible identificar inequívocamente cada par de cromosomas (Jorde *et al.*, 2005). Para ello es necesario utilizar diferentes técnicas

de bandeo cromosómico como las anteriormente mencionadas. Los distintos patrones de bandas que se consiguen son constantes y específicos de cada técnica y determinan la distribución de regiones cromosómicas que se revelan positiva o negativamente según el método utilizado (Jorde *et al.*, 2005).

Algunos autores han propuesto diversas técnicas para la clasificación de los cromosomas de acuerdo con la posición del centrómero. Una propuesta muy popular fue la realizada por Levan *et al.* (1964) quienes proponen una nomenclatura basada en la posición del centrómero calculada a partir de la longitud de los brazos cortos (p) y brazos largos (q) de los cromosomas, un radio y un índice centromérico (IC), y dependiendo de este último, se determina en la región que se ubica el centrómero siendo este: metacéntrico, submetacéntrico, subtelocéntrico o telocéntrico (Cuadro 1). Esta es una de las técnicas más empleadas por el grado de precisión que posee.

Cuadro 1. Clasificación de los cromosomas respecto al índice centromérico, de acuerdo con Levan <i>et al.</i> (1964)			
Nomenclatura	d	r	l
M	0.0	1.00	50.0
m	0.05	1.05	47.5
	1.0	1.22	45
	1.5	1.35	42.5
	2.0	1.50	40.0
sm	2.5	1.67	37.5
	3.0	1.86	35.0
	3.5	2.08	32.5
	4.0	2.33	30.0
	4.5	2.64	27.5
st	5.0	3.00	25.0
	5.5	3.44	22.5
	6.0	4.00	20.0
	6.5	4.71	17.5
	7.0	5.67	15.0
t	7.5	7.00	12.5
	8.0	9.00	10.0
	8.5	12.33	7.5
	9.0	19.00	5.0
T	9.5	39.00	2.5
	10.0	∞	0.0

Durante la división celular, los cromosomas se condensan lo suficiente como para poder analizarlos fácilmente. Para obtener células con sus cromosomas en este estado condensado, se las expone a un inhibidor de la mitosis (anteriormente mencionado) que bloquea la formación del huso mitótico y detiene la división celular en la etapa de metafase (Herráez, 2002). Se pueden usar distintos tejidos para obtener preparaciones de cromosomas; por ejemplo, sangre periférica, médula ósea, líquido amniótico y productos de la concepción (Herráez, 2002). Las técnicas específicas difieren según cuál sea el tejido.

En la década de 1980 se hicieron avances en citogenética molecular. Mientras los marcajes con radioisótopos se habían hibridado con ADN desde 1969, la innovación estaba ahora en las pruebas de marcajes fluorescentes, hibridándolos con preparados de cromosomas realizados con las técnicas existentes llamados hibridación por fluorescencia *in situ* “FISH” (Gupta, 2007). La técnica de FISH también puede emplearse para observar directamente los cromosomas metafásicos o los núcleos interfásicos (Santiñaque, 2016). A parte, se puede tomar un método indirecto en el que el genoma completo es evaluado en cuanto a cambios en el número de copias utilizando un cariotipo virtual los cuales se generan a partir de matrices compuestas de miles de millones de muestras, y se usan herramientas computacionales con el fin de hacer una “simulación por ordenador” del genoma (Larripa, 2011).

Dentro de los estudios de la citogenética, los zoólogos han estado ampliamente interesados en el estudio de los cromosomas ancestrales. Hablando específicamente de mamíferos, muchos mastozoólogos dedicados a la rama de la citogenética creyeron que los cariotipos ancestrales de mamíferos tenían un alto número de diploides y que la evolución procedía predominantemente por fusiones cromosómicas (Córdova, 1997). Por su parte, Matthey (1972) encontró un resumen de los datos de cromosomas trabajados por medio de tinción clásica antes de iniciar una de las grandes fases de la citogenética, la formación de bandas cromosómicas. Matthey (1972), también inventor del concepto de “número fundamental”, sostuvo que el número de cromosomas puede aumentar o disminuir, así que propone que el cariotipo ancestral de los mamíferos placentados tiene que estar cerca de la mediana de las 1,063 especies que tomó en cuenta. También se propusieron cariotipos ancestrales para varios puntos en el árbol de mamíferos sobre la base de cromosomas en bandas (Graphodatsky *et al.*, 2012).

El estudio de cariotipos de diferentes especies en la actualidad nos ha proporcionado hechos de gran interés para las diferentes especies de organismos que existen, puesto que nos enseña de una forma más particular la variabilidad que

tienen las diferentes especies, ya que proporciona información significativa sobre su evolución y taxonomía (Beck y Kennedy, 1977).

La citogenética ha aportado mucho al conocimiento científico, dando por parte de los investigadores información cariotípica de muchas especies, por ejemplo, Cuartas-Calle y Muñoz (1999), quienes aportaron el primer registro del murciélago *Sturnira thomasi*; igualmente Urbano *et al.* (2009), quienes describen por primera vez el cariotipo de *Sturnira luisi*, otro murciélago de la familia Phyllostomidae. A su vez, la citogenética ha permitido conocer las características cromosómicas de animales en cautiverio, y evitar tanto las hibridaciones entre especies, como permite la detección de anomalías cromosómicas que afectan su capacidad reproductiva (Bueno, 2003).

Empleando los mismos objetivos en el estudio de mamíferos cinegéticos, Aguilera *et al.* (2010) presentaron un estudio donde describieron los cariotipos de 10 especies a partir de médula ósea, cultivos de linfocitos y fibroblastos, obteniendo resultados sobre potencial reproductivo e hibridaciones entre especies silvestres aprovechadas mediante la cacería cinegética, aportando conocimiento valioso para la elaboración de futuros planes de manejo.

No solo se han realizado estudios en animales, también se han hecho trabajos extraordinarios en el área vegetal, tanto de especies silvestres como cultivadas, pero, la verdadera revolución de la citogenética ha sido en los últimos 15 años con los estudios animales, teniendo muchísimas innovaciones tecnológicas para el desarrollo científico del área y técnicas para refinar los estudios realizados (Herrera, 2007).

Los cromosomas también pueden tener información muy valiosa sobre muchas áreas del conocimiento, por lo que realizar técnicas de citogenética clásica y molecular en cromosomas es de suma importancia, es decir, obtener las características del cariotipo permite realizar importantes aportaciones sobre el

estado actual de los organismos, desde los defectos cromosómicos hasta posibles fenómenos de especiación (Poggio *et al.*, 2008).

Biología de la especie

Clasificación

Reino: Animalia

Filo: Chordata

Subfilo: Vertebrata

Clase: Mammalia

Orden: Rodentia

Familia: Heteromyidae

Género: *Liomys*

Especie: *L. irroratus* (Gray, 1868)

Descripción morfológica

Ratón espinoso de talla mediana para el género, con cinco tubérculos plantares en las extremidades posteriores (Godínez, 2010). Posee un pelaje superior de tonalidades pardo grisáceo que no se riza como para ser visibles por encima de las espinas o cerdas; la línea lateral varía entre tonalidades rosa y ante, que se desvanece en color blanco en las partes inferiores; la cola es peluda bicolor, por lo general la punta es oscura (Naturalista, 28 de marzo 2020; Figura 2). El cráneo es robusto, ancho en comparación con la longitud el cual posee una forma espermatozoidea larga (Ramírez y Hernández, 1972). En cuanto a los dientes, la superficie anterior de los incisivos superiores es lisa, sin surco longitudinal, los últimos molares son más estrechos que los premolares (Ramírez, 2020). En tanto a sus medidas externas, presenta una longitud total de 194-300 mm; longitud de la cola 95-169 mm, longitud de la pata 27.3-36.9 y longitud de la oreja 22-36 mm (Hall, 1981; Ceballos, 2014). Además, presentan dimorfismo sexual, machos más

grandes que las hembras, con una longitud promedio de 238 mm machos y 226 mm hembras; y un peso de 40-60 g machos y 35-50 g hembras (Ramírez, 2020).



Figura 2. Imagen del ratón espinoso mexicano *Liomys irroratus*. Recuperado de <https://www.naturalista.mx/taxa/520561-Heteromys->

Ecología

El estado de conservación de esta especie es considerado como estable de acuerdo con la Lista Roja de Especies Amenazadas de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (Castro *et al.*, 2016). Prefiere un hábitat de matorral seco y ocupa áreas de matorrales densos a lo largo de las crestas que son restos de antiguas riberas del Río Grande en Estados Unidos, Rio Bravo en México, el cual se ubica al norte de México y frontera con Estados Unidos (Wilson y Ruff, 1999).

Al igual que otros ratones de abazones, busca semillas y las almacena en las bolsas de las mejillas forradas de piel, su dieta incluye semillas de Almez, mezquite, también en algunas ocasiones invertebrados y arbustos (Santiago-Marcial, 2009). Pueden vivir sin tomar agua, aunque necesitan de algunos alimentos suculentos para mantener los procesos metabólicos normales (Santiago-Marcial, 2009).

Es nocturno, permanece en madrigueras durante el día. La entrada a la madriguera a menudo está cubierta de hojas u otra vegetación, o con un pequeño montículo de tierra. Esta especie se reproduce durante todo el año, pero el período reproductivo máximo parece ser durante el otoño o el invierno, con preferencia en los meses de agosto a noviembre (Santiago-Marcial, 2009). El número de crías varía de dos a ocho, con un tamaño medio de camada de cuatro (Wilson y Ruff, 1999; Ceballos, 2014).

Distribución

De acuerdo con Patton (2005) la especie se encuentra desde el extremo sur de Texas, Estados Unidos (justo al norte del Río Grande) hacia el sur en la mayor parte del centro de México (Castro *et al.*, 2016; Figura 3). Zona que coincide con lo dicho por Genoways (1973) quien señala que el rango de distribución se extiende desde el norte de Sonora, el este de México y el sur de Texas hasta las proximidades del Canal de Panamá. Habita principalmente en matorral xerófilo, bosque espinoso, pastizales, bosques de conífera y encinos, en zonas de cultivo y pastoreo (Dowler y Genoways, 1978).



Figura 3. Distribución geográfica de *Liomys irroratus* (Tomado de Castro *et al.*, 2016).

Antecedentes

Se han realizado diversos trabajos citogenéticos con los roedores debido a su amplia diversidad de especies, gran número de individuos y su extensa distribución ecológica. Aunado a esto, Rodentia presenta fácil reproducción y mantenimiento en condiciones de laboratorio (Montero y González, acceso el 25 marzo 2021).

Genoways (1973) realizó un estudio sobre las relaciones evolutivas y sistemáticas del género *Liomys*. Para esto, hizo una comparativa de cinco especies de este género, utilizando exclusivamente machos. Utilizó la técnica de secado al fuego, obtuvo la preparación de los cromosomas a partir de la médula ósea y los tiñó con Violeta de Genciana. Analizó una *n* de al menos cinco células, pero normalmente 10 de cada individuo. Específicamente para la especie *L. irroratus* describió un número diploide 60 ($2n=60$), incluyendo un par de tamaño mediano de metacéntrico, un par largo submetacéntrico, 27 pares de telocéntricos, el cromosoma X fue largo submetacéntrico, el cromosoma sexual Y fue mediano subtelocéntrico y presentó un número fundamental de 62 (Figura 4).



Figura 4. Cariotipo de un ejemplar macho de *Liomys irroratus* propuesto por Genoways

Más tarde, Dowler y Genoways (1978) realizaron la descripción de *L. irroratus*. En cuanto a su genética sugieren los mismos resultados, los cuales coinciden con los obtenidos por Cervantes *et al.* (1999), donde se obtuvo un $2n=60$ y un $NF=68$, se describieron los patrones de bandas de eucromatina y heterocromatina constitutiva de cariotipos de *L. irroratus*, *L. spectabilis*, y *L. pictus*, y al obtener resultados semejantes a los descritos por Genoways (1973), los utilizan para contrastar con las

otras especies y así, determinar si los resultados obtenidos podrían sugerir reordenamientos cromosómicos que condujeran a una posible evolución.

Homan y Genoways (1978) estudiaron la morfología del pelo de 36 especies de la familia Heteromyidae, en donde tomaron a consideración variables como la longitud y el ancho del pelo, el patrón de escamas imbricadas, la forma externa y transversal del pelo y las características medulares. Para la especie *L. irroratus* se obtuvo que el pelo es largo, en cuanto a la forma transversal del pelo mostró una depresión ancha y relativamente profunda y en cuanto a las características medulares presentó células ovaladas a sombreadas y comprimidas a lo largo de las crestas con pigmento restringido a la médula en las crestas y tercio distal del pelo. Finalmente, aunque el pelo de especies individuales podría caracterizarse con un estudio detallado, no se cree que la estructura del pelo sea de valor en los estudios evolutivos de este grupo por debajo del nivel genérico.

Rogers (1990) examinó 36 poblaciones de especies de la subfamilia Heteromyinae, mediante la variación de proteínas para conocer la variación intraespecífica. En cuanto a *L. irroratus*, se examinaron dos muestras, una perteneciente al sur de Tamaulipas, México (muestra 31), y otra correspondiente a la población del norte de Puebla, México (muestra 32), obteniendo como resultado 0,128 de separación entre poblaciones. Esto se atribuía a diferencias fijas en dos loci (lugar en el que está situado el gen) y por diferencias de frecuencia en tres loci. Además, en cuanto a la relación interespecífica de *L. irroratus*, la posición filética no quedó clara según los datos morfológicos y de manera similar, ningún carácter alélico derivado de forma única vinculó a *L. irroratus* con ninguna otra especie del género. De acuerdo con Genoways (1973) la especie posee un cariotipo ($2n = 60$, FN = 62) que contiene el mismo número de brazos cromosómicos que los cariotipos de *L. pictus* y *L. spectabilis*, por lo cual sugiere que se requieren datos adicionales para documentar su relación filética.

Mata (2002) realizó una comparación de los niveles de variación genética entre cinco subespecies del ratón espinoso (*Liomys irroratus alleni*, *L. irroratus guerrerensis*, *L. irroratus irroratus*, *L. irroratus jaliscensis* y *L. irroratus torridus*) mediante un estudio de cromosomas y aloenzimas, así como el análisis de un patrón morfológico marcado previamente descrito. Con este estudio se reafirmó que los complementos cromosómicos, así como el patrón de bandas cromosómicas G son muy parecidos, pero, aloenzimáticamente las subespecies son muy variables, lo que sugeriría que la diferenciación aloenzimática corresponde con la diferenciación morfológica pero que se conservan a nivel cromosómico.

Carrillo (2005) realizó estudios citogenéticos de *L. irroratus* en el municipio de Coxcatlán, Guadalupe Victoria, Puebla, en donde se obtuvo un número diploide $2n= 60$ y un número fundamental $NF=62$.

En cuanto a Morales (2005) ella realizó un estudio citogenético de la especie *L. irroratus* en el municipio de Chila de las Flores perteneciente al estado de Puebla, donde los resultados indicaron para esta especie un número diploide $2n= 60$ y un número fundamental $NF= 74$.

En otro estudio, realizado por Reyes (2007) en el municipio de Santo Domingo Huehuetlán El Grande, Puebla, se analizó la especie *L. irroratus*, en donde como resultados se obtuvo un número diploide $2n= 60$ y un número fundamental $NF= 64$.

Rivera-Gasperin y González-Monroy (2009) realizaron una búsqueda de la información disponible referente a la citogenética de los roedores silvestres del estado de Puebla, también realizaron una salida de campo para la recolecta de roedores silvestres. Elaboraron los cariotipos de algunas especies de roedores mediante la extracción de médula ósea. Dentro de los resultados obtenidos por la búsqueda de información, se encontraron tres géneros, dentro del cual se encuentra el *Liomys* representado con tres individuos de *L. irroratus*, donde se obtuvo un número diploide $2n= 60$ para los tres ejemplares y un número fundamental $NF= 62$

y 74, distinto para cada uno de los ejemplares con respecto a lo obtenido en el número diploide.

Otro estudio fue el realizado por González (2010), donde se evaluó la diversidad y la estructura genética de poblaciones de *L. irroratus* para determinar cómo cambiaban dichos parámetros entre sitios que presentan grados de perturbación de la selva seca contrastantes. Se recolectaron muestras del tejido de las falanges en cuatro zonas con diferentes niveles de perturbación. Se obtuvo un número de haplotipos muy alto, así como de diversidad nucleotídica, en donde las poblaciones no presentaron aislamiento por distancia, ni estructuración genética. Esto lo explica mencionando que los individuos estudiados eran una población panmíctica que fue genéticamente muy diversa o que se trataba de una metapoblación que debía ser tomada en cuenta para cuestiones de conservación.

Finalmente, Cruz (2018) realizó un estudio ecotoxicológico utilizando biomarcadores en distintos niveles de organización biológica para evaluar los efectos sobre los individuos y las poblaciones de animales silvestres, por lo cual se recolectó sangre de individuos de *L. irroratus*, el ADN se amplificó con siete cebadores de microsatélites mediante PCR. Se encontró que están expuestos a metales como Al, Cu, Fe, Pb, Zn encontrados en el hígado, así mismo, presentaron mayor fragmentación del ADN. Sin embargo, no presentaban una estructura genética entre los individuos recolectados de distintas zonas, considerándolos incapaces de ser una especie centinela de estudios ecotoxicológicos.

Justificación

Se considera que la especie *Liomys irroratus* es un excelente taxón para estudios cromosómicos debido las características biológicas de esta especie, como tamaños de camada grandes, ciclos de vida cortos y el alto potencial reproductivo además es una especie que puede mantenerse bajo condiciones de laboratorio. Por otra parte, la especie se encuentra representada en numerosas áreas geográficas, una condición que permite la correlación y diferenciación cromosómica, este tipo de estudios son de gran importancia para el aporte de información sobre la variación de la estructura de las poblaciones en el proceso de aparición de nuevas especies. Finalmente, al existir variación en la morfología del cariotipo genera cambios en el número fundamental lo cual resulta interesante debido a que puede deberse a condiciones como el aislamiento geográfico o presiones selectivas dentro de las subespecies por lo cual un estudio citogenético ayudara a conocer que tan diferentes o parecidas son estas subespecies.

Objetivos

Objetivo general

Describir el cariotipo de la especie *Liomys irroratus* que se distribuye en la localidad de San Pedro, Cholula, Puebla.

Objetivos particulares

- Obtener las constantes cromosómicas (número cromosómico y número fundamental) de *Liomys irroratus*.
- Comparar el número diploide, el número fundamental y la morfología de los cromosomas sexuales con otras poblaciones dentro de su área distribución.

Material y métodos

Área de estudio

Ubicación

El municipio de San Pedro Cholula se encuentra entre los paralelos $19^{\circ} 01'$ y $19^{\circ} 07'$ de latitud norte; los meridianos $98^{\circ} 16'$ y $98^{\circ} 24'$ de longitud oeste; altitud entre 2,080 y 2,400 m (Ayuntamiento de Cholula, acceso 24 de marzo 2021). Colinda al norte con los municipios de Huejotzingo, Juan C. Bonilla y Cuautlancingo; al este con los municipios de Cuautlancingo, Puebla y San Andrés Cholula; al sur con los municipios de San Andrés Cholula y San Jerónimo Tecuanipan; al oeste con los municipios de San Jerónimo Tecuanipan, Calpan y Huejotzingo (INEGI, 2009). La localidad en donde se realizó el muestreo fue Santa María Acuexcomac, perteneciente al municipio en cuestión (Figura 5).

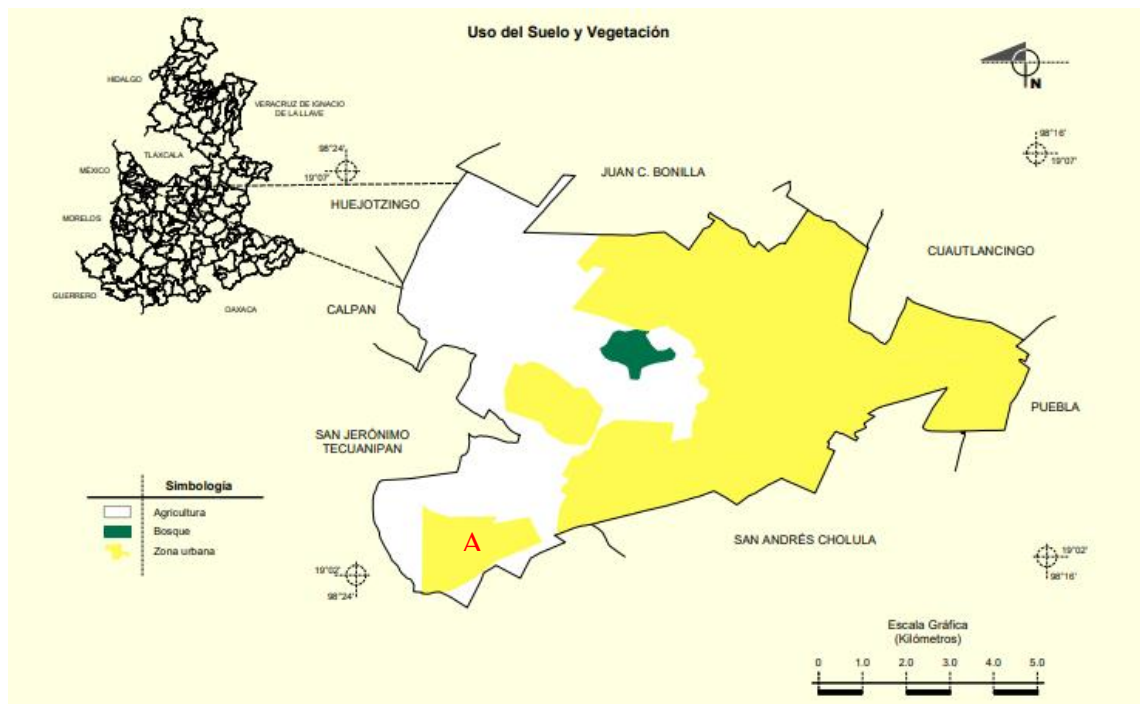


Figura 5. Ubicación de la localidad de Santa María Acuexcomac (A). Tomada de INEGI, 2009.

Clima

En el mapa que se presenta a continuación (Figura 6), se pueden apreciar los dos tipos de clima que existen en el municipio, donde C(w1) corresponde a un clima templado, subhúmedo, con una temperatura media anual entre 12°C y 18°C, temperatura del mes más frío entre -3°C y 18°C y temperatura del mes más caliente bajo 22°C (*sensu* García y CONABIO, 1998). La precipitación en el mes más seco es menor de 40 mm; lluvias de verano con índice P/T entre 43.2 y 55 y porcentaje de lluvia invernal del 5% al 10.2% del total anual. Y, por otro lado, el clima C(w2), en donde se encuentra ubicada la zona de estudio, domina un clima templado, subhúmedo, temperatura media anual entre 12°C y 18°C, temperatura del mes más frío entre -3°C y 18°C y temperatura del mes más caliente bajo 22°C. Precipitación en el mes más seco menor de 40 mm; lluvias de verano con índice P/T mayor de 55 y porcentaje de lluvia invernal del 5 al 10.2% del total anual (INEGI, 2009).

Clima del municipio de San Pedro Cholula

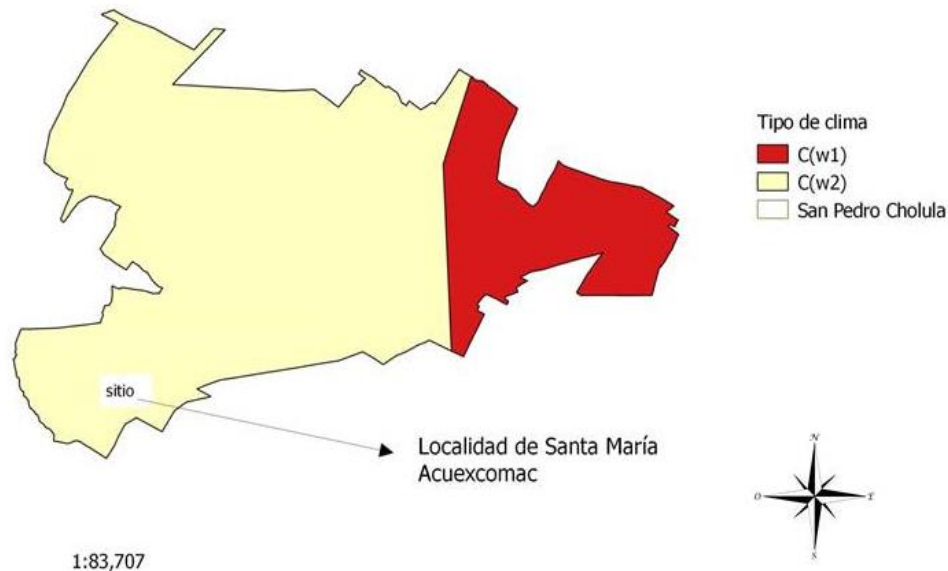


Figura 6. Clima de la localidad de Santa María Acuexcomac. Elaborado utilizando el programa Qgis.

Recursos Naturales

En cuanto al uso del suelo y vegetación, la agricultura representa un 38%, la zona urbana 61% y bosque 1% (Figura 7). De los cuales, la tierra se divide en agricultura mecanizada, representada por un 36%, la agricultura manual continua 3% y la no apta para la agricultura 61% además, para el establecimiento de praderas cultivadas con maquinaria agrícola 36%, para el aprovechamiento de la vegetación natural diferente del pastizal 3% y la no apta para uso pecuario 61% (INEGI, 2009).

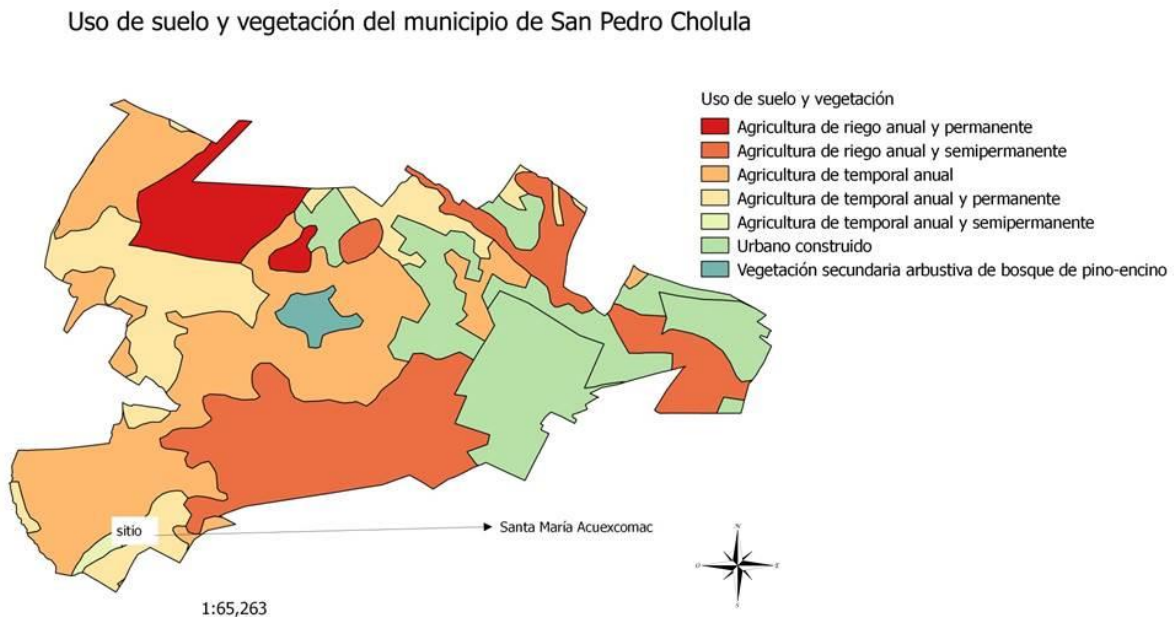


Figura 7. Mapa de uso del suelo y vegetación. Elaborado utilizando el programa Qgis.

Trabajo de Campo

El estudio se realizó en la localidad de Santa María Acuexcomac en el municipio de San Pedro Cholula, Puebla, en agosto 2019 y enero 2020. Para la captura de los organismos se utilizaron 60 trampas tipo Sherman, las cuales fueron colocadas en dos zonas en áreas cercanas al río colindante (Figura 8), en intervalos de 10 m. una trampa de la otra. Cada trampa tenía un cebo de avena con esencia de vainilla. Las trampas se colocaron en la tarde a partir de las 18:00 horas y se levantaron en la mañana siguiente a partir de las 07:00 horas, durante dos días consecutivos. Se registraron las coordenadas geográficas y fecha de recolecta (*sensu* Martínez-Vázquez *et al.*, 2006). Los cinco organismos obtenidos fueron transportados al laboratorio de Mastozología de la Facultad de Ciencias Biológicas de la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla (BUAP), para su análisis posterior.



Figura 8. Zona de estudio ubicada a las inmediaciones del río colindante a la comunidad.

Trabajo de laboratorio

Método de extracción de médula ósea

Para obtener los cromosomas de los ejemplares se realizó la extracción de la médula ósea (*sensu* Baker *et al.*, 1982). Primero se procedió a pesar y a sexar a cada ejemplar, posteriormente a un primer ejemplar se le inyectó intraperitonealmente colchicina. Ésta fue medida en proporción de 0.1ml por cada 10 g del peso del ejemplar, se dejó actuar 30 minutos.

Una vez transcurrido el tiempo necesario, se sacrificó al ejemplar por dislocación cervical. A continuación, se tomaron medidas del organismo como la longitud total, longitud de la cola, longitud de la pata trasera y longitud de la oreja. En un tiempo no mayor a cinco minutos se realizó un corte ventral extrayendo las extremidades posteriores, cortando fémures y tibias. Se limpiaron los huesos quitando el músculo, luego se retiraron las epífisis. Con ayuda de una jeringa se tomó solución hipotónica KCl a 37°C previamente incubada y se retiró la médula ósea colocándola en la misma solución que provocó la entrada de agua a las células debido a la alta concentración de sales en la solución hipotónica KCl, por lo tanto, el citoplasma aumentó su volumen y los cromosomas permanecieron flotando en su interior. Después se resuspendió la solución con la médula ósea y se incubó a 37°C durante 40 minutos.

Posteriormente, se centrifugó el material celular a 800 rpm durante ocho minutos. Con ayuda de una pipeta Pasteur se extrajo el sobrenadante y se agregó lentamente por las paredes del tubo cinco ml de solución fijadora de Carnoy recién preparada (metanol y ácido acético en proporción 3:1, respectivamente) previamente refrigerada para disminuir su temperatura. Finalmente, se dejó el material en refrigeración por aproximadamente quince días. Este mismo procedimiento se realizó para los cinco organismos obtenidos.

Se conservaron tejidos de músculo, corazón, riñones e hígado en alcohol al 70% y se realizó la taxidermia a los ejemplares sacrificados con base en el método descrito por Martínez-Vázquez *et al.* (2006). Los organismos fueron depositados y bajo resguardo en la colección de mamíferos de la Facultad de Ciencias Biológicas, BUAP.

Elaboración de laminillas

Para este proceso, se lavaron tres portaobjetos y se colocaron en alcohol al 70% en refrigeración. El tubo con el material se centrifugó nuevamente a 800 rpm durante ocho minutos. Con ayuda de una pipeta Pasteur se retiró el sobrenadante y se colocó por las paredes solución fijadora Carnoy recién elaborada. Posteriormente, se resuspendió suavemente.

Después, con ayuda de pipeta Pasteur se tomó el material del tubo y desde una altura de 3 m se dejó caer en el portaobjetos previamente colocado en un ángulo de 45°, provocando que se dispersara el material genético. Inmediatamente se prendió fuego hasta que el alcohol se consumió y se apagó agitando la laminilla. Éstas se dejaron secar verticalmente sobre papel absorbente.

Para teñir el material se preparó una solución de 47 ml de agua destilada, 2 ml Giemsa y 1 ml de buffer solución AB en el cual se sumergieron las laminillas por 20 minutos. Luego se retiró la laminilla de la solución y se retiró el excedente de la tinción sumergiéndose en un vaso de precipitado con agua destilada. Por último, se dejó secar para su posterior revisión en el microscopio óptico con objetivos de 10X, 40X y 100X, localizando los campos mitóticos metafásicos que estuvieran completos y lo más extendidos posibles. Las fotografías fueron tomadas utilizando un microscopio óptico con cámara fotográfica mediante el software GRYPHAX, se realizaron cambios en el contraste con el editor de fotos de Windows y después fueron impresas en papel fotográfico.

Construcción del cariotipo

Una vez obtenidas las fotografías se recortaron los cromosomas y se organizaron con sus respectivos pares homólogos. Con ayuda de un vernier digital se tomaron las medidas de los brazos largos y cortos de cada cromosoma, con el cual se obtuvo un promedio para cada par de cromosomas.

Posteriormente, mediante el programa Excel Office 365 se calculó el índice centromérico de cada par de cromosomas con la fórmula propuesta por Levan *et al.* (1964).

$$IC = \frac{p}{p + q} * 100$$

Donde:

IC= índice centromérico

p= brazo corto

q= brazo largo

Una vez obtenido el IC se clasificó en m, sm, st y t de acuerdo con la tabla de clasificación de Levan *et al.* (1964). Finalmente, se organizó el cariotipo conforme a su clasificación, de mayor a menor tamaño.

Con el cariotipo organizado se obtuvieron las constantes cromosómicas: el número diploide (2n) por el número de cromosomas obtenidos y el número fundamental (NF) contabilizando el número de brazos autosómicos encontrados.

Se realizaron tablas de clasificación en Excel donde se registraron las medidas de cada par cromosómico correspondientes a cada cariotipo obtenido.

Resultados

Se obtuvieron cinco ejemplares de *Liomys irroratus*, de los cuales tres fueron machos y tres hembras, lo cual permitió la obtención de campos cromosómicos, pero únicamente para los machos, obteniendo así los siguientes resultados:

El cariotipo de *Liomys irroratus* presentó un número cromosómico diploide de 60 ($2n=60$) y un número fundamental 62 (FN=62; Figura 9). Los cromosomas birrámeos obtenidos fueron dos pares, uno metacéntrico mediano y otro submetacéntrico grande y 27 pares de cromosomas monorrámeos fueron telocéntricos de grandes a pequeños. El par sexual se conformó de un cromosoma sexual X telocéntrico grande y el cromosoma Y fue metacéntrico pequeño (Cuadro 2).

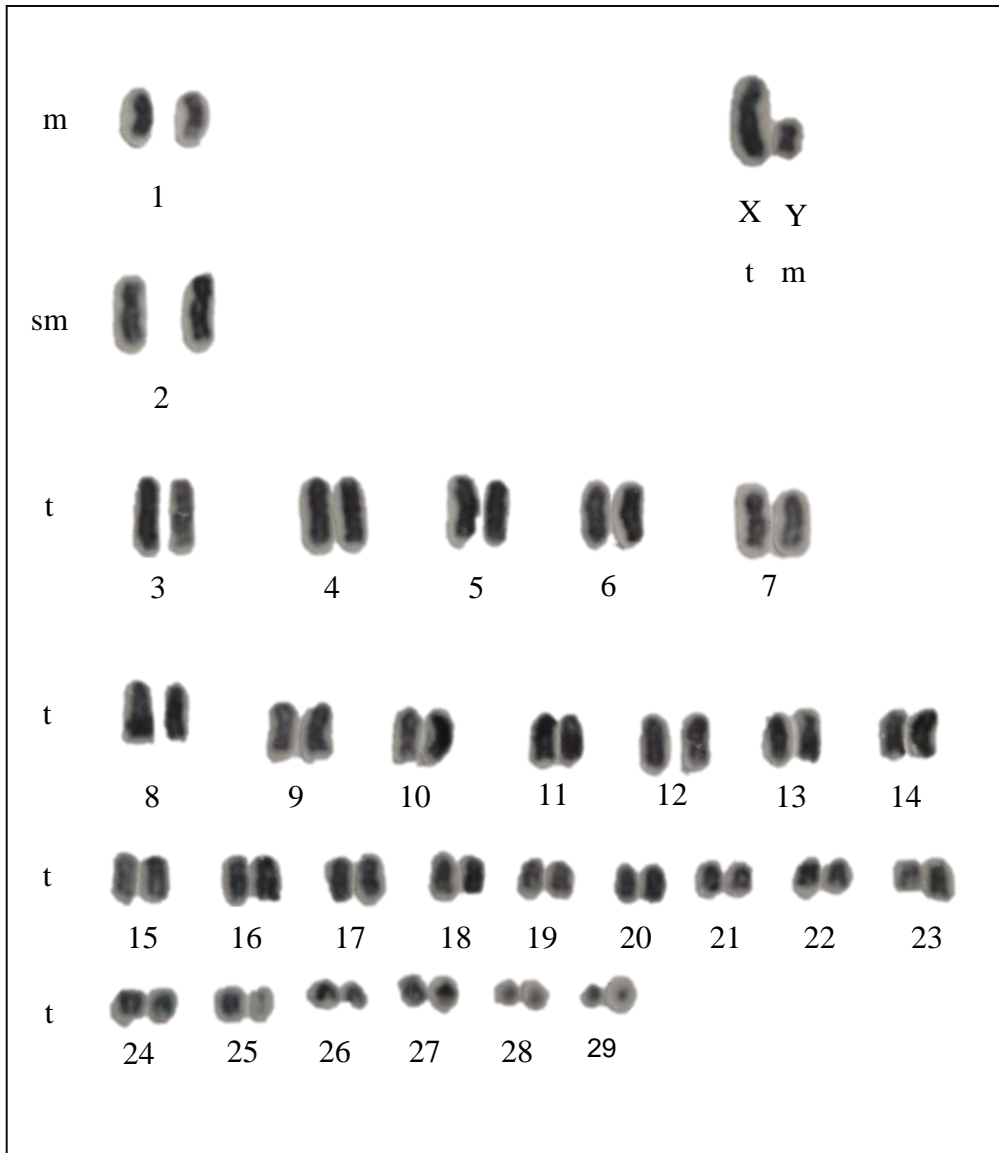


Figura 9. Cariotipo convencional de un ejemplar macho de *Liomys irroratus* de la localidad de Santa María Acuexcomac, San Pedro Cholula, Puebla.

En el siguiente cuadro, se presentan los datos promedio de las longitudes relativas de los cromosomas y su morfología de *Liomys irroratus*.

Cuadro 2. Medidas del cariotipo de *Liomys irroratus* de macho.

IC= índice centromerico, LRp= Longitud relativa del brazo corto, LRq= Longitud relativa del brazo largo, DSp=Desviación estándar del brazo corto, DSq=Desviación estándar del brazo largo, m=metacéntrico, sm=submetacéntrico, t=telocéntrico, X=cromosoma sexual X, Y=cromosoma sexual Y

Par Cromosómico	LRp	DS p	LRq	DS q	LRp+q	DS p+q	IC	Clasificación de Levan et al. (1964)
1	3.05	1.31	4.57	2.08	7.61	1.07	40.01	m
2	2.89	1.70	8.10	2.38	10.99	3.69	26.28	sm
3			12.23	3.08				t
4			11.13	2.83				t
5			10.54	2.70				t
6			9.82	2.52				t
7			9.32	2.32				t
8			8.95	2.14				t
9			8.50	1.89				t
10			8.16	1.83				t
11			7.69	1.77				t
12			7.44	1.60				t
13			6.98	1.46				t
14			6.64	1.64				t
15			6.44	1.51				t
16			6.18	1.50				t
17			5.98	1.40				t
18			5.64	1.17				t
19			5.20	1.06				t
20			4.54	1.20				t
21			4.09	1.17				t
22			3.79	0.96				t
23			3.48	0.98				t
24			3.26	0.97				t
25			3.06	0.83				t
26			2.62	0.61				t
27			2.34	0.64				t
28			1.64	0.55				t
29			1.53	0.42				t
X			11.89	5.14				t
Y	1.93	0.90	2.79	0.78	4.71	0.61	40.90	m

La descripción cromosómica de *Liomys irroratus* corresponde a lo siguiente en el presente estudio: $2n= 60$ y $NF= 62$, morfología de los cromosomas: $m= 1$ par, $sm= 1$ par y $t= 27$ pares, en cuanto a los cromosomas sexuales: $X=$ telocéntrico y $Y=$ metacéntrico. Se elaboró un cuadro en el que se establece la descripción cromosómica de *Liomys irroratus* y sus subespecies realizadas en otros trabajos (Cuadro 3).

Cuadro 3. Comparación cromosómica de subespecies de <i>Liomys irroratus</i> . $2n=$ número diploide, $NF=$ número fundamental, morfología de los cromosomas: $m=$ metacéntrico, $sm=$ submetacéntrico, $st=$ subtlocéntrico y $t=$ telocéntrico, $X Y=$ cromosomas sexuales.										
Subespecie	2n	NF	m	sm	st	t	X	Y	Localidad	Autor
<i>Liomys irroratus</i>	60	62	1	1		27	sm	st		Genoways, 1973
<i>Liomys irroratus jaliscensis</i>	60	68	2		3	24	sm	sm	Mazamitla, Jalisco	Cervantes et al. 1999
<i>Liomys irroratus alleni</i>	60	68	2		3	24	sm	sm	Pátzcuaro Michoacán, Españita Tlaxcala, Tula de Allende, Hidalgo	Mata, 2002
<i>Liomys irroratus guerrerensis</i>	60	68	2		3	24	sm	m	Chilpancingo, Guerrero	Mata, 2002

<i>Liomys irroratus irroratus</i>	60	68	2		3	24	sm	sm	Tlacolula, Oaxaca	Mata, 2002
<i>Liomys irroratus torridus</i>	60	68	2		3	24	sm	sm	Teotitlán del Camino, Oaxaca	Mata, 2002
<i>Liomys irroratus</i>	60	62	1	1		27	t	m	San Pedro Cholula, Puebla	Presente estudio

En la figura 10 se observa la distribución de *Liomys irroratus*, de acuerdo con Genoways (1973) dentro de esta distribución se encuentra el sitio 1 de San Pedro Cholula, Puebla correspondiente al presente estudio.

Distribución del Ratón Espinoso Mexicano por Genoways, 1973

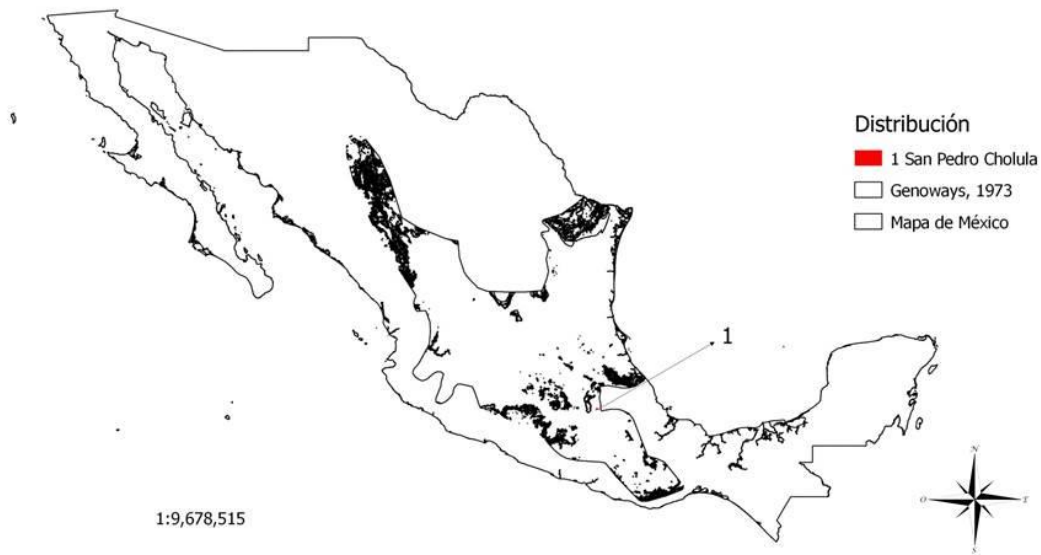


Figura 10. Especie *Liomys irroratus* en México.

A continuación, se observa la distribución de *Liomys irroratus* en México (Figura 11) de acuerdo a los trabajos realizados por Cervantes (1999) y Mata (2002), en donde el sitio 1 corresponde al presente estudio, el sitio 2 al estudio realizado por Cervantes (1999) y del sitio 3 al 9 corresponden al estudio realizado por Mata (2002).

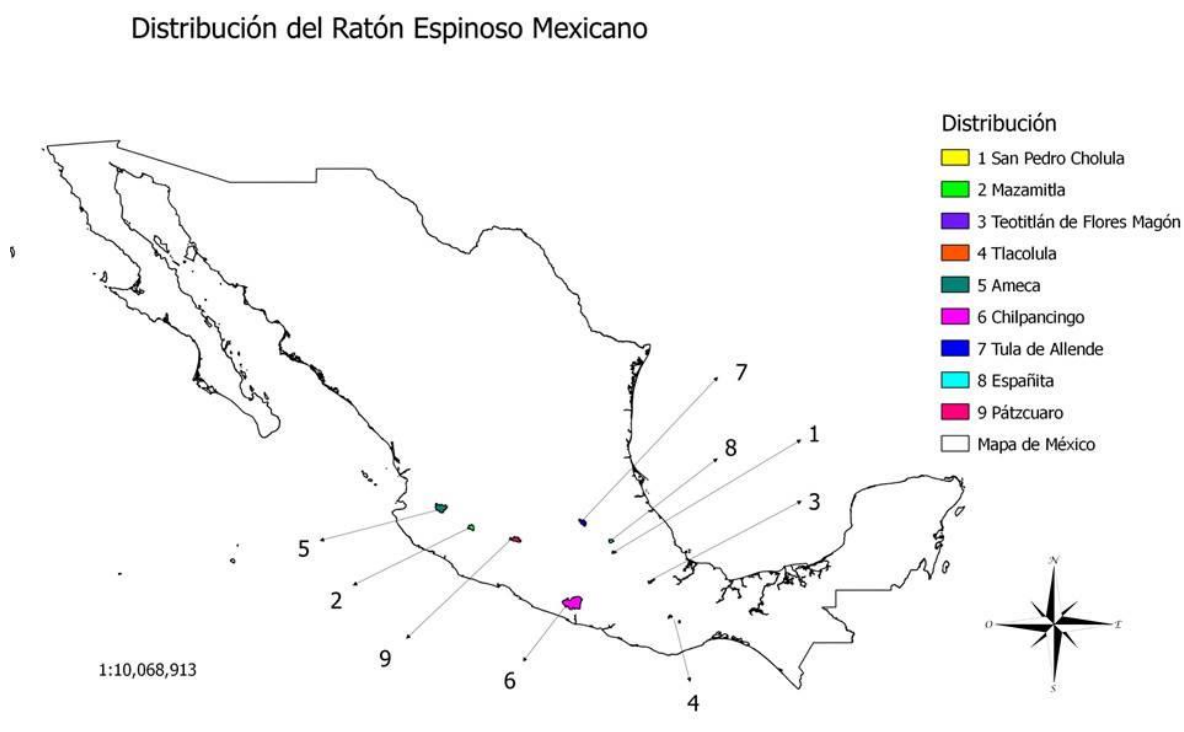


Figura 11. Distribución de *Liomys irroratus* en México.

Además, se elaboró un cuadro en el que se establece la descripción cromosómica de *Liomys irroratus* en comparación con otros trabajos de la especie dentro del estado de Puebla (Cuadro 4).

Cuadro 4. Análisis comparativo cromosómico de diferentes poblaciones de <i>Liomys irroratus</i> del estado de Puebla. 2n = número diploide, NF = número fundamental, m = metacéntrico, sm = submetacéntrico, st = subteloicéntrico, t = telocéntrico, X= cromosoma sexual X, Y = cromosoma sexual Y.										
Subespecie	2n	NF	m	sm	st	t	X	Y	Localidad	Autor
<i>Liomys irroratus</i>	60	62	2			27	m	sm	Coxcatlán Guadalupe Victoria, Puebla	Carrillo, 2005
<i>Liomys irroratus</i>	60	74	2	6		21	sm	st	Chila de la Flores, Puebla	Morales, 2005
<i>Liomys irroratus</i>	60	64		3		26	sm	t	Santo Domingo Huehuetlán El Grande, Puebla	Reyes, 2007
<i>Liomys irroratus</i>	60	62	1	1		27	t	m	San Pedro Cholula, Puebla	Presente estudio

Finalmente, en la figura 12, se observa la distribución de *Liomys irroratus* en el estado de Puebla, el sitio 1 correspondiente al presente estudio, el sitio 2 correspondiente al estudio realizado por Morales (2005), el sitio 3 corresponde al estudio realizado por Reyes (2007) y el sitio 4 a Carrillo (2005).

Distribución del Ratón Espinoso Mexicano en Puebla

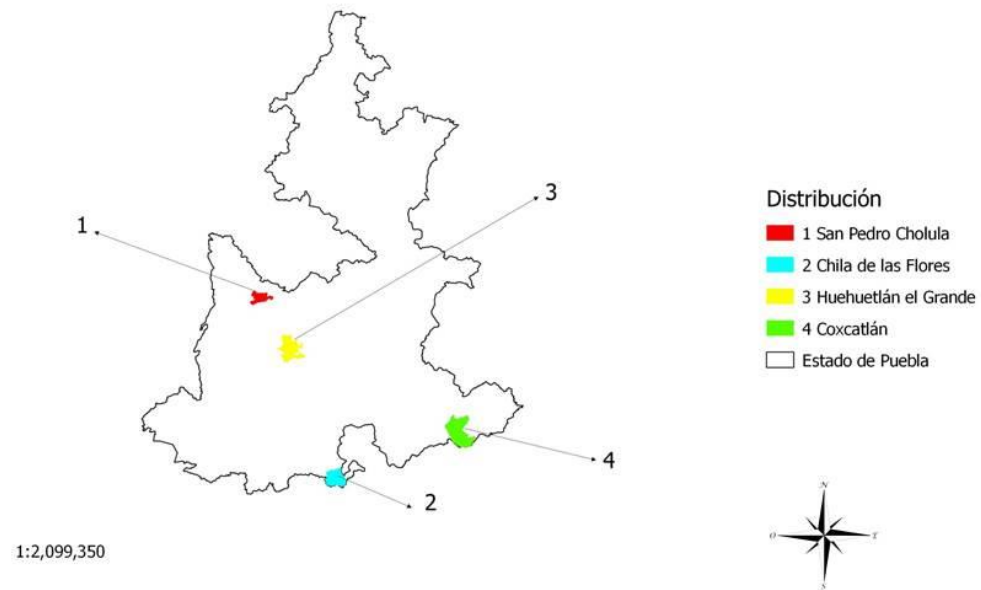


Figura 12. Distribución de *Liomys irroratus* en el estado de Puebla, México.

Discusión

El cariotipo del ratón espinoso mexicano *Liomys irroratus* del presente estudio, corresponde al primero realizado en el municipio de San Pedro Cholula. Este cariotipo (número diploide $2n=60$) fue similar a estudios realizados de esta especie en otras localidades. Sin embargo, no se presentaron diferencias en el número diploide, lo cual concuerda con trabajos previamente realizados.

Por otro lado, en lo referente al número fundamental de $NF=62$ obtenido, este concordó con el de Genoways (1973). Con respecto a lo registrado en otras poblaciones (Coxcatlán, Huehuetlán El Grande y Chila de las Flores de Puebla) se observaron diferencias cromosómicas, ya que los números fundamentales oscilaron entre 62 y 74.

De igual manera, Genoways (1973) presentó unos resultados que se asemejan a los obtenidos en el presente estudio, pues corresponden ambos a un cariotipo en donde se presentan un par de autosomas metacéntricos, un par de submetacéntricos y 27 pares de telocéntricos, aun cuando se realizaron en otras poblaciones como Chihuahua, Tamaulipas y Guerrero.

Con respecto a los cromosomas sexuales, estos presentaron diferencias, ya que Genoways (1973) obtuvo el cromosoma sexual X submetacéntrico y el cromosoma Y subtlocéntrico, mientras que en el presente estudio se obtuvo un cromosoma sexual X telocéntrico y el cromosoma Y metacéntrico. Desde el punto de vista evolutivo, las diferencias en la morfología de los cromosomas sexuales implican cambios en la estructura génica (Genoways, 1973; Rogers, 1990).

De acuerdo con el estudio realizado por Cervantes (1999) en Mazamitla, Jalisco, los resultados también concordaron con respecto al número diploide $2n=60$, pero difieren en el número fundamental, ya que en dicho estudio se obtuvo un $NF=68$. Esto pudiera deberse a la diferencia en el cariotipo conformado por dos pares de

autosomas metacéntricos, tres pares subtelocéntricos y 24 pares telocéntricos. Con respecto al cromosomas sexuales X y Y, ambos fueron submetacéntricos, siendo también resultados distintos a los obtenidos en la población de San Pedro Cholula, Puebla.

En el estudio de Mata (2002) se obtuvo un número diploide $2n=60$ para las cinco subespecies de *L. irroratus* que se estudiaron, lo cual concuerda con el presente estudio. Sin embargo, en cuanto al número fundamental, los resultados que se obtuvieron fueron diferentes, ya que se obtuvo un $NF=68$, por la diferencia obtenida en el número diploide en donde se obtuvieron dos pares de autosomas metacéntricos, tres pares subtelocéntricos y 24 pares telocéntricos.

Finalmente, en cuanto a los cromosomas sexuales, estos también resultaron diferentes al presente estudio, ya que se obtuvo un cromosoma sexual X y un cromosoma Y submetacéntrico, mientras que en otros trabajos el cromosoma sexual X fue submetacéntrico y en el cromosoma Y fue telocéntrico.

De acuerdo con los estudios previos realizados con la especie dentro de México, el cariotipo es más semejante al obtenido por Genoways (1973), en cuanto al número diploide $2n=60$ y número fundamental $NF=62$ con autosomas metacéntricos, submetacéntricos y telocéntricos únicamente difieren en los cromosomas sexuales, los cuales son cromosoma X submetacéntrico y cromosoma Y subtelocéntrico. Finalmente, se observa que la distribución del presente estudio está dentro de la distribución propuesta por Genoways (1973).

En el estudio realizado por Rivera-Gasperin y González-Monroy (2009) en donde se recabó la información referente a roedores silvestres, específicamente para el estado de Puebla, se obtuvieron también resultados de la especie *Liomys irroratus*, procedente de tres municipios del estado de Puebla (Cuadro 4). Por cual, podemos inferir en términos evolutivos que existe una reducción en el número de cromosomas telocéntricos y mayor incremento en el número de autosomas birrámeos en las

poblaciones de *L. irroratus* que se encuentran en Chila de las Flores, en comparación con las poblaciones analizadas de Huehuetlán El Grande y Coxcatlán que presentan una reducción de cromosomas birrámeos.

Morales (2005) analizó a roedores de abazones de *Liomys irroratus* en Chila de las Flores, Puebla, los resultados indicaron que presenta un $2n= 60$ y $NF= 74$. En cuanto a los autosomas se obtuvieron dos pares metacéntricos, seis pares submetacéntricos y 21 pares telocéntricos. Para los cromosomas sexuales se obtuvo un cromosoma X submetacéntrico y un cromosoma Y subteloecéntrico. Comparando estos resultados con los obtenidos en el presente estudio en cuanto al número diploide, en ambos se obtuvo un $2n= 60$, pero difiere en cuanto al número fundamental, debido a que existe variación en cuanto al tipo de autosomas que se obtuvieron, además los cromosomas sexuales también resultaron distintos.

Reyes (2007) analizó la población de *Liomys irroratus* de Santo Domingo Huehuetlán El Grande, Puebla. En comparación con el presente estudio ambos obtuvieron un $2n= 60$, pero en cuanto al número fundamental si existe variación por el tipo de autosomas que se obtuvieron.

Carrillo (2005) realizó estudios citogenéticos de *Liomys irroratus* de Coxcatlán, Guadalupe Victoria, Puebla, en donde se obtuvo un número diploide $2n= 60$ y un número fundamental $NF=62$. Los autosomas que se obtuvieron para este cariotipo fueron dos pares metacéntricos y 27 pares telocéntrico. Los cromosomas sexuales que se obtuvieron fueron cromosoma sexual X metacéntrico y cromosoma Y submetacéntrico. Se puede inferir que la población de *L. irroratus* de Coxcatlán y del presente estudio son similares en el número cromosómicos y en el número fundamental, lo que se puede interpretar que ambas poblaciones están estables cromosómicamente.

Finalmente, en cuanto al estado de Puebla se resalta que el estudio realizado en el municipio de Coxcatlán es el que más similitud presenta con el estudio realizado en

San Pedro Cholula (Carrillo, 2005), puesto que en ambos se obtuvo un número diploide $2n= 60$ y un número fundamental $NF= 62$; el cariotipo también fue semejante, pues ambos obtuvieron 27 pares de cromosomas telocentricos. La única variante fue en cuanto al número de pares de cromosomas, ya que en Coxcatlán se obtuvieron dos pares, y en San Pedro Cholula un par metacéntrico y un par submetacéntrico. En cuanto a los cromosomas sexuales, se obtuvieron resultados diferentes, pues en el estudio de Coxcatlán el cromosoma X fue metacéntrico a diferencia del estudio realizado en San Pedro Cholula el cromosoma X fue telocéntrico; con respecto al cromosoma sexual Y en la población de Coxcatlán fue submetacéntrico y en el presente estudio fue metacéntrico.

Al respecto, el municipio de San Pedro Cholula se encuentra en el centro oeste del estado y el municipio de Coxcatlán se encuentra en el sureste (Carrillo, 2005), aun así, los resultados obtenidos fueron muy similares, y al no tenerse mayor evidencia de porque se está presentando así, sería importante continuar realizando estudios de este tipo para registrar si la localización geográfica influye de alguna forma en la obtención de resultados.

Conclusión

- Se describió el cariotipo de la especie *Liomys irroratus* que se distribuye en la localidad de San Pedro, Cholula, Puebla.
- Se obtuvieron las constantes cromosómicas de *Liomys irroratus*, las cuales estuvieron conformadas por un número cromosómico $2n= 60$ y un número fundamental $NF= 62$.
- Los cromosomas obtenidos de *Liomys irroratus* fueron dos pares birrámeos, un par metacéntrico y otro submetacéntrico; también 27 pares de cromosomas monorrámeos de tipo telocéntrico.
- Con respecto al par sexual de *Liomys irroratus*, se obtuvo un cromosoma X unirrámeo y el cromosoma Y birrámeo metacéntrico.
- Los resultados obtenidos mostraron mayor similitud a los obtenidos por Carrillo (2005) en el municipio de Coxcatlán.

Literatura citada

- Aguilera, M., A. Expósito, y T. Caldera. 2010. Citogenética de mamíferos cinegéticos de Venezuela. Simposio de Investigación y Manejo de Fauna Silvestre en Venezuela: 55
- Avise, J.C. 2004. Molecular Markers, Natural History, and Evolution, segunda edición. Sinauer Associates Inc., Sunderland, MA. 684 pp.
- Ayuntamiento de Cholula. Acerca de Cholula, Historia. <https://www.cholula.gob.mx/acerca-de-cholula/historia>. Acceso 24 de marzo de 2021.
- Beck, M. L., y M. L., Kennedy. 1977. Chromosomal study of *Liomys pictus*. Journal of the Tennessee Academy of Science. 52 (3): 109-110.
- Baker, R. J., Haiduk, M. W., Robbins, L. W., Cadena, A. y Koop, B. F. 1982. Chromosomal studies of South American bats and their systematic implications. Pp. 303-327. in Mammalian biology in South America (M. A. Mares and H. H. Genoways, eds.). Special Publication Series, Pymatuning Laboratory of Ecology VI.
- Berón, M. P. (2006). Historia de la teoría celular. Universidad Nacional de Mar del Plata.
- Bueno, M. L. 2003. Importancia de la caracterización genética de especies silvestres en Zoológicos, Unidades de Rescate de fauna y Centros de acopio. Lyonia 3(1): 45-56.
- Carrillo, A. C. 2005. Descripción cromosómica de *Liomys irroratus* de la localidad de Guadalupe Victoria, en el municipio de Coxcatlán, Puebla en la reserva de la Biósfera Tehuacán- Cuicatlán. Tesis de Licenciatura, Escuela de Biología, BUAP. 45 p.
- Castro-Arellano, I., R. Timm, y S. Álvarez-Castañeda. 2016. *Heteromys irroratus*. The IUCN Red List of Threatened Species 2016: e.T12074A22225187. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2016-3.RLTS.T12074A22225187.en>. Descargado el 24 de marzo 2021.

- Cervantes, F., C. Lorenzo, y O. Ward. 1999. Chromosomal Relationships among Spiny Pocket Mice, *Liomys* (Heteromyidae), from Mexico. *Journal of Mammalogy*, 80(3): 823-832.
- Ceballos, G. (Ed.). (2014). *Mammals of Mexico*. JHU Press.
- Copelli, S.B. 2010. *Genética: desde la herencia a la manipulación de los genes*. Buenos Aires, Argentina.
- Córdova, J., & Lamas, G. (1997). Citogenética, filogenia, clasificaciones naturales y evolución de las especies. *Alma mater*, 13, 95-111.
- Cruz, G.N. 2018. Efecto de la bioacumulación de metales en la población de *Liomys irroratus* (Gray 1868) que habita los jales de Huatula, Morelos: un enfoque multibiomarcadores (Tesis de Maestría). Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Cuernavaca, Morelos.
- Cuartas-Calle, C., y J. Muñoz. 1999. Primer registro de *Sturnira thomasi* De la Torre and Schwartz, 1966 (Chiroptera: Phyllostomidae) para Colombia. *Actualidades Biológicas*. 21(71):173-180.
- Curtis, H. 2008. *Biología general de Curtis*. Editorial Médica Panamericana. Madrid, España. 104 pp.
- Denver. 1960. Conference: A proposed standard system of nomenclature of human mitotic chromosomes. *Lancet* i:1063–1065.
- Dowler, R., y H. Genoways. 1978. *Liomys irroratus*. *Mammalian species* 82:1-6.
- Drets, M. 2016. Los orígenes de la genética y la citogenética humana clínica en el Uruguay. *Anales de la Facultad de Medicina, Universidad de la República, Uruguay*, 2(2):8-33.
- de la Fuente P. R. 2011. Estructura y comportamiento de los cromosomas sexuales durante la meiosis de mamíferos (Doctoral dissertation, Universidad Autónoma de Madrid).
- García, E. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO), 1998. 'Climas' (Clasificación de Köppen, modificado por García). Escala 1:1000000. México Extraído del Proyecto F047 "Mapas de climas 1:1,000,000 (Clasificación Köppen modificado por E. García)". El

Proyecto fue financiado por la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad.

- Genoways, H. 1973. Systematics and evolutionary relationships of spiny pocket mice of the genus *Liomys*. Publication especial, The Museum, Texas Tech University, 5:1-368.
- Godinez, N. E. 2010. Guía ilustrada para la determinación de los roedores (Mammalia: Rodentia) de Jalisco, México.
- Gonzales, I. 2010. Relación entre la perturbación de una selva seca y la estructura genética poblacional de *L. irroratus* (Tesis de Maestría). Universidad Nacional Autónoma de México. México. 97 p.
- Graphodatsky, A., Ferguson-Smith, M. A., y Stanyon, R. 2012. A short introduction to cytogenetic studies in mammals with reference to the present volume. *Cytogenetic and Genome Research*, 137(2-4):83–96. doi:10.1159/000341502
- Gupta, P.K. 2007. *Cytogenetics* (Rev. ed.). Meerut, India: Rastogi. ISBN [9788171337378](https://doi.org/10.1159/000341502).
- Hall, E. 1981. *The Mammals of North America*. New York, EE. UU. Wiley: 589–582.
- Herráez A. 2002. *Citogenética básica*. <http://www3.uah.es/biomodel/citogene/dynacare/geninfo.htm>. Acceso 24 de marzo 2021.
- Herrera, J. C. 2007. La citogenética molecular y su aplicación en el estudio de los genomas vegetales. *Agronomía Colombiana*, 25(1), 26-35.
- Homan, J. A. y Genoways, H. H. 1978. An analysis of hair structure and its phylogenetic implications among heteromyid rodents. *Journal of Mammalogy*, 59(4): 740-760.
- Hsu, T. C. 1971. Heterochromatin pattern in metaphase chromosomes of *Drosophila melanogaster*. *Journal of Heredity*, 62: 285-7.
- INEGI. 2009. *Prontuario de información geográfica municipal de los Estados Unidos Mexicanos San Pedro Cholula, Puebla*. Recuperado de

http://www3.inegi.org.mx/contenidos/app/mexicocifras/datos_geograficos/21/21140.pdf [26 de abril de 2020]

- Jiménez, L. y H. Merchant. 2003. Biología celular y molecular. Naucalpan de Juárez, México. Leticia Gaona Figueroa. pág. 3-8.
- Jorde, L., J. Carey, M. Bamshad, y R. White. 2005. Genética Médica. Tercera edición. Salt Lake City, Utah: Elsevier. 368 pp.
- Karp, G. 2009. Biología celular y molecular (5ta edición). México: McGraw-Hill Educación. pág. 389-392.
- Larripa, I. 2011. Citogenética humana: del microscopio al microchip. Rev Hematología I, 15(2), 27-34.
- Levan, A., K. Fredga, y A. Sandberg. 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. Hereditas, 52(2): 201-220.
- Longley, A.E. 1927. Supernumerary chromosomes in *Zea mays*. J. Agric. Res. 35:769-784.
- Martínez-Vázquez, J., R. M., González, y J. M., Dávila. 2006. Manual de métodos de recolecta de plantas y animales. Puebla, Puebla. Dirección General de Fomento Editorial, BUAP.
- Mata, E. E, 2002. Diferenciación genética del ratón de abazones *Liomys irroratus* (Rodentia: Heteromyidae) (Tesis de Maestría). Universidad Nacional Autónoma de México. México. 102 p.
- Matthey R. 1972. The chromosome formulae of eutherian mammals, in Chiarelli B, Cappanna E (eds): Cytotaxonomy and Vertebrate Evolution. Academic Press, London pp 531–553.
- Méndez, D. y Casanueva, M. 2012. Representación de dominios teóricos mediante retículos: el dominio de la herencia biológica durante el periodo 1865-1902. Agora: papeles de Filosofía, 31(2).
- Montero, S., y Gonzáles, A. ¿ Los roedores enemigos o aliados de los ecosistemas?. <https://www.inecol.mx/inecol/index.php/es/2013-06-05-10-34-10/17-ciencia-hoy/462-los-roedores-enemigos-o-aliados-de-los-ecosistemas>. Acceso 25 de marzo 2021

- Morales, A. S. 2005. Descripción cromosómica de *Sigmodon hispidus* y *Liomys irroratus* de Chila de las Flores, Puebla. Tesis de Licenciatura, Escuela de Biología, BUAP. 42 p.
- Moreira B. W. A. 2016. Marcadores moleculares con mayor polimorfismos usados en la caracterización genética de peces (Master's thesis, Machala: Universidad Técnica de Machala).
- Naranjo, C., L. Poggio, y P. Brandham. 1983. A practical method of chromosome classification on the basis of centromere position. *Genetica*, 62(1): 51-53.
- Naturalista, CONABIO <https://www.naturalista.mx/taxa/520561-Heteromys-irroratus>. Acceso 28 de Marzo de 2020.
- Nowel, P.C. 1960. Chromosome studies on normal and leukemic leucocytes. *J Natl Cancer Inst*; 25: 85-109.
- Patton, J.L. 2005. "Family Heteromyidae". In Wilson, D.E.; Reeder, D.M (eds.). *Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference* (3rd ed.). Johns Hopkins University Press. pp. 851–852.
- Poggio, L., S. Espert, y R. Fortunato. 2008. Citogenética evolutiva en Leguminosas americanas. *Rodriguésia*, 59(3):423-433. Retrieved April 26, 2020, from www.jstor.org/stable/23499869.
- Ramírez, P. y Hernández, S. 1972. Regurgitaciones de lechuza, procedentes de la cueva del cañón del zopilote, Guerrero, México.
- Ramírez, M. A. G. 2020. Estructura de la comunidad de roedores silvestres asociados a Jales de Huautla, Morelos.
- Ramírez-Velazco, A., H. Rivera, A. Vásquez-Velazquez, T. Aguayo-Orozco, S. Delgadillo-Perez y M. Domínguez. 2018. 22q11.2 deletion detected by in situ hybridization in Mexican patients with velocardiofacial syndrome-like features. *Colomb Med*. 49(3): 219-22.
- Randolph, L.F. 1941. Genetic characteristics of the B chromosomes in maize. *Genetics*, 26: 608-631.

- Reyes, H. M. 2007. Descripción cromosómica de *Liomys irroratus* de Santo Domingo Huehuetlán El Grande, Puebla. Tesis de Licenciatura, Escuela de Biología, BUAP. 36 p.
- Rivera-Gasperín, S. y González-Monroy, R. 2009. Citogenética de roedores silvestres de Puebla. 10.13140/2.1.1153.1042.
- Rogers, D. S. 1990. Genic evolution, historical biogeography, and systematic relationships among spiny pocket mice (subfamily Heteromyinae). *Journal of Mammalogy*, 71(4): 668-685.
- Roman, H. 1947. Mitotic non-disjunction in the case of interchanges involving the B-type chromosome in maize. *Genetics*, 32: 391-409.
- Santiago-Marcial, A. E. 2009. Área de actividad y movimiento de *Liomys irroratus* (Gray 1868) en una selva mediana en el ejido Tepezcuintle, Tuxtepec, Oaxaca. Tesis (Maestría en Ciencias en Conservación y Aprovechamiento de Recursos Naturales), Instituto Politécnico Nacional, CIIDIR, Unidad Oaxaca. 65 p.
- Santiñaque, F. 2016. Asimetría entre telómeros hermanos en cromosomas metafásicos con FISH telomérico: análisis de su patrón de distribución en ambos brazos cromosómicos.
- Urbano, E. A., H. Ramírez-Chaves, y S. Montenegro. 2009. Primer registro del cariotipo de *Sturnira luisi* Davis, 1980. *Chiroptera Neotropical*, 15(2): 477-483.
- Wilson, D. E. y S. Ruff. 1999. El libro smithsoniano de mamíferos de América del Norte. Smithsonian Institution Press, Washington, DC, EE. UU.