



BENEMÉRITA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE PUEBLA
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS

ESTUDIO CITOGENÉTICO DE *Heteromys irroratus* EN
TLACHINOLA, PUEBLA

TESIS PARA OBTENER EL TÍTULO DE
LICENCIADA EN BIOLOGÍA

PRESENTA
JOSELIN ITZEL MARTÍNEZ RUIZ

DIRECTORA
M. EN C. ROSA MARÍA GONZÁLEZ MONROY

PUEBLA

JULIO, 2025



DEDICATORIA

En primera instancia al amor más puro que existe, mi madre Elida Ruiz Sánchez, por ser mi ejemplo para seguir, por su confianza y amor, por nunca dudar de mí y acompañarme en todo momento, por luchar por mis sueños como si fueran los suyos, por siempre traerme a la vida y mostrarme lo que es realmente importante, sin ella nunca lo habría logrado.

Para mis dos luceros, mi segunda madre Estela Ramírez García, por amarme y cuidarme siempre, y para quien fue como mi padre Conrado Ruiz Herrera, por creer en mí, por sus consejos, por ser mi confidente y cómplice en la vida, siempre están en mi corazón.

Para mis hermanos, Sthephanie y Manuel, por enseñarme que los sueños se hacen realidad, por ser mi refugio en los momentos difíciles.

Para mis sobrinos César y Noah, quienes aún son pequeños, pero dan luz y esperanza a mi vida.

Para mi familia y amigos, por estar a mi lado en todo momento, por su paciencia, comprensión y cariño, pero sobre todo por alegrar mi vida y llenarla siempre de amor.

AGRADECIMIENTOS

A la M. en C. Rosa María González Monroy, mi directora de tesis, por el apoyo incondicional, sobre todo en los momentos difíciles, por su paciencia, confianza, cariño y compromiso a lo largo de mi trayectoria universitaria.

Al Dr. Jesús Martínez Vázquez por su apoyo, consejos durante mi estancia en el laboratorio de mastozoología y el tiempo dedicado a este proyecto.

A la Dra. Laura Torres Morales, por el apoyo y asesoría durante mi estancia como tesista en el laboratorio de mastozoología, por el tiempo dedicado a este proyecto y los consejos brindados.

A mis profesores, por sus consejos, asesorías y por compartir sus conocimientos. A mis amigos de la carrera y del laboratorio de mastozoología, por hacer más amena mi estancia en la universidad, por hacerme sentir como en familia, brindarme su cariño, consejos y conocimientos.

A mi tío Herlindo Pérez Sánchez y su esposa Cristina González por todo su apoyo en cada una de mis salidas de campo, por recibirme siempre con los brazos abiertos. A mis mejores amigas Maleny y Jocabed por estar siempre a mi lado, por su confianza, por creer en mí, apoyarme y amarme.

A mis hermanos, Stephanie y Manuel, por ser mis compañeros y confidentes en la vida. A mis sobrinos César y Noah por llenar mi vida de amor. A mi abuela Paula por su confianza y cariño. A mi abuelo Conrado y mi abuela Estela, por ser como mis padres, por soñar conmigo, creer que puedo lograr todo lo que me proponga y que desde el cielo me siguen cuidando. Pero sobre todo gracias a mi mami Elida, que sin ella no seguiría aquí, gracias por darme alas y nunca buscar cortarlas, por brindarme todo tu apoyo y amor incondicional, gracias por ser la luz que ilumina mi vida, todo es por ti y para ti.

ÍNDICE

DEDICATORIA	i
AGRADECIMIENTOS	ii
Índice de Tablas	iii
Índice de Figuras	iv
RESUMEN	v
1. INTRODUCCIÓN	1
1.1 División celular	2
1.2 Citogenética	3
1.3 Cromosomas	4
1.3.1 Morfología de los cromosomas	5
1.3.2 Clasificación cromosómica	6
1.3.3 Anomalías cromosómicas	9
1.4 Cariotipo e idiograma	9
1.5 Bandeos cromosómicos	11
1.6 Género <i>Heteromys</i>	13
1.6.1 Historia evolutiva del género <i>Heteromys</i>	15
1.7 Clasificación taxonómica de <i>Heteromys irroratus</i>	16
1.7.1 Descripción morfológica de <i>Heteromys irroratus</i>	16
1.7.2 Ecología de <i>Heteromys irroratus</i>	17
1.7.3 Distribución de <i>Heteromys irroratus</i>	18
1.7.4 Características biogeográficas de los sitios de estudio de <i>H. irroratus</i> en Puebla	20
2. ANTECEDENTES	23
4. OBJETIVOS	27
4.1 Objetivo general	27
4.2 Objetivos particulares	27
5. MATERIALES Y MÉTODOS	28
5.1 Área de estudio	28
5.2 Clima	29
5.3 Trabajo de campo	29
5.4 Trabajo de laboratorio	30

5.4.1 Extracción de médula ósea	30
5.4.2 Elaboración de laminillas	31
5.4.3 Construcción del cariotipo	32
5.4.4 Regionalización bigeográfica-cariotípica de <i>H. irroratus</i> en Puebla	33
6. RESULTADOS	34
6.1 Comparación de resultados y regionalización biogeográfica y cariotípica de <i>H. irroratus</i> en Puebla	41
7. DISCUSIÓN	44
8. CONCLUSIÓN	48
9. REFERENCIAS.....	49

Índice de Tablas

Cuadro 1. Clasificación de los cromosomas de acuerdo al índice centromérico de acuerdo a Levan <i>et al.</i> (1964).....	9
Cuadro 2. Medidas del caritipo de <i>Heteromys irroratus</i>	18
Cuadro 3. Comparación cromosómica de <i>Heteromys irroratus</i> , en diferentes regiones de Puebla.....	45

Índice de Figuras

Figura 1. Morfología de los cromosomas.....	5
Figura 2. Clasificación cromosómica por longitud de brazo p y brazo q (Nikoloff y Ruiz, 2021).....	6
Figura 3. Idiograma de <i>Homo sapiens</i> (Alila Medical Media).....	8
Figura 4. Bando cromosómico G de <i>Peromyscus gratus</i> (Martínez-Vázquez <i>et al.</i> , 2020). ----	10
Figura 5. Bando cromosómico C de <i>Peromyscus gratus</i> (Martínez-Vázquez <i>et al.</i> , 2020).....	10
Figura 6. Ejemplar del género <i>Heteromys</i>	13
Figura 7. Distribución geográfica de <i>Heteromys irroratus</i> en México (Castro <i>et al.</i> , 2016).....	15
Figura 8. Cariotipo de un ejemplar macho de <i>H. irroratus</i> propuesto por Genoways 1973.....	17
Figura 9. Ubicación geográfica de Tlachinola, Puebla.....	19
Figura 10. Provincias fisiográficas de México.....	20
Figura 11. Colocación de trampas.....	21
Figura 12. Cariotipo convencional de <i>Heteromys irroratus</i> , de la localidad de Tlachinola, Tehuizingo, Puebla.....	27
Figura 13. Bando cromosómico G, de <i>Heteromys irroratus</i> , de la localidad de Tlachinola, Tehuizingo, Puebla.....	28
Figura 14. Idiograma bando cromosómico G, de <i>Heteromys irroratus</i> , de la localidad de Tlachinola, Tehuizingo, Puebla.....	29
Figura 15. Bando cromosómico C, de <i>Heteromys irroratus</i> , de la localidad de Tlachinola, Tehuizingo, Puebla.....	30
Figura 16. Idiograma de bando cromosómico C, de <i>Heteromys irroratus</i> , de la localidad de Tlachinola, Tehuizingo, Puebla.....	31

RESUMEN

Los estudios de citogenética son cruciales para entender la evolución y taxonomía de las especies, detectando variabilidad y anomalías cromosómicas que afectan la reproducción de los organismos. Se aplica tanto en animales como en plantas, y al combinar métodos clásicos y moleculares se pueden obtener características detalladas del cariotipo, lo que conlleva a importantes aportaciones sobre cambios cromosómicos. En el presente estudio se describe el cariotipo del “ratón espinoso mexicano” *Heteromys irroratus* en la localidad de Tlachinola, Puebla. Los ejemplares fueron capturados vivos, utilizando trampas Sherman, posteriormente fueron trasladados al laboratorio de mastozoología, donde se les realizó la extracción de médula ósea, con la cual se obtuvo el cariotipo convencional y los bandeos cromosómicos G y C. Obteniendo como resultado un $2n = 60$ y $NF = 62$, los cuales corresponden a dos pares de cromosomas birrámeos, un par de autosomas metacéntricos, un par de autosomas submetacéntricos, y 27 pares telocéntricos. Mientras que, en los cromosomas sexuales, el cromosoma X fue submetacéntrico y el cromosoma Y metacéntrico. En cuanto al bandeo cromosómico G, se obtuvieron de 1 a 3 bandas oscuras de eucromatina y en el bandeo cromosómico C la heterocromatina constitutiva se localizó en la región centromérica. *Heteromys irroratus* en el estado de Puebla, presenta tres cariotipos, los ejemplares de Tlachinola presentaron el cariotipo más representativo, caracterizado con un $NF = 62$ reportado en poblaciones pertenecientes tanto a la Faja Volcánica Transmexicana (FVT) como a la Cuenca del Balsas (CB), el segundo y tercer cariotipo con un $NF = 64$ y $NF = 74$, respectivamente, fueron reportados únicamente en poblaciones dentro de la Cuenca del Balsas.

1. INTRODUCCIÓN

Los mamíferos son uno de los grupos más extensos de vertebrados terrestres. Su éxito se debe a que poseen diferentes atributos, entre los que destacan sus altas tasas metabólicas, complejos mecanismos fisiológicos, mantienen una temperatura corporal constante y pueden incrementar el metabolismo en periodos de actividad (Sánchez-Cordero *et al.*, 2014). Las características principales que los diferencian de otros grupos de organismos son, una cubierta de pelo (aunque en grupos como los sirénidos y cetáceos el pelaje es escaso o ausente), presencia de glándulas mamarias en las hembras, oído medio con tres huesecillos (martillo, yunque y estribo) y dientes diferenciados, en incisivos, caninos, premolares y molares (MacDonald y Norris, 2001; Grzimek *et al.*, 2003; Villa y Cervantes, 2003).

México se coloca en el tercer lugar mundial con mayor número de especies de mamíferos, con 564 especies, siendo superado por Indonesia en primer lugar con 670 especies y por Brasil en segundo lugar con 648 especies (Sánchez-Cordero *et al.*, 2014; CONABIO, 2023). Ramírez-Pulido *et al.*, (2014) reportaron 496 especies de mamíferos terrestres, las diferencias en el número de especies varían debido a la descripción de nuevas especies, a la desaparición de sinonimias de especies válidas y al uso de nuevas técnicas para su identificación (Ramírez-Pulido *et al.*, 2014).

El orden Rodentia es el grupo de mamíferos más numeroso, representa el 42% de los mamíferos terrestres, está presente en todos los continentes con excepción de la Antártida (Wilson y Reeder, 2005; Tzab y MacSwiney, 2014). Su éxito es debido a su gran capacidad de reproducción, su reducido tamaño les permite encontrar refugios de manera más fácil y su capacidad de explorar una amplia gama de recursos alimenticios (Tzab y MacSwiney, 2014). En México hay aproximadamente 240 especies de roedores, reunidas en ocho familias (Ceballos, 2005). Una de estas familias es la familia Heteromyidae, exclusiva del continente americano, a la cual pertenece el género *Heteromys* (Hafner *et al.*, 2007), dentro de este género se encuentra la especie *Heteromys irroratus*, cuya distribución se

extiende desde los valles centrales de México hasta el sur de Texas, Estados Unidos (Dowler y Genoways, 1978).

1.1 División celular

Los mamíferos, así como el resto de los organismos vivos se encuentran formados por células, estas son la unidad estructural de la vida y únicamente pueden surgir por la división de una célula preexistente (Karp, 2009). A los eventos que conducen a la división de una célula se les conoce como ciclo celular y está constituido por dos fases principales: interfase, que es el periodo entre dos divisiones sucesivas de una célula y división celular (Rodríguez-Gómez y Frias-Vázquez, 2014), estos ocurren en células procariotas y eucariotas, sin embargo, varía entre ellas, en el caso de las células eucariotas existen dos tipos de división celular, meiosis para células sexuales y mitosis para células somáticas. La meiosis ocurre únicamente en células gaméticas, en esta división solo se da origen a células hijas con la mitad del contenido genético de la célula madre (Karp, 2009). Por otro lado, en la mitosis se generan dos células hijas genéticamente idénticas a la célula madre, durante este proceso, que generalmente dura menos de una hora (Rodríguez-Gómez y Frias-Vázquez, 2014), la actividad principal de la célula es la segregación cromosómica, provocando que se detenga el metabolismo, la transcripción y la traducción (Salaün *et al.*, 2008).

La mitosis consta de cuatro fases: 1) Profase, donde el núcleo es visible, la membrana nuclear se mantiene intacta, el ADN se duplica, el huso mitótico comienza a formarse entre los centrosomas, la cromatina se condensa en el núcleo y se ordena en forma de cromosomas (Curtis, 2008); 2) Metafase, los cromosomas se alinean en la placa metafásica, aquí ocurre un “punto de control del huso”, donde proteínas reguladoras verifican si hay algún elemento no enganchado o anclado a los microtúbulos, así como cromosomas rezagados, y si existe un cromosoma que no esté anclado, la mitosis se detiene y continua hasta que los microtúbulos lo posicionen correctamente (Curtis, 2008); 3) Anafase, las proteínas que unían a las

cromátidas de los cromosomas se separan, alejándose a polos opuestos de la célula (Curtis, 2008); y 4) Telofase, todos los microtúbulos han sido degradados, la membrana nuclear se forma alrededor de las cromátidas que fueron separadas en la fase anterior, formando dos membranas nucleares en los extremos, dentro de cada una de estas membranas se forma un nucléolo, la estructura de los cromosomas se dispersa, regresando al ADN que contenían al aspecto filamentoso que tenía durante la interfase (Curtis, 2008).

1.2 Citogenética

La citogenética es la ciencia que estudia a los cromosomas, su número, estructura e implicaciones genéticas, así como su comportamiento, enfermedades relacionadas por una alteración en su número o en su estructura (Herrera, 2007). Como se mencionó anteriormente fue el trabajo de Flemming (1982), lo que permitió que la citogenética se consolidara, sin embargo, se generaron diversas interrogantes, sobre el número total de cromosomas humanos, si existían variaciones en cuanto a la raza o sexo, ya que con anterioridad algunos investigadores sugirieron dichas diferencias (Moreira, 2016). Sin embargo, existieron diversas limitantes, que impidieron la identificación de los cromosomas, por ello se propusieron técnicas complementarias, permitiendo el desarrollo de la citogenética, estas técnicas se enfocaron en el análisis de cromosomas mitóticos y meióticos, teniendo la posibilidad de analizar no solo características morfológicas, si no también regiones específicas de la cromatina (Herrera, 2007).

Los estudios de la citogenética proporcionan información significativa sobre su evolución y taxonomía, resaltando de otra manera la variabilidad de las especies (Beck y Kennedy, 1977). También permite el acceso al acervo cromosómico de animales en cautiverio, detección de anomalías cromosómicas que pudieran afectar su capacidad reproductiva, evitando las hibridaciones entre especies (Bueno, 2003). La citogenética no solo permite realizar estudios en animales, sino también en plantas silvestres y cultivadas (Herrera, 2007).

Algunos mastozoólogos dedicados a la citogenética pensaban que los cariotipos ancestrales de los mamíferos tenían un alto número diploide y que la evolución provenía de fusiones cromosómicas (Córdova, 1997). Matthey (1972) analizó un resumen de datos de cromosomas trabajados por medio de tinción clásica. Además, acuñó el término NF “número fundamental”, señalando que el número de cromosomas puede disminuir o aumentar.

Combinar la citogenética clásica y molecular en conjunto con la biología celular, la genética pura, la evolución y la biología molecular en el estudio de cromosomas, permite la obtención de características del cariotipo, con ello importantes aportaciones del estado actual de los organismos, que van desde la detección de defectos cromosómicos hasta posibles casos de especiación (Poggio *et al.*, 2008).

1.3 Cromosomas

La organización de los genes en paquetes, mejor conocidos como cromosomas es fundamental en los genomas, todos los seres vivos poseen cromosomas, sin embargo, cada especie se va a diferenciar por la morfología y número de cromosomas que presenten (Bueno, 2011). Las alteraciones cromosómicas, son el resultado de los cambios que pueden ser originados por errores durante la mitosis o meiosis, los cuales se pueden fijar en la población de la especie durante la evolución, sí estos representan una ventaja selectiva, y en caso contrario si estos cambios representan cambios negativos severos en el fenotipo y/o fertilidad de los portadores, van a presentarse como una anomalía o síndrome genético que se eliminará de la población (Bueno, 2011).

Tijo y Levan (1956) descubrieron el número y estructura de los cromosomas humanos, estableciendo el $2n = 46$ que hoy conocemos. Esto corresponde a 22 pares autosómicos y un par de cromosomas sexuales, XX para las mujeres y XY para los hombres. Los cromosomas autosómicos y sexuales son heredados de los progenitores, uno de la madre y otro del padre (Del Rey *et al.*, 2021).

1.3.1 Morfología de los cromosomas

Los cromosomas han sido descritos como estructuras complejas en el núcleo de la célula, se componen principalmente por cromatina y esta a su vez de ADN, ARN, histonas y proteínas, en ellos se almacena toda la información genética de los organismos y son visibles solo durante la compactación (Copelli, 2010). Son observados durante la mitosis, específicamente en la metafase. En su punto más condensado, pueden distinguirse un brazo corto (p), brazo largo (q), cromátidas idénticas, también llamadas cromátidas hermanas, que se originan por la duplicación en el periodo replicativo del ADN que ocurre en la interfase, los brazos p y q están divididos por el centrómero o constricción primaria (Figura 1), el centrómero es una parte integral del cromosoma y una región especializada, en donde las cromátidas hermanas se unen (Copelli, 2010). Los telómeros se localizan en los extremos de los cromosomas y son regiones de ADN no codificante, una de sus funciones es conservar la integridad del cromosoma (Nikoloff y Ruiz, 2021).

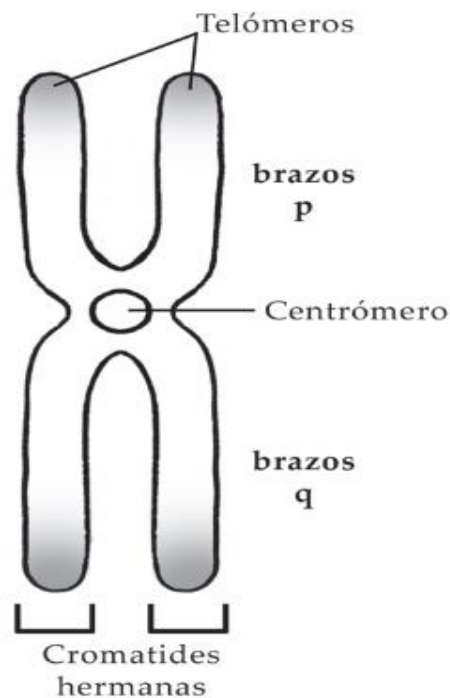


Figura 1. Morfología de los cromosomas. Modificado de Copelli (2010).

En cuanto a la cromatina se conocen dos tipos, la eucromatina que es la forma menos compacta de la cromatina y contiene la mayoría de los genes que se transcriben (se utilizan para producir proteínas) y la heterocromatina que es la forma más compacta y densa de la cromatina, los genes contenidos aquí no se transmiten (Yu y Ren, 2017), esta última puede ser constitutiva o facultativa. Si es constitutiva entonces es transcripcionalmente inactiva y contiene secuencias de ADN altamente repetitivas, como las regiones centroméricas y los telómeros. La heterocromatina facultativa, corresponde a regiones que se transcriben de acuerdo al tipo y estado celular, contiene información de los genes que no se expresan o que pueden expresarse en algún momento (Nikoloff y Ruiz, 2021).

1.3.2 Clasificación cromosómica

Existen diferentes propuestas para la clasificación e identificación de los cromosomas, sin embargo, la más utilizada hasta la fecha es la propuesta por Levan *et al.* (1964), esta se basa en la posición del centrómero, calculada a partir de la longitud del brazo corto (p) sobre la suma de la longitud del brazo corto (p) y la longitud del brazo largo (q), multiplicado por 100, de acuerdo a la posición del centrómero (Cuadro 1), ubicada en la zona de unión del cromosoma al huso mitótico (Figura 2). Hay dos tipos de áreas: terminal o telomérica ubicada en la región terminal, en donde el brazo p es prácticamente inapreciable, y la región no terminal o atelomérica localizada entre los brazos p y q (Levan *et al.*, 1964). La clasificación de los cromosomas de acuerdo a la longitud de los brazos p y q es la siguiente:

- **Metacéntricos (m):** la ubicación del centrómero es en una posición central, los brazos p y q tienen la misma longitud.
- **Submetacéntricos (sm):** la ubicación del centrómero es más próxima a uno de los extremos, el brazo p tiene una longitud menor que el brazo q.

Subtelocéntricos (st): el centrómero se ubica muy próximo a uno de los extremos, el brazo p es extremadamente pequeño.

- **Telocéntricos (t):** el centrómero está ubicado en posición terminal. Solo presentan el brazo q.

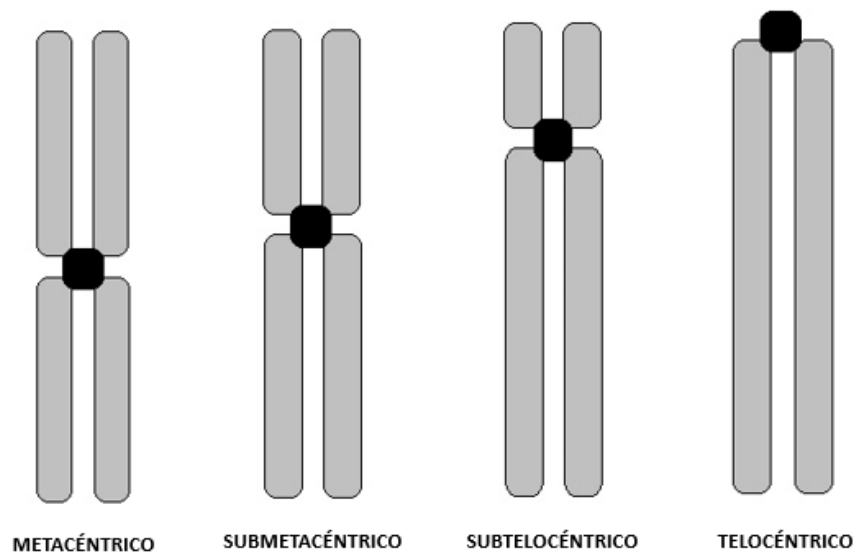


Figura 2. Clasificación cromosómica por longitud de brazo p y brazo q (Nikoloff y Ruiz, 2021).

Cuadro 1. Clasificación de los cromosomas conforme al índice centromérico de acuerdo a Levan *et al.* (1964).

Nomenclatura	i
M	50.0
m	47.5
	45.0
	42.5
	40.0
sm	37.5
	35.0
	32.5
	30.0
	27.5
st	25.0
	22.5
	20.0
	17.5
	17.5
t	15.0
	12.5
	10.0
	5.0
	2.5

1.3.3 Anomalías cromosómicas

Como se mencionó anteriormente, los cromosomas pueden presentar alteraciones. Las alteraciones en el material genético pueden ocurrir en dos niveles: 1) génico por sustitución, delección o inserción de bases y 2) cromosómico. Estas alteraciones pueden afectar el número y la estructura del complemento cromosómico de un organismo. Comúnmente cuando se habla de alteraciones numéricas, se menciona que se originan por errores durante la división celular, y de errores durante la interfase cuando se habla de alteraciones estructurales. Ocurriendo tanto en células somáticas como germinales, si ocurren en estas últimas, se pueden transmitir a la descendencia, generando anomalías congénitas (Nikoloff y Ruiz, 2021).

Las alteraciones numéricas incluyen los siguientes cambios: Euploidia, es el cambio en el número de dotaciones completas del complemento cromosómico; Aneuploidía, es la ganancia o pérdida de cromosomas; Fusión y Fisión, se rompe un cromosoma y este se une a otro; y Mixoploidía o Mosaico, que ocurre cuando una célula o tejido posee un complemento cromosómico diferente al que tienen las otras células o tejidos que lo rodean (Nikoloff y Ruiz, 2021).

En las alteraciones estructurales existen dos tipos de clasificaciones: 1) Alteraciones estructurales intracromosómicas, cuando los cortes ocurren en el mismo cromosoma como delecciones, duplicaciones, anillo e inversiones; y 2) Alteraciones estructurales intercromosómicas, que ocurren cuando hay intercambio de material entre dos cromosomas (Nikoloff y Ruiz, 2021).

1.4 Cariotipo e idiograma

Para poder realizar estudios citogenéticos, se deben obtener células con cromosomas en metafase, fase mitótica donde los cromosomas están suficientemente condensados, para ello, las células primero deben ser expuestas a un inhibidor mitótico, el cual bloquea la formación del huso mitótico (Herráez, 2002).

Para la obtención de cromosomas se pueden utilizar distintos tipos de tejidos, como son, médula ósea, sangre periférica, líquido amniótico e incluso productos de la concepción y fibroblastos (Herráez, 2002). Posteriormente se elabora un cariotipo. Se denomina cariotipo al conjunto de cromosomas o complemento cromosómico de una célula, durante la metafase mitótica (Nikoloff y Ruiz, 2021), incluyendo el ordenamiento y numeración de los cromosomas de acuerdo con su morfología, tamaño y estructura (Del Rey *et al.*, 2021). El cariotipo será distinto y característico para cada especie (Nikoloff y Ruiz, 2021).

Por otro lado, un idiograma se refiere a la representación esquemática del complemento diploide de una especie, este se ordena de acuerdo al tamaño, forma y patrón de bandas (Figura 3). Se ordenan a los cromosomas alineados de acuerdo al centrómero, el brazo largo siempre estará hacia abajo.

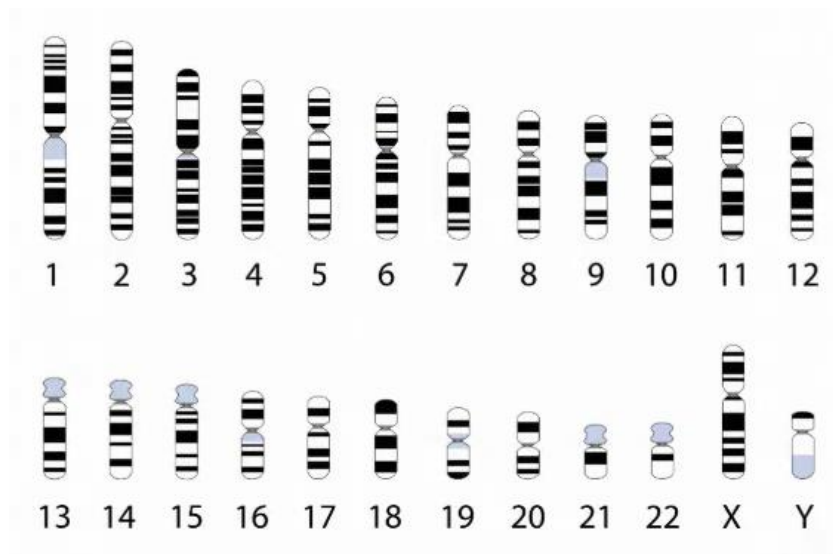


Figura 3. Idiograma de *Homo sapiens* (Alila Medical Media).

1.5 Bandeos cromosómicos

El bandeo cromosómico hace referencia a la aplicación de diferentes tratamientos, que evidencian las características de la estructura, composición y organización de los cromosomas (Nikoloff y Ruiz, 2021). El bandeo se compone de bandas claras y oscuras alternadas, las cuales aparecen por toda la longitud del cromosoma, para observarlas debieron pasar previamente por una tinción. Cada cromosoma posee un patrón de bandeo único, lo que permite identificar a los pares de cromosomas en el cariotipo. La eucromatina en los cromosomas metafásicos se encuentra altamente condensada y la heterocromatina constitutiva no contiene genes estructurales en su ADN (Cortes, 1984).

Existen diferentes tipos de bandeos cromosómicos, entre los que destacan dos, por ser los más utilizados:

- **Bandeo G:** el más utilizado, emplea colorante Giemsa, el cual tiñe regiones del ADN ricas en AT. Esta técnica requiere un pretratamiento de los cromosomas con una enzima proteolítica como lo es la tripsina (Figura 4).
- **Bandeo C:** colorea las regiones de heterocromatina, que están densamente empaquetadas y contienen ADN repetido. Los preparados se tratan con Hidróxido de bario saturado (NaOH , $\text{Ba}(\text{OH})_2$) seguido de solución salina caliente y tinción con Giemsa. El tratamiento degrada el ADN cromosómico y lo extrae selectivamente de las partes eucromáticas del cromosoma, dejando que las regiones heterocromáticas se tiñan intensamente con Giemsa. El nombre de estas bandas (bandas C), se debe a que produce bandas constantes que corresponden a regiones de heterocromatina constitutiva que no se descondensan en interfase, siendo visibles durante el ciclo celular y manteniendo su tamaño constante (Figura 5).

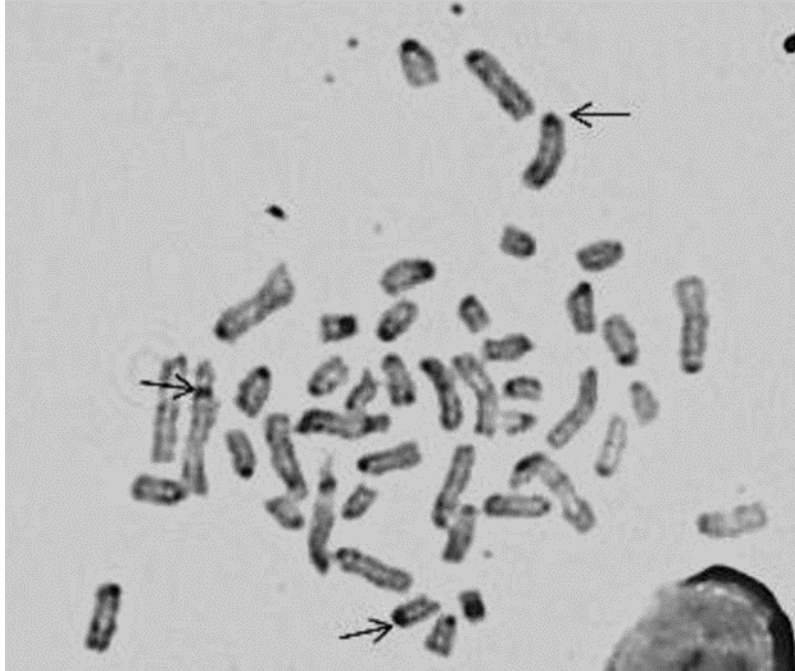


Figura 4. Bando cromosómico G de *Peromyscus gratus* (Martínez-Vázquez *et al.*, 2020).

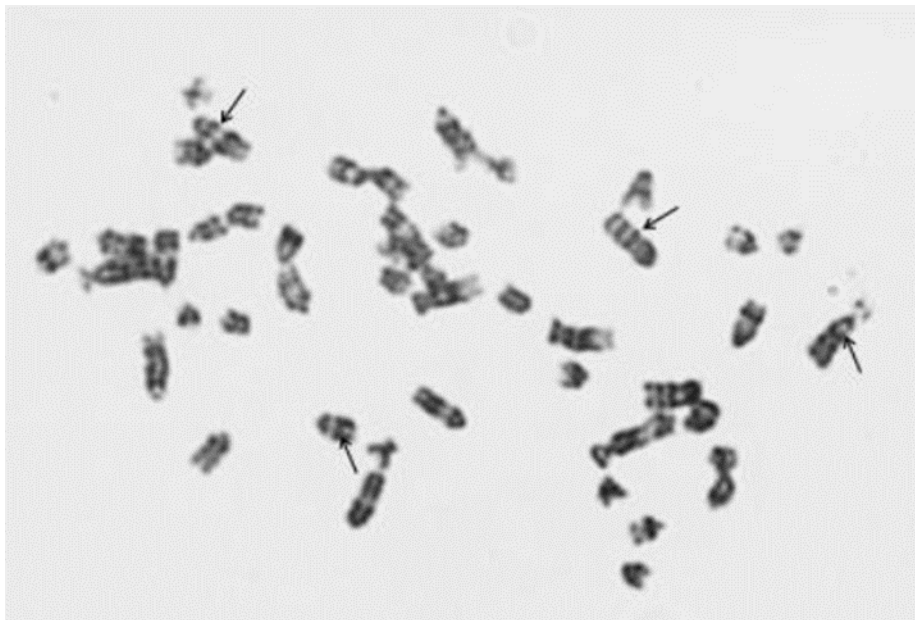


Figura 5. Bando cromosómico C de *Peromyscus gratus* (Martínez-Vázquez *et al.*, 2020).

1.6 Género *Heteromys*

El género *Heteromys* presenta una distribución exclusivamente neotropical, incluyendo la región sur de México, Colombia, Ecuador, Venezuela y Centro América (Rogers y González, 2010), este género pertenece a la familia Heteromyidae, la cual alberga tres géneros más. Los ratones espinosos del género *Heteromys*, presentan un tamaño mediano a grande, entre 180-360 mm, se caracterizan por la presencia de abazones, sacos o bolsas de piel en las mejillas, donde guardan y transportan alimentos (Figura 6). Poseen también, una coloración gris y ocre con tonos oscuros, espinas rígidas, con suave pelaje en la región dorsal posterior y lateral del cuerpo. El pelaje ventral es blanco y se extiende a las extremidades posteriores, sin llegar a las patas traseras y las patas delanteras poseen el mismo color que la región lateral de su cuerpo. En sus patas delanteras presentan cuatro dedos mientras que en las traseras tienen cinco dedos con seis tubérculos plantares (con excepción de *H. irroratus* y *H. plantinarensis*, estos solo poseen cinco; Figura 6a). Su cola es bicolor y más larga que la cabeza y el cuerpo. En las hembras adultas se presentan tres pares de mamas, y en los machos adultos son notorios los sacos escrotales. Tienen una cabeza larga con ojos y orejas considerablemente pequeños. Uno de los caracteres craneales diagnósticos de este género es una región auditiva plana, con una fosa interpterigoidea con forma de “V” (Figura 6b).

Este género tuvo un gran aprovechamiento histórico por parte de las comunidades al sur de México, posiblemente representó un recurso económico aprovechable, que posterior a la conquista fue menospreciado (Naranjo-Piñera *et al.*, 2005). El género *Heteromys* tiene una gran importancia ecológica como dispersor de semillas, determinación de comunidades vegetales en recuperación (Dirzo y Mendoza, 2007; Smythe, 1986).



Figura 6. Ejemplar del género *Heteromys*, a) muestra los abazones presentes en las mejillas y tubérculos plantares en las patas traseras; b) forma de la fosa interpterigoidea en forma de V (Modificado de Anderson y Timm, 2006).

1.6.1 Historia evolutiva del género *Heteromys*

Se ha considerado que la familia Heteromyidae evolucionó en el sur de Norteamérica durante el Oligoceno, hace más de 30 millones de años (Ma), sin embargo, la subfamilia Heteromyinae se diversificó hasta el mioceno, aproximadamente hace 22.3 a 21.8 Ma, dicha familia alberga al género *Heteromys* (Hafner *et al.*, 2007). Los cambios climáticos durante el Mioceno, inundaron las tierras bajas del sur de México (Península de Yucatán e Istmo de Tehuantepec) y Centroamérica (Depresión de Nicaragua; Coates y Obando, 1996; Baumgarten y Williamson, 2007; Barber y Klicka, 2010; Ordóñez-Garza *et al.*, 2010; Vázquez-Domínguez y Arita, 2010), caso contrario en las tierras altas (Sierra Madre Oriental, Sierra Madre del Sur, y Sierra Madre de Chiapas, Macizo Centroamericano, Cordillera de Talamanca) siguieron elevándose, lo cual permitió una conexión terrestre entre Norteamérica y Sudamérica por medio del puente de Panamá (Maldonado-Koerdell, 1964; Coates y Obando, 1996; Coates *et al.*, 2004; Marshall, 2007; Almendra y Rogers, 2012).

La conexión entre Norteamérica y Sudamérica dio lugar a la invasión del género *Heteromys* hacia Centroamérica y el norte de Sudamérica como parte del Gran Intercambio Biótico Americano durante el Plioceno (~5 a 3 Ma; Simpson, 1980; Rogers y Vance, 2005; Hafner *et al.*, 2007). Posteriormente, durante el Pleistoceno (~2.5 Ma), las condiciones climáticas cambiaron ante condiciones más secas y frías (Toledo, 1982; Toledo *et al.*, 1997). *Heteromys* probablemente restringió su distribución a los refugios pleistocénicos (zonas donde los cambios climáticos y de vegetación no fueron tan drásticos) en el sur de México y en Centroamérica (Toledo *et al.*, 1997; Alexander y Riddle, 2005), los cuales pudieron proveer el aislamiento necesario para la diversificación morfológica, ecológica, fisiológica y etológica del género (Anderson y Jarrín, 2002; Anderson, 2003; Alexander y Riddle, 2005; Patton, 2005; Anderson y Timm, 2006; Hafner *et al.*, 2007; Anderson y Gutiérrez 2009; Espinoza *et al.*, 2011; Ramírez-Pulido *et al.*, 2014), lo cual dio lugar a la diversidad de especies que se reconocen actualmente.

1.7 Clasificación taxonómica de *Heteromys irroratus*

Reino: Animalia

Filo: Chordata

Subfilo: Vertebrata

Clase: Mammalia

Orden: Rodentia

Familia: Heteromyidae

Género: *Heteromys*

Especie: *Heteromys irroratus* (Gray, 1868)

1.7.1 Descripción morfológica de *Heteromys irroratus*

Heteromys irroratus también llamado ratón espinoso, es un roedor de talla mediana, presenta cinco tubérculos plantares en extremidades posteriores (Godínez, 2010). Posee un pelaje en la región posterior de su cuerpo en tonalidades pardo grisáceo que no se riza, lo que impide que sea visible por encima de las espinas o cerdas, tienen una línea lateral de pelaje que varía entre tonalidades rosa y ante que va desvaneciéndose en color blanco en las regiones inferiores, su cola es peluda bicolor, generalmente la punta de esta es oscura. El cráneo es robusto y ancho, en comparación con la longitud (Ramírez, 2020). Los dientes que poseen tienen la característica de que la superficie anterior de los incisivos superiores es lisa, sin surco longitudinal, los últimos molares son más estrechos que los premolares (Ramírez, 2020). Por otro lado, sus medidas externas varían entre 194 - 300 mm, la longitud de la cola va de 95 - 169 mm, longitud de la pata 27.3 - 36.9 mm y la longitud de la oreja de 22 - 36 mm (Hall, 1981; Ceballos, 2014). La especie también presenta dimorfismo sexual, los machos son más grandes que las hembras,

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

1.7.2 Ecología de *Heteromys irroratus*

El estado de conservación de esta especie se considera como estable de acuerdo con la Lista Roja de Especies Amenazadas de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (Castro-Arellano *et al.*, 2016). Y dentro de la NOM-059-SEMARNAT-2010 no están catalogadas en ninguna categoría de riesgo y por lo tanto no se considera a la especie bajo protección de las leyes mexicanas.

Se ha registrado principalmente en matorral xerófilo, bosque espinoso, pastizales, bosques de conífera y encinos, en zonas de cultivo y pastoreo (Dowler y Genowyas, 1978), también en matorral seco, hábitat en el que ocupa áreas con matorral denso a lo largo de las crestas, restos de antiguas riberas del río Grande en Estados Unidos, río Bravo en México, ubicado al norte de México y frontera con Estados Unidos (Wilson y Ruff, 1999).

Al igual que otros ratones de abazones, *H. irroratus* busca y recolecta semillas almacenándolas en las bolsas de las mejillas forradas de piel, su dieta se basa en semillas de Almez, mezquite, arbustos y en algunas ocasiones invertebrados y arbustos (Santiago-Marcial, 2009). Una característica principal de la especie es que puede vivir sin tomar agua, sin embargo, necesitan de algunos alimentos suculentos para mantener los procesos metabólicos normales (Santiago-Marcial, 2009).

Es un roedor nocturno, permanece en sus madrigueras durante el día. La entrada a la madriguera generalmente se encuentra cubierta de hojas u otro tipo de vegetación, se ha encontrado también que puede cubrirse con un pequeño montículo de tierra. Esta especie se reproduce durante todo el año, pero el punto máximo de su período reproductivo parece ser durante el otoño o el invierno, mostrando preferencia en los meses de agosto a noviembre (Santiago-Marcial, 2009). El número de crías que puede tener en cada periodo de gestación oscila de

dos a ocho, con un tamaño medio de camada de cuatro (Wilson y Ruff, 1999; Ceballos, 2014).

Santos-Moreno y Santiago-Marcial (2012) describieron las interacciones entre los individuos de *H. irroratus* y su ambiente, en una selva mediana del sureste del estado de Oaxaca. Encontraron que los machos presentan áreas de actividad más grandes en comparación de las hembras, en las temporadas secas las áreas fueron mayores que en la temporada de lluvias, pero las diferencias no fueron significativas. Los machos no presentaron superposición de sus áreas de actividad con otros machos, y en el caso de las hembras la superposición fue baja igual que entre individuos de sexos diferentes. La especie presenta un sistema de apareamiento de poligamia, manteniendo su territorio hasta que inicia la temporada reproductiva (Santiago-Moreno y Santiago-Marcial, 2012).

1.7.3 Distribución de *Heteromys irroratus*

Patton (2005), reportó que la especie se encuentra distribuida 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 7). Zona que coincide con lo mencionado por Genoways (1973), quien señaló 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.



Figura 7. Distribución geográfica de *Heteromys irroratus* en México (Castro-Arellano *et al.*, 2016).

1.7.4 Características biogeográficas de los sitios de estudio de *H. irroratus* en Puebla.

Con base en la regionalización biogeográfica y evolución biótica de México (Figura 8; Morrone, 2019). El estado de Puebla se divide en 5 provincias, en orientación norte a sur son: Provincia Veracruzana, Sierra Madre Oriental, Faja Volcánica Transmexicana, Cuenca del Balsas y Sierra Madre del Sur (Figura 9).

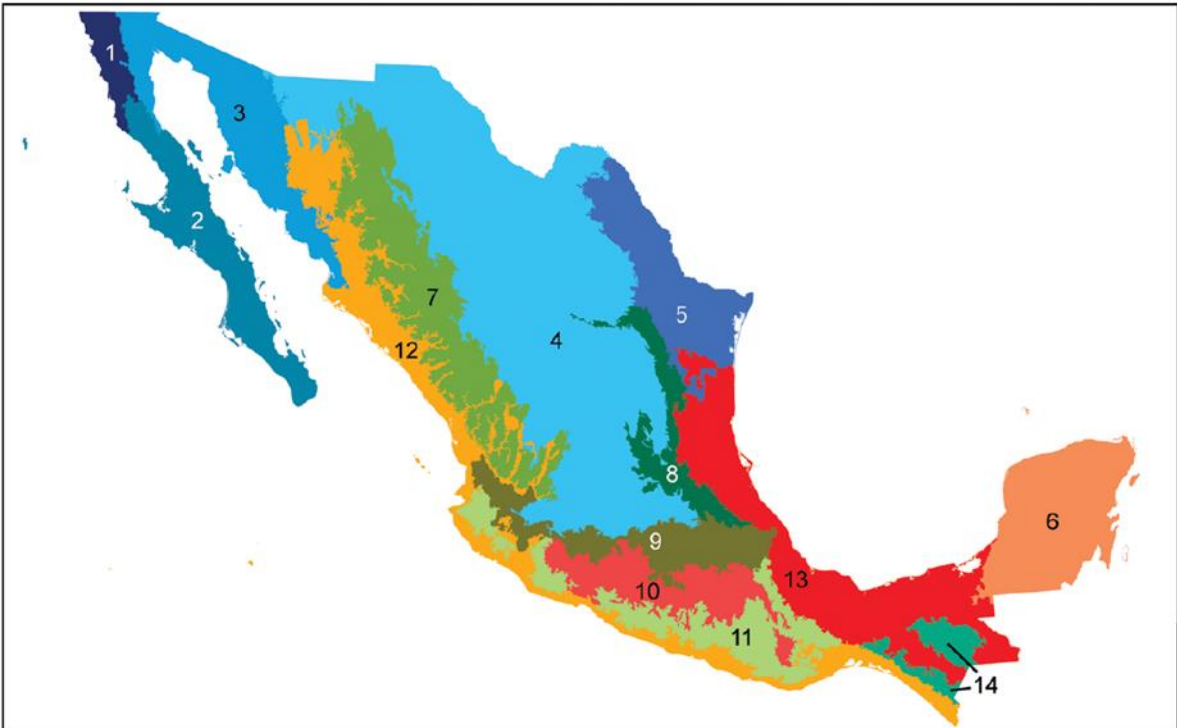


Figura 8. Provincias biogeográficas de México (Morrone, 2019). 1) Californiana; 2) Baja California; 3) Sonora; 4) Desierto Chihuahuense; 5) Tamaulipas; 6) Península de Yucatán; 7) Sierra Madre Occidental; 8) Sierra Madre Oriental; 9) Faja Transvolcánica Mexicana; 10) Cuenca del Balsas; 11) Sierra Madre del Sur; 12) Tierras bajas del Pacífico; 13) Veracruzana y 14) Tierras Altas de Chiapas.

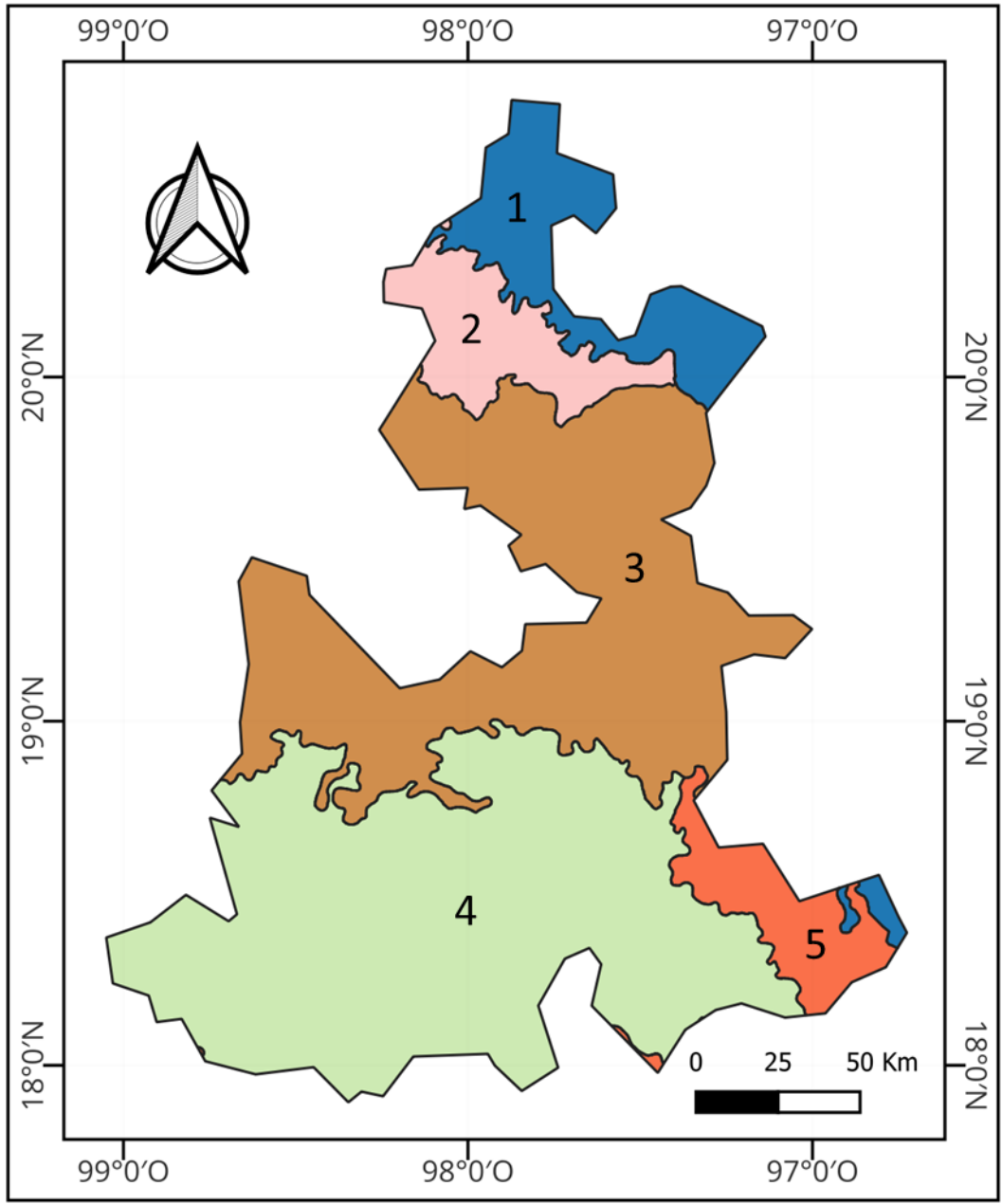


Figura 9. Provincias biogeográficas del estado de Puebla (Morrone, 2019). 1) Provincia Veracruzana; 2) Sierra Madre Oriental; 3) Faja Volcánica Transmexicana; 4) Cuenca del Balsas y 5) Sierra Madre del Sur.

Siguiendo la distribución de *H. irroratus* (Figura 7); Castro-Arellano *et al.*, 2016) como la distribución de las provincias que ocupan el estado de Puebla (Figura 9), se determinó que, las cinco provincias se empalman con la distribución de la especie de estudio. Sin embargo, la descripción cariotípica de *H. irroratus* en el estado de Puebla, solo se ha estudiado en poblaciones que se distribuyen en la Faja Volcánica Transmexicana y en la Cuenca del Balsas (Carrillo, 2005; Morales, 2005; Reyes, 2007; Serrano, 2010; Salazar, 2021; Tonacatl, 2024).

La Faja Volcánica Transmexicana se formó en varias etapas en progresión oeste-este entre los 23-2.5 Ma y se localiza entre el Océano Pacífico y el Golfo de México (Lugo-Hubb, 1990; Morrone, 2019), al norte se delimita por el Altiplano Mexicano y al sur por la Cuenca del Balsas (Morrone, 2019), incluye las elevaciones mayores del territorio mexicano constituidas por los volcanes Pico de Orizaba (5,650 m) y Popocatepetl (5,450 m), la vegetación existente es bosque templado y matorral xerófilo. La Cuenca del Balsas (CB) se orienta de oeste a este, se originó en el mismo periodo que la Faja Volcánica Transmexicana, entre los 23 -2.5 Ma (Lugo-Hubb, 1990), al norte se delimita por la Faja Volcánica Transmexicana y al sur por la Sierra Madre del Sur, las partes más bajas están a 300 m de altitud y la vegetación es bosque tropical estacionalmente seco y matorral xerófilo (Lugo-Hubb, 1990; Villaseñor y Ortiz, 2014; Morrone, 2019). Ambas regiones ya estaban bien desarrolladas cuando el género *Heteromys* se diversificó a mediados del Mioceno, con *Heteromys irroratus* originándose durante el Pleistoceno (Schmidly *et al.*, 1993).

Conocer lo señalado anteriormente, tiene gran relevancia para la interpretación de la biogeografía de una región, el análisis de la variación cromosómica de las poblaciones que habitan la región del centro de México, específicamente las del estado de Puebla, ayudaría a develar rasgos importantes de la distribución cariotípica de *H. irroratus*.

2. ANTECEDENTES

Se han realizado diversos trabajos de citogenética con esta especie, debido a su amplia diversidad de especies, gran número de individuos en cada camada y extensa distribución ecológica. Entre los trabajos se encuentran:

Genoways (1973) realizó un estudio sobre las relaciones evolutivas y sistemáticas del género *Heteromys*. Comparando cinco especies de este género y utilizando exclusivamente machos. Hizo uso de la técnica de secado al fuego, obteniendo la preparación de los cromosomas a partir de la médula ósea y los tiñó con Violeta de Genciana. Específicamente para la especie *H. irroratus* describió un $2n = 60$, incluyendo un par de autosomas metacéntricos, un par largo submetacéntrico, 27 pares de telocéntricos, el cromosoma X fue submetacéntrico, el cromosoma sexual Y fue subtelocéntrico y presentó un NF = 62 (Figura 10).

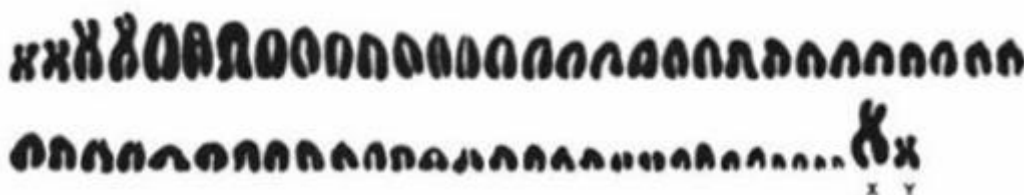


Figura 10. Cariotipo de un ejemplar macho de *H. irroratus* propuesto por Genoways (1973).

Cinco años después Dowler y Genoways en 1978, realizaron la descripción de *H. irroratus*. Sugiriendo 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 *H. irroratus*, *H. spectabilis*, y *H. pictus*, y al obtener resultados semejantes a los descritos por Genoways (1973), los utilizaron para contrastar con las demás especies, determinando de esta manera si los resultados obtenidos

podrían sugerir reordenamientos cromosómicos que señalaran a una posible evolución.

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

Morales (2005) realizó un estudio citogenético de la especie *H. irroratus* en el municipio de Chila de las Flores perteneciente al estado de Puebla, donde los resultados indicaron para esta especie un $2n = 60$ y un $NF = 74$, en cuanto al bandeo cromosómico C, registró que la heterocromatina constitutiva se localiza en la región centromérica del cromosoma.

Carrillo (2005) realizó estudios citogenéticos de *H. irroratus* en el municipio de Coxcatlán, Guadalupe Victoria, Puebla, obteniendo como resultado un $2n = 60$ y un $NF = 62$. Registrando variación de en la morfología de los cromosomas, respecto a Genoways (1973), quien encontró un par de cromosomas metacéntricos, un par de cromosomas submetacéntricos y 27 pares de cromosomas telocéntricos, con un par sexual con un cromosoma X submetacéntrico y un cromosoma Y subteloecéntrico, mientras que Carrillo encontró 29 pares autosómicos de los cuales 27 pares son telocéntricos, dos pares son metacéntricos y en el par sexual, el cromosoma X fue metacéntrico y el cromosoma Y fue submetacéntrico.

Reyes (2007) en el municipio de Santo Domingo Huehuetlán El Grande, Puebla, analizó la especie *H. irroratus*, como resultado obtuvo un $2n = 60$ y un $NF = 64$, en el bandeo cromosómico G, se observaron de una a tres bandas oscuras de eucromatina, mientras que en el bandeo C, la heterocromatina constitutiva

también se localizó en la región centromérica. Las características del cariotipo de esta especie varían en cuanto a morfología y número fundamental, pero concuerda con el número diploide ($2n = 60$).

Serrano (2010) en la localidad de San Salvador Atoyatempan analizó cinco machos y una hembra, obtuvo $2n = 60$ y $NF = 64$, con tres pares submetacéntricos y 26 pares telocéntricos, el cromosoma X fue submetacéntrico y el Y fue telocéntrico. En el patrón de bandas C la heterocromatina constitutiva estuvo en la región centromérica tanto en todos los autosomas como en los cromosomas sexuales.

Salazar (2021) analizó seis ejemplares de *Heteromys irroratus*; tres machos y tres hembras, lo cual permitió la obtención de campos cromosómicos, obteniendo así los siguientes resultados: El cariotipo de *Heteromys irroratus* presentó un $2n = 60$ y un $NF = 62$ (Figura 9). Los cromosomas birrámeos obtenidos fueron dos pares, uno metacéntrico y otro submetacéntrico y 27 pares de cromosomas monorrámeos corresponden a cromosomas telocéntricos. El par sexual se conformó de un cromosoma sexual X telocéntrico y el cromosoma Y fue metacéntrico.

Tonacatl (2024) en la localidad de Santiago Coltzingo, Ocoyucan, Puebla registró un $2n = 60$ y un $NF = 62$, con dos pares birrámeos; un par metacéntrico y un par submetacéntrico, y 27 pares de cromosomas monorrámeos telocéntricos, en el par sexual registró un cromosoma X submetacéntrico y un cromosoma Y metacéntrico.

3. JUSTIFICACIÓN

Realizar un análisis cromosómico es clave, permite identificar si una especie ha pasado por un proceso de especiación, si existe alguna diferencia o alteración en su cariotipo dependiendo del área de distribución en la que se encuentre. Los ratones son bioindicadores en los ecosistemas, ya que su presencia refleja el estado en el que su hábitat se encuentra, esta cualidad los convierte en modelos biológicos ideales para estudiar la respuesta a diversos factores ambientales o contaminantes, pues su fisiología y metabolismo son especialmente rápidos y sensibles, detectando alteraciones en su organismo en respuesta a las alteraciones de su hábitat.

El presente trabajo se desarrolló en la zona sur del estado de Puebla, perteneciente a la Cuenca del Balsas, siendo la primera vez en describirse el cariotipo de los organismos en Tlachinola, incrementando en número los estudios realizados en esa zona geográfica y en el estado.

Las diferentes zonas al centro del estado de Puebla han registrado los mismos resultados en el $2n$ de la especie, mientras que las diferencias se encuentran en el número fundamental (NF), lo que podría explicarse por las condiciones presentes en las regiones biogeográficas en las que se encuentra cada sitio estudiado. El cariotipo que se encuentre para Tlachinola podría ayudar a dar mejor soporte a la explicación de la regionalización biogeográfica en Puebla.

4. OBJETIVOS

4.1 Objetivo general

Analizar y describir el cariotipo de *Heteromys irroratus* de Tlachinola, municipio de Tehuizingo, Puebla.

4.2 Objetivos particulares

- Obtener las constantes cromosómicas, número cromosómico y fundamental de *Heteromys irroratus* de Tlachinola, municipio de Tehuizingo, Puebla.
- Obtener los bandeos cromosómicos G y C de *Heteromys irroratus* de Tlachinola municipio de Tehuizingo, Puebla.

5. MATERIALES Y MÉTODOS

5.1 Área de estudio

La junta auxiliar de Tlachinola se localiza al sur del Valle de Puebla, forma parte del municipio de Tehuitzingo (Figura 10), colinda al norte y noroeste con el Valle de Atlixco, Izúcar de Matamoros y Chiautla. Mientras que al noreste limita con la sierra de Acatlán de Osorio. Tlachinola se localiza al suroeste del estado de Puebla, bajo las coordenadas $98^{\circ} 20' 02.04''$ W y $18^{\circ} 20' 02.15''$ N, a una altura media de 1077 metros sobre el nivel del mar y tiene una población de 203 habitantes, forma parte del municipio de Tehuitzingo (Figura 11; INEGI, 2020).

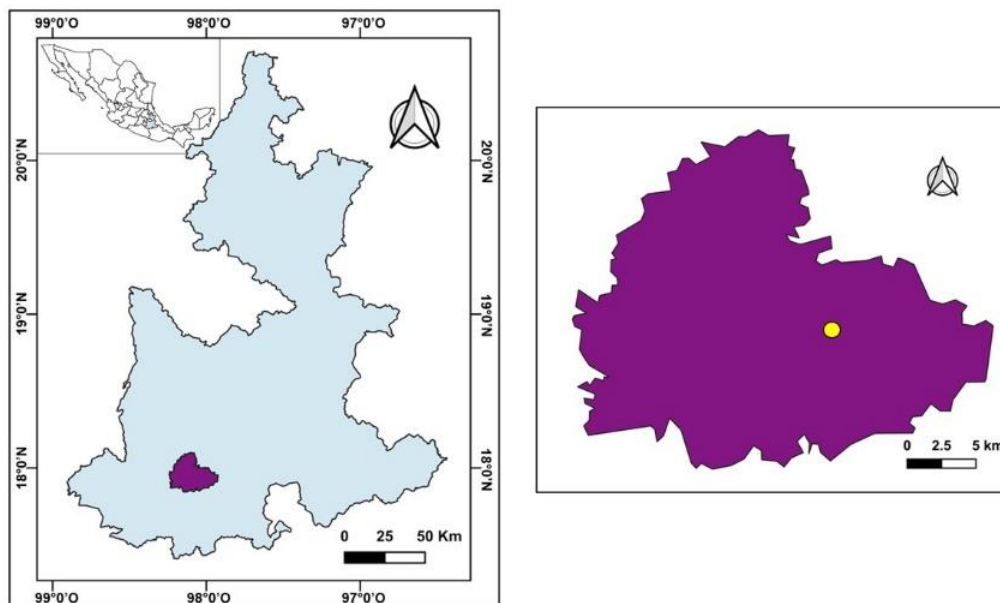


Figura 11. Ubicación geográfica de Tlachinola, Tehuitzingo, Puebla.

5.2 Clima

Dado que el sitio de estudio se ubica dentro de la Cuenca del Balsas, presenta temperaturas con un promedio de 28 a 30° C, mientras que en las provincias colindantes como la Faja Volcánica Transmexicana y la Sierra Madre del Sur tiene un tipo de clima templado y húmedo. Puebla presenta una precipitación que varía en un promedio de 50 mm anuales hasta más de 5, 500 mm.

5.3 Trabajo de campo

El estudio se llevó a cabo en la junta auxiliar de Tlachinola, perteneciente al municipio de Tehuizingo, Puebla, durante el periodo de enero y mayo 2024. Para el muestreo y captura de ejemplares se utilizaron 90 trampas Sherman, las cuales fueron colocadas en áreas colindantes a los cerros cercanos a los sembradíos de Jamaica y cacahuete. Cada una fue colocada en intervalos de 10 metros de distancia una de otra. El cebo utilizado y colocado en cada trampa fue avena impregnada con esencia de vainilla. Fueron colocadas a partir de las 17:00 horas (Figura 12) y se retiraron a partir de las 07:00 horas.

Es importante señalar que una vez capturados los ejemplares se liberaron hembras gestantes, hembras lactantes y machos con testículos escrotados, esto para no crear una alteración significativa en la población de la especie. Los ejemplares fueron sexados en el sitio de captura.



Figura 12. Colocación de trampas.

5.4 Trabajo de laboratorio

5.4.1 Extracción de médula ósea

La obtención de cromosomas de los ejemplares colectados se realizó por medio de la extracción de médula ósea establecido por Baker *et al.* (1982) y Baker y Quimsiyeh (1988). A los ejemplares colectados se les inyectó intraperitonealmente colchicina, un inhibidor mitótico. La cantidad de inhibidor se determinó dependiendo del peso obtenido de cada ejemplar: 0.1 ml de colchicina por cada 10 g de peso, el tiempo de acción fue de 30 minutos.

Los ejemplares fueron sacrificados por dislocación cervical, posteriormente se tomaron las medidas somáticas convencionales, longitud total, la longitud de la cola, longitud de patas traseras y la longitud de la oreja. Posteriormente se realizó un corte ventral extrayendo las extremidades posteriores, cortando fémures y tibias. Con ayuda de una jeringa se tomó solución hipotónica KCl a 37°C y se retiró la médula ósea colocándola en un tubo de centrifuga con solución hipotónica. 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. Finalmente, se dejó el material en refrigeración.

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 en la colección de mamíferos de la Facultad de Ciencias Biológicas, BUAP.

5.4.2 Elaboración de laminillas

Se utilizaron portaobjetos, los cuales colocados en una solución de alcohol al 70% que se encontraba en congelación. Uno a uno cada portaobjetos fue colocado en un ángulo de 45°. Después, con ayuda de una pipeta Pasteur, se tomó la muestra del tubo y desde una altura de aproximadamente 3 m se dejó caer en el portaobjetos. Inmediatamente se prendió fuego al portaobjetos hasta que todo el alcohol se consumió, se apagó agitando la laminilla y finalmente para asegurar la expansión de la muestra se le aplicó aire comprimido a la muestra, con movimientos horizontales, a lo largo de todo el portaobjeto. Una vez que todos los portaobjetos pasaron por la metodología recién mencionada, estos se dejaron secar verticalmente, en un ángulo de 50°, sobre papel absorbente.

Posteriormente se tiñó la muestra, preparando una solución de 1 ml de Giemsa y 2 ml de buffer solución AB y 47 ml de agua destilada, en el cual se sumergieron las laminillas por 20 minutos. Una vez que el portaobjetos se secó se realizó el análisis de la laminilla para ubicar los campos mitóticos, iniciando en el objetivo de 10X, posteriormente se enfocó en 40X y finalmente en 100X. Con esto se logró localizar los campos mitóticos en metafase, utilizando una laminilla de ubicación, se analizó si estos estaban completos y si se observaban a los cromosomas extendidos y no empalmados.

Encontrados los campos mitóticos metafásicos, utilizando un microscopio óptico, marca Leica, modelo DM1000LED, y con una cámara marca JENOPTIK, modelo PROGRES GRYPHAX, se obtuvo una fotografía del campo seleccionado para su posterior impresión en papel fotográfico, finalizando con la construcción de cariotipo.

5.4.3 Construcción del cariotipo

Una vez obtenidas las fotografías se recortaron los cromosomas y se organizaron con sus respectivos pares homólogos. Con ayuda del programa Image J 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.

5.4.4 Regionalización biogeográfica-cariotípica de *H. irroratus* en Puebla

Como anteriormente se mencionó, para la regionalización de los cariotipos en el estado de Puebla, se empalmaron la distribución de *H. irroratus* (Castro-Arellano *et al.*, 2016) y las provincias descritas por Morrone (2019). En este empalme, la localidad de Tlachinola se encuentra dentro de la Cuenca del Balsas.

6. RESULTADOS

Se colectaron dos ejemplares un macho y una hembra de *Heteromys irroratus*, encontrando las siguientes medidas morfométricas en el macho, longitud total = 208 mm, longitud de la cola = 105 mm, longitud de la pata trasera = 28 mm, longitud de la oreja = 17 mm y un peso = 28 gr. Mientras que en la hembra se registró una longitud total = 220 mm, longitud de la cola = 115 mm, longitud de la pata trasera = 27 mm, longitud de la oreja = 14 mm y un peso = 27 gr.

Las muestras de los dos ejemplares permitieron obtener un total de 500 campos cromosómicos, que se utilizaron para la construcción del cariotipo convencional y los bandeos cromosómicos G y C. De los 500 campos se midieron 16 cariotipos convencionales, teniendo que *H. irroratus* presentó un $2n = 60$ y un $NF = 62$ (Figura 13). Los cromosomas birrámeos obtenidos fueron dos pares, que corresponden a uno metacéntrico y otro submetacéntrico y 27 pares de cromosomas monorrámeos asignados como telocéntricos. El par sexual se conformó de un cromosoma sexual X submetacéntrico y un cromosoma sexual Y metacéntrico (Cuadro 2).

En cuanto al bandeo cromosómico G se analizaron 10 cariotipos, encontrando de una a tres bandas de eucromatina, en los pares metacéntricos y submetacéntricos, mientras que en los pares telocéntricos se presentaron una a tres bandas (Figuras 14 y 15), localizadas a lo largo del cromosoma, y en el bandeo cromosómico C se encontró heterocromatina constitutiva en la región centromérica (Figuras 16 y 17).

Cuadro 2. Medidas del caritipo de *Heteromys irroratus*.

IC= índice centromérico, LRp = longitud relativa del brazo corto, LRq = Longitud relativa del brazo largo, DSq = desviación estándar del brazo largo, m= metacéntrico, sm = submetacéntrico, t = telocéntrico, X = cromosoma sexual X, Y = cromosoma sexual Y.

Par cromosómico	LRp	DSp	LRq	DSq	LR p+q	DS p+q	IC	Clasificación Levan et al. (1964)
1	3.02	1.29	4.59	2.06	7.62	1.08	40.02	m
2	2.85	1.68	8.80	2.35	10.8	3.67	26.24	sm
3			12.19	3.08				t
4			11.11	2.81				t
5			10.60	2.71				t
6			9.75	2.53				t
7			9.29	2.34				t
8			8.90	2.15				t
9			8.50	1.89				t
10			8.20	1.84				t
11			7.50	1.76				t
12			7.60	1.59				t
13			6.81	1.46				t
14			6.46	1.65				t
15			6.58	1.53				t
16			6.21	1.50				t
17			5.98	1.41				t
18			5.62	1.19				t
19			5.32	1.07				t
20			4.56	1.20				t
21			4.08	1.18				t
22			3.82	0.95				t
23			3.47	0.97				t
24			3.25	0.98				t
25			3.08	0.85				t
26			2.65	0.63				t
27			2.32	0.66				t
28			1.61	0.57				t
29			1.52	0.41				t
X	1.9	0.86	11.85	5.13	4.69	0.58	39.82	sm
Y	1.92	0.88	2.76	0.75	4.72	0.63	40.89	m

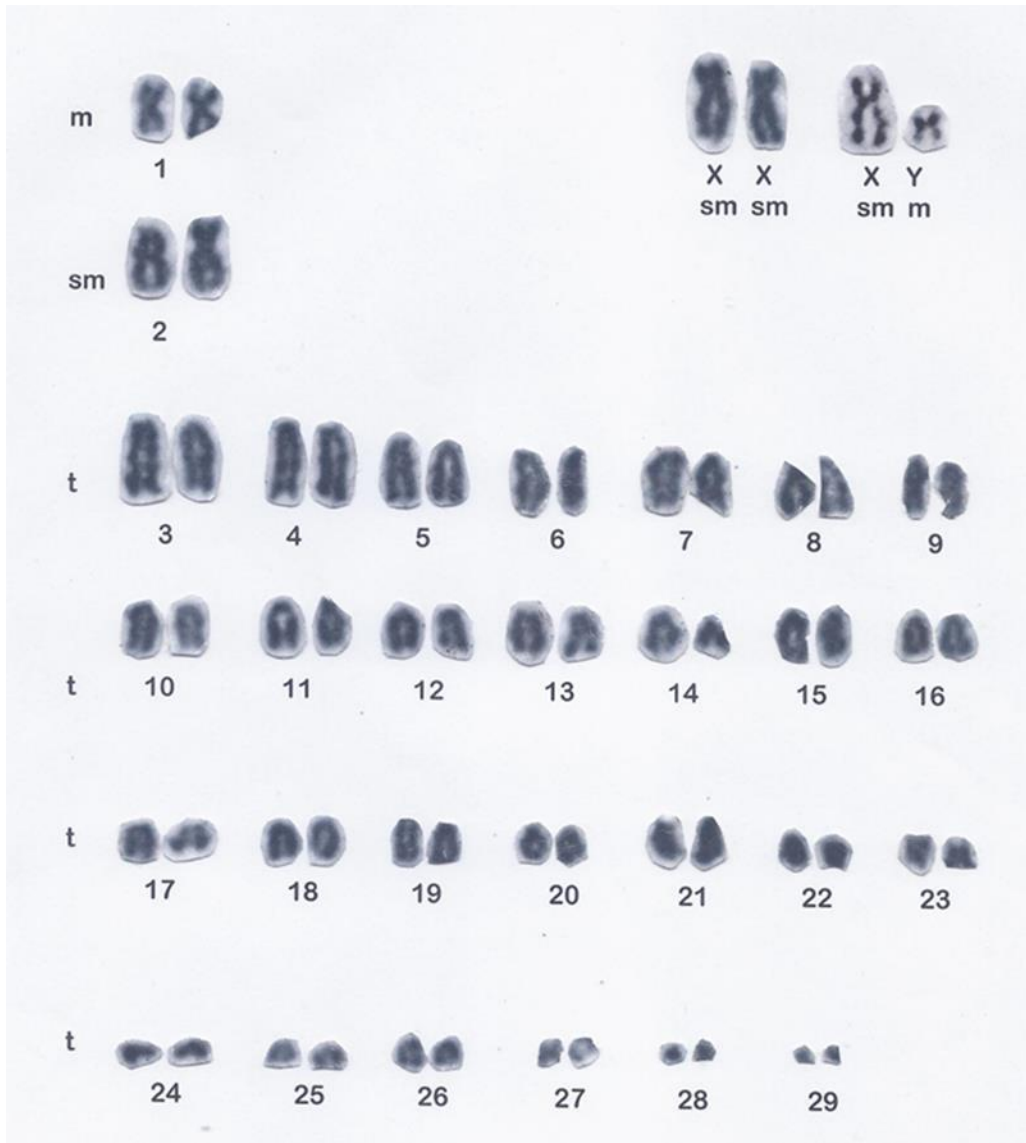


Figura 13. Cariotipo convencional de *Heteromys irroratus*, de la localidad de Tlachinola, Tehuizingo, Puebla.

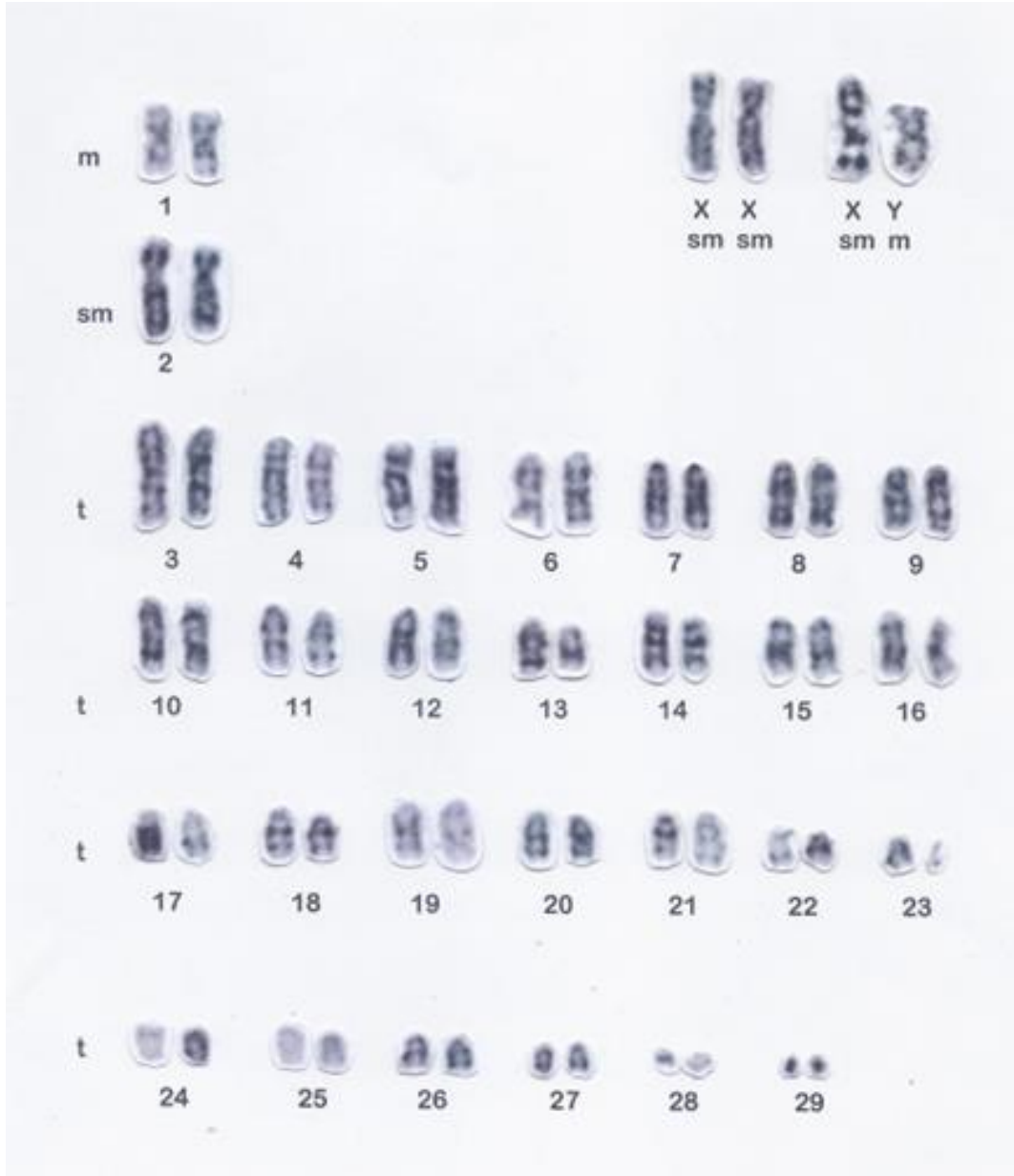


Figura 14. Bando cromosómico G, de *Heteromys irroratus*, de la localidad de Tlachinola, Tehuizingo, Puebla.

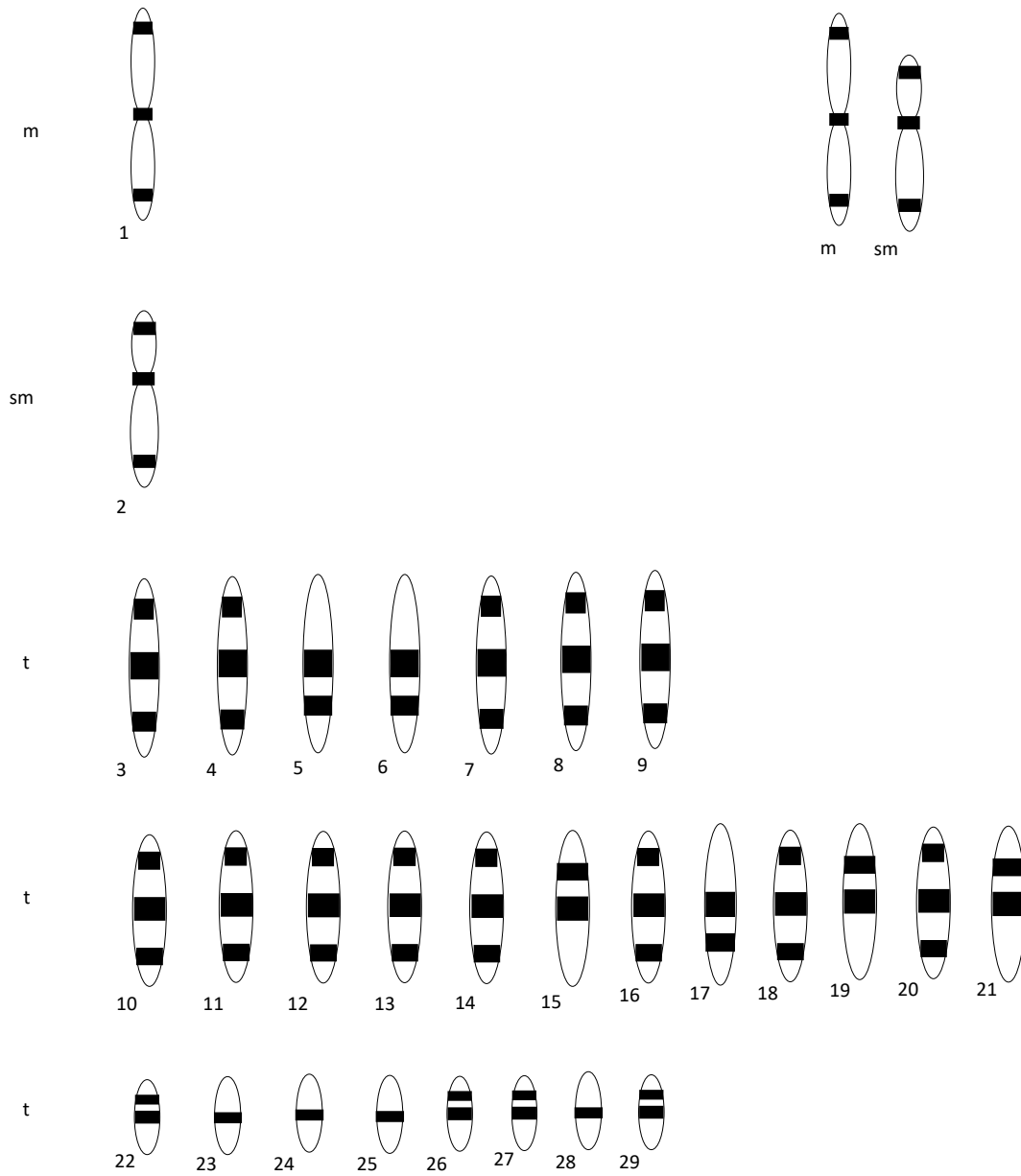


Figura 15. Idiograma bandeado cromosómico G, de *Heteromys irroratus*, de la localidad de Tlachinola, Tehuiztzingo, Puebla.

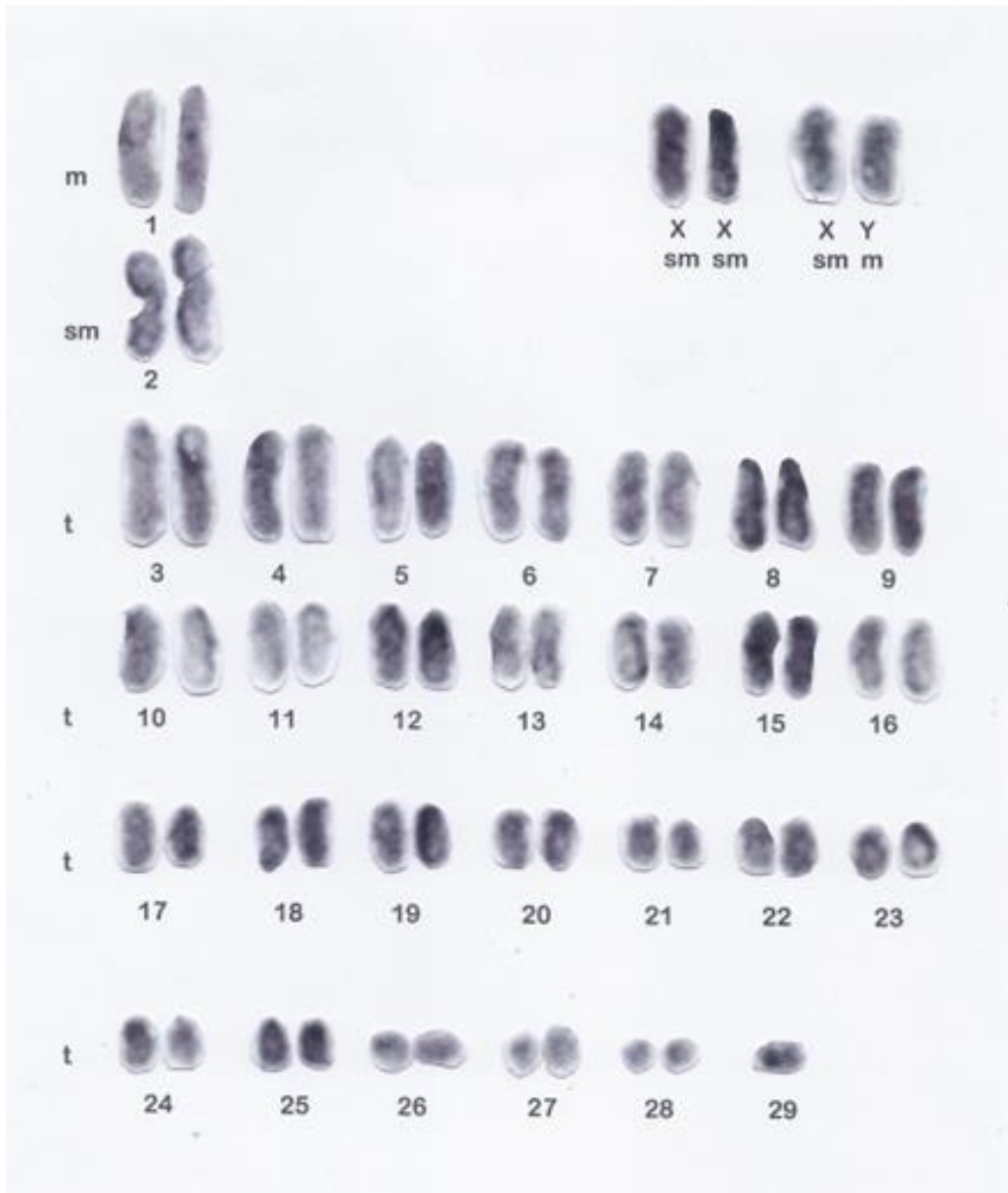


Figura 16. Bando cromosómico C, de *Heteromys irroratus*, de la localidad de Tlachinola, Tehuizingo, Puebla.

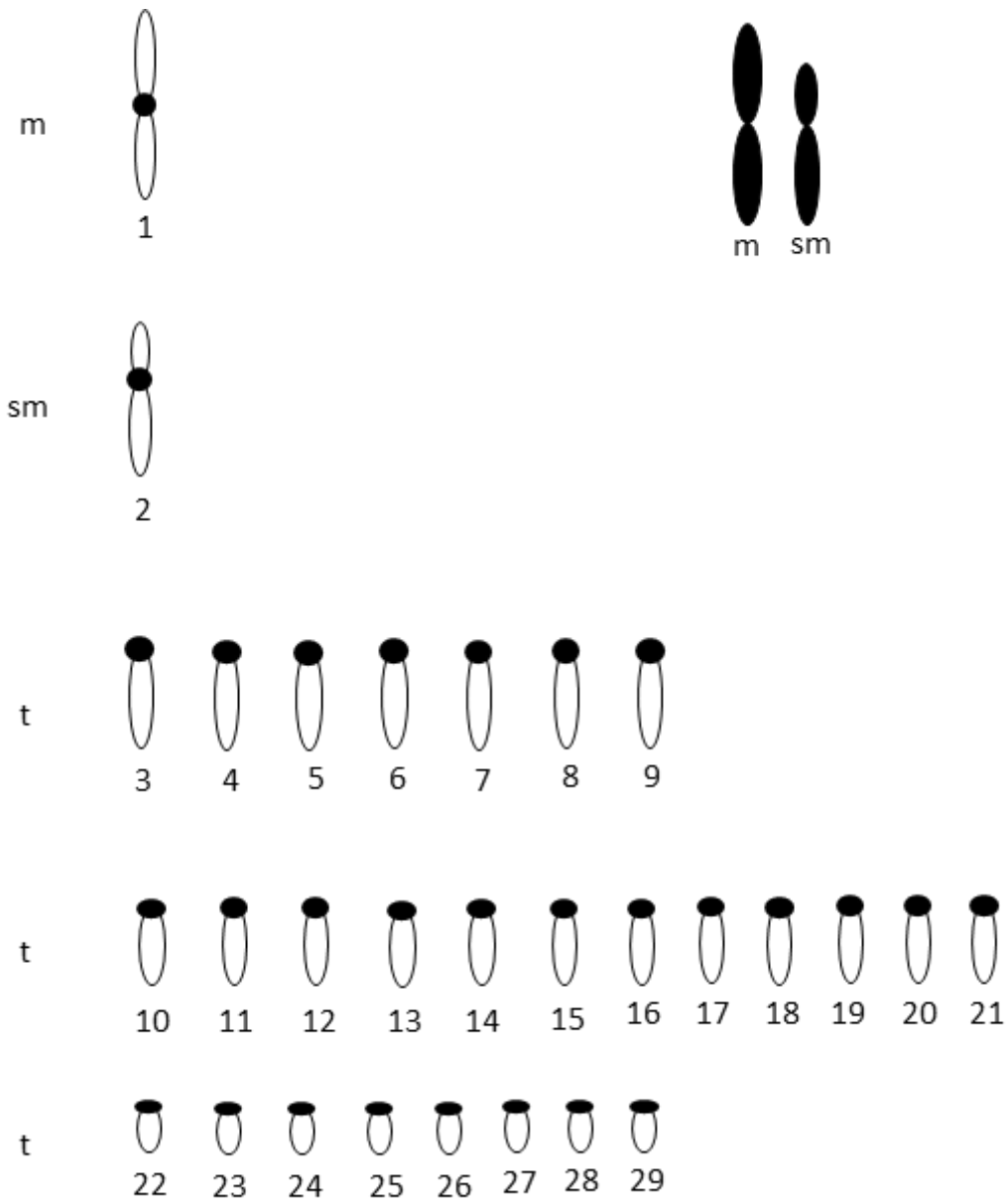


Figura 17. Idiograma de bandeo cromosómico C, de *Heteromys irroratus*, de la localidad de Tlachinola, Tehuiztzingo, Puebla.

6.1 Comparación de resultados y regionalización biogeográfica y cariotípica de *H. irroratus* en Puebla

Al comparar los resultados obtenidos en los diferentes sitios de estudio, se observó que el cariotipo de Tlachinola ha sido registrado en otros sitios dentro del estado de Puebla y es el cariotipo más representativo (Cuadro 3).

Cuadro 3. Comparación cromosómica de *Heteromys irroratus*, en diferentes regiones de Puebla. 2n = número diploide, NF = número fundamental, morfología cromosómica: m = metacéntrico, sm = submetacéntrico, st = subtelocéntrico y t = telocéntrico, X Y= cromosomas sexuales.

Localidad	Autor	2n	NF	m	sm	st	t	X	Y
Chihuahua, Tamaulipas, Guerrero	Genoways (1973)	60	62	1	1	-	27	sm	st
Veracruz	Cervantes (1999)	60	68	1		4	24	sm	sm
Oaxaca	Mata (2002)	60	68	2	-	3	24	sm	sm
San Pedro Cholula, Puebla	Salazar (2021)	60	62	1	1	-	27	t	m
Santiago Coltzingo, Ocoyucan Puebla	Tonacatl (2024)	60	62	1	1	-	27	sm	m
San Salvador Atoyatempan	Serrano (2010)	60	64	-	3	-	26	sm	t
Santo Domingo Huehuetlán El Grande, Puebla	Reyes (2007)	60	64	-	3	-	26	sm	t
Tlachinola, Tehuizingo, Puebla	Presente estudio	60	62	1	1	-	27	sm	m
Coxcatlán Guadalupe Victoria, Puebla	Carrillo (2005)	60	62	2	-	-	27	m	sm
Chila de las Flores, Puebla	Morales (2005)	60	74	2	6	-	21	sm	st

En la figura 18 se muestran los sitios donde se ha *registrado Heteromys irroratus* en el estado de Puebla, el sitio 1 corresponde al estudio realizado por Salazar (2021) en Santa María Acuexcomac, San Pedro Cholula, el sitio 2 pertenece al estudio realizado por Tonacatl (2024) en Santiago Colzingo, Ocoyucan, el sitio 3 corresponde al estudio realizado por Serrano (2010) en San Salvador, Atoyatempan, el sitio 4 se refiere al estudio realizado por Reyes (2007) en Santo Domingo Huehuetlán el Grande, el sitio 5 corresponde al presente estudio realizado en Tlachinola, Tehuitzingo, el sitio 6 pertenece al estudio realizado por Carrillo (2005) en Coxcatlán, Guadalupe Victoria y el sitio 7 corresponde al estudio realizado por Morales (2005) en Chila de las Flores. Estos sitios se ubican en la Faja Volcánica Transmexicana (FVT: localidades 1 y 2, Figura 18) y en la Cuenca del Balsas (CB: Localidades 3, 4, 5, 6, y 7 Figura 18).

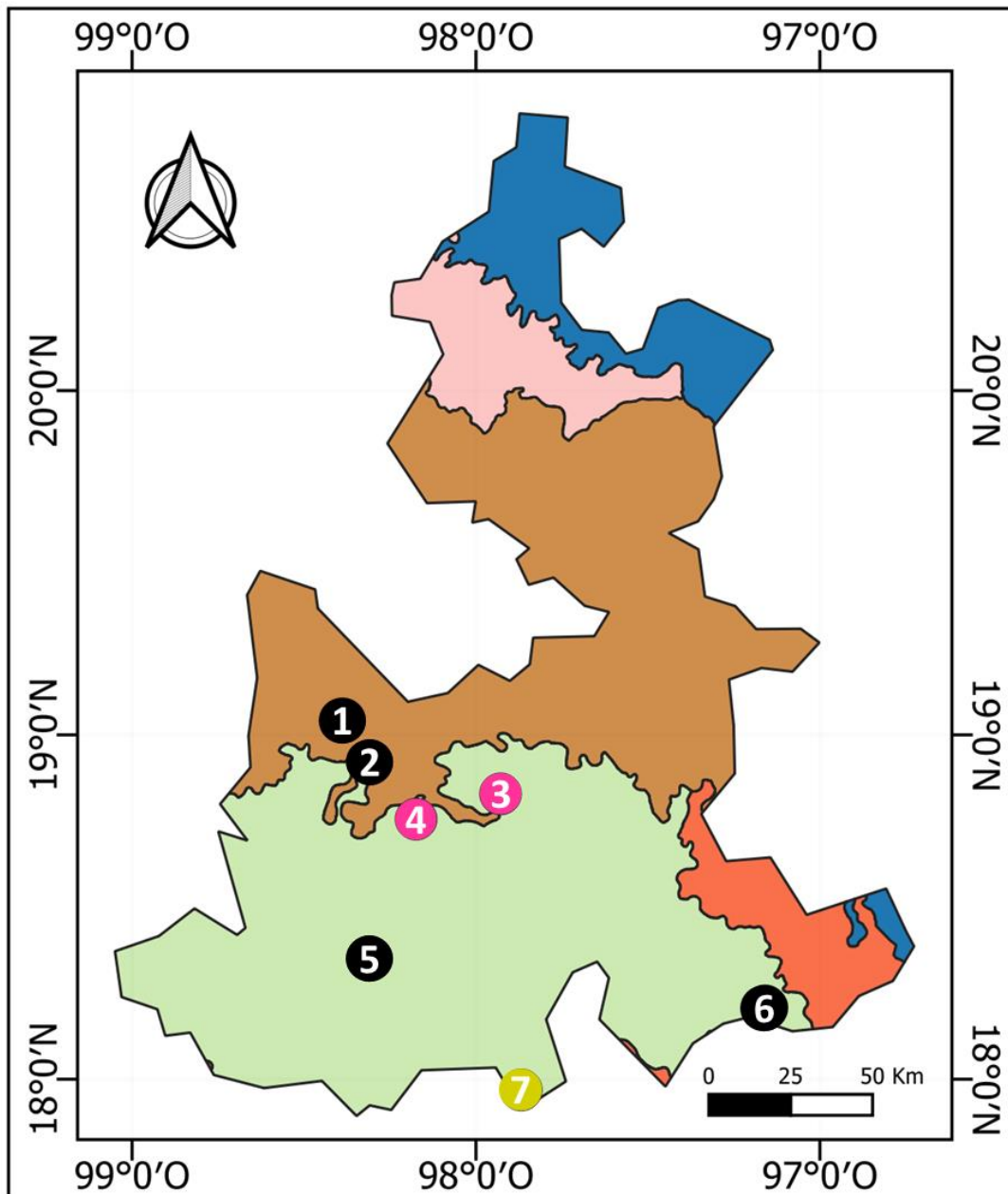


Figura 18. Ubicación de los estudios cariotípicos de *Heteromys irroratus* realizados en Puebla. 1) Santa María Acuexcomac, San Pedro Cholula; 2) Santiago Coltzingo, Ocoyucan; 3) San Salvador, Atoyatempan; 4) Santo Domingo Huehuetlán el Grande; 5) Tlachinola, Tehuizingo; 6) Coxcatlán, Guadalupe Victoria y 7) Chila de las Flores.

7. DISCUSIÓN

El cariotipo del ratón espinoso mexicano *Heteromys irroratus*, de la población de Tlachinola, Tehuizingo, Puebla, presenta un cariotipo similar al reportado por Genoways (1973) para localidades en los estados mexicanos de Chihuahua, Guanajuato, Guerrero, Tamaulipas y Texas, Estados Unidos, con un $2n = 60$ y $NF = 62$, la diferencia entre estos dos cariotipos se observa en el cromosoma sexual Y, Genoways lo reporta como subtelocéntrico mientras que el de Tlachinola es metacéntrico (Cuadro 3). Se observan otras diferencias al comparar el cariotipo encontrado en Tlachinola con el cariotipo reportado por Cervantes *et al.* (1999) en Jalisco y por Mata (2002) en los estados de Jalisco, Michoacán, Tlaxcala, Hidalgo, Guerrero y Oaxaca, los autores antes mencionados reportan que un $NF = 68$, los autosomas metacéntricos son dos, los subtelocéntricos son tres, los telocéntricos son 24, y el cromosoma sexual Y es submetacéntrico (Cuadro 4). Además, Mata (2002), reporta de una a cuatro bandas en el bandeado cromosómico G, mientras que en Tlachinola se registraron de una a tres bandas (Figuras 16 y 17).

Para el estado de Puebla, el $2n = 60$ encontrado en Tlachinola se mantiene sin variación en todas las poblaciones estudiadas previamente en el estado de Puebla. Por otro lado, el $NF = 62$, que presentó la población de Tlachinola, coincide con tres de los estudios previos en Puebla; en la localidad de Coxcatlán, Guadalupe Victoria, (Carrillo, 2005), en Santa María Acuexcomac, San Pedro Cholula (Salazar, 2021), y con el estudio realizado en Santiago Coltzingo, Ocoyucan (Tonacatl, 2024). Aunque entre estas localidades los cromosomas sexuales muestran diferencias en la longitud de los brazos, el cromosoma X es metacéntrico, telocéntrico o submetacéntrico, mientras que el cromosoma Y es submetacéntrico o metacéntrico (Cuadro 3). Sin embargo, para Puebla se han registrado dos cariotipos diferentes al de Tlachinola, uno de estos cariotipos fue registrado en Chila de las Flores, con $NF = 74$, dos autosomas metacéntricos, seis submetacéntricos y 21 telocéntricos (Cuadro 3; Morales 2005), este cariotipo muestra el NF más alto registrado para el estado y para toda la distribución de *H. irroratus* (Cuadro 3). El otro cariotipo fue registrado en Huehuetlán el Grande y en Atoyatempan, con $NF = 64$, tres autosomas

submetacéntricos y 26 telocéntricos, en ambas localidades el cromosoma X es submetacéntrico y el cromosoma Y es telocéntrico (Reyes, 2007; Serrano, 2010). Por lo que se descarta que la especie *Heteromys irroratus* haya sufrido alteraciones cromosómicas numéricas en su complemento cromosómico, sin embargo, es probable que las variaciones registradas en el número fundamental se deban a rearrreglos cromosómicos estructurales, como deleciones, translocaciones, inversiones o duplicaciones. Los rearrreglos que causan alteraciones en el número fundamental sin cambio en el número diploide han sido reportados en otros roedores de los géneros *Peromyscus*, *Onychomys*, *Reithrodontomys* y *Thomomys* (Ramírez, 2009). Pero para poder determinar si han ocurrido estas alteraciones cromosómicas sería necesario realizar estudios con técnicas más especializadas, ya que a pesar de que el análisis citogenético clásico desempeña un papel importante para la detección de anomalías cromosómicas, el trabajar con células en división presenta varias limitantes, en ocasiones puede ser una morfología cromosómica deficiente. Una técnica que puede contribuir a la detección de anomalías cromosómicas es la Hibridación fluorescente *in situ* (FISH), que detecta secuencias de ADN en células o tejidos, esta se fundamenta en la característica que tienen los ácidos nucleicos para hibridarse entre sí, ha mostrado ser de gran utilidad para identificar las alteraciones cromosómicas ya que se puede realizar en células en metafase (Arsham *et al.*, 2017; Zneimer, 2016).

Las alteraciones cromosómicas han sido correlacionadas con la diferenciación de poblaciones naturales, interpretándose en relación a su dispersión o de acuerdo a parámetros biogeográficos (Fernández-Donoso, 1985). El estado de Puebla se divide en cinco provincias biogeográficas (Morrone, 2019), la Faja Volcánica Transmexicana (FVT) y la cuenca del Balsas (CB), estas regiones abarcan la mayor parte del estado (Figura 10). Las diferencias altitudinales y de vegetación entre estas dos regiones FVT y CB son notables, por su parte la FVT engloba las montañas más altas de México (los volcanes Pico de Orizaba, Popocatepetl, Iztaccíhuatl y Malinche), la vegetación existente es bosque templado y matorral xerófilo, mientras que en la CB se encuentran las altitudes más bajas para el estado (~300 a 600 m.s.n.m) con vegetación de bosque tropical

estacionalmente seco y matorral xerófilo (Villaseñor y Ortiz, 2014; Morrone, 2019). Esto es importante ya que se ha señalado que *H. irroratus* ocupa hábitats muy diversos que van desde el nivel del mar hasta los 3000 m.s.n.m., por lo que los NF de los individuos de las diferentes localidades tanto en la región FVT como en la CB, en el estado de Puebla no deberían presentar diferencias. Sin embargo, en las localidades dentro de la CB, Santo Domingo, Huehuetlán El Grande y San Salvador Atoyatempan, con NF = 64 y ubicadas en línea recta a 48 km y 66 km, respectivamente al noreste de Tlachinola, y la localidad de Chila de las Flores con NF = 74, ubicada en línea recta a 63 km al sureste de Tlachinola, muestran NF mayores que en Tlachinola y que en el resto de localidades en Puebla, y como se mencionó anteriormente, una de ellas con el NF más alto registrado para el estado y para toda la distribución de *H. irroratus* (Cuadro 3).

En cuanto a la morfología de los cromosomas sexuales, solo se encontró diferencia en el cromosoma Y, en comparación con lo registrado por Genoways (1973), ya que registró un cromosoma sexual X submetacéntrico y un cromosoma Y telocéntrico, mientras que en el presente estudio se registró un cromosoma X submetacéntrico, pero un cromosoma Y metacéntrico.

Existe una reducción en el número de autosomas telocéntricos y un incremento en los autosomas birrámeos de *H. irroratus* en Chila de las Flores, por otro lado, las poblaciones de Huehuetlán El Grande y Coxcatlán muestran una reducción de cromosomas birrámeos. En cuanto al bandeo G y C, no fue posible hacer comparaciones entre todas las poblaciones del estado de Puebla que ha sido estudiadas, ya que solo se reportan estos resultados para la localidad de Santo Domingo Huehuetlán el Grande (Reyes, 2007) y Santiago Coltzingo, Ocoyucan (Tonacatl, 2024). La diferencia entre bandeos G de estos dos trabajos y el de Tlachinola está en el número de bandas, en Tlachinola se registraron de una a tres bandas, mientras que en los trabajos de Reyes (2007) y Tonacatl (2024) registraron de una a cinco bandas oscuras y por otro lado en el bandeo C coincide con el estudio realizado por Morales (2005) y Tonacatl (2024) donde se registró que la

heterocromatina constitutiva en la región centromérica de los autosomas y en los cromosomas sexuales se reportó una alta concentración.

8. CONCLUSIÓN

Se describió el cariotipo de *Heteromys irroratus* de la localidad de Tlachinola, municipio de Tehuiztzingo, Puebla, registrando un $2n = 60$ y un $NF = 62$, al compararlo con los estudios previos, se encontró que el $2n$ se mantiene y la variación en cuanto al NF podría deberse a las condiciones geográficas que presenta cada sitio de estudio.

En cuanto al par sexual se encontró que un cromosoma sexual X fue submetacéntrico y un cromosoma sexual Y fue metacéntrico.

Se caracterizaron el bandeo cromosómico G y C, para el bandeo cromosómico G se encontraron de una a tres bandas oscuras (eucromatina), y en el bandeo cromosómico C, coincidieron con los estudios realizados por Morales (2005) y Cervantes (1991), ya que se registró heterocromatina constitutiva en la región centromérica de los autosomas y una intensa concentración en los cromosomas sexuales, también en estos últimos la tinción de la heterocromatina constitutiva mostró una gran diferencia, pues se aprecia una gran concentración en los telómeros.

9. REFERENCIAS

- Alexander, L. y Riddle, B. (2005). Phylogenetics of the New World Rodent family Heteromyidae. *Journal of Mammalogy*, 86, 366-379.
- Alila Medical Media. (2025). Ideograma del cromosoma humano. Consultado el 18 de marzo, 2025. <https://www.alilamedicalmedia.com/es/-/galleries/images-videos-by-medical-specialties/medical-genetics/-/medias/1c7ed8ee-09e1-11e3-81e2-2b8a76a8cddf-ideograma-del-cromosoma-humano>
- Almendra, A. L. y Rogers, D. S. (2012). Biogeography of Central American Mammals: Patterns and Processes. En: B. D. Patterson y L. P. Costa (Eds.), *Historical of Neotropical Mammals* (pp. 203-229). Chicago, Illinois: University of Chicago Press.
- Anderson, R. P. (2003). Taxonomy, Distribution, and Natural History of the Genus *Heteromys* (Rodentia: Heteromyidae) in Western Venezuela, with the Description of a Dwarf Species from the Peninsula de Paraguaná. *American Museum of Natural History*. 3396, 3-41.
- Anderson, R. P. y Jarrín, P. (2002). A New Species of Spiny Pocket Mouse (Heteromyidae: *Heteromys*) endemic to Western Ecuador. *American Museum of Natural History* 3382, 1-26.
- Anderson, R. y Gutiérrez, E. (2009). Taxonomy, distribution, and natural history of the genus *Heteromys* (Rodentia: Heteromyidae) in central and eastern Venezuela, with the description of a new species from the Cordillera de la Costa. *Systematic mammalogy: contributions in honor of Guy G. Musser. Bulletin of the American Museum of Natural History*, 331, 33-93.
- Anderson, R. P. y Timm, R. M. (2006). A New Montane Species of Spiny Pocket Mouse (Rodentia: Heteromyidae: *Heteromys*) from Northwestern Costa Rica. *American Museum of Natural History*, 3509, 1-38.

- Avise, J. C. (2004). *Molecular Markers, Natural History, and Evolution*. Second edition. Sinauer Associates Inc., Sunderland, MA.
- Barber, B. R. y Klicka, J. (2010). Two pulses of diversification across the Isthmus of Tehuantepec in a montane Mexican bird fauna. *Proceedings of the Royal Society B*, 277, 2675-2681.
- Beck, M. L. y Kennedy, M. L. (1977). Chromosomal study of *Liomys pictus*. *Journal of the Tennessee Academy of Science*, 52, 109-110.
- 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, 45-56.
- Bueno, M. L. (2011). Cromosomas, vehículos en la organización y transmisión de los caracteres. Laboratorio citogenético, Instituto de genética. Consultado el 18 de febrero 2025. http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-548X2011000300003
- 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.
- Castro-Arellano, I., Timm, R. y Álvarez-Castañeda, S. (2016). *Heteromys irroratus*. The IUCN Red List of Threatened Species 2016: e. T12074A22225187. Recuperado el 24 marzo, 2025 de <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2016-3.RLTS.T12074A22225187>.
- Ceballos, G. (2005). "Orden Rodentia". En G. Ceballos y G. Oliva (Eds.), *Los mamíferos silvestres de México* (pp.35). Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad/Fondo de Cultura Económica.
- Ceballos, G. (2014). *Mammals of Mexico*. JHU Press.

- Cervantes, F., Lorenzo, C. y Ward, O. (1999). Chromosomal Relationships among Spiny Pocket Mice, *Liomys* (Heteromyidae), from Mexico. *Journal of Mammalogy*, 80, 823-832.
- Coates, A. G. y Obando, J. A. (1996). The geologic evolution of the Central American isthmus. En J. B. C Jackson, A. F. Budd y A. G. Coates (Eds.), *Evolution and environment in tropical America* (pp 21-56). Chicago: University of Chicago Press.
- Coates, A. G., Collins L. S., Aubry, M. P. y Berggren, W. A. (2004). The geology of the Darien, Panama, and the late Miocene-Pliocene collision of the Panama arc with northwestern South America. *Geological Society of America Bulletin*, 116,1327-1344.
- CONABIO. (2023). México megadiverso. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. Recuperado el 22 noviembre, 2024 <https://www.biodiversidad.gob.mx/pais/quees.html>
- Copelli, S. B. (2010). *Genética: desde la herencia a la manipulación de los genes*. Buenos Aires, Argentina.
- Córdova, J. H. y Gerardo, L. (1997). Citogenética, filogenética, clasificaciones naturales y evolución de especies. *ALMA MATER*, 95-112.
- Cortes, F. (1984). Bando de cromosomas. *Investigación y Ciencia*. 97, 20-29.
- Curtis, H. (2008). *Biología general de Curtis*. Editorial Médica Panamericana. Madrid, España.
- Del Rey, G. (2021). Citogenética humana, su aplicación e implicancia en el estudio de la patología genética. *CEDIE y sociedad: Espacio de Divulgación Científica a la Sociedad*. Recuperado el 23 de enero, 2025. <https://cedie.conicet.gov.ar/citogenetica-humana/>
- Dirzo, R. y Mendoza, E. (2007). Size-related differential seed predation in heavily defoliated neotropical rain forest. *Biotropica* 39: 355-362.

- Dowler, R. C. y Genoways, H. (1978). *Liomys irroratus*. *Mammalian Species*, 82, 1-6.
- Fernández-Donoso, R. y Berríos, S. (1985). La arquitectura nuclear y su injerencia en la variabilidad del cariotipo. UNESCO (ed). El núcleo, los cromosomas y la evolución. 68-122.
- 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.
- Godínez, N. (2010). *Guía ilustrada para la determinación de los roedores (Mammalia: Rodentia) de Jalisco, México*. Universidad de Guadalajara, Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias.
- Grzimek, B., Schlager, N. y Olendorf, D. (2003). *Grzimek's animal life encyclopedia*. Thomson Gale. Detroit, Estados Unidos.
- Hafner, J. C., Light, J. E., Hafner D. J., Hafner, M. S., Reddington, E., Rogers, D. S. y Riddle, B. R. (2007). Basal clades and molecular systematic of heteromyid rodents. *Journal of Mammalogy*, 88, 1129-1145.
- Hall, E. (1981). *The Mammals of North America*. New York, EE. UU. Wiley.
- Herráez A. (2002). Citogenética básica. Recuperado el 12 de marzo, 2025 <http://www3.uah.es/biomodel/citogene/dynacare/geninfo.htm>.
- Herrera, J. C. (2007). La citogenética molecular y su aplicación en el estudio de los genomas vegetales. *Agronomía Colombiana*, 25, 26-35.
- Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática (INEGI). (2020). Censo nacional de población y vivienda 2020-cuestionario básico. Ciudad de México, México. Recuperado el 18 diciembre, 2024 de: www.inegi.org.mx/programas/ccpv/2020/#Datos_abiertos.
- Karp, G. (2009). *Biología celular y molecular (5ta edición)*. México: McGraw-Hill Educación.

- Levan, A., Fredga, K. y Sandberg, A. (1964). Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas*, 52, 201-220.
- MacDonald, D. y Norris, S. (2001). *The new encyclopedia of mammals*. Oxford University Press, New York.
- Martínez-Vázquez, J., González y Dávila, J. M. (2006). *Manual de métodos de recolecta de plantas y animales*. Dirección General de Fomento Editorial, BUAP.
- Martínez-Vázquez, J., Vela-Montero, M. A. y González-Monroy, R. M. (2020). Análisis cromosómico de *Peromyscus gratus* (Cricetidae) de Tecamachalco, Puebla, México. Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México. *BIOCYT Biología, Ciencia y Tecnología*, 13, 909-917.
- Marshall, J. S. (2007). *The geomorphology and philographic provinces of Central America. Central America: Geology, resources, and hazards*. London: Taylor and Francels.
- Mata, E. E. (2002). *Diferenciación genética del ratón de abazones Liomys irroratus (Rodentia: Heteromyidae)*. Tesis de Maestría. Universidad Nacional Autónoma de México. México.
- Matthey R. (1972). The chromosome formulae of eutherian mammals. En B. Chiarelli y E. Cappanna (Eds.), *Cytotaxonomy and Vertebrate Evolution* (pp. 531–553). Academic Press, London.
- 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.
- Moreira B. W. A. (2016). *Marcadores moleculares con mayores polimorfismos usados en la caracterización genética de peces*. Tesis de maestría. Machala: Universidad Técnica de Machala.

- Naranjo-Piñera, E. Lorenzo-Monterrubio, C. y Horváth, A. (2005). *La diversidad de mamíferos en Chiapas*. pp. 221-263 En: M. González-Espinosa, N. Ramírez-Marcial y L. Ruiz-Montoya (Eds.), *Diversidad biológica en Chiapas*. Plaza y Valdés, México, D.F. 484 p.
- Nikoloff, N. y Ruiz, C. (2021). *Introducción a la Citogenética. Estructura, función y comportamiento cromosómico. Elementos de Genética para estudiantes de Ciencias Biológicas.* Recuperado el 23 de enero de 2025: https://ri.conicet.gov.ar/bitstream/handle/11336/161294/CONICET_Digital_Nro.62c704c2-f676-4566-9d19-75d8ed3ba98c_B.pdf?sequence=6&isAllowed=y
- Órdoñez-Garza, N. Matson, J. O. Strauss, R. E., Bradley, R. D. y Salazar-Bravo J. (2010). Patterns of phenotypic and genetic variation in three species of endemic Mesoamerican *Peromyscus* (Rodentia: Cricetidae). *Journal of Mammalogy* 91, 848-859.
- Patton, J. L. (2005). Family Heteromyidae. En D. E. Wilson y D. M. Reeder (Eds.), *Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference*. Baltimore, Maryland. Johns Hopkins University Press.
- Poggio, L., Espert, S. y Fortunato, R. (2008). Citogenética evolutiva en Leguminosas americanas. *Rodriguésia*, 59, 423-433.
- Ramírez, M. A. G. (2020). *Estructura de la comunidad de roedores silvestres asociados a Jales de Huautla, Morelos*. Tesis de Maestría. Universidad Autónoma del Estado de Morelos.
- Ramírez-Pulido, J. González-Ruiz, N., Gardner, A. y Arroyo-Cabrales, J. (2014). List of recent land mammals of Mexico, 2014. *Texas Tech University*.
- Reyes, H. M. (2007). *Descripción cromosómica de *Liomys irroratus* de Santo Domingo Huehuetlán El Grande, Puebla*. Tesis de Licenciatura. Escuela de Biología, BUAP.

- Rodríguez-Gómez, A. y Frias-Vázquez, S. (2014). La mitosis y su regulación: INP. Recuperado el 19 de diciembre, 2024 de: https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0186-23912014000100009#:~:text=La%20divisi%C3%B3n%20celular%20por%20mitosis,id%C3%A9ntica%20de%20la%20que%20proviene
- Rogers, D. S. y González, M. W. (2010). Phylogenetic relationships among spiny pocket mice (*Heteromys*) inferred from mitochondrial and nuclear sequence data. *Journal of Mammalogy*, 91, 914-930.
- Roger, D. S. y Vance, V. L. (2005). Phylogenetics of spiny pocket mice (genus *Liomys*): analysis of cytochrome b based on multiple heuristic approaches. *Journal of Mammalogy* 86,1085-1094.
- Salazar, L. (2021). *Descripción cromosómica de Liomys irroratus (Gray 1868) (Rodentia: Heteromyidae) de San Pedro Cholula, Puebla*. Tesis de Licenciatura. Facultad de Ciencias Biológicas
- Sánchez-Cordero, V., Botello, J., Flores-Martínez, R., Gómez-Rodríguez, L., Guevara, G., Gutiérrez-Granados, G. y Rodríguez-Moreno, A. (2014). Biodiversidad de Chordata (Mammalia) en México. *Revista Mexicana de Biodiversidad* 85, vol.85
- Santiago-Marcial, A. (2009). *Área de actividad y movimiento de Liomys irroratus (Gray 1868) en una selva mediana en el ejido Tepezcuintle, Tuxtepec, Oaxaca*. Tesis de Maestría. Instituto Politécnico Nacional, CIIDIR, Unidad Oaxaca.
- Santos-Moreno, A. y Santiago-Marcial, A. (2021). Área de actividad y movimientos de *Liomys irroratus* (Rodentia: Heteromyidae) en una selva mediana de Tuxtepec, Oaxaca, México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 83, 496-502.
- Schmidly, D. J., Wilkins, K. T. y Deer, J. N. (1993). Biogeography. En H. H. Genoways y J. Brown (Eds.). *Biology of the Heteromyidae* (pp. 319-354) (Special Publication No. 10. The American Society of Mammalogist.

- Secretaría del Medio Ambiente y Recursos Naturales (SEMARNAT). 2010. Norma Oficial Mexicana NOM-059-SEMARNAT-2010. Protección ambiental-Especies nativas de México de flora y fauna silvestre-Categorías de riesgo y especificaciones para su inclusión, exclusión o cambio-Lista de especies en riesgo. Diario Oficial de la Federación, Ciudad de México, México.
- Serrano, F. (2010). *Análisis cromosómico de Liomys irroratus de San Salvador Atoyatempan, Puebla*. Tesis de Licenciatura. Escuela de Biología, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla.
- Simpson, G. G. (1980). Splendid isolation: the curious history of south American mammals. New Haven, CT: Yale University Press, 1-27.
- Smythe, N. (1986). Competition and resource partitioning in the guide of neotropical terrestrial frugivorous mammals. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 17:169-188.
- Tijo, J. y Levan, A. (1956). The chromosome number of man. Cancer chromosome laboratory, Institute of genetics, Lund Sweden. *Hereditas*. 42(1-2): 1-6.
- Toledo, V. M. (1982). Pleistocene changes of vegetation in tropical Mexico. En G. T. Prance (Ed.), *Biological diversification in the tropics* (pp. 93-11). Proceedings of the Fifth International Symposium, Association for Tropical Biology. New York, Columbia University.
- Toledo, V. M., Rzedowski, J., Villa-Lobos, J., Gómez, L. D., Godoy, J. C. y Herrera-Macbride, O. (1997). Regional overview: Middle America. En S. D. Davis, V. H. Heywood, O. Herrera-Macbride, J. Villa-Lobos y A. C. Hamilton (Eds.), *Centers of Plant Diversity: A Guide and Strategy for their Conservation* (pp. 97-124). Vol. 3. The Americas. Oxford, Reino Unido, Worldwide Fund for Nature, IUCN-The World Conservation Union.
- Tonacatl, J. (2024). *Citogenética de Heteromys irroratus de Santiago Coltzingo, Ocoyucan, Puebla*. Tesis de Licenciatura, Facultad de Ciencias Biológicas, BUAP.

- Tzab, L. y MacSwiney, M. (2014). Roedores ¿plagas indeseables o animales útiles? CONABIO. *Biodiversitas*, 115, 12-16.
- Vázquez-Domínguez, E. y Arita, H. T. (2010). The Yucatan Peninsula: biogeographical history 65 million years in the making. *Ecography*, 33, 212-219.
- Villa, R. y Cervantes, F. (2003). Los Mamíferos de México. Grupo Editorial Iberoamérica. México D. F.
- Wilson, D. E. y Reeder, D. M. (2005). “*Mammal Species of the world. A Taxonomic and Geographic Reference*”. The Johns Hopkins University Press, Baltimore.
- Wilson, D. y Ruff, S. (1999). *El libro smithsoniano de mamíferos de América del Norte*. Smithsonian Institution Press, Washington, DC, EE. UU.
- Yu, M. y Ren, B. (2017). The three-dimensional organization of mammalian genomes. *Annual Review of Cell and Developmental Biology*. 33, 265–89.