

# UNIVERSIDAD DE GUADALAJARA

---

FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA



CARACTERIZACION DEL CARIOTIPO DEL  
PECARI DE COLLAR (Tayassu tajacu)  $2n = 30$ , MEDIANTE EL  
EMPLEO DE BANDEO CROMOSOMICO TIPOS -G, -C y -N.

## TESIS PROFESIONAL

QUE PARA OBTENER EL TITULO DE

MEDICO VETERINARIO ZOOTECNISTA

P R E S E N T A

HECTOR ALEJANDRO VALDIVIA MARTIN

GUADALAJARA, JALISCO. 1985

"LA PATRIA TIENE DERECHO A QUE NUESTRA ALMA, NUESTRO  
TALENTO Y NUESTRA RAZON LE CONSAGREN SUS MEJORES Y MAS  
NOBLES FACULTADES".

CICERON.

MEXICO, CREO EN TI,  
EN EL VUELO SUTIL DE TUS CANCIONES  
QUE NACEN POR SI EN LA PLEGARIA  
QUE YO APRENDI PARA LLAMARTE PATRIA,  
ALGO QUE ES MIO EN MI, COMO TU SOMBRA  
QUE SE TIENDE CON VIDA SOBRE EL MAPA.

MEXICO, CREO EN TI,  
COMO EL VERTICE DE UN JURAMENTO.....

A MIS PADRES

COMO UNA MUESTRA MINIMA DE AGRADECIMIENTO  
POR LA CONFIANZA DEPOSITADA EN MI Y POR  
SU CONSTANTE APOYO A LO LARGO DE MI  
EDUCACION.

A MIS HERMANOS.

A MIS VERDADEROS AMIGOS.

AL PERSONAL DOCENTE DE LA FACULTAD DE MEDICINA  
VETERINARIA Y ZOOTECNIA DE LA UNIVERSIDAD DE  
GUADALAJARA, POR SU CONTRIBUCION A MI FORMACION  
PROFESIONAL.

A LOS DOCTORES

SR. EDUARDO NEVAREZ SALAS, M.V.Z.

SR. MANUEL ALFREDO IBAÑEZ CASTELLANOS, M.V.Z.

SR. DANIEL ANDRES FABIAN VILLAGOMEZ ZAVALA, M.V.Z.

POR SU ACTITUD SIEMPRE DE AMIGOS, SU DESINTERESADA  
AYUDA Y POR SUS VALIOSOS CONSEJOS PROFESIONALES.

MI AGRADECIMIENTO AL SR. ARMANDO ALCARAZ, POR SU  
EXCELENTE TRABAJO FOTOGRAFICO, Y A LA SRA. ELIDA  
COTA POR SU IMPECABLE TRABAJO TRANSCRIPTIVO (UNIDAD  
DE INVESTIGACIONES BIOMEDICAS DE OCCIDENTE, I.M.S.S.)

Y A TODAS LAS PERSONAS QUIENES DE UNA FORMA U OTRA  
CONTRIBUYERON A LA REALIZACION DE ESTE ESTUDIO.

CARACTERIZACION DEL CARIOTIPO DEL PECARI DE COLLAR  
(Tayassu tajacu)  $2n= 30$ , MEDIANTE EL EMPLEO DE BANDEO  
CROMOSOMICO TIPOS -G, -C y -N.

HECTOR ALEJANDRO VALDIVIA MARTIN.

# I N D I C E

	Página
I. INTRODUCCION	1
II. ANTECEDENTES CIENTIFICOS	5
1. CITOGENETICA	5
1.1 CROMOSOMAS	5
1.2 BANDEO CROMOSOMICO, TECNICAS Y MECANISMOS.	10
1.3 ASPECTOS PRACTICOS DE LA CITOGENETICA.	16
1.4 BASES Y NOMENCLATURA USADAS PARA LA ESTANDARIZACION DE CARIOTIPOS BANDEADOS EN ANIMALES DOMESTICOS.	21
2. EVOLUCION	22
2.1 EVOLUCION CROMOSOMICA	22
2.2 CROMOSOMAS DE LOS SUIDOS	28
3. CLASIFICACION Y DESCRIPCION DEL PECARI DE COLLAR ( <u>Tayasu tajacu</u> )	57
III. OBJETIVOS	64
IV. MATERIAL Y METODOS	65
V. RESULTADOS	71
VI. DISCUSION	88
VII. CONCLUSIONES	91
VIII. RESUMEN	93
IX. BIBLIOGRAFIA	94

## I. INTRODUCCION.

La ciencia de la citogenética se encarga de estudiar: La estructura y propiedades de los cromosomas; el comportamiento cromosómico en la división celular somática (mitosis) durante el crecimiento y desarrollo y en la división de células germinativas (meiosis) en la reproducción; los cambios cromosómicos y los factores que los determinan; y la influencia de los cromosomas en el fenotipo (49, 92, 101).

La citogenética relaciona los fenómenos hereditarios con estructuras y funciones celulares.

La citogenética nació de la convergencia entre citología y genética, siendo que a mediados del Siglo XIX se había establecido la universalidad de la división celular como el fenómeno central en la reproducción de los organismos y Virchow lo expresó en su famoso aforismo "Omnis cellula e cellula". A partir de entonces comienza a producirse la convergencia entre el estudio de las células y de la herencia y evolución, como fuera expuesto con suma exactitud por Wilson: "La herencia aparece como una consecuencia de la continuidad genética de las células establecida por la división". En la misma época se obtuvo un punto de vista más biológico y general gracias a investigadores como Robert Brown (1831), al establecer que el núcleo es un componente fundamental y constante de la célula.

Las observaciones realizadas por Van Beneden (1887), puntualizando de que cada célula de un organismo posee un número cromosómico el cual es característico de la especie y además con la descripción de la meiosis; por Flemming (1880), con el descubrimiento de la mitosis en animales; por Strasburger con su descubrimiento de la mitosis en vegetales; por Boveri y otros investigadores sobre la célula germinal, sirven de base a la célebre teoría de la continuidad del plasma germinativo propuesta por Weissman en 1883.

Además se comprobó que el hecho fundamental en la mitosis es la formación de los filamentos nucleares o cromosomas (Waldeyer, 1890) y su división igual entre los núcleos de las células hijas. Esta teoría establece que la transmisión de los factores hereditarios de una generación a otra tiene lugar por medio de la continuidad de lo que él denominó plasma germinativo, localizado en los elementos sexuales y no mediante las células somáticas (25).

El descubrimiento de la fecundación, condujo a la enunciación de la teoría según la cual el núcleo celular es el portador de las bases físicas de la herencia. Además, el biólogo alemán Wilhelm Roux (1880), postuló que la cromatina es la substancia del núcleo la cual constituye los cromosomas (25, 30).

Las leyes fundamentales de la herencia fueron descubiertas por Gregorio Mendel en 1865; pero en esa época no se cono



cían suficientemente bien los cambios producidos en las células sexuales como para llegar a una interpretación de la segregación independiente de los caracteres hereditarios. Por ésta y por otras razones, los estudios de Mendel cayeron en el olvido hasta que los botánicos Correns, Tschermack y de Vries en 1901, redescubrieron independientemente las leyes de Mendel (25).

Walter Sutton en 1902, notó que los cromosomas se comportaban exactamente igual que los factores mendelianos de la herencia (101).

En ese momento la citología había avanzado lo suficiente como para comprender y explicar el mecanismo de la distribución de las unidades hereditarias postulado por Mendel. Se sabía que en los organismos sexuados las células somáticas tenían una constitución hereditaria doble o diploide, mientras que en las células reproductoras o gametos esta constitución era simple o haploide. Además, los citólogos observaron que el ciclo que experimentan los cromosomas en la meiosis de las células germinativas, estaba relacionado con los fenómenos hereditarios.

En relación directa con estos descubrimientos, Mc Clung (1901-1902) sugirió que la determinación del sexo estaba vinculada con ciertos cromosomas especiales, lo cual fue corroborado por Stevens y Wilson en 1905 (25).

En 1903, Sutton y Boveri postularon la teoría cromosómica de la herencia (101) y correspondiendo su demostración experimental al estadounidense Thomas Hunt Morgan y sus colaboradores Sturtevant y Bridges, quienes asignaron a los genes (Johanssen) o unidades hereditarias la localización dentro de los cromosomas. A partir de este momento la investigación experimental de la herencia y evolución, hizo que ésta se separara como una rama de la biología que en 1906 Bateson bautizó con el nombre de genética. Sin embargo, la ciencia de la genética casi desde el principio mantuvo íntima relación con la citología y de la convergencia de ambas se originó la citogenética. En la última década, el estudio de la genética se ha unido al de la bioquímica, alcanzando el nivel molecular y estableciéndose de ese modo los campos de la genética bioquímica y molecular (25).

## II. ANTECEDENTES CIENTIFICOS.

### 1. CITOGENETICA

#### 1.1 CROMOSOMAS

En 1876, Balbiani observó que en el núcleo, antes de la división, se formaban estructuras cilíndricas; en 1879, Flemming usó el término "cromatina" para describir la substancia que se colorea intensamente con colorantes básicos en el núcleo metafásico. También sugirió que la afinidad de la cromatina por estos colorantes se debía al contenido en "nucleína", un compuesto fosforado que había sido aislado por Miescher en 1871 a partir de células del pus. En 1888, Waldeyer usó la denominación "cromosoma", haciendo énfasis sobre la continuidad entre la cromatina del núcleo interfásico y las estructuras cilíndricas que se observaban durante la meiosis.

El estudio de los cromosomas es de la mayor importancia en biología, ya que permite observar en forma directa el comportamiento de las moléculas de ADN y de los genes. La morfología de los cromosomas puede ser estudiada mejor durante la metafase y la anafase. Hay cuatro tipos de cromosomas: telocéntricos, acrocéntricos, submetacéntricos y metacéntricos, lo cual depende de la posición del centrómero. Otras características morfológicas son las constricciones secundarias, los telómeros, los satélites y el organizador nucleolar (ON).

Se denomina cariotipo al grupo de las características que

permiten identificar a un grupo de cromosomas. Cada cromosoma tiene dos cromátidas, que están unidas a nivel del centrómero. Cada cromátida tiene una sola molécula lineal de ADN y las proteínas asociadas (teoría uninémica). Ambas cromátidas hermanas son simétricas en todas sus características, ya que contienen moléculas de ADN idénticas.

Probablemente durante la interfase, los cromosomas se disponen en sitios definidos de la cavidad nuclear y hasta es posible que lo hagan en un orden determinado.

Los cromosomas mitóticos están formados por fibras de cromatina de 20-30 nm, en las que el ADN se encuentra enrollado 40 veces. Este empaquetamiento aumenta de 5,000 a 10,000 veces por el plegamiento de la fibra de cromatina. En ese empaquetamiento final de la cromatina es posible que intervengan las proteínas no histónicas. En cromosomas a los que se extrajeron las histonas se observa un armazón central de proteínas no histónicas, donde se fijan asas de ADN de alrededor de 25  $\mu$ m (75,000 pb) (25).

El material hereditario individualizado como partículas o unidades, por el concepto mendeliano del gen, se encuentra ordenado en todos los seres vivos en uno o más cromosomas. El tener los genes agrupados en cromosomas representa para el organismo un recurso de economía en el número de unidades de segregación que tienen que distribuirse en el curso de las divisiones, tanto de células somáticas como de germinativas duran

te el crecimiento, el desarrollo y la reproducción. De esta manera, es minimizado el riesgo de los posibles daños fisiológicos que ocurrirían en los desbalances por ganancia o pérdida de la información genética.

El ligamento de genes en uno o más cromosomas hace posible una diferenciación de funciones entre los cromosomas y entre sus segmentos. Esto permite la evolución de niveles de control e interacción no posible entre un grupo de genes cuando actúan cada uno independientemente de otras unidades similares. El cromosoma es un organelo altamente complejo y ordenado, cuya actividad como un todo trasciende las funciones de las partes independientes.

Los cromosomas son unidades hereditarias que han estado sometidos a fuerzas selectivas, que en el transcurso de la evolución, en los distintos grupos de organismos, han llegado a diferir ampliamente en su modo de transmisión, tamaño, complejidad molecular, patrones de control interno y más particularmente en su constitución genética.

Los cromosomas poseen un alto valor adaptativo debido probablemente a su capacidad de replicación, acoplado con una estructura interna que determina un error en el copiado por cada 10,000 - 50,000 nucleótidos incorporados (3).

Sin embargo, existen mecanismos de reparación que pueden detectar y corregir los errores manteniendo la tasa de mutación a un nivel extraordinariamente bajo. Las mutaciones pro

porcionan la fuente de la diversidad a través de la segregación y la recombinación cromosómica. Los cromosomas poseen un eficiente sistema de empaquetamiento de una molécula enorme, la cual encierra información en un código genético que es descifrado mediante los procesos de transcripción y traducción, para la producción de proteínas (3, 64).

Existe un control selectivo de la actividad genética a través de una variedad de mecanismos de retroalimentación. Los genes pueden ser copia única o estar en el genoma mediano o altamente repetidos, lo que permite, de una forma no bien entendida, satisfacer las necesidades del organismo en todo tiempo. La distribución de la secuencia de bases a lo largo del cromosoma no se encuentra al azar, se ha determinado que las zonas ricas en guanina-citosina son las más activamente transcritas, las cuales son de replicación temprana y se encuentran en los segmentos intercromoméricos. En cambio, las zonas ricas en adenina-timina, son casi genéticamente inactivas, de replicación tardía y forman los cromómeros (21, 25).

La cromatina corresponde a zonas del cromosoma que permanecen condensadas durante la interfase y se tiñen en forma más intensa con los colorantes básicos. La heterocromatina se replica tardíamente en el período S; es inerte desde el punto de vista genético y probablemente está formada por fibras de cromatina de 20-40 nm. Se reconocen las cromatinas constitutivas y facultativas.

Las primeras pueden presentarse en la región centromérica o telomérica o ser intercalares y se relacionan con las secuencias repetitivas de ADN (ADNs satélites). Las heterocromatinas facultativas sólo se condensan en ciertos tipos celulares o en algunos estadios del desarrollo. Los genes que hay en esta heterocromatina no se expresan, como sucede con uno de los cromosomas X de los mamíferos, con todos los cromosomas paternos del macho del gorgojo de la harina y en el caso de ciertas traslocaciones en *Drosophila melanogaster*. La inactivación de los genes en la cromatina condensada es un mecanismo que permite su regulación durante la diferenciación.

El nucleolo es la estructura más importante entre las que contienen ARN. Este elemento altamente refringente posee una gran concentración de materiales sólidos, en especial proteínas (fosfoproteínas). El contenido de ARN es sólo de 3 a 10 por ciento. El nucleolo es Feulgen negativo, pero frecuentemente está rodeado de un anillo de heterocromatina que puede penetrar en su interior. La microscopía electrónica revela cuatro componentes nucleolares. Las zonas fibrilar y granular están compuestas por ribonucleoproteínas y se hallan relacionadas con la biogénesis de los ribosomas. El nucleolo se constituye alrededor de la región del cromosoma que contiene el organizador nucleolar (ON). Esta región contiene los genes que codifican los ARNs ribosómicos 18S y 28S. La zona fibrilar contiene el ADN ribosómico y los ARN iniciales que se transcriben. La región granular contiene los precursores-

ribosómicos en distintos estadios de su armado. El nucleolo -  
sufre cambios cíclicos durante la división celular, se desar-  
ma durante la profase y se vuelve a armar durante la telofase  
a partir de sitios cromosómicos específicos: los organizado-  
res nucleolares (ON's). Los organizadores nucleolares son -  
ciertas constricciones secundarias en las que se encuentran -  
los genes que codifican a los ARN ribosómicos 18S, 28S y 5.8S  
que inducen la formación de nucleolos.

Estas constricciones secundarias se forman porque los -  
ARNr se transcriben en forma muy activa, lo que interviene -  
con la condensación del cromosoma a ese nivel. En el hombre-  
los organizadores nucleolares se encuentran en los cromosomas  
13, 14, 15, 21 y 22, todos los cuales son acrocéntricos y tie  
nen satélites (25).

En el cerdo doméstico (*Sus scrofa domestica* L.) los prin  
cipales sitios de ON's están en las constricciones secundarias  
de los cromosomas 8 y 10. Algunas veces un ON adicional es -  
observado cerca del centrómero de un homólogo del cromosoma -  
11. Asociaciones de ON's son vistas solamente entre los cro-  
mosomas 10 y con muy baja frecuencia (23).

## 1.2 BANDEO CROMOSOMICO, TECNICAS Y MECANISMOS.

Caspersson y colaboradores en 1968 abrieron el campo del  
bandeo cromosómico con un reporte, en el cual los cromosomas,



teñidos con mostaza de quinacrina y examinados con microscopía fluorescente, exhibían un patrón de bandeo distinto. Hubo previas sugerencias -en la forma de presentación de la heterocromatina fría por Darlington y La Cour, tinción diferencial de heterocromatina por Levan e inducción de distintas -bandas por exceso de tratamiento con colcemida por Stubble---field- de que algunas tinciones diferenciales podían ser producidas entre los cromosomas. Los estudios de Caspersson, -sin embargo, fueron los primeros en proveer una técnica realmente útil y reproducible para desarrollar bandas de todos -los cromosomas. Esta técnica fué luego seguida por un procedimiento de bandeo giemsa produciendo bandas, las cuales imitarían a las hechas con quinacrina. Por convención internacional éstos tres procedimientos han sido llamados bandas Q-, C- y G-, respectivamente. Una modificación del procedimiento del bandeo G, resultó en un patrón opuesto a él y éste fué -llamado bandas R. Después, una serie de modificaciones adicionales al bandeo G y numerosos otros tipos de bandeo cromosómico han sido reportados (20).

Las técnicas de bandeado se usan para revelar detalles -estructurales de los cromosomas mitóticos y meióticos.

Estos procedimientos son tan diversos que es difícil describirlos completamente, por lo que se hará en una forma enteramente racional.

El método para inducir bandas Q, se basa en una colora--

ción específica y en una observación de la fluorescencia emitida por los cromosomas, usando radiación ultravioleta. El mecanismo es como sigue: el ADN muy rico en adenina-timina realza marcadamente la fluorescencia de la quinacrina. Un cambio en la composición de la base de 6% es adecuado para que resulte en un cambio de 50% en la intensidad de la quinacrina y ésto es suficiente para contar con mayor bandeo Q. Las proteínas pueden inhibir también el ligamiento de quinacrina al-ADN. Es desconocido el grado al cual tales interacciones proteína-ADN jueguen un papel en el bandeo Q.

Pueden ser usadas muchas técnicas diferentes para dar a los cromosomas bandas G, las cuales pueden ser divididas en:

- a) Tratamiento de las células vivas durante la fase  $G_2$ ;
- b) Tratamiento de cromosomas fijados, seguido de una tinción Giemsa y,
- c) Tratamiento en la tinción.

Los tratamientos de los cromosomas fijados incluyen el uso de soluciones salinas calientes, enzimas proteolíticas, urea y detergentes. Solo dos técnicas son ampliamente usadas, las del tratamiento térmico en medio salino y la de digestión enzimática. El mayor hecho que tienen en común todas estas técnicas, es su capacidad para desnaturalizar proteínas.

Para producir bandas R, se utiliza un tratamiento térmico en un medio fisiológico salino (inicialmente un tampón de-

fosfatos), seguido de una coloración Giemsa o de una coloración naranja de acridina, para observar las preparaciones en fluorescencia. Cuando es usada la naranja de acridina para tinción el ADN rico en adenina-timina, el cual tiene un más bajo ADN tm, se tiñe de rojo, mientras que el ADN rico en guanine-citosina, el cual tiene un punto de fusión más alto, se tiñe de verde. Sin embargo, el hecho de que también pueda ser visto con Giemsa, el cual no diferencia bien entre el simple y el doble amontonamiento de ADN, sugiere que las proteínas podrían también estar involucradas. Es más probable que el bandeo G representa una desnaturalización de las proteínas y el bandeo R representa una desnaturalización del ADN.

El bandeo T como dijimos anteriormente, es un derivado del bandeo R y permite visualizar los extremos de los cromosomas, particularmente resistentes a la desnaturalización.

El procedimiento del bandeo C tiñe específicamente el tipo de heterocromatina centromérica, el cual está localizado usualmente alrededor de los centrómeros y generalmente contiene ADN satélite altamente repetitivo. El polimorfismo que existe en humanos y otras especies, consiste en las variaciones de la cantidad de heterocromatina que es frecuentemente vista en el bandeo C. Este bandeo tiene la ventaja de que tiñe un tipo específico de heterocromatina que no siempre es bien visualizado por el bandeo Q o G. Puesto que la heterocromatina no está necesariamente presente en todos los cromosom--

mas y está localizada solo en una porción pequeña del cromosoma, este bandeo no es de utilidad para la identificación específica de cromosomas individuales como el bandeo Q o G. - Se usa un tratamiento en los cromosomas con hidróxido de sodio o con hidróxido de bario y sales, lo que resulta en una extracción del ADN arriba del 80%. El ADN es preferentemente extraído de las regiones cercanas y lejanas al centrómero, resultando en una pobre tinción de los brazos y una intensa tinción de la heterocromatina centromérica. Comings (20) sugiere que la heterocromatina centromérica es protegida porque se liga a algunas proteínas no histónicas, las cuales no están presentes en la eucromatina.

Sin embargo, estudios recientes los cuales se han hecho sobre heterocromatina aislada de *Drosophila virilis*, indican que ésta es marcadamente deficiente en proteínas no histónicas comparada con la eucromatina. Esto está de acuerdo con otras observaciones, las cuales indican que generalmente la cromatina activa está mucho más enriquecida en las proteínas no histónicas que la cromatina genéticamente inactiva. Esto sugiere que la cromatina, la cual está unida solamente con histonas, está mucho más altamente compactada que la cromatina que contiene una cantidad significativa de proteínas no histónicas. Esta compactación protege la heterocromatina centromérica de la destrucción del hidróxido de sodio o del hidróxido de bario y las sales para que ocurra en seguida el bandeo C.

CUADRO I

TIPOS DE BANDEO CROMOSOMICO

TIPO	TINCION	REFERENCIAS	CARACTERISTICAS
Q	Quinacrina	(20,29,65,93)	Bandas Q, heterocromatina intercalar.
G	Giemsa	(20,29,65,93)	Bandas G, heterocromatina intercalar.
R	Giemsa, AO	(20,29,65,93)	Opuesto al bandeo G, eucromatina.
T	Giemsa	(29)	Tinción de las regiones teloméricas (extensión del bandeo R)
C	Giemsa	(20,22,29,31,51,65,73,93,100)	Tinción de la heterocromatina centromérica.
Hoechst 33258	Hoechst 33258	(20)	Tiñe alguna parte intensamente de la heterocromatina-centromérica.
N	Giemsa, Tinción de plata	(7,20,23,29,65,107,108,109,116)	Tinción de la región de los organizadores nucleolares.
Cd	Giemsa	(20)	Tinción de los cinetocoros.
BrdU	Giemsa, Hoechst 33258	(29)	Detección de las regiones de replicación temprana y tardía del ADN.
BG	Hoechst 33258	(20)	Detecta segregación-semiconservativa de líneas de ADN

El método de bandas N colorea, poniendo en evidencia, las regiones portadoras de los organizadores nucleolares (ON's). - Estas regiones están compuestas de proteínas ácidas (no histonas) las cuáles tienen afinidad por la plata.

Otro grupo de técnicas consiste en modificar a los cromosomas de la célula viva por la incorporación de un análogo de una base del ADN, la bromodeoxiuridina por la timidina, y observar las consecuencias en la condensación cromosómica.

Todos estos procedimientos reposan en principios bioquímicos diversos interviniendo en los diferentes compuestos cromosómicos, ADN y proteínas, así como en la dinámica de replicación del ADN y en la condensación de las cromátidas.

### 1.3 ASPECTOS PRACTICOS DE LA CITOGENETICA.

La Citogenética contribuye al conocimiento de las bases causales de las alteraciones cromosómicas que participan en las pérdidas embrionarias y en los defectos congénitos que afectan a las poblaciones animales (3, 17, 37, 92).

El desarrollo de técnicas simples y perfeccionadas para el análisis cromosómico, como el choque hipotónico desarrollado por T.C. Hsu (1952), el empleo de cultivo de tejidos introducido por los suecos J.H. Tjio y A. Levan (1956) y el cultivo de linfocitos de sangre periférica con el empleo de fitohemaglutinina y colchicina usado por Moorhead y colaboradores (1960)-

han permitido reconocer la estructura y el número de cromosomas normal en buen número de especies animales (3, 49).

El impacto del descubrimiento, por los avances técnicos-logrados, de que ciertos estados patológicos en el hombre tales como muerte temprana, retraso psicomotor, malformaciones, estados de infertilidad y anomalías de la diferenciación sexual que se asocian con alteraciones tanto estructurales como numéricas de los cromosomas, ha sido muy grande desde el punto de vista de la aplicación clínica. Actualmente han sido descritos en el ser humano aproximadamente 30 alteraciones cromosómicas (25).

Ampliando las posibilidades del diagnóstico citogenético, las técnicas de bandeo cromosómico permitieron la demostración de aberraciones cromosómicas como deleciones, traslocaciones e inversiones de algunos cromosomas (1, 17, 41).

Sin embargo, la citogenética aplicada a los animales domésticos ha tenido un desarrollo pobre, pero actualmente se cuenta con las bases (cuadros I y II) para poder sospechar de una amplia patología cromosómica involucrada principalmente con problemas reproductivos como esterilidad, infertilidad, mortalidad embrionaria e intersexualidad.

Los resultados de una mayor investigación en esta área, no solo contribuirían al entendimiento de la citogenética de los animales domésticos, sino que ayudarían a programas de

crianza y mejoramiento de ganado (17, 37, 55, 86).

El estudio de las variantes cromosómicas puede ser un camino útil para:

- a) Determinar el grado de migración de una población a otra.
- b) Identificar razas, familias o individuos.
- c) Autenticar genealogías.
- d) Precisar las relaciones filogenéticas entre las especies y,
- e) Entender los factores cromosómicos implicados en la especiación (3, 17, 37, 92).

Nuevas fuentes de variaciones genéticas pueden ser obtenidas de los rearrreglos cromosómicos, sean espontáneos o inducidos, tales como las euploidías, aneuploidías y aneusomías. Cuando se aplican técnicas de cultivos celulares en combinación con métodos modernos de biología molecular, las técnicas citogenéticas pueden ayudar a descubrir nuevos loci y a asignar genes a cromosomas específicos. Se pueden obtener líneas celulares genéticamente modificadas para ser introducidas dentro de las líneas germinativas de las poblaciones animales (3, 17, 37, 92, 98, 101).

La selección de rasgos difícilmente valorables y de interés económico, pueden facilitarse si éstos se encuentran ligados en el mismo cromosoma a algún marcador bien identificado.



CUADRO II  
HALLAZGOS DE CARIOTIPOS ANORMALES EN EL  
CERDO DOMESTICO

---

Autosomas:

T rob (13; 17)	(1)
T (11 pt; 15 q-)	(45,50)
T (1 q; 12- 13 q+?)	(52)
T (6 q+; 16 q-)	(54)
T (6 p+; 14 q-)	(68)
T (4 q+; 14 q-)	(89)
T (2 q; 15 q ?)	(14)
Rcp (13 q-; 14 q+)	(46)
Rcp (1 p-; 6 q+)	(62)

Aneuploidia de un Autosoma? (111)

Monosomía No. 16 (95)

Cromosomas Sexuales:

38, xx/38 xy	(11,15,67,69,97,105,110)
38, xy/39 xxy	(115)
39, xxy/40 xxxy	(56)
38, xx/38 xy/37, xo	(67)
38, xx rcp (13 q-; 14 q+)/38 xy	(60)
39, xxy	(2,6)
37 xo	(43,55,81)
Triploidía xxx	(9,10)
Triploidía xxy	(9,10)
Triploidía xyy	(9,10)
Tetraploidía xxxy	(9,10)
Tetraploidía xxxx	(9,10)
Diploide xx/Triploide xxx	(9,10)

---

CUADRO III

HALLAZGOS DE CARIOTIPOS ANORMALES EN EL BOVINO

Autosomas:

T (1 q; 29 q)	(6,32,44,48,55,57,61,66)
T (2 q; 4 q)	(6,55)
T (14 q; 20 q)	(55)
T (27 q; 29 q)	(55)
T (1 q; 25 q)	(55)
T (7-11 q; 20-25 q)	(55)
dic (6; 16)	(55)
Monosomía del N° 1	(55)
T (1 q; 7 q)	(55)
Trisomías en ? 13,24,1,6.18	(47,55)
T (11 q; 12 q)	(6,55)
T (15 q; 16 q)	(6, 55)

Cromosomas Sexuales:

60, xy/60, xx	(26,39,48,47,55,72,96)
61, xxy	(47,55)
60, xy/61, xxy	(55)
60, xy/60, xx/61, xxy	(47, 55)
59, xo/60, xy/61, xxy	(55)
61, xxx	(47,55)
60, xx/90, xxy	(47,55)
60, xx/60, x ? inv (xp - q+)	(55)
Polimorfismo de Y	(5,24,31,44,45,52)

De ahí que el mapeo cromosómico de los genes expanda las perspectivas para la manipulación genética (17, 37, 92, 101).

Estudios de mapeo génico han revelado, que comparativamente muchas agrupaciones génicas se han conservado ligadas en el transcurso de la evolución y tienden a mantenerse preferentemente en determinadas regiones cromosómicas (3, 82).

#### 1.4 BASES Y NOMENCLATURA USADAS PARA LA ESTANDARIZACIÓN DE CARIOTIPOS BANDEADOS EN LOS ANIMALES DOMESTICOS.

En vista del empleo cada vez más frecuente de técnicas de bandeado cromosómico aplicadas en animales, en 1976 en Reading, Inglaterra, se celebró la Primera Conferencia Internacional para la Estandarización de Cariotipos Bandeados en Animales Domésticos. Tuvo como objetivo principal, identificar y describir los patrones para permitir la identificación inequívoca de los cromosomas individuales de las siguientes especies: Bovino (Bos taurus); oveja (Ovis aries); cabra (Capra hircus); caballo (Equus caballus); gato (Felis catus); conejo (Oryctolagus cuniculus) y el cerdo (Sus scrofa).

El sistema de nomenclatura usado se basó en el sistema desarrollado para la descripción de los cromosomas bandeados humanos de la Conferencia de París de 1971 (84, 85).

Los cromosomas son visualizados como una serie de bandas-

claras (aparentemente desteñidas) y oscuras (áreas teñidas)- y por definición sin interbandas. Los términos bandas claras y oscuras fueron calificados con el uso de los términos estrecho, débil, ancho, distinto y prominente. Los brazos cortos y largos son llamados "p" y "q", respectivamente. Las áreas particulares de los brazos son especificadas por el uso de "proximal", "distal" y "central". Dos descripciones adicionales de localización fueron usadas, "cercanos" o "adyacentes al centrómero" y "terminal".

No se llegó a establecer un sistema descriptivo detallado del patrón de bandeo (un sistema con regiones marcadoras y numerando a cada banda individual, similar al sistema usado en el humano) puesto que se estimó prematuro ya que en ese momento poco trabajo se había hecho en el mapeo de bandas de los cromosomas de los animales domésticos.

## 2. EVOLUCION.

### 2.1 EVOLUCION CROMOSOMICA

Existe un gran número de especies silvestres, las cuales no han sido estudiadas citogenéticamente. Esto puede aportar información para entender sus relaciones evolutivas con otras especies, así como sus características genéticas.

Es responsabilidad del hombre conservar exprofesamente -

las especies silvestres, ya que cada una de ellas es única e insustituible y pueden tener utilidad para el hombre, la cual puede ser de varios tipos:

#### UTILIDAD ECOLOGICA

Los animales contribuyen a mantener las cadenas tróficas en los ecosistemas. Cuando se rompen éstas sobrevienen plagas, epidemias o epizootias, extinción y sobrepoblación de determinadas especies.

#### UTILIDAD ECONOMICA

Muchas especies en la actualidad no son explotadas comercialmente, las cuales podrían bajo ciertas circunstancias, tener productos de valor pecuniario. Por ejemplo: Cotos de caza, platillos exóticos y adaptación a terrenos no aptos para la ganadería o agricultura.

#### UTILIDAD ESTETICA

Muchas especies son bellas para el hombre, atractivas como ornamentos o bien sirven como animales de compañía.

#### UTILIDAD CIENTIFICA

Probablemente muchas especies, actualmente no bien estudiadas, presentan características fisiológicas, anatómicas, bioquímicas o genéticas que pueden ser empleadas como modelos experimentales para resolver problemas biomédicos.

Los cambios cromosómicos tanto estructurales como numéricos son la materia prima de la evolución cromosómica, la selección natural permite la conservación de los cariotipos más eficientes. El estudio comparado de los cariotipos nos proporciona información acerca de las tendencias mutacionales de los cromosomas y nos permite especular sobre el significado de los cromosomas polimórficos existentes en las poblaciones actuales (3, 8).

El estudio de la evolución tomó gran impulso gracias al desarrollo de la citología comparada y de la citogenética. McClung y J. Navashin fueron los primeros en destacar la importancia de ésta en las investigaciones aplicadas a la taxonomía y evolución mediante la comparación de los genomios de especies emparentadas. La sistemática experimentó un progreso considerable por el aporte de la citogenética, que actualmente proporciona muchos de los mejores métodos para dilucidar intercorrelaciones entre diferentes categorías taxonómicas. En general, familias, géneros y especies se caracterizan por tener sistemas genéticos distintos.

El estudio del cariotipo de diversas especies ha establecido una serie de hechos de gran interés, tanto en el reino animal como en el vegetal.

En poblaciones salvajes se demostró que los individuos son, en cierto grado, citológica y genéticamente heterocigotas. En algunos casos, los genes, aún siendo idénticos, es-

tán ordenados de manera distinta, a causa de alteraciones ocurridas en los segmentos cromosómicos. Estos cambios desempeñaron un papel preponderante en el mecanismo de la formación de las especies.

La mayoría de las especies vegetales se han originado por un cambio abrupto y rápido en la naturaleza y las principales fuentes de variación son la aneuploidía y la poliploidía. La poliploidía no es tan importante en el reino animal.

Entre los vertebrados, diferentes especies de peces tienen distinto número de cromosomas. Los anfibios, especialmente los anuros, se caracterizan por la presencia de un número fijo para cada familia. Los reptiles y las aves poseen cromosomas grandes (macrochromosomas) y pequeños (microchromosomas), que sirven para diferenciarlos citológicamente.

Mattey distingue entre el número básico de cromosomas y el número de brazos cromosómicos, también denominado número fundamental (NF). De acuerdo con este concepto, existen dos brazos en el cromosoma metacéntrico y uno en el cromosoma acrocéntrico o telocéntrico. Se pueden establecer así comparaciones respecto del número de brazos de diferentes especies.

Otro método para estudiar la citogenética de la evolución es la medición del área cromosómica total y del contenido de ADN. Los mamíferos y las aves constituyen dos grupos independientes en lo que se refiere al tamaño de los cromosomas. Tie

nen un contenido de ADN diferente y también un mecanismo distinto para la determinación del sexo. En ellos la producción de especies se debe más a cambios en los cromosomas y a la mutación de genes individuales que a modificaciones en el contenido total del material genético. Dos cambios opuestos en el número (y configuración) de los cromosomas son particularmente importantes:

a) La fusión céntrica, que conduce a la disminución en el número de cromosomas por la unión de dos cromosomas acrocéntricos para producir uno metacéntrico.

b) La disociación o fusión, que determina el aumento en el número de cromosomas, por ejemplo: uno metacéntrico (comunmente grande) y un fragmento supernumerario, metacéntrico, experimentan una traslocación que dará lugar a dos cromosomas - submetacéntricos o acrocéntricos.

La fusión y la disociación constituyen los principales - mecanismos por los cuales el número de cromosomas puede disminuir o aumentar durante la evolución de la mayoría de los animales y de algunos grupos de vegetales (25).

Bengtsson sugiere el primer mecanismo en la evolución de los 300 cariotipos de mamíferos estudiados por él, incluyendo al pecarí de collar y al pecarí barbiblanco (4).

En los últimos años se han hecho estudios comparativos entre el cariotipo del hombre y de los monos superiores (chimpan



cé, gorila y orangután). Se encontró que estos primates tienen 48 cromosomas y se trató de correlacionar cada par cromosómico con el de los humanos. Ese análisis se facilitó mucho con el uso de las técnicas de bandeo cromosómico (30).

Mediante la técnica de la quinacrina se demostró que los cromosomas humanos 1, 3, 5, 6, 7, 8, 10, 11, 13, 14, 15, 19, 20, 21, 22 X e Y eran semejantes a los correspondientes del chimpancé, pero tenían menor semejanza en el gorila y orangután (25).

La diferencia entre los cariotipos de 48 y 46 (en el hombre) se debe a la fusión de dos cromosomas acrocéntricos de los primates para constituir el cromosoma 2 del hombre (27, 28).

Ahora se considera que la principal diferencia estructural entre algunos cromosomas de los primates y del hombre está dada por inversiones pericéntricas. Se ha considerado que la evolución del cariotipo humano se produjo por una serie de inversiones pericéntricas que permitieron un aislamiento genético en pequeños grupos. El *Homo sapiens* habría surgido de la selección favorable de estas combinaciones genéticas.

En la actualidad se están haciendo mapas de genes en cromosomas semejantes del hombre y de los primates, al mismo tiempo que se estudian las homologías en la forma de los cromosomas (25).

Wilson (114) demostró que los mamíferos pequeños tienen, en promedio, un alto porcentaje de evolución cariotípica que los grandes mamíferos; Bush demostró también que los vertebrados con tendencia alta a la especiación tienen un alto porcentaje de evolución cariotípica que los vertebrados con una baja tendencia a la especiación (18).

Los estudios de cromosomas somáticos y politénicos en varios cientos de especies de *Drosophila*, aclararon los conceptos de formación y evolución de este género, que ha sido analizado en sus aspectos genético, ecológico y geográfico (25).

La organización de los cromosomas y de los diferentes cariotipos observados en el individuo, la especie, el género y los grupos sistemáticos mayores indican que un mecanismo cromosómico interviene en el proceso de evolución. El problema de la evolución es, sin embargo, muy complejo y debe ser enfocado desde diferentes puntos de vista: bioquímico, citológico, genético y ecológico, empleándose todos estos criterios para analizar las intrincadas relaciones entre grupos de organismos, particularmente los que presentan variaciones acentuadas. Estos estudios pueden orientar al taxonomista y proporcionarle una base más firme para interpretar la evolución y la filogenia de los organismos vivientes (25).

## 2.2 CROMOSOMAS DE LOS SUIDOS

La comparación del patrón de bandeo entre los cariotipos .

de distintas especies de suidos, tales como el cerdo doméstico y los cerdos silvestres europeos y africanos, han permitido establecer las relaciones filogenéticas entre ellos y proponer qué cambios evolutivos a nivel cromosómico han ocurrido en el transcurso de la aparición de las distintas especies - (12, 13, 14, 74).

El cariotipo mejor conocido, entre los suidos, es el del cerdo doméstico. En este caso los cromosomas se clasificaron por la posición del centrómero en 4 grupos (Fig. 1): Metacéntricos (m); submetacéntricos (sm); subtelocéntricos (st); telocéntricos (t); éstos fueron acomodados en orden de tamaño - decreciente. No se llegó a un acuerdo en la descripción del - bandeado de los cromosomas 9 y el X.

La descripción recomendada del cariotipo porcino con bandas-G es como sigue (38):

CROMOSOMA N°	CARACTERISTICAS DISTINTIVAS
1	p: Banda central clara. q: Dos bandas centrales oscuras.
2	p: Tinción oscura. q: Banda estrecha oscura cercana al centrómero. Banda clara proximal, oscura distalmente.
3	p: Banda central oscura. q: Cinco bandas igualmente oscuras con -

- tendencia a fusionarse.
- 4 p: Banda oscura cercana al centrómero.  
q: Dos bandas proximales oscuras, mitad distal clara con banda oscura.
- 5 p: Banda oscura adyacente al centrómero.  
q: Banda oscura adyacente al centrómero. Banda central clara. Dos bandas distales oscuras.
- 6 p: Banda central oscura.  
q: Banda clara proximalmente, con dos estrechas bandas oscuras cercanas al centrómero. Banda ancha distal oscura.
- 7 p: Banda central oscura.  
q: Cinco bandas oscuras igualmente espaciadas, 1a., 3a. y 4a. bandas son prominentes con tendencia a fusionarse.
- 8 p: Dos bandas oscuras.  
q: Banda proximal ancha oscura. Dos bandas oscuras distales.
- 9 p: No resuelto.  
q: No resuelto.
- 10 p: Gran constricción secundaria. Dos bandas oscuras distales a la constricción que pueden ser resueltas en tres.  
q: Dos bandas oscuras.

- 11 p: Banda proximal oscura ancha. Banda-  
distal oscura angosta.  
q: Dos bandas oscuras.  
(Este cromosoma es generalmente teñi-  
do más oscura que el N° 12).
- 12 p: Banda proximal oscura. Banda estre-  
cha oscura distal.  
q: Dos bandas oscuras con tendencia a -  
fusionarse.
- 13 q: Cuatro bandas oscuras que pueden ser  
subdivididas. Bandas distales anchas.
- 14 q: Dos bandas oscuras proximales. Banda  
central clara. Tres bandas oscuras -  
distales igualmente separadas.
- 15 q: Banda ancha oscura proximal. Banda -  
central ancha clara. Cuatro bandas -  
distales oscuras igualmente separadas.
- 16 q: Dos bandas proximales oscuras. Dis-  
talmente banda clara con oscura.
- 17 q: Banda ancha y oscura adyacente al cen-  
trómero. Distalmente banda clara con  
banda oscura estrecha.
- 18 q: Banda central oscura.
- X p: Sin resolver.  
q: Sin resolver.
- Y p: Tinción oscura  
q: Banda estrecha oscura.

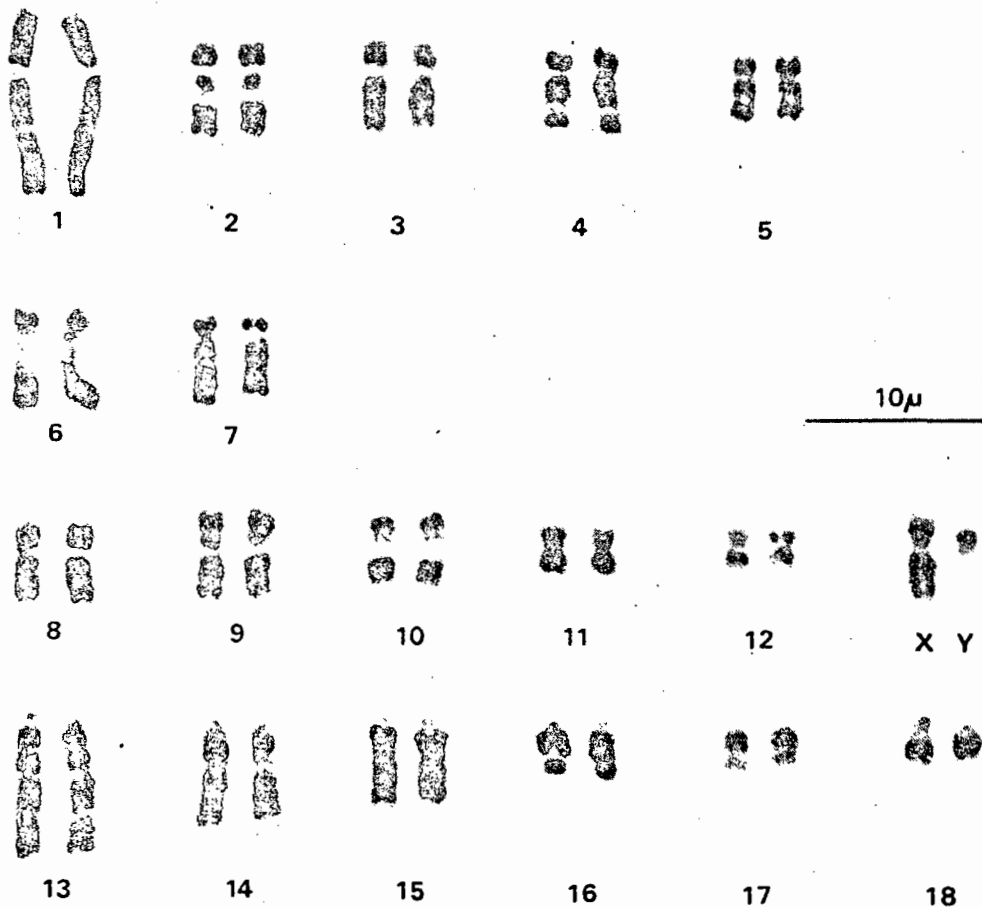


FIGURA 1. ARREGLO DE LOS CROMOSOMAS DEL CERDO PROPUESTOS POR LA CONFERENCIA DE READING, INGLATERRA (1976).

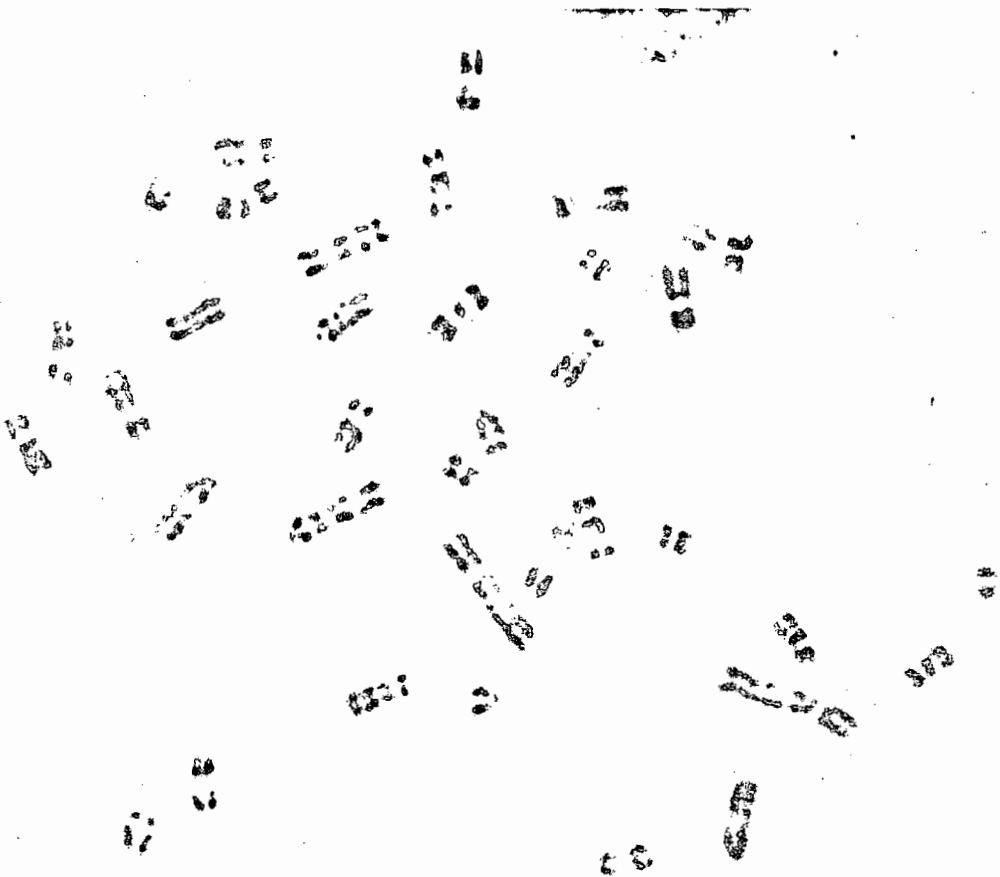


FIGURA 2. METAFASE DE UN LINFOCITO DE CERDO CON BANDAS -G

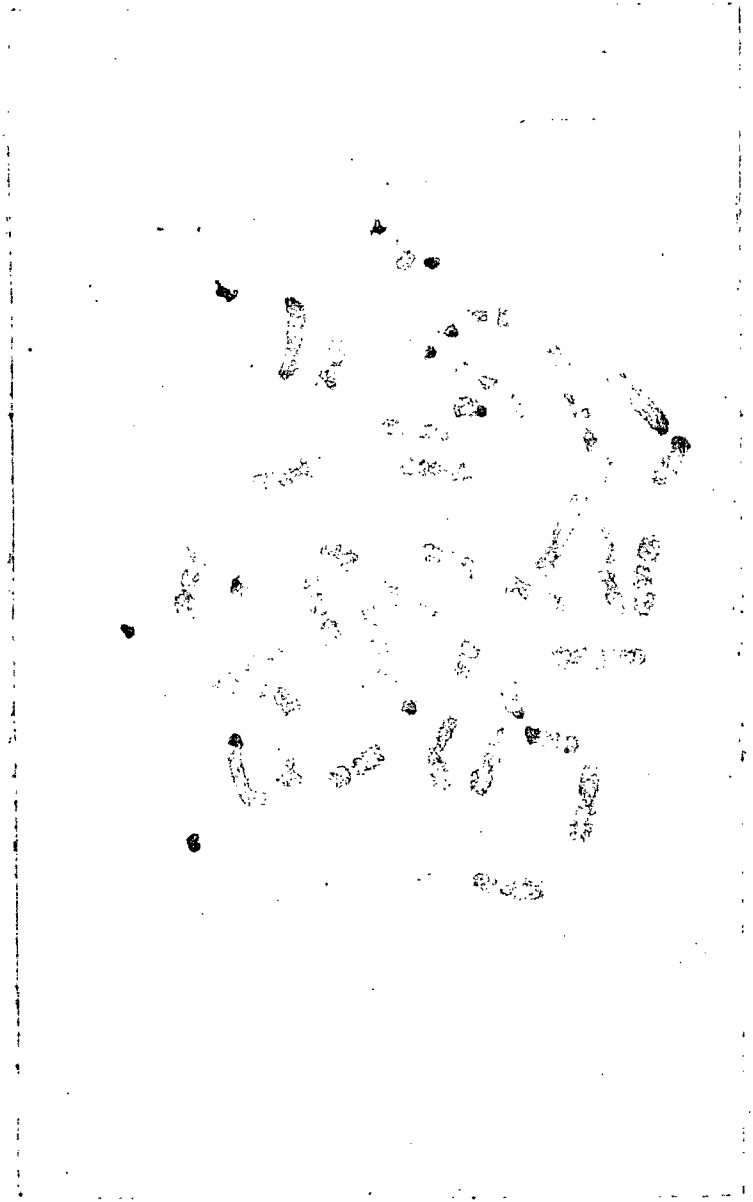


FIGURA 3. METAFASE DE UN LINFOCITO DE CERDO CON BANDAS -C





FIGURA 4. METAFASE DE UN LINFOCITO DE CERDO CON BANDAS -N. LOS CROMOSOMAS CON REGIONES PORTADORAS DE LOS ORGANIZADORES NUCLEOLARES SON IDENTIFICADOS E INDICADOS POR NUMEROS.

TABLA 1

LONGITUD PROMEDIO, RELACION DE BRAZOS Y LONGITUD RELATIVA  
DEL CARIOTIPO PORCINO (71)

CROMOSOMA Nº	LONGITUD (um)	RELACION DE BRAZOS	LONGITUD RELATIVA <sup>1</sup>
1	10.1 ± 1.40	1.9 ± 0.18	10.7
2	5.7 0.80	1.7 0.27	6.0
3	5.3 0.64	1.7 0.22	5.6
4	4.9 0.64	1.7 0.17	5.2
5	4.2 0.54	1.4 0.15	4.5
6	6.3 0.86	2.8 0.37	6.7
7	5.0 0.70	2.6 0.40	5.3
8	5.2 0.68	1.5 0.25	5.5
9	4.9 0.55	1.2 0.11	5.2
10	3.9 0.47	1.3 0.13	4.1
11	3.1 0.45	1.1 0.08	3.5
12	2.9 0.49	1.1 0.13	3.1
13	7.7 1.10		8.2
14	5.7 0.75		6.1
15	5.4 0.71		5.7
16	3.6 0.47		3.8
17	2.7 0.23		2.9
18	2.6 0.46		2.8
X	4.9 0.58	1.3 0.13	5.2
Y	2.0 0.28	1.2 0.22	2.1

1 Longitud relativa = Longitud X 100/genoma haploide total -  
conteniendo al cromosoma X.

TABLA 2  
 CANTIDAD DEL ADN<sup>3</sup> EN LOS CROMOSOMAS METAFASICOS  
 DEL CERDO (102)

CROMOSOMA <sup>2</sup>	ADN $\bar{X}^1$	TOTAL SD	ADN $\bar{X}^1$	brazo-corto SD	ADN $\bar{X}^1$	brazo-largo SD
1	10.98	0.16	3.46	0.08	7.52	0.10
2	6.31	0.12	1.91	0.02	7.40	0.12
3	5.77	0.08	1.97	0.07	3.80	0.08
4	5.38	0.06	1.92	0.09	3.46	0.14
5	6.95	0.22	1.51	0.12	5.44	0.09
6	5.16	0.08	1.15	0.14	4.01	0.21
7	5.33	0.16	2.05	0.16	3.28	0.15
8	5.06	0.22	2.32	0.21	2.74	0.25
9	4.09	0.13	1.79	0.10	2.30	0.10
10	3.82	0.06	1.86	0.08	1.96	0.16
11	3.08	0.12	1.41	0.18	1.67	0.08
12	2.55	0.16	1.21	0.12	1.34	0.19
13	8.67	0.07				
14	6.24	0.15				
15	5.88	0.21				
16	3.95	0.12				
17	2.87	0.09				
18	2.52	0.15				
X	5.34	0.17	2.51	0.16	2.78	0.21
Y	1.60	0.20	0.68	0.13	0.92	0.12

- 1 Expresado como un porcentaje del ADN total haploide con el cromosoma X.
- 2 Clasificación de Hansen, K.M. (1977)
- 3  $6.458 \times 10^{-2}$  g/Núcleo Celular del Cerdo.

La existencia de un número diploide cromosómico de 36 y 37 en el cerdo silvestre fué observado por primera vez en una población de Tennessee, E.U.A., por Mc Fee, A.F. et al. (1966a) quienes pudieron explicar la reducción en el número cromosómico por la presencia de un cromosoma submetacéntrico grande, - el cual es un sistema polimórfico de fusión/fusión céntrica, - es decir, es un polimorfismo debido a la translocación Robertsoniana o fusión céntrica de 2 cromosomas telocéntricos para formar un cromosoma submetacéntrico (70). Investigaciones en cerdos silvestres de Austria, Holanda, Bélgica y Alemania Occidental han mostrado similar variabilidad (70, 91). Gustavsson, I. et al. (1973) empleando bandas -Q y registros foto--eléctricos de las bandas, pudieron identificar exactamente - qué pares cromosómicos intervienen en el origen del cromosoma submetacéntrico presente en el cerdo silvestre. Se pudo demostrar que el brazo corto del cromosoma corresponde al par 17, mientras que el brazo largo corresponde al par 15. Este mismo tipo de fusión céntrica entre el 15/17 es descrito por Tikhinov, V.N. y Troshina, A.I. (1974) en cerdos de Lithuania URSS, de la subespecie Sus scrofa ferus. En cambio, en las subespecies Sus scrofa nigripes de Kirighiz, URSS; Sus scrofa ussuricus de la región de Amur; y Sus scrofa attila de la región de Azerbaijan, URSS, se ha encontrado otro tipo de fusión céntrica, en la que participan los cromosomas 16 y 17 (103). - Por otro lado, se ha encontrado que la subespecie japonesa Sus vittatus leucomystax major (80, 104), y distintas razas de cer

dos (Vietnamese black, Siberian Omskaja Gray, Kakhethian abo-  
rigen Georgian, Mangalicza Hungarian y la Landrace Sueca) tie-  
nen idéntico complemento cromosómico  $2n = 38$  (40, 104, 106).

Miyake, Y. et al. (1977) encuentran en Sapporo, Japon, -  
en cerdos domésticos, una fusión céntrica entre los cromoso-  
mas N° 13 y 17. El arreglo cromosómico es descrito en 4 le-  
chones (2 machos y 2 hembras), los cuales tenían 37 cromoso-  
mas, otros dos miembros de la camada presentaron cariotipo -  
normal.

Una de las hembras presentó malformaciones que consistían  
en que los orificios nasales se abrían en la cavidad oral. No  
se piensa que esta traslocación cromosómica sea responsable de  
la malformación, puesto que otros tres individuos con idéntico  
cariotipo fueron normales. El origen de la anormalidad cromo-  
sómica es probable que fuera heredado por alguno de los padres,  
éstos no pudieron ser estudiados (76).

Alonso, R.A. y Cantú, J.M. (1982) reportaron igualmente -  
en México, en una cerda estudiada al azar en el rastro, la fu-  
sión céntrica entre los cromosomas 13 y 17. El cariotipo de -  
la cerda fué definido como  $37 XX, -13, -17, t rob (13; 17)$ . -  
Aunque no estuvieron disponibles historias clínicas, familia-  
res o reproductivas, el animal era sano y normal en apariencia  
sin malformaciones visibles. Esto sugiere que la traslocación,  
la cual implicó la pérdida de un centrómero y los brazos cor-  
tos (si es que realmente existen) de los cromosomas 13 y 17, -

no tienen efecto fenotípico. La única traslocación Robertsoniana previamente reportada en el cerdo doméstico, fué idéntica a la presente. Se hace notar que el cromosoma 17 ha estado involucrado en todas las traslocaciones robertsonianas descritas, tanto en el cerdo silvestre como en el doméstico. Se indica que el cromosoma fusionado es muy similar al cromosoma 2 del facocero, la homocigocidad de la traslocación llevaría a una especie con 36 cromosomas, un probable eslabón perdido entre el cerdo doméstico y el facocero.

El polimorfismo cromosómico natural o inducido artificialmente, es la condición necesaria para estudios de la función genética de cromosomas específicos en los animales domésticos. Tikhonov, V.N. y Troshina, A.I. (1980) reportan haber introducido las fusiones céntricas de los cromosomas 15/17 y 16/17 en dos poblaciones de cerdos domésticos: Landrace Sueco y minisibs (cerdos miniatura siberianos). Esto fué logrado por el cruzamiento y selección entre híbridos resultantes de la cruce de variedades Landrace X Vietnamese Black X cerdos silvestres - - (Sus scrofa scrofa y Sus scrofa nigripes).

Se han obtenido cerdos Landrace con cariotipos  $2n = 36 - (34 + 16/17 + 16/17)$ ,  $2n = 36 (34 + 15/17 + 15/17)$  y  $2n = 36 - (34 + 16/17 + 15/17)$ . Esto les permite obtener líneas de cerdos con diferentes marcadores citogenéticos. La cruce de estos animales con otras razas de cerdos producirían una descendencia obligadamente heterocigota para un gran número de genes

localizados en los dos cromosomas traslocados (15/17 y 16/17). Esta alta y predecible heterocigocidad puede ser la base de un aumento en la heterosis. Los híbridos resultan tener mayor fertilidad y viabilidad, más rapidez de crecimiento, mejor calidad de la carne y conversión alimenticia, igualmente se logra mayor ganancia diaria de peso (104).

Melander, I. y Hansen-Melander, E. (1980) con el empleo del bandeo -C y tinciones de plata para revelar ON's, estudiaron los cromosomas del cerdo doméstico, así como los de los cerdos silvestres africanos: el hilocero (Hylochoerus meinertzhageni), el facocero (Phacochoerus aethiopicus) y el potamocero (Potamochoerus porcus).

Un hilocero hembra tuvo 32 cromosomas ninguno de los cuales fué telocéntrico (Fig. 5), no se pudo identificar a los cromosomas X. Sin embargo el número de diferentes tipos de brazos cromosómicos debe ser de 30 en el juego haploide del hilocero. Con el bandeo -C, las regiones centroméricas aparecen más o menos intensamente teñidas sin existir bandas conspicuas intersticiales. Cuando se ordenan los cromosomas de mayor a menor, los pares 7 y 11 exhiben constricciones secundarias cercanas al centrómero, el cromosoma 7 las tiene en los brazos cortos, mientras que el cromosoma 11 las presenta en los brazos largos. Estas regiones son teñidas con plata.

El facocero, de acuerdo con Wallace, C. y Fairall, N. (112) y Bosma, A.A. (12) posee un total de 34 cromosomas (Fig.

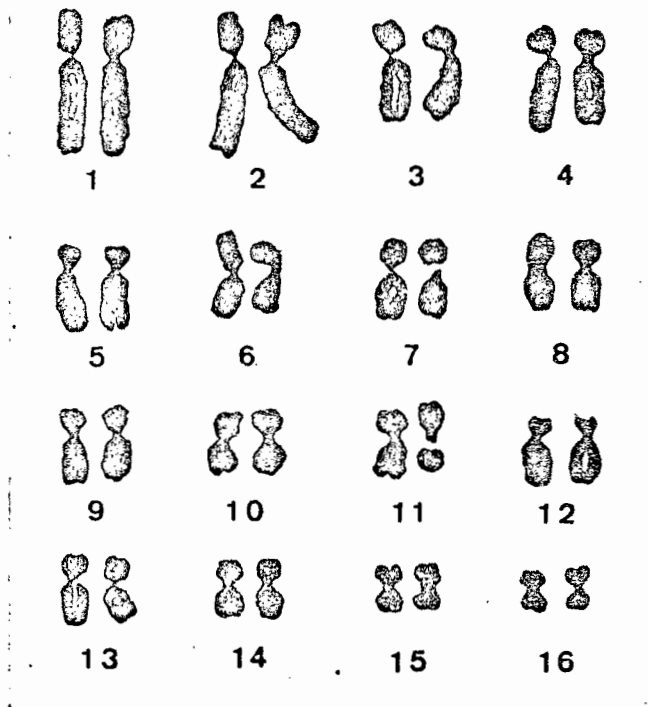


FIGURA 5. CARIOTIPO DE UN HILOCERO HEMBRA (2n= 32) TINCION CON ORCEINA. ESCALA 10 um. TOMADO DE MELANDER, Y. y HANSEN-MELANDER, E. (1980).



6). En los autosomas existen 30 diferentes brazos cromosómicos.

Según las recomendaciones propuestas por Levan, et al. (63), entre los autosomas se cuentan 6 cromosomas submetacéntricos, 8 metacéntricos y 2 telocéntricos. Los cromosomas sexuales incluyen un cromosoma X metacéntrico relativamente grande y un cromosoma Y metacéntrico pequeño. Los autores, en el cariotipo, ordenan de mayor a menor los cromosomas con brazos. Este arreglo es distinto al presentado por Bosma, A.A. (12).

El bandeo -C tiñe las regiones centroméricas en grado variable. No se encontraron bandas intersticiales. Los brazos largos del cromosoma Y se tiñen intensamente. Los cromosomas 6 y 11 algunas veces tienen constricciones secundarias cercanas al centrómero, bien sea en ambos miembros de un par, en uno solo o en ninguno de ellos. Estas regiones llegan a teñirse con plata.

El potamocero tiene 34 cromosomas (Fig. 7). Entre los autosomas, 4 pares son telocéntricos, siendo 28 el número de brazos cromosómicos distintos. La hembra posee dos diferentes clases de cromosomas sexuales. Uno de ellos es un cromosoma metacéntrico relativamente grande (X) el cual está también presente en los machos. El otro cromosoma sexual de la hembra ( $X_1$ ) es telocéntrico. El cromosoma Y está representado en los machos por un metacéntrico pequeño.

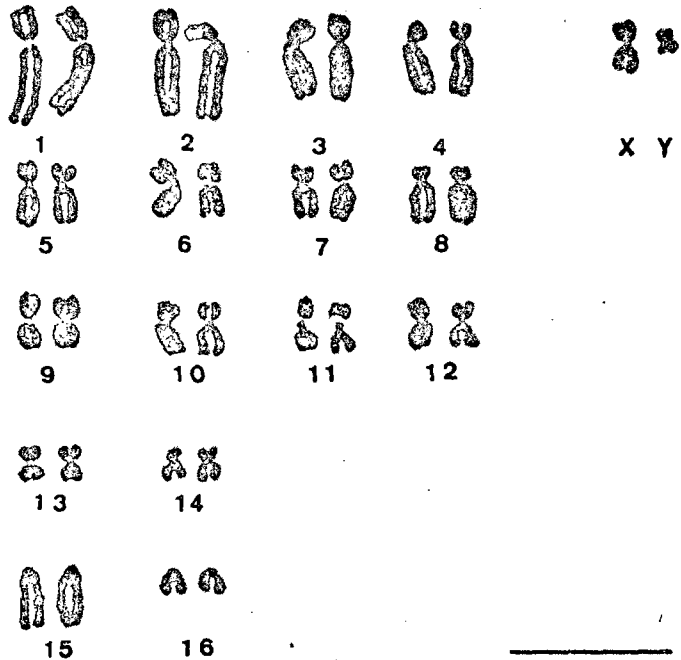


FIGURA 6. CARIOTIPO DE UN FACOCERO MACHO ( $2n = 34$ ) TINCION CON ORCEINA. ESCALA 10  $\mu\text{m}$  TOMADO DE MELANDER, Y. y HANSEN-MELANDER, E. (1980).

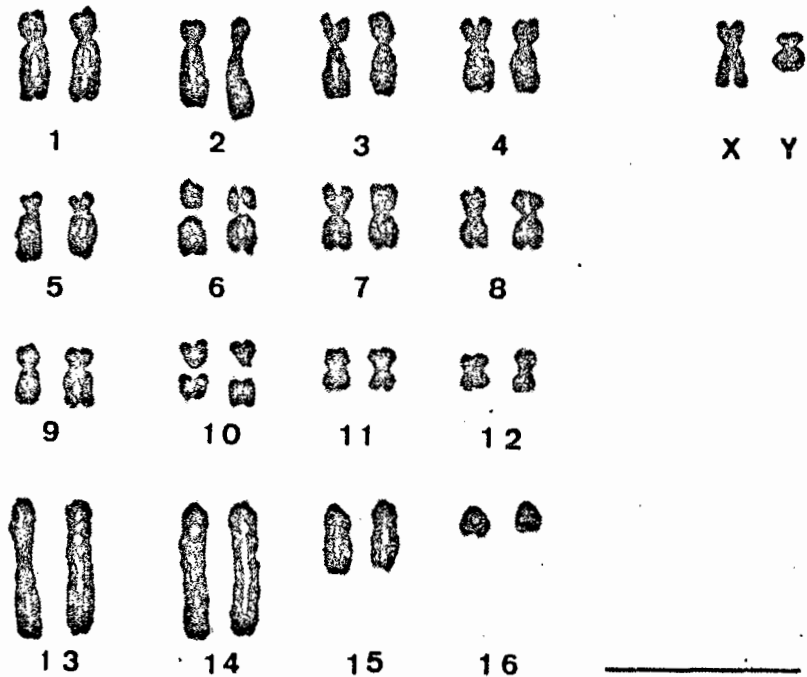


FIGURA 7. CARIOTIPO DE UN POTAMOCERO MACHO ( $2n= 34$ ) TINCION CON ORCEINA. ESCALA 10  $\mu$ m TOMADO DE MELANDER, Y y HANSEN-MELANDER, E. (1980).

El bandeo -C tiñe todas las regiones centroméricas más o menos intensamente. El brazo largo de Y y la mayor parte del  $X_1$  se tiñen marcadamente. El cromosoma  $X_1$  tiene una pequeña región distal la cual no se tiñe. Hay una estrecha banda intersticial en la parte proximal del cromosoma 13. El cromosoma N° 4 es significativamente mayor y más metacéntrico en la hembra. El cromosoma 4 puede estar involucrado en el origen de los cromosomas sexuales X. Si ocurre normalmente una determinación del sexo  $XX_1$ -XY, un polimorfismo para el cromosoma 4 debe estar presente en la población.

Los cromosomas 6 y 10 poseen constricciones secundarias cerca de sus centrómeros. Estas pueden estar ausentes totalmente o estar presentes en sólo uno o en ambos miembros de un par. Estas regiones se tiñen con plata. En la hembra la - - constricción del par 6 tiene una posición medianamente más - centromérica. Hay a menudo diferencias sexuales en la longitud de las constricciones secundarias.

El cromosoma  $X_1$  se tiñe intensamente con el bandeo -C, - debido principalmente a que está compuesto de ADN repetitivo y por ésto es tal vez genéticamente inerte, lo que llevaría a una compensación de dosis genética. Probablemente el potamocero hembra es una especie única que se originó en conexión - con algún tipo de rearrreglo cromosómico del cromosoma Y y probablemente también del cromosoma 4, el cual en la hembra tiene el centrómero más medialmente situado. Una posibilidad po

dría ser que la hembra obtuviera un brazo largo del cromosoma Y sin los genes determinantes del sexo masculino, el cual - - constituiría el telocéntrico  $X_1$ . Sin embargo, el  $X_1$  es significativamente mayor que el Y y el cromosoma  $X_1$  tiene una zona distal que no se tiñe con bandeo -C.

La tabla 3 presenta la longitud relativa y el índice de brazos de los cromosomas del hilocero, el facocero y el potamocero. Son necesarios estudios de bandeo -G para validar la suposición de que si las traslocaciones Robertsonianas son - responsables de los rearrreglos estructurales que han ocurrido durante la evolución de todos los juegos cromosómicos, tal como lo ha señalado Bosma, A.A. (12), quien explicó las diferencias entre el cariotipo del cerdo doméstico y el facocero como originadas por fusiones céntricas. En el caso del potamocero, que posee 28 brazos cromosómicos en los autosomas, es - evidente que algún otro tipo de rearrreglo tuvo que haber ocurrido además de aquel que debió suceder para los cromosomas - sexuales.

Cada una de las cuatro especies porcinas estudiadas (potamocero, facocero, hilocero y cerdo doméstico) tienen dos tipos de cromosomas con constricciones secundarias cercanas al centrómero, los cuales portan probablemente los genes para el ARN ribosomal. La conservación en la morfología y comportamiento de estos cromosomas, probablemente indica que se trata de un - sistema muy eficiente en cuanto a la regulación del ARN ribosomal.

TABLA 3

LONGITUD CROMOSOMICA RELATIVA Y RELACION DE BRAZOS EN EL HILOCERO, FACOCERO Y POTAMOCERO (75)

Cromo- soma No.	HILOCERO			FACOCERO			POTAMOCERO		
	Longitud $\bar{X} \pm SE$	Relación de Brazos $\bar{X} \pm SE$		Longitud $\bar{X} \pm SE$	Relación de Brazos $\bar{X} \pm SE$		Longitud $\bar{X} \pm SE$	Relación de Brazos $\bar{X} \pm SE$	
1	11.60 <sup>+</sup>	0.15	2.08 <sup>+</sup> 0.03sm	11.01 <sup>+</sup>	0.18	2.10 <sup>+</sup> 0.06sm	7.73 <sup>+</sup>	0.09	1.8 <sup>+</sup> 0.04sm
2	10.91	0.11	2.16 0.03sm	10.60	0.14	2.15 0.05sm	6.89	0.14	2.56 0.15sm
3	8.10	0.12	1.98 0.04sm	7.81	0.11	1.94 0.04sm	6.33	0.13	1.64 0.07m
4	7.66	0.08	2.30 0.07sm	7.11	0.08	2.70 0.06sm	5.86	0.14	1.65 0.04m
5	6.94	0.09	2.72 0.09sm	6.15	0.07	1.85 0.03sm	5.71	0.15	2.54 0.09sm
6	6.47	0.13	1.29 0.03m	5.76	0.11	1.67 0.06m	5.62	0.12	1.45 0.04m
7	6.08	0.09	1.66 0.05m	5.58	0.15	1.54 0.06m	5.19	0.08	1.15 0.03m
8	5.84	0.08	1.49 0.04m	5.47	0.06	2.83 0.11sm	4.93	0.12	1.49 0.08m
9	5.54	0.08	1.24 0.07sm	5.30	0.07	1.33 0.05m	5.14	0.19	1.69 0.12m
10	5.33	0.06	1.56 0.07m	5.25	0.11	1.66 0.10m	4.31	0.09	1.15 0.04m
11	5.11	0.09	1.44 0.05m	4.56	0.12	1.29 0.05m	3.62	0.08	1.11 0.04m
12	4.92	0.08	1.75 0.10sm	4.44	0.09	1.28 0.09m	3.43	0.07	1.10 0.03m
13	4.82	0.08	1.35 0.05m	3.66	0.12	1.16 0.02m	10.98	0.17	t
14	4.41	0.09	1.26 0.03m	3.18	0.04	1.58 0.08m	10.05	0.16	t
15	3.47	0.06	1.13 0.03m	5.97	0.07	t	5.66	0.06	t
16	3.12	0.07	1.09 0.03m	2.62	0.09	t	2.58	0.15	t
17				5.41	0.07	1.17 0.04m	5.91	0.20	1.38 0.07m
18				2.48	0.12	1.28 0.10m	3.55	0.15	1.61 0.14m

$\bar{X}$  = Media  
 SE = Error Estándar  
 sm = Cromosoma con centrómero submetacéntrico  
 m = Metacéntrico  
 t = Telocéntrico

Los autores describen en los cromosomas del cerdo doméstico, constricciones secundarias en los pares N° 6 y 10. Como en otras especies de suidos, sólo cada uno de los dos pares de los cromosomas con ON's o ambos pueden estar teñidos con plata o exhibir la constricción secundaria, igualmente és to puede ocurrir en sólo uno o en ambos miembros de un par. Se reporta que estas constricciones secundarias son influenciadas en su longitud por hormonas esteroides y cada uno de estos pares responden separadamente a diferentes hormonas (74).

Bosma, A.A. (1980) estudió con bandeo -G los cromosomas de la babirusa (Babyrousa babyrussa). Esta especie tiene un número cromosómico de 38. Los cromosomas fueron arreglados según la posición del centrómero y en orden de tamaño decreciente.

Existen 32 brazos cromosómicos distintos en el complejo haploide. Entre los autosomas hay 6 pares de cromosomas submetacéntricos (N° 1-6), 1 par de telocéntricos (N° 7), 7 pares de metacéntricos (N° 8-14) y 4 pares de acrocéntricos (N° 15-18). Los cromosomas X y Y son metacéntrico y subtelo-céntrico, respectivamente. El cromosoma 10 muestra una sobresaliente constricción secundaria (Fig. 8). El estudio comparado de los patrones de bandeo -G de los cromosomas de la babirusa y los del cerdo doméstico, revela que 11 pares de autosomas y el cromosoma X son casi idénticos, más aún, el patrón

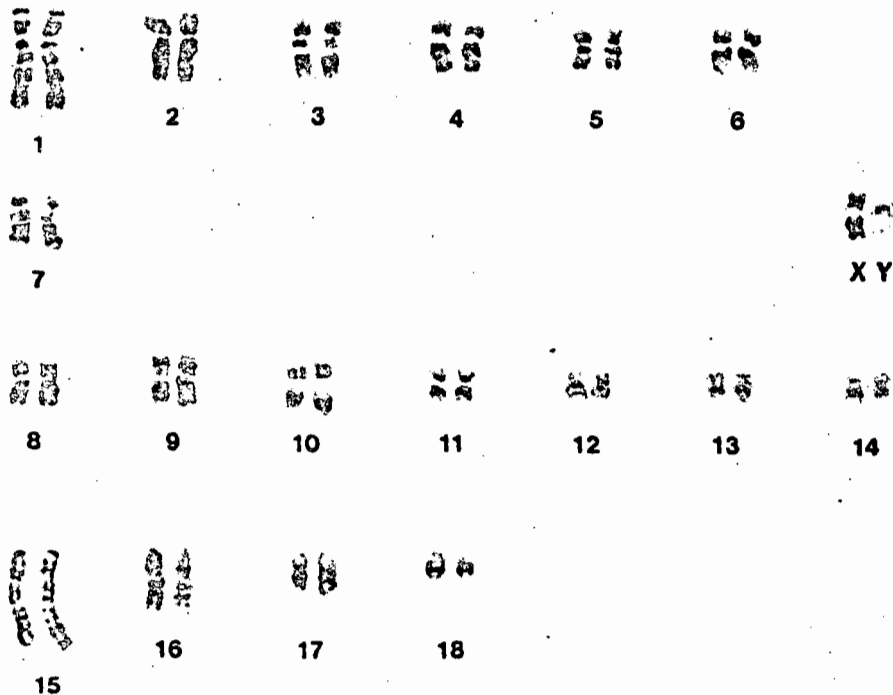


FIGURA 8. CARIOTIPO CON BANDAS -G DE UN BABIRUSA MACHO -  
 (2n= 38) TOMADO DE BOSMA, A.A. (1980).



de bandeo -G de los brazos largos y cortos del cromosoma 1 y aquellos del cromosoma 2 de la babirusa presentan una estrecha similitud con los cromosomas 13, 15, 16 y 17, respectivamente, del cerdo doméstico. Aparentemente estos cromosomas han sufrido fusiones Robertsonianas.

Los cromosomas 6, 12, 14, 15 y 17 de la babirusa no tienen equivalentes en el cariotipo del cerdo doméstico, sin embargo parece existir un patrón de bandeo similar entre el cromosoma 15 de la babirusa y el cromosoma 1 del cerdo doméstico. El cromosoma Y de la babirusa es subtelocéntrico, pero en el cerdo doméstico es metacéntrico, no obstante, el patrón de bandeo -G en ambas especies es muy semejante.

Mientras que los cariotipos del cerdo doméstico, jabalíes y el facocero son bastante similares, el cariotipo de la babirusa es solo parcialmente equivalente. Esto debe sugerir que hay una considerable distancia filogenética entre el género Babyrousa, por un lado y los géneros Sus y Phacochoerus por el otro (13).

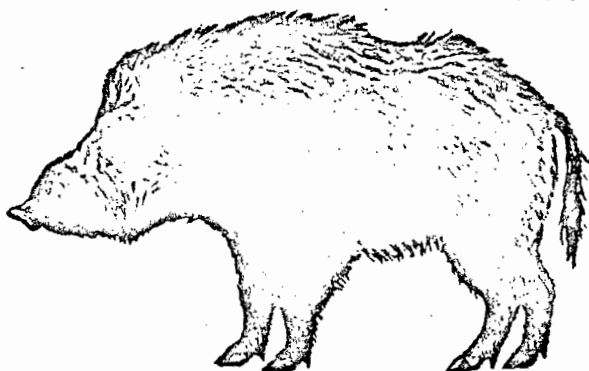
La tabla 4 muestra las correspondencias entre los cromosomas o partes de los cromosomas de la babirusa, el facocero y el cerdo doméstico.

Actualmente no existen estudios de bandeo cromosómico tanto en el pecarí de collar como en el pecarí barbibranco, por lo que se desconoce qué relación cariotípica tengan con otros-

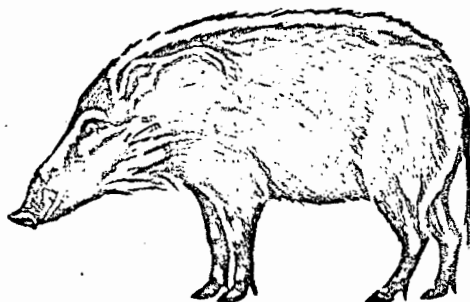
TABLA 4

CROMOSOMAS Y PARTES DE CROMOSOMAS CORRESPONDIENTES ENTRE LA -  
BABIRUSA, EL FACOCERO Y EL CERDO DOMESTICO (13).

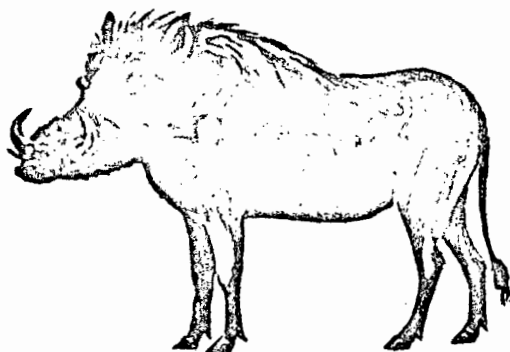
Babyrousa babyrussa 2n= 38	Sus scrofa 2n= 38	Phacochoerus aethiopicus 2n= 34
-	1	2
3	2	4
-	3	5
4	4	6
5	5	7
-	6	8
7	7	9
8	8	10
9	9	11
10	10	12
11	11	13
13	12	14
1 (brazo largo)	13	1 (brazo largo)
16	14	15
2	15	3 (brazo largo)
1 (brazo corto)	16	1 (brazo corto)
2 (brazo corto)	17	3 (brazo corto)
18	18	16
6	-	-
12	-	-
14	-	-
15	-	-
17	-	-
X	X	X
Y	Y	Y



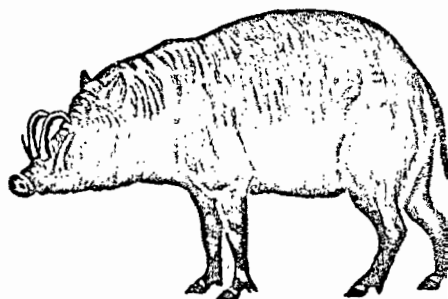
**SUS**  
Jabali



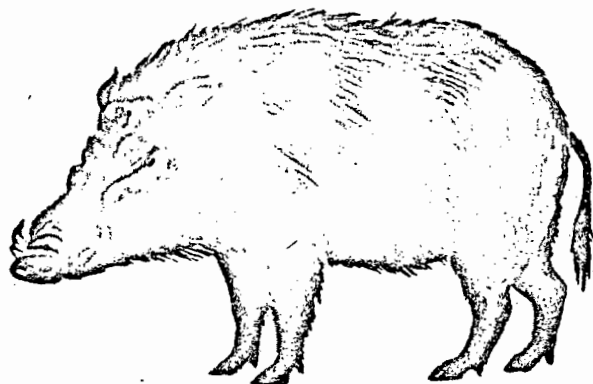
**POTAMOCHOERUS**  
Potamocero



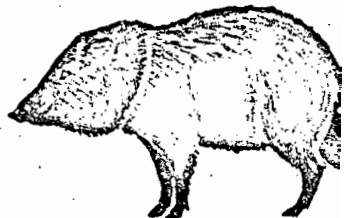
**PHACOCHOERUS**  
Facocero



**BABYROUSA**  
Babirusa



**HYLOCHOERUS**  
Hilocero



**TAYASSU**  
Pécarí de collar

suidos tales como el cerdo doméstico y los cerdos silvestres-africanos.

El Atlas Cromosómico de Mamíferos de Hsu, T.C. y Benirschke, K. (58), reporta que el pecarí de collar (*Tayassu tajacu*) posee un complemento cromosómico diploide de  $2n = 30$ .

Los autosomas consisten en catorce pares. Dos pares, un metacéntrico y un subtelocéntrico, son particularmente grandes. Seis pares son metacéntricos de tamaño medio y seis pares son acrocéntricos pequeños. Los cromosomas sexuales están representados por el cromosoma X, el cual es metacéntrico de tamaño medio, y el cromosoma Y, el cual es submetacéntrico pequeño (Fig. 10).

Igualmente, el Atlas Cromosómico de Mamíferos de Hsu, T.C. y Benirschke, K. (59) reporta que el complemento cromosómico del pecarí barbablanca (*Tayassu albirostris*), consiste en un número diploide de  $2n = 26$ .

Los autosomas consisten en doce pares, diez son tanto metacéntricos como submetacéntricos y dos pares son acrocéntricos. Los cromosomas sexuales X y Y son acrocéntricos (Fig. 11).

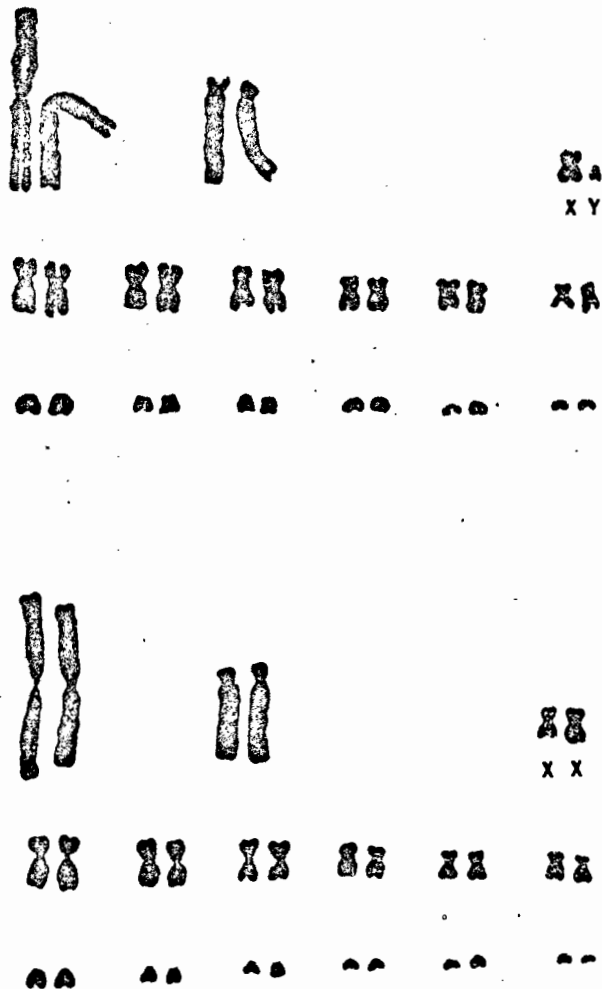


FIGURA 10. CARIOTIPOS DE MACHO (arriba) Y HEMBRA (abajo) DE PECARI DE COLLAR ( $2n=30$ ) TOMADO DE HSU, T.C. y BENIRSCHKE, K. (58).

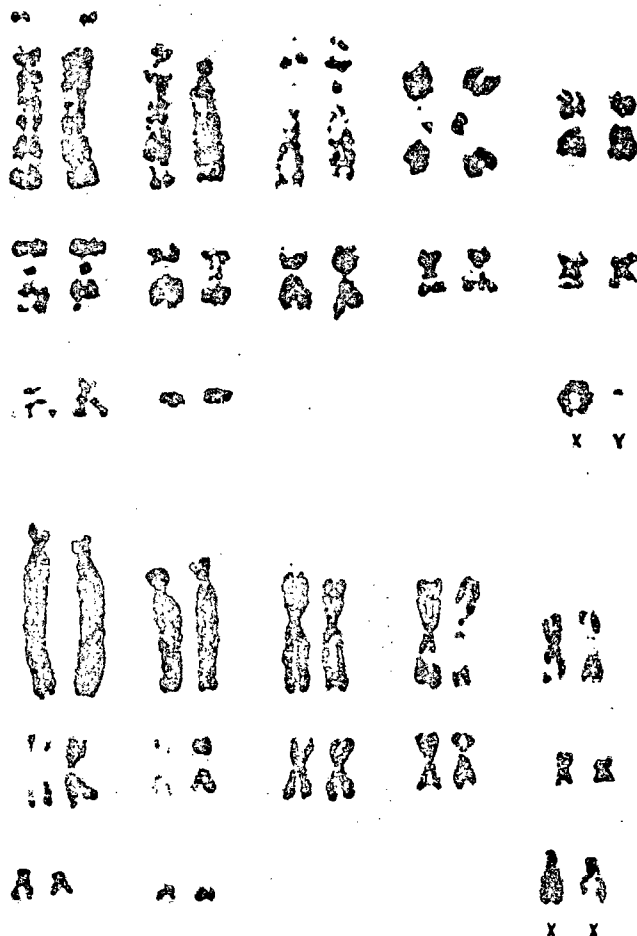


FIGURA 11. CARIOTIPOS DE MACHO (arriba) Y HEMBRA (abajo) DE PECARI BARBIBLANCO ( $2n=26$ ) TOMADO DE HSU, T.C. Y BENIRSCHKE, K. (59).

### 3. CLASIFICACION Y DESCRIPCION DEL PECARI DE COLLAR.

En la familia Suidae, hay cinco géneros de cerdos - verdaderos, todos ellos se encuentran actualmente en Europa, - Asia, Madagascar y Africa principalmente, y sólo una especie - está ampliamente difundida en el mundo (Sus scrofa domesticus). Dentro de la familia Tayassuidae, encontramos un solo género - (Tayassu) con dos especies. Los pecaríes cumplen, en las sel - vas y estepas de América, el mismo papel ecológico que los ja - balíes en el Paleártico, aunque nunca llegan a alcanzar la - gran talla de éstos (35).

La clasificación del pecarí es un tanto discutida. Se - considera que es un vertebrado, que pertenece a la CLASE MAMMA - LIA (mamíferos), SUBCLASE THERIA (vivíparos, glándulas mama - rias con pezones, dientes funcionales casi siempre presentes, etc.), INFRACLASE EUTHERIA (mamíferos vivíparos que poseen - placenta alantoidea embrionaria, molares básicamente tres a - cada lado, etc.), ORDEN ARTIODACTYLA (Mamíferos con pezuñas y número par de dedos) (83).

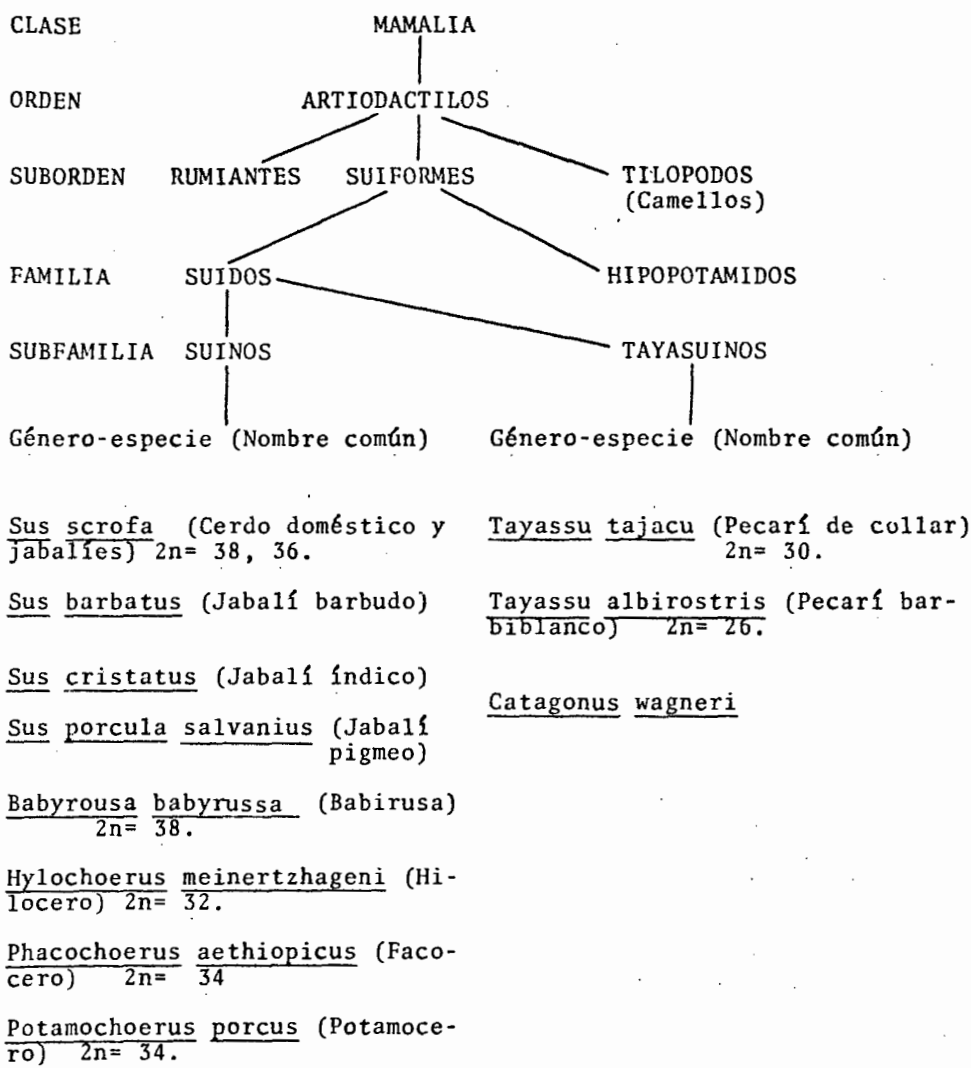
En ciertas clasificaciones, se incluye a los cerdos y al pecarí en una misma familia, perteneciendo a distintas subfa - milias (34); otros lo colocan en una misma superfamilia (79), clasificándolos en distintas familias (79, 83, 90). La mayo - ría de los taxónomos consideran al pecarí, como miembro del - género único Tayassu, en el cual existen dos especies: T. ta -

jacu (Pecarí de collar) y *T. albirostris* (Pecarí barbiblanco) (34, 79, 83). Sin embargo, algunas referencias consideran - que los pecaríes tienen dos géneros: el género *Dicotyles*, con la especie tajacu (Pecarí de collar), en la cual mencionan - siete subespecies, y el género *Tayassu*, con la especie pecarí (Pecarí barbiblanco), con una sola subespecies: *ringens* (90). Una enciclopedia (36), menciona un solo género, el *Dicotyles*, con dos especies: *D. torquatus* (Pecarí de collar) y *D. labiatus* (Pecarí barbiblanco).

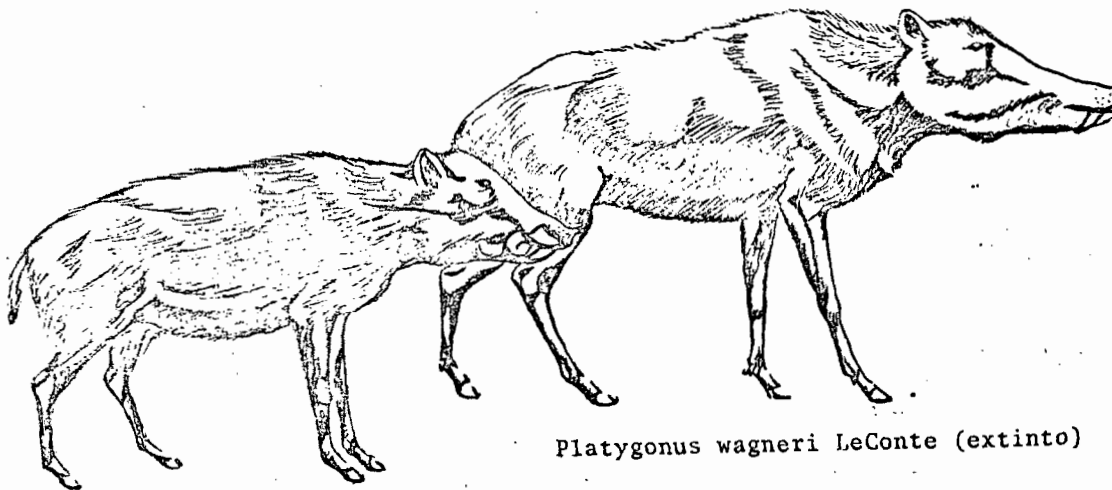
Una tercera especie de pecarí descubierta en el Chaco de Paraguay, es añadida a los miembros vivientes de la familia - *Tayassuidae*. Este es asignado al género *Catagonus* ameghino, - hasta ahora considerado confinado a el Pleistoceno. El nuevo pecarí está emparentado con *Catagonus wagneri* (Rusconi), una especie situada en la extinción relacionada con el género - - *Platygonus* Le Conte, cuando éste fué descrito en los depósitos arqueológicos prehispánicos de Argentina (115) (Fig. 12).

Presentamos un esquema de las relaciones filogenéticas - entre los pecaríes y los cerdos que nos pareció más sistemático:



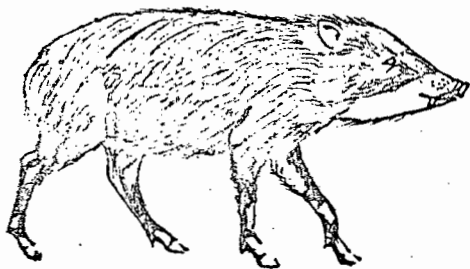


CUADRO IV. RELACIONES FILOGENETICAS DE LOS SUIDOS Y NUMERO CROMOSOMICO DIPLOIDE (35).

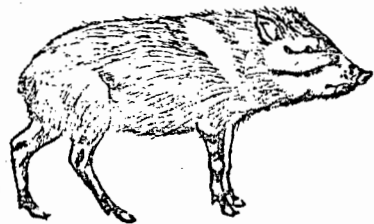


*Platygonus wagneri* LeConte (extinto)

*Catagonus wagneri* Rusconi



*Tayassu albirostris* (Pecarí barbiblanco)



*Tayassu tajacu* (Pecarí de Collar)

FIGURA 12. LOS 3 MIEMBROS VIVIENTES DE LA FAMILIA TAYASSUIDAE (115).

El pecarí de collar es un pequeño mamífero, artiodactilo, omnívoro, con dos incisivos arriba y tres abajo en cada lado, un canino a cada lado arriba y abajo, tres premolares y tres molares a cada lado arriba y abajo, los caninos no salientes, los superiores encorvados y relativamente pequeños, muy agudos y cortantes por detrás y dirigidos hacia abajo.

Fórmula dental:  $\frac{2}{3}, \frac{1}{1}, \frac{3}{3}, \frac{3}{3}$ .

Apófisis paraoccipital corta dirigida hacia atrás, saliente de cada lado de los cóndilos occipitales; apófisis articular del escamoso desviada de su base y limitando la superficie de la vesícula auditiva; fosa glenoidea anteroposteriormente cóncava y con apófisis posterior glenoidea; cóndilos de la mandíbula transversos.

Extremidades proporcionalmente delgadas en contraste con el cuerpo fuerte, con cuatro dedos en el pie delantero y tres en el posterior. Cuerpo comprimido y cabeza corta, jeta corta y delgada, nariz parecida a un hocico con aberturas nasales terminales, orejas bastante pequeñas y delgadas, ojos pequeños, cola muy corta y dos mamas.

El pecarí tiene cerdas ásperas que cubren todo el cuerpo, son de un pardo negruzco por encima, pardo amarillento en los costados, pardo en el vientre, blanco en el pecho; del hombro corre hacia adelante y abajo una franja blanco-amarillenta bastante ancha, las cerdas son más largas en la nuca y dorso. Tiene una glándula de almizcle en el dorso. Largo del cuerpo:

0.75 a 1.00 Mts. y de la cola: 2 cms., alzada de 35 a 40 cms. Peso normal en el adulto: 25 Kgs.

El pecarí barbibranco no tiene la banda blanca en el pecho; la mandíbula inferior es blanca, en los costados de la jeta hay una mancha blanca, en el resto del cuerpo el color es bastante uniforme, negro agrisado. Largo del cuerpo: 1.05 Mts. y de la cola: 5 cms., alzada de 40 a 45 cms. Peso normal en el adulto: 30 Kgs. (19, 35, 36, 78, 83, 87).

El pecarí de collar se distribuye en América. Se encuentra desde Arkansas hasta la Patagonia. Principalmente se localiza en América Tropical (87). En México está prácticamente en todos sus Estados (Sonora, Chihuahua, Coahuila, Nuevo León, Tamaulipas, Sinaloa, Durango, San Luis Potosí, Jalisco, Guanajuato, Querétaro, Hidalgo, Colima, Michoacán, Guerrero, Puebla, Veracruz, Oaxaca, Chiapas, Tabasco, Campeche, Yucatán y Quintana Roo) (90).

El pecarí barbibranco se encuentra en las selvas vírgenes, desde el Sudeste de México hasta América del Sur (19, 35).

Estos suidos gregarios presentan notables facultades de adaptación a los medios más diversos. Habitan en zonas áridas, bosques y selvas tropicales (35, 87).

Los pecaríes viven en grupos numerosos, generalmente son inofensivos mientras no se les moleste, pero se vuelven muy peligrosos cuando alguno de ellos es herido o perseguido; to-

do el grupo contra-ataca con furia y generalmente hacen huir al enemigo. Antes de atacar los pecaríes hacen chasquear sus colmillos. El tamaño de la manada en el pecarí de collar es de 5 a 15 individuos, en el pecarí barbiblanco va de 50 a 100 individuos (78, 88).

El pecarí siendo omnívoro se alimenta de raíces, frutas, setas, larvas de insectos, pequeños vertebrados, tubérculos, maíz, bayas y hasta de serpientes venenosas (32, 35).

Como su biología es similar a la del cerdo doméstico (*Sus scrofa*), los parámetros reproductivos en el pecarí de collar varían significativamente poco. La estación reproductiva dura todo el año, su madurez sexual la alcanza a los diez meses. El período de gestación dura 142 a 149 días, el número de crías por parto es de dos a tres. El peso al nacer va de quinientos gramos a un kilogramo. El máximo de vida que alcanzan es de veinte años (78).

### III. OBJETIVOS.

El propósito de este estudio es caracterizar el cariotipo de uno de los pecaríes existentes en México, el Pecarí de collar (Tayassu tajacu), aplicando diferentes técnicas de bandeado cromosómico tales como -G, -C y -N. Igualmente, se diseñará un ideograma a partir de un análisis del bandeado -G de cada cromosoma para describir el cariotipo de este pecarí.

Medir la longitud relativa y determinar la relación de brazos para cada cromosoma.

Finalmente, comparar las características de cada cromosoma del Pecarí de collar con las de los cromosomas del Cerdo doméstico (Sus scrofa domesticus) y otros cerdos silvestres africanos con el fin de encontrar homología entre sus cromosomas.

#### IV. MATERIAL Y METODOS.

Fueron usados en este estudio 2 pecaríes de collar machos y un pecarí de collar hembra. Se efectuaron preparaciones cromosómicas a partir de cultivos in vitro de linfocitos de sangre periférica según el método de Moorhead, P.S. et al. (77). Se determinó primero que todos los animales tuvieran un número cromosómico normal por un análisis previo efectuado mediante técnicas de tinción convencionales (Giemsa), tomándose estas preparaciones cromosómicas como controles.

Las preparaciones cromosómicas sufrieron tratamiento inductor de bandeado tipos -G, -C y -N siguiendo una modificación de las técnicas de Seabright, M. (94), Sumner, A.T. (99,100) y Bloom, S.E. and Goodpasture, C. (7), respectivamente y posteriormente fueron teñidas con colorante de Giemsa.

A las mejores metafases bandeadas se les tomó microfotografías, con las cuales se armaron los cariotipos siguiendo el orden establecido en el Atlas de Cromosomas de Mamíferos de T.C. Hsu y K. Benirschke (58).

Se preparó a partir de un análisis de las bandas de cada cromosoma un ideograma, que consiste en esquematizar las bandas que presenta cada cromosoma según las recomendaciones de la Primera Conferencia Internacional para la Estandarización de Cariotipos Bandeados de Animales Domésticos (38), asimismo se numeró cada banda asignándole regiones en cada brazo cromo-

sémico según las reglas sugeridas por la Conferencia de París para la Estandarización del Cariotipo Humano (84, 85).

Se midió la longitud relativa de cada cromosoma (Longitud relativa = Longitud X 100/Genoma haploide total conteniendo al cromosoma X) con un Vernier e igualmente se determinó la relación de brazos para cada cromosoma (brazo largo/brazo corto).

Finalmente, se compararon las características de cada cromosoma del pecarí de collar con las del cerdo doméstico y otros cerdos silvestres africanos con el fin de encontrar homologías entre sus cromosomas.

#### CULTIVO DE LEUCOCITOS Y PREPARACION CROMOSOMICA.

Fueron colectados de cada animal aproximadamente 10 ml. de sangre por punción de la vena femoral con una jeringa conteniendo 0.2 ml. de heparina, realizándose enseguida un conteo leucocitario para determinar la cantidad de células presentes en la muestra.

Se añadió a matraces erlenmeyer de 125 ml. en condiciones estériles lo siguiente: 20 a 25 millones de leucocitos por cultivo, 10 ml. de medio de cultivo para tejidos McCoy 5 A modificado (Gibco) suplementado con 20% de suero autólogo o suero fetal de ternera, 0.3 ml. de fitohemaglutinina M (Difco) y 0.06 ml. de una solución de antibióticos penicilina-estreptomicina (50 U/ml.-50 ug/ml.). Los cultivos luego fueron incubados a 37°C durante 72 horas aproximadamente (tiempo habitual en múl-



tiples especies).

El proceso de preparación cromosómica se realizó de la siguiente manera: Es añadido al cultivo celular 0.3 ml. de una solución de colchicina (Merck) a una concentración final de 1.33 ug/ml., 20 minutos antes de finalizar el tiempo de incubación. Después del tratamiento con colchicina, el cultivo es removido por centrifugación (1,500 rpm por 10 minutos) obteniéndose los leucocitos los cuales son tratados con una solución hipotónica de KCl 0.075 M por un total de 30 minutos (en reposo a 37°C por 20 minutos y luego centrifugados a 1,500 rpm por 10 minutos). Se quita el sobrenadante y se agrega a las células para fijarlas una solución de Carnoy fría (Metanol-Acido acético 3:1) resuspendiéndose y dejándose en reposo por 15 minutos a temperatura de laboratorio, enseguida se centrifugan a 1,500 rpm por 10 minutos, efectuándose este paso dos veces más. La suspensión celular fijada es mantenida a 4°C por toda la noche después de lo cual se quita el fijador dejando un volumen aproximadamente al doble del botón celular el cual se resuspende y se toman dos gotas colocándolas en cada laminilla, éstas son previamente limpiadas con Alcohol etílico absoluto. Enseguida, las laminillas se colocan en una cámara húmeda a temperatura de laboratorio por 15 minutos. Las laminillas deben tener por lo menos 24 horas de "vejez" previa a cualquier tratamiento inductor de bandeo cromosómico.

## PROCEDIMIENTOS DE BANDEO CROMOSOMICO.

Bandas -G Seabright, M. (94), modificada.

Sumergir las laminillas en una solución de tripsina - - (Merck) al 2% en solución PBS (5 ml.:45 ml.) a 37°C por 15 segundos. Lavar inmediatamente en dos frascos seguidos conteniendo solución PBS. Sin secar, teñir en colorante de Giemsa al 2% por un minuto.

Bandas -C. Summer, A.T. (99, 100), modificada.

Sumergir las laminillas en HCl 0.2 N a temperatura de laboratorio de 30 segundos a un minuto. Lavar las laminillas - con agua destilada y dejar secar. Sumergirlas luego en Ba - - (OH)<sub>2</sub> 0.3 N a 50°C (en estufa) por una hora. Lavar con agua - destilada y dejar secar. Sumergirlas en solución salina citra - tada (SSC) 2 X a 65° (en baño María) por una hora. Lavar con - agua destilada y dejar secar. Teñir en solución amortiguada - de colorante de Giemsa al 2% durante 20 minutos.

Bandas -N. Bloom, S.E., and Goodpasture, C. (7), modificada.

Colocar 2-4 gotas de AgNO<sub>3</sub> al 50% en las laminillas y cubrir las con un cubreobjetos. Incubar a 37°C en cámara húmeda durante 22 horas. Lavar con agua destilada y dejar secar. Si el contraste de los cromosomas es débil, teñir en una solución amortiguada de colorante de Giemsa al 2% durante 15 segundos.

## Soluciones empleadas

- Acido Clorhídrico (HCl) 0.2 N.
- Hidróxido de Bario ( $Ba(OH)_2$ ) 0.3 N.
- Nitrato de Plata ( $AgNO_3$ ) al 50%.
- Solución salina de fosfatos amortiguadores (PBS, por sus siglas en inglés) para 500 ml.
 

NaCl	4.0 grs.
KCl	0.1 grs.
$Na_2HPO_4$	0.575 grs.
$KH_2PO_4$	0.4 grs.
$H_2O$ c.b.p.....	500 ml.
- Solución salina citratada (SSC) 2 X
 

NaCl	17,532 grs.
$Na_3C_6H_5O_7 \cdot 2H_2O$	8.816 grs.
$H_2O$ dest.	1000 ml.
- Solución amortiguada de colorante de Giemsa
 

Sol. amortiguadora de $Na_2HPO_4$	24.5 ml.
Sol. amortiguadora de $KH_2PO_4$	24.5 ml.
Colorante de Giemsa	1.0 ml.
- Solución de Tripsina al 2%
- Tinción de Giemsa para Bandas -G
 

Colorante de Giemsa	1.0 ml.
Metanol	1.5 ml.
Acido Cítrico 0.1 M	2.0 ml.

$\text{Na}_2\text{HPO}_4 \cdot 12\text{H}_2\text{O}$  0.2 M 4.0 ml.

$\text{H}_2\text{O}$  c.b.p. .... 50.0 ml.

## V. RESULTADOS

Este estudio reveló que el Pecarí de collar (Tayassu tajacu) posee un complemento cromosómico diploide de 30 ( $2n=30$ ) - concluido por la observación de un mínimo de 500 metafases y - estando de acuerdo con otro estudio previamente efectuado (58).

Entre los autosomas, dos pares, uno metacéntrico y otro - subtelocéntrico, son particularmente grandes (Nº 1 y 2, respectivamente). Cinco pares son submetacéntricos de tamaño medio - (Nº 3, 5, 6, 7 y 8). Un par es metacéntrico mediano (Nº 4). - Dos pares son subtelocéntricos pequeños (Nº 9 y 10) y cuatro - pares son acrocéntricos pequeños (Nº 11, 12, 13 y 14). Los - cromosomas sexuales X e Y son submetacéntrico mediano y subme- tacéntrico pequeño, respectivamente (Figs. 13-16).

El sistema usado para numerar las bandas está basado so- bre la nomenclatura desarrollada para el cariotipo humano en - la Conferencia de París (1971) y su Suplemento (1975). Son es- cogidas distintas bandas marcadas (ya sea bandas positivas o - negativas) para definir las regiones. Los símbolos "p" y "q"- representan el brazo corto y el brazo largo, respectivamente, - para los cromosomas que tienen dos brazos. Una breve descrip- ción del patrón de bandeado de cada cromosoma es como sigue (Fig 13 y 14):

Nº 1: Este cromosoma metacéntrico es el más grande del com- plemento. Tres bandas negativas dividen el brazo corto en cua- tro regiones. Las bandas negativas más sobresalientes se en---

cuentran en el extremo distal al centrómero. Las bandas p32- y p42 son las que hacen parecer característico a este cromosoma. Cuatro bandas positivas se encuentran en el tercio medio y tres positivas más en el tercio proximal al centrómero. El brazo largo tiene nueve bandas positivas bien remarcadas.

Nº 2: Este cromosoma subtelocéntrico también es particularmente grande respecto a los demás cromosomas. El brazo corto tiene dos bandas positivas, siendo una claramente distinguible y estando cercana al centrómero.

El brazo largo está dividido en cuatro regiones delimitadas por dos bandas positivas y una negativa. La primera región tiene una banda positiva cercana al centrómero. La segunda región tiene dos bandas positivas bien remarcadas separadas por una positiva menos notable. La tercera región tiene cuatro bandas positivas y la cuarta región tiene seis bandas positivas sobresaliendo dos negativas.

Nº 3: Este cromosoma submetacéntrico mediano tiene tres bandas positivas en el brazo corto. Es claramente visible una banda negativa cercana al centrómero. El brazo largo tiene cinco bandas positivas.

Nº 4: El cromosoma número cuatro es metacéntrico de tamaño medio. Tiene cuatro bandas positivas en el brazo corto. Cinco bandas positivas presenta el brazo largo. Las tres primeras cercanas al centrómero son remarcadas y las dos últimas

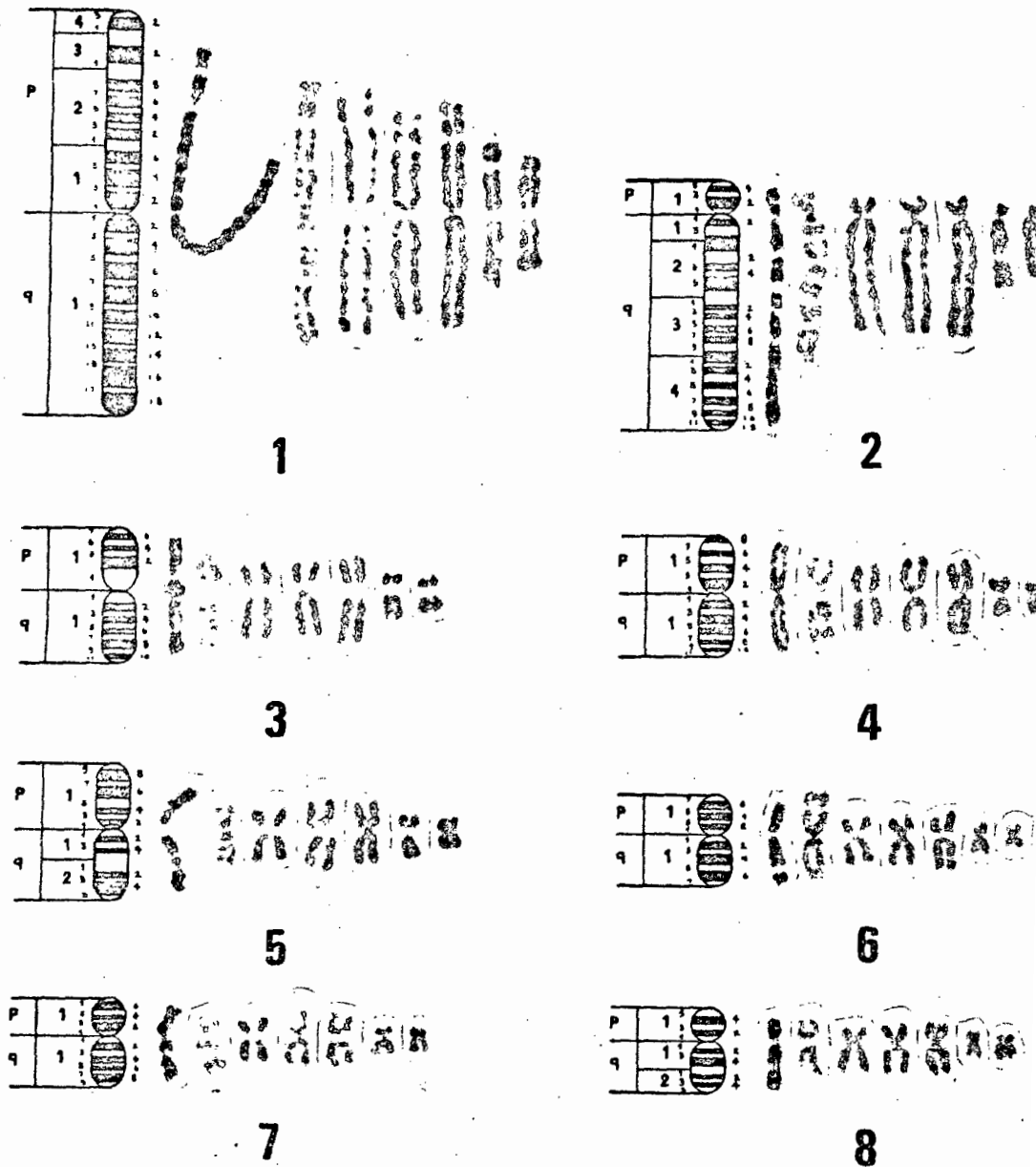


Fig. 13. Patrones de bandeado -G de los cromosomas del Pecarí de collar (macho). Grupos de siete cromosomas representativos los cuales fueron escogidos de un par homólogo específico para representar las características de los patrones de bandeado -G de siete metafases. El primer cromosoma de cada grupo tiene menos condensación mientras que del segundo al quinto cromosoma presentan constricciones similares pero con mayor condensación, asimismo, los dos últimos cromosomas exhiben un mayor grado de condensación. Es mostrada una representación diagramática de las bandas para el primer cromosoma de cada grupo. En ambas microfotografías el aumento es de aproximadamente 6000 X.

más distales no son tan distinguibles.

Los cromosomas N° 5, 6, 7 y 8 son submetacéntricos medianos.

N° 5: El brazo corto tiene cuatro bandas siendo las distales al centrómero positivas y notorias estando separadas de las otras dos positivas por una apreciable banda negativa. El brazo largo es dividido en dos regiones por una banda negativa muy notoria (q21). La región uno tiene dos bandas positivas. La región dos tiene una banda negativa claramente distinguible y dos más apenas apreciables.

N° 6: Este cromosoma se distingue con el bandedo -G por la presencia de una banda negativa localizada a 2/3 del centrómero (q15). El brazo corto presenta tres bandas positivas y el brazo largo también tres bandas positivas pero más notorias que el anterior.

N° 7: Hay tres bandas positivas en el brazo corto. El brazo largo tiene cuatro bandas positivas, siendo la q16 apenas distinguible.

N° 8: Las bandas de este cromosoma se fusionan ligeramente por pares, pareciendo a simple vista que sólo tiene una banda positiva en el brazo corto y dos bandas positivas en el brazo largo. El brazo corto tiene dos bandas positivas. El brazo largo es dividido en dos regiones por una apreciable banda negativa situada aproximadamente en la parte media del brazo.



La región uno presenta dos bandas positivas. La región dos presenta, además de la notable banda negativa, a dos bandas positivas apenas distinguibles por separado.

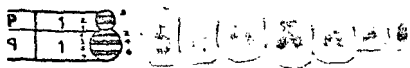
Los cromosomas N° 9 y 10 son subtelocéntricos pequeños.

N° 9: Presenta una banda positiva que se ve fácilmente, situada en la parte central del brazo corto. El brazo largo presenta tres bandas positivas siendo muy notoria una banda negativa situada en la parte central del brazo largo (ql5).

N° 10: El cromosoma número diez es muy similar en tamaño al cromosoma número nueve. Sin embargo, este cromosoma muestra una obscura banda positiva en el brazo largo que se aprecia fácilmente (ql2) seguida de otra banda positiva muy pálida. El brazo corto presenta una distinguible banda positiva situada centralmente.

Los cromosomas N° 11, 12, 13 y 14 son telocéntricos pequeños.

N° 11: Es el cromosoma telocéntrico más grande del grupo, teniendo dos regiones distintas delineadas por una marcada y apreciable banda positiva situada aproximadamente en el centro del cromosoma. La primera región tiene una banda negativa muy clara y otra menos apreciable. La segunda región tiene tres bandas positivas, una es particularmente grande (banda 21).



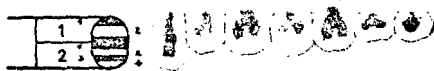
9



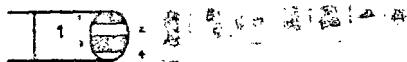
10



11



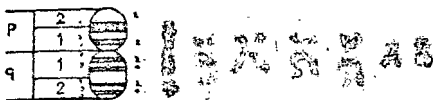
12



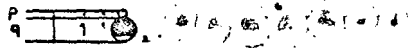
13



14



X



Y

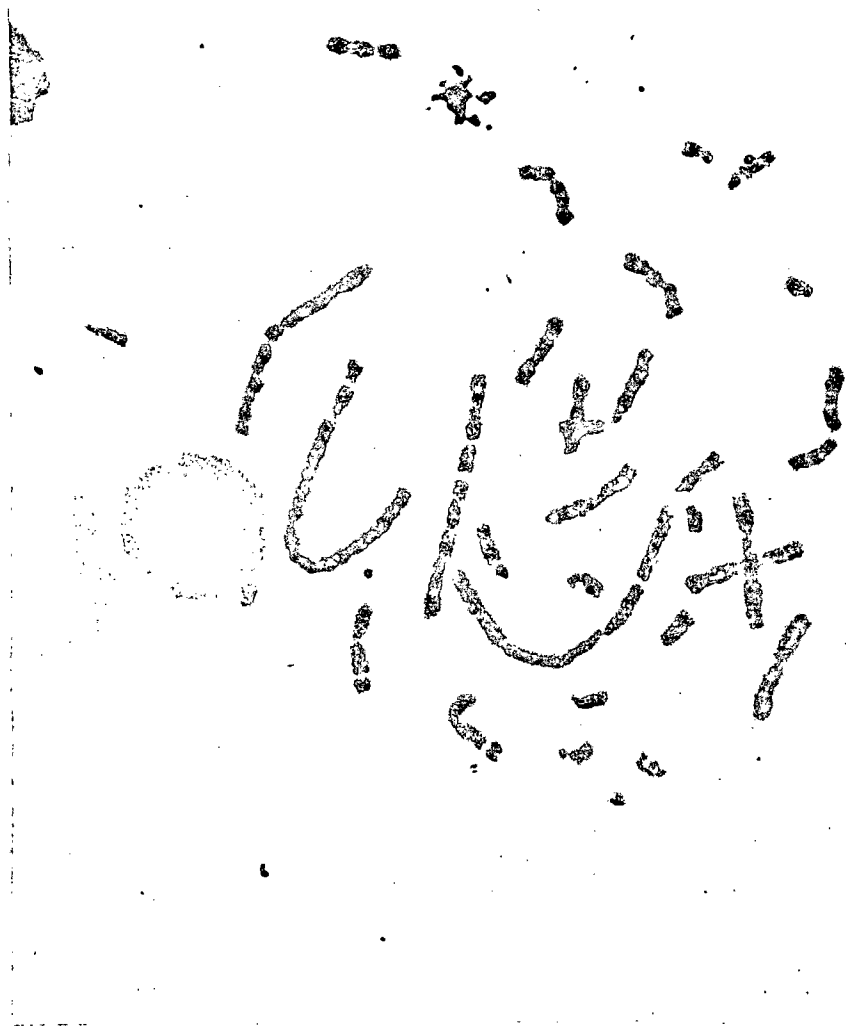


Fig. 15. METAFASE CON BANDEO -G DE UN PECARI DE COLLAR MACHO  
( $2n= 30$ ).

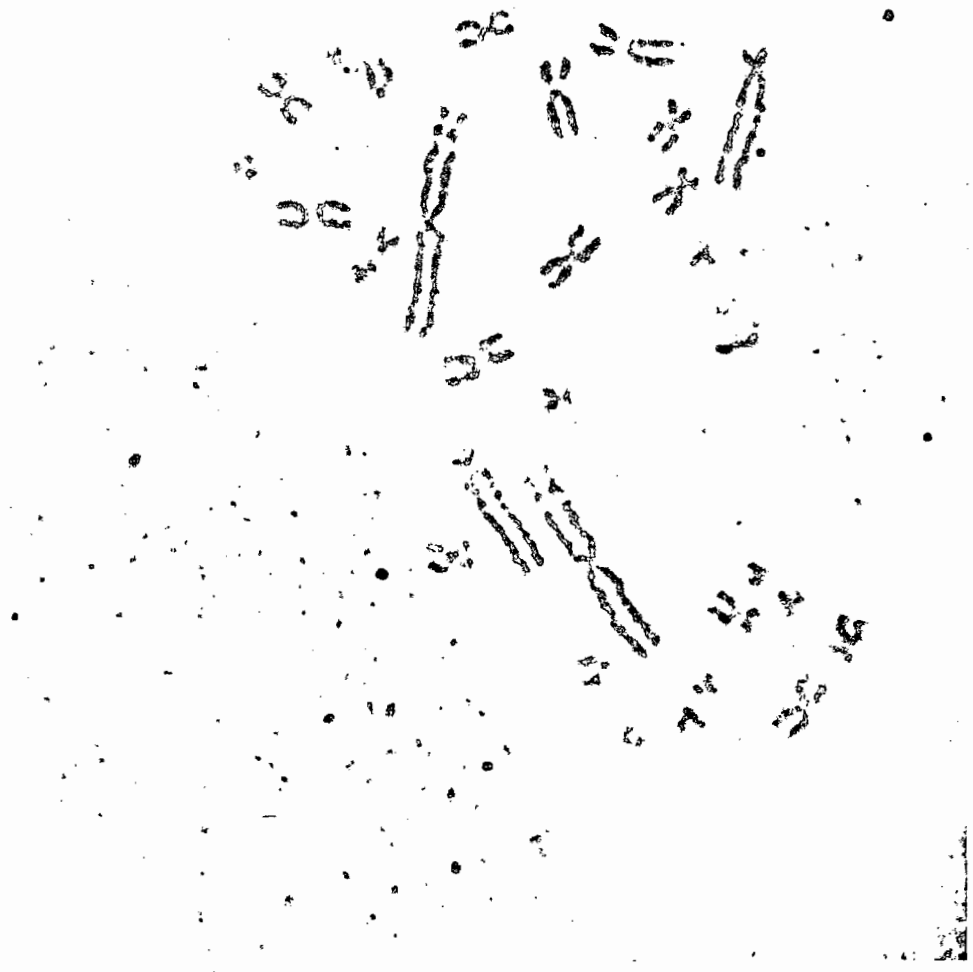


Fig. 16. BANDEO -G DE LOS CROMOSOMAS DEL PECARI DE COLLAR (macho) ( $2n=30$ ).

Nº 12: Este cromosoma está dividido en dos regiones por una banda claramente oscura situada en la parte central del cromosoma. La región uno tiene una notable banda negativa. - La región dos presenta dos bandas negativas.

Nº 13: Presenta dos bandas positivas remarcadas y separadas por una banda negativa también muy notable.

Nº 14: Presenta tres bandas positivas. La banda positiva cercana al centrómero es apreciable. La siguiente banda positiva es muy notable y está separada de la anterior por una banda negativa bastante clara.

Cromosoma X: El cromosoma X es submetacéntrico mediano. Una banda positiva distinguible está localizada en la mitad del brazo corto (p21) con una banda positiva más delgada situada proximalmente al centrómero. Hay una banda negativa apreciable situada en la parte media del brazo largo, con dos bandas más delgadas situadas a ambos lados.

Cromosoma Y: El cromosoma Y es también submetacéntrico pero de tamaño pequeño y es el cromosoma más pequeño del complemento. El brazo corto del cromosoma Y se tiñe tenuemente. El brazo largo tiene un distinguible bandeo -G obscuro situado en casi toda su longitud.

Otras técnicas de bandeo usadas para la identificación -

de regiones cromosómicas específicas en los cromosomas del pe  
carí.

-Identificación de la heterocromatina constitutiva me---  
diante el bandeo -C.

Las regiones centroméricas de los cromosomas del pecarí-  
de collar exhibieron bandeo -C. Sin embargo, la intensidad -  
en la tinción de las bandas -C no fué la misma en todos los -  
cromosomas, aunque no pudo ser excluído que este hecho fuera-  
debido al tratamiento utilizado. La región centromérica del-  
cromosoma N° 1 exhibe un bando -C bien marcado en contraste -  
con la del cromosoma N° 2 que es muy pálida en bandeo -C. Los  
restantes cromosomas parecen tener regiones centroméricas re-  
gularmente teñidas para bandas -C. La región centromérica -  
del cromosoma Y parece no poseer la región heterocromática -  
marcadamente teñida común en el cromosoma Y porcino (Fig. 17).

-Localización de los organizadores nucleolares (ON's).

Fueron llevadas a cabo preparaciones de tinción de plata  
sobre las laminillas de los pecaríes macho. El número total-  
de metafases satisfactorias examinadas fué de 50. Se encon--  
tró que todas las metafases presentaban cuatro cromosomas con  
regiones portadoras de organizadores nucleolares. Todos los-  
cuatro cromosomas del complemento cromosómico del pecarí de -  
collar, los cuales presentaban el sitio para el organizador -

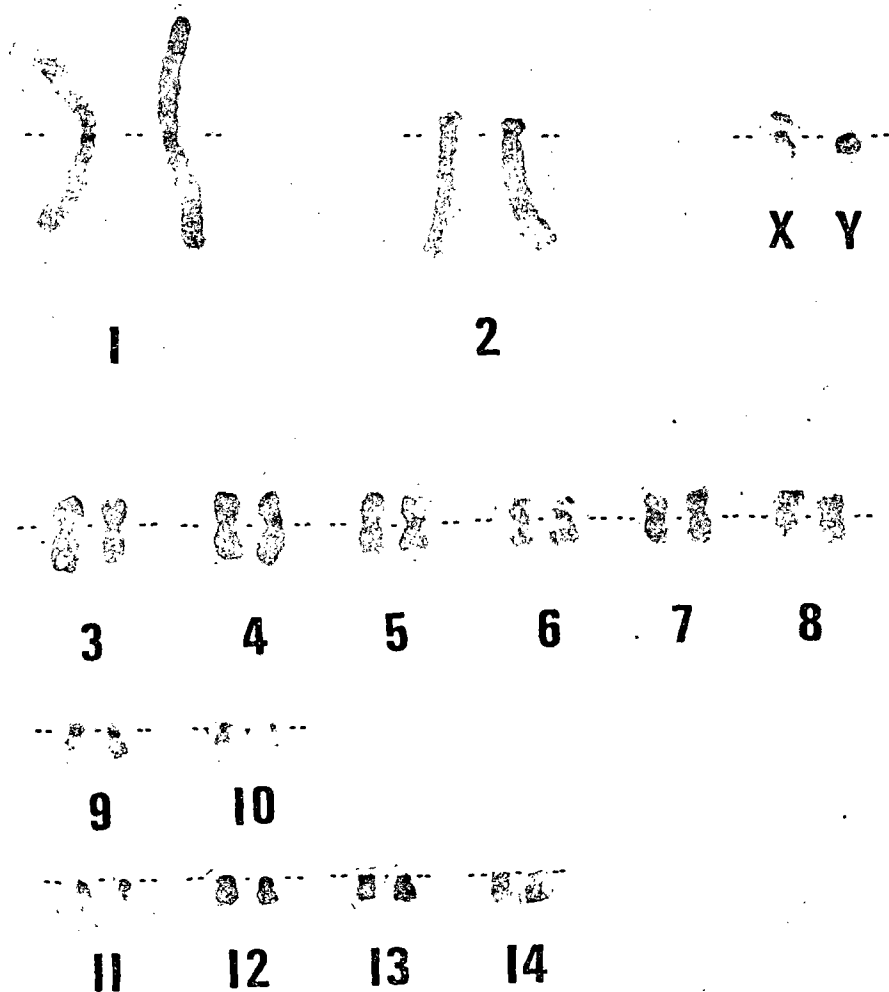


Fig. 17. CARIOTIPO CON BANDAS -C DE UN PECARI DE COLLAR MACHO ( $2n= 30$ ).

nucleolar, exhibieron una tinción muy oscura. El máximo número de cromosomas mostrando ON's<sup>+</sup> en una metafase dada es de cuatro (Figs. 18 y 19).

Tinción secuencial con colorante de Giemsa para la medición cromosómica.

Fueron preparados secuencialmente, y con distinto grado de condensación, 10 cariotipos con bandas -G y bandas -C y teñidos con Giemsa para medir la longitud de cada cromosoma y así obtener una relación de brazos más exacta. Los resultados de la longitud cromosómica relativa y la relación de brazos son mostrados en la tabla 5. El autosoma más grande del complemento tiene una longitud relativa de 21.9 y la del autosoma más pequeño es de 2.5. El cromosoma X tiene una longitud relativa de 5.5 y el cromosoma Y de 1.8. La longitud relativa del cromosoma N° 7 es de 5.4 lo cual difiere un poco de la del cromosoma X, sin embargo, la relación de brazos es la misma lo cual indica que los dos cromosomas son igualmente submetacéntricos.

El estudio comparado de los patrones de bandeo -G de los cromosomas del pecarí de collar con los del cerdo doméstico y el babirusa reveló que solo cuatro pares de autosomas del pecarí son casi idénticos a algunos cromosomas del cerdo y el babirusa (Tabla 6). El cromosoma N° 1 del pecarí es parcialmente equivalente al correspondiente del babirusa. Parece ser



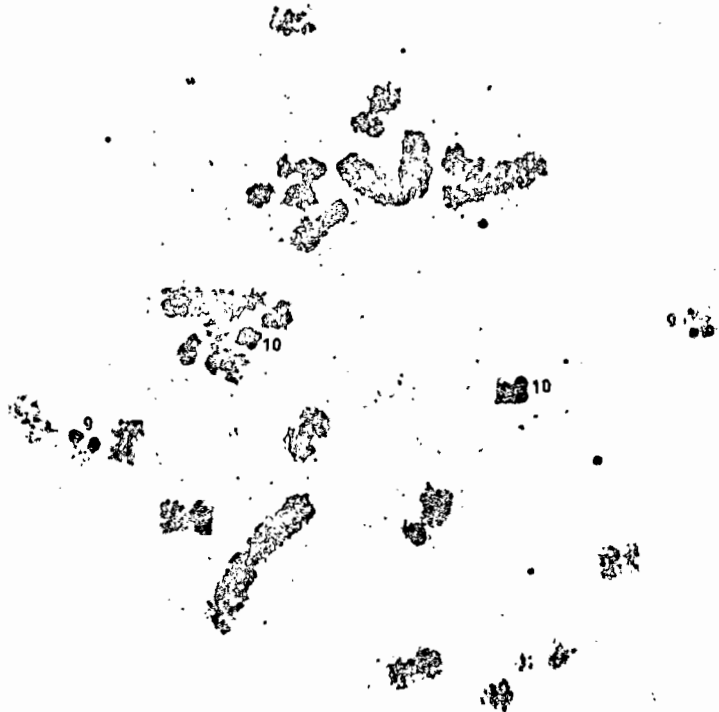


Fig. 18. PREPARACION CON  $\text{AgNO}_3$  DE LOS CROMOSOMAS DEL PECARI DE COLLAR. LOS CROMOSOMAS ESPECIFICOS CON ORGANIZADORES NUCLEOLARES SON IDENTIFICADOS E INDICADOS POR NUMEROS.

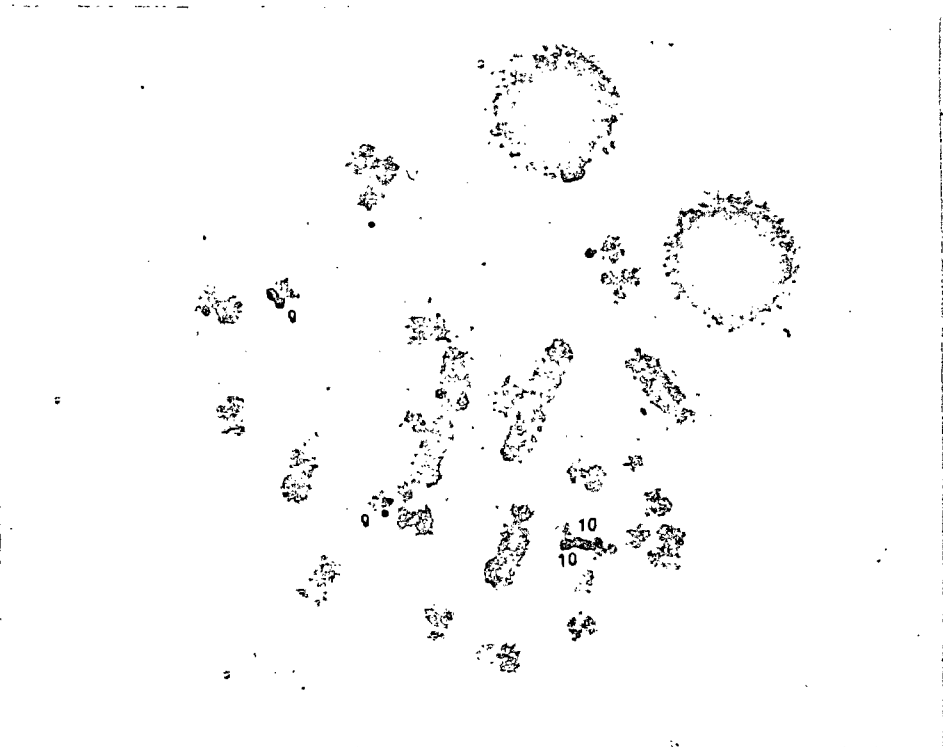


Fig. 19. METAFASE DE UN LINFOCITO DE PECARI DE COLLAR CONTE NIENDO LOS CROMOSOMAS PORTADORES DE LOS ORGANIZADOS NUCLEOLARES. ESTOS SON IDENTIFICADOS E INDICADOS POR NUMEROS. NOTESE QUE PRESENTAN AFINIDAD ENTRE SI DICHAS REGIONES.

TABLA 5

La longitud relativa y la relación de brazos obtenida de 10 -  
cariotipos secuenciales teñidos con bandas -G y bandas -C de  
pecaries de collar machos.

Cromosoma No.	Longitud relativa*	Relación de brazos
1	21.9	1.0
2	13.7	4.2
3	8.1	1.3
4	6.9	1.1
5	6.6	1.3
6	5.6	1.3
7	5.4	1.4
8	5.1	1.6
9	3.3	1.7
10	3.2	1.5
11	4.0	x
12	3.0	x
13	2.7	x
14	2.5	x
X	5.5	1.4
Y	1.8	1.7

\* Longitud relativa = Longitud X 100/Genoma haploide total con  
teniendo al cromosoma X.

que el cromosoma de este último perdió el segmento central - del brazo corto, pero las bandas distales del mismo brazo se aprecian iguales a las correspondientes del pecarí.

TABLA 6

CROMOSOMAS Y PARTES DE CROMOSOMAS CORRESPONDIENTES ENTRE EL  
BABIRUSA, EL CERDO DOMESTICO Y EL PECARI DE COLLAR

Babyrousa babyrussa 2n= 38	Sus scrofa 2n= 38	Tayassu tajacu 2n= 30
-	1	-
3	2	8
-	3	-
4	4	6
5	5	-
-	6	-
7	7	-
8	8	4
9	9	-
10	10	-
11	11	-
13	12	-
1 (brazo largo)	13	-
16	14	-
2 (brazo largo)	15	-
1 (brazo corto)	16	-
2 (brazo corto)	17	-
18	18	14
6	-	-
12	-	-
14	-	-
15	-	-
17	-	-
X	X	-
Y	Y	-

## VI. DISCUSSION.

Por falta de datos citogenéticos referentes a la especie utilizada hubo necesidad de adecuar la metodología efectuando algunas modificaciones de las técnicas antes citadas sobre el cultivo de linfocitos y de bandeo cromosómico, encontrándose que las soluciones, concentraciones y tiempos antes descritos fueron relativamente los mejores para los fines mencionados.

El hecho de no presentar el cariotipo de la hembra fué - debido a que se perdió en el proceso de preparación cromosómica y no hubo oportunidad de volverlo a realizar porque se sacrificó el animal.

El arreglo numérico del cariotipo del pecarí de collar - presentado en este estudio está basado sobre la recomendación hecha por T.C. Hsu y K. Benirschke en su Atlas de Cromosomas - de Mamíferos (58). Estos autores reportan el complemento cromosómico del pecarí de collar, pero sin la utilización de patrones de bandeo, estando nosotros en desacuerdo para la descripción morfológica sugerida por ese estudio. Las principales diferencias se encuentran en los cromosomas N° 3, 5, 6, 7, 8, 9 y 10 siendo que los reportan como metacéntricos medianos (N° 3, 5, 6, 7 y 8) y como acrocéntricos pequeños (N° 9 y 10), encontrándolos de acuerdo a nuestros resultados, como submetacéntricos de tamaño medio (N° 3, 5, 6, 7 y 8) y subtelocéntricos pequeños (N° 9 y 10). Los autosomas N° 1, 2, 4, -

11, 12, 13 y 14 y los cromosomas sexuales X e Y siguen siendo metacéntrico grande, subtelocéntrico grande, metacéntrico mediano, acrocéntricos pequeños del N° 11 al 14, submetacéntrico mediano y submetacéntrico pequeño, respectivamente.

La nomenclatura sugerida para el cariotipo del pecarí de collar estuvo basada sobre cromosomas de metafase temprana - (ver Figs. 12 y 13, el primer cromosoma del lado izquierdo).- El número de bandas de cada cromosoma puede variar dependiendo del grado de contracción. Sin embargo, el sistema de nomenclatura deberá facilitar una futura estandarización en citogenética del pecarí de collar.

Por otra parte, de acuerdo al arreglo de los cariotipos para la observación de los organizadores nucleolares, los cromosomas que constantemente parecen presentarlos fueron los pares cromosómicos N° 9 y 10, aunque pudiera considerarse la utilización de técnicas combinadas, como inducción de bandeo -G y bandeo -N en una misma metafase, que pudieran apoyar definitivamente esta afirmación.

Estudios más finos y detallados como bandeo -Q y registros fotoeléctricos aplicados a los cariotipos de todos los miembros de la familia de los suidos, tales como el cerdo doméstico y los cerdos silvestres europeos y africanos, así como también al Pecarí barbiblanco y a la tercera especie de pecarí descubierta en el Chaco de Paraguay, el *Catagonus wagneri*, podrán dilucidar más correspondencias entre sus cromoso-

mas o partes de sus cromosomas y así poder establecer, de una manera más exacta, las relaciones filogenéticas entre ellos y entender qué cambios evolutivos a nivel cromosómico han ocurrido en el transcurso de la aparición de las distintas especies.

Mientras que los cariotipos del cerdo doméstico, jabalíes y el facocero son bastante similares, el cariotipo de la babirusa es sólo parcialmente equivalente lo que sugiere que hay una considerable distancia filogenética entre el género Babyrousa por un lado y los géneros Sus y Phacochoerus por el otro (13). Ahora bien, observando que hay una equivalencia cromosómica todavía menor entre los cariotipos del pecarí de collar con los del cerdo doméstico y la babirusa, nos hace pensar que la distancia filogenética del género Tayassu es aún mayor en relación para con estos dos géneros, el Sus y el Babyrousa.



## VII. CONCLUSIONES.

Es importante destacar el uso de la Citogenética en las investigaciones aplicadas a la Taxonomía y Evolución, ya que por medio del estudio comparado de los cariotipos obtenemos información para dilucidar intercorrelaciones entre las diferentes categorías taxonómicas y las tendencias mutacionales de los cromosomas de una especie dada.

De acuerdo a la bibliografía utilizada, los cromosomas del pecarí de collar son muy sensibles a las técnicas de bandeado cromosómico usadas en los cromosomas porcinos y aún más lábiles a las técnicas empleadas en los cromosomas humanos.

Encontramos diferencias morfológicas en la descripción cromosómica previamente hecha por T.C. Hsu y K. Benirschke (58) y sugerimos que, de acuerdo con nuestros resultados, los cromosomas N° 3, 5, 6, 7 y 8 son submetacéntricos medianos y los cromosomas N° 9 y 10 son subteloecéntricos pequeños. Los autosomas N° 1, 2, 4, 11, 12, 13 y 14 y los cromosomas sexuales representados por el cromosoma X y el cromosoma Y siguen siendo metacéntrico grande, subteloecéntrico grande, metacéntrico mediano, acrocéntricos pequeños del N° 11 al 14, submetacéntrico mediano y submetacéntrico pequeño, respectivamente.

Las regiones portadoras de los organizadores nucleolares parecen encontrarse en las regiones paracéntricas de los brazos cortos de los pares cromosómicos N° 9 y 10.

En la comparación de los cariotipos, los cromosomas N° - 8, 6, 4 y 14 del pecarí de collar muestran similitudes con respecto a los cromosomas N° 2, 4, 8 y 18 del cerdo doméstico y para con los cromosomas N° 3, 4, 8 y 18 de la babirusa, respectivamente.

## VIII. RESUMEN.

Se caracterizó el cariotipo de uno de los pecaríes existentes en México, el Pecarí de collar (Tayassu tajacu), aplicando diferentes técnicas de bandeo cromosómico tales como -G, -C y -N y determinándose un complemento cromosómico diploide de 30 ( $2n= 30$ ). Así mismo se diseñó un ideograma a partir de un análisis del bandeo -G de cada cromosoma para describir el cariotipo, con sus patrones de bandeo, de dicho pecarí.

Por otra parte, se sugiere a los cromosomas N° 9 y 10 como portadores de los organizadores nucleolares.

También se midió la longitud relativa y se determinó la relación de brazos para cada cromosoma.

Finalmente, se compararon las características de cada cromosoma del Pecarí de collar con las de los cromosomas del Cerdo doméstico (Sus scrofa domesticus) y otros cerdos silvestres africanos, encontrándose homología entre algunos de sus cromosomas.

## IX. BIBLIOGRAFIA.

1. Alonso, R.A., Cantú, J.M. 1980. A robertsonian translocation in the domestig pig (*Sus scrofa*) 37, XX, - 13; - 17, t rob (13; 17). *Ann. Genet.* 25, N° 1, - 50-52.
2. Backstrom, L., Henricson, B. 1971. Intersexuality in the pig. *Acta Veterinaria Scandinavica* 12 (2): 257-273.
3. Basrur, P.K. 1974. Inovations in Cytogenetics and Aplications to Domestic Animals. 1er. Congreso Mundial de Genética Aplicada a la Producción Ganadera. Ed. Garsi (Madrid) 1: 215-227.
4. Bengtsson, B.O. 1975. Mammalian chromosomes similar in length are also similar in shape. *Hereditas* 79: - 287-292.
5. Betancourt, A., Gutiérrez, C., Sánchez, A. 1974. Los cromosomas del Bostaurus, Bos indicus, Bison bonasus y sus híbridos. I Congreso Mundial de Genética Aplicada a la Producción Ganadera. Tomo III. Ed. Garsi Madrid, España.
6. Bishop, M.W.A. 1972. Genetically determined abnormalities of the reproductive system. *J. Reprod. Fertil.* - (suppl) 15:51.
7. Bloom, S.E., and Goodpasture, C. 1976. An improved technique for selective silver staining of nucleolar organizer regions in human chromosomes. *Hum. Genet.* 34: 199-206.
8. Bloom, W.L. 1974. Origin of Reciprocal Translocations and their effect in *Clarkia speciosa*. *Chromosoma* - 49: 61-76.

9. Bomsel - Helmerick, O. 1961. Heteroploidy Experimentale Chez la truie. Proc. 4th Int. Congr. Anim. Reprod. The Hague, Section 68, 1: 1-4.
10. Bomsel - Helmerick, O. 1965. Heteroploidy and embryonic death. In: Preimplantation stages of pregnancy. Eds G.E.W. Wolstesholme and M. O'Connor, J.B.A. Churchill Ltd. London, pp. 246-249.
11. Booth, W.D., and Polge, C. 1976. The occurrence of C 19 - steroids in testicular tissue and submaxillary glands of intersex pig in relation to morphological characteristics. J. Reprod. Fer. 46 (1): 115-121.
12. Bosma, A.A. 1978. The Chromosomes G- Banding Pattern in the Warthog, Phacochoerus Aethiopicus (Suidae, Mammalia) and its Implications for the Systematic position of the Species. Genetica 49: 15-19.
13. Bosma, A.A. 1980. The Karyotype of the Babirusa (Babyrousa babyrussa) Karyotype Evolution in the Suidae. - - 4th Eur. Colloq. Cytogenet. Domest. Anim. (Sweden) - pp. 238-241.
14. Bouters, R., Bonte, P., and Vandeplassche, M. 1974. - - Chromosomal abnormalities and embryonic death in pig. I Congreso de Genética Aplicada a la Producción Ganadera. Ed. Garsi (Madrid) 711: 169-171.
15. Bruerz, A.N., Fielden, E.D., and Hurchings, H. 1968. - - XX/XY Mosaicims in Lymphocyte cultures from a pig - with free martin characteristics. New Zealand Vet. - J. 16: 31-38.
16. Bruerz, A.N. 1974. El descubrimiento y consecuencias biológicas de algunas anomalías cromosómicas importantes en poblaciones de animales domésticos. I Congre-

so Mundial de Genética Aplicada a la Producción Ganadera. Ed. Garsi, Madrid, España. Tomo I.

17. Bruere, A.N. 1974. The Discovery and Biological Consequences of some important Chromosome Anomalies in Populations of Domestic Animals. I Congreso Mundial de Genética Aplicada a la Producción Ganadera. Ed. Garsi (Madrid) 1: 151-175.
18. Bush, G.L., Case, S.M., Wilson, A.C., and Patton, J.L.-1977. Rapid speciation and chromosomal evolution in mammals. Proc. Nat. Acad. Sci. 74: 3942-3946.
19. Cendrero, L. 1972. Zoología Hispanoamericana, Vertebrados. Edit. Porrúa (España) Pags. 1080-1082.
20. Comings, D.E. 1978. Methods and Mechanisms of Chromosome Banding. From: Methods in Cell Biology. Vol. - XVII. Chromatin and Chromosomal protein Research-II. Ed. G. Stein, J. Stein, L.J. Kleinsmith. Academic Press 1978.
21. Comings, D.E. 1978. Mechanisms of Chromosome Banding and Implications for Chromosome Structure. Ann. Rev.-Genet. 12: 25-46.
22. Craig - Holmes, A.P., and Shaw, M.W. 1971. Polymorphism of Human Constitutive Heterochromatin. Science Vol. 174: 702-704.
23. Czaker, R., and Mayr, B. 1980. Detection of nucleolus - organizer regions (NOR) in the chromosomes of the domestic pig (*Sus scrofa domestica* L.) *Experientia*-36: 1356-1357.
24. Darre, R., Muorwell, Berland, M.H., and Queinnec, G. - - 1974. Variación de la longitud relativa del cromosoma

ma en el ganado vacuno. I Congreso Mundial de Genética Aplicada a la Producción Ganadera. Ed. Garsi, Madrid, España. Tomo III.

25. De Robertis, E.D., y De Robertis, E.M. 1982. Biología - Celular y Molecular. Editorial El Ateneo (Argentina).
26. Dunn, H.O., Mc Enter, K., Hall, C.E., Johnson, R.H., and Stone, W.H. 1979. Cytogenetic and reproductive - - studies of bulls born co - twin with free martins. J. Reprod. Fert. 57: 21-30.
27. Dutrillaux, B. 1975. Sur la nature et l'origine des chromosomes humains. Monogr. Ann. Genet. p. 102. Expansion scientifique française, Paris.
28. Dutrillaux, B. 1977. New chromosome techniques. In: Molecular Structure of Human Chromosomes p. 223. - - (Yunis, J.J., ed.) Academic Press, Inc., New York.
29. Dutrillaux, B., Couturier, J. 1981. La pratique de - l'analyse chromosomique. Masson, Paris.
30. Dutrillaux, B. 1981. Los cromosomas de los primates. En: Revista Mundo Científico (La Recherche) Vol. 2, N<sup>o</sup>-10. Editorial Fontalba. Pags. 52-62.
31. Eiberg, H. 1974. New selective Giemsa technique for - - human chromosomes, Cd staining. Nature Vol. 284: 55.
32. Eldridge, F.E. 1975. High frequency of a Robertsonian - translocation in a herd of british white cattle. - Vet. Rec. 96: 71-73.
33. Eldridge, F.E., and Blazak, W.F. 1977. Comparision - - between the chromosomes of chianina and brahman - -

- crossbred steers. *Cell Genet.* 18: 57-60.
34. Enciclopedia Salvat de la Fauna. 1976. Tomo I, Pag. 141. Salvat Editores de México.
  35. Enciclopedia Salvat de la Fauna. 1979. Tomo X Pags. - - .107-109. Salvat de Ediciones (España)
  36. Enciclopedia Universal Ilustrada Europeo-Americana. 1975. Tomo XLII, Pag. 1150. Espasa-Calpe (España).
  37. Fescheimer, N.S. 1979. Cytogenetics in animal produccion J. Dairy Sci. 62: 844-853.
  38. Ford, C.E., Pollock, D.L., and Gustavsson, I. 1980. - - Proceedings of the First International Conference - for the Standarization of banded karyotypes of Domestic Animals. *Hereditas* 92: 145-162.
  39. Greenz, W.A., Dunn, H.O., and Foote, R.H. 1977. Sex- - chromosomes rations in cattle and their relationship to reproductive development in free martins. *Cell - Genet.* 18: 97-105.
  40. Gropp, A., Giers, D., and Tettenborn, O. 1969. Das - - Chromosomenkomplement des Wildschwins (*Sus scrofa*). *Experientia* 25: 778.
  41. Grouchy de J. y Turleau, G. 1978. Atlas de las Enfermedades Cromosómicas. Ed. Marin, Barcelona, España.
  42. Guant, G., and Minoia, P. 1978. A Robertsonian translocations in the female cells of a bull co-twin of a - free martin. *Cornell Vet.* 68: 94-97.
  43. Gustavsson, I. 1973. Chromosomal errors in the reproduction of the domestic pig. In: Broue, A. and Thibault C. (Eds.): Les accidents cromosomiques de la repro-



duction, Paris. Inserm.

44. Gustavsson, I. 1979. Distribution and effects of the -1/29 Robertsonian translocation in Cattle. *J. Dairy Sci.* 62: 825-835.
45. Hageltorn, M., Gustavsson, I., and Zech, L. 1973. The-Q - and G - banding patterns of a t (11 p +; 15 q-) in the domestic pig. *Hereditas* 75: 147-151.
46. Hageltorn, M., Gustavsson, I., and Zech, L. 1976. Detailed analysis of reciprocal translocation (13 q -; 14 q +) in the domestic pig by G - Agd G - staining techniques. *Hereditas* 83: 268-272.
47. Halnan, C.R.E. 1975. Chromosomes of cattle. Present clinical status and promise. *Ver. Rec.* 96: 148-151.
48. Halnan, C.R.F., and Francis, J. 1976. *Bos taurus* and - chromosome of africaner cattle and the development of improved breeds for the tropics. *Vet. Rec.* 98: - 88-90.
49. Hamerton, J.L. 1971. *Human Cytogenetics, General Cytogenetics*. Vol. 1, Academic Press.
50. Hansen, K.M. 1977. Identification of the chromosomes of the domestic pig (*Sus scrofa domestica*). An identification key and a landmark system. *Ann. Genet. Sel. Anim.* (1): 517-526.
51. Hansen, K.M. 1982. Sequential Q - and C - band staining of pig chromosomes and some comments on C - band - polymorphism and C - band technique. *Hereditas* 96: 183-189.
52. Hansen - Melander, E., and Melander, Y. 1970. Mosaicism for translocation heterozigosity in a malformed pig.

Hereditas 64: 199-202.

53. Hansen - Melander, E., Melander, Y., and Olin, M.L. 1974. Chromosome preparation by air drying at low temperature and Giemsa banding procedures. *Hereditas* 76: 35-40.
54. Hard, W.L., and Eisen, J.D. 1965. A phenotypic male - swine with a female karyotype. *J. Heredity* 61: 255-258.
55. Hare, W.C.D. 1980. Cytogenetics. In: Current therapy in Theriogenology. Morrow, D.A. Ed. W.B. Saunders Company (Philadelphia).
56. Harvey, M.J.A. 1968. A male pig with XXY/XXXY set chromosome complement. *J. Reprod. Fert.* 17: 319-324.
57. Harvey, M.J.A. 1971. An autosomal translocation in the charolais breed of cattle. *Vet. Rec.* 89: 110-111.
58. Hsu, T.C., and Benirschke, K. 1969. An Atlas of Mammalian Chromosomes. Vol. 3 Folio 132. Springer-Verlag (New York).
59. Hsu, T.C., and Benirschke, K. 1974. An Atlas of Mammalian Chromosomes. Vol. 8, Folio 388. Springer-Verlag (New York).
60. King, W.A., Linares, T., and Hageltorn, M. 1980. A case of Chimerism 38, XX mrcp (13 q -; 14 q -)/38, XY in pigs. 4th Eur. Colloq. Cytogenet. Domestic. Anim. - pp. 12-128.
61. King, W.A., Linares, T., Gustavsson, I. 1981. Cytogenetics of preimplantation embryos sired by bulls heterozygous for the 1/29 translocation. *Hereditas.* 94:219-224.

62. Lecniskai, F., Gustavsson, I., Hageltorn, M., and Zech, L. 1976. Cytological origin and points of exchange of a reciprocal chromosome translocation (1 p-; 6 - q +) in domestic pig. *Hereditas* 83: 272-275.
63. Levan, A., Fredga, K., and Sandberg, A.A. 1964. Nomenclature for the Centromeric Position on Chromosomes. - *Hereditas* 54: 201-220.
64. Lewin, B. 1974. Gene Expression, Vol. 2 Eucaryotic Chromosomes. John Wiley & Sons.
65. Lin, C.C., Biederman, B.M., Jamro, H.K., Hawthorne, A.B. and Church, R. B. 1980. Porcine (*Sus scrofa domestica*) Chromosome Identification and Suggested Nomenclature. *Can J. Genet. Cytol.* 22: 103-116.
66. Logue, D.N., Breeze, R.G., and Harvey, M:J.A. 1977. Arthrogryposis palatoschisis and a 1/29 translocation in a charolais herd. *Vet. Rec.* 100: 509-510.
67. Lojda, L. 1975. The cytogenetic pattern in pigs with hereditary intersexuality similar to the syndrome of testicular feminization in man. *Documenta Veterinaria* 8 (1): 71-82.
68. Masuda, H.; Okamoto, A., and Waide, Y. 1975. Autosomal abnormality in a pig. *Japanese Journal of Zootechnical Science* 46. (12): 671-676.
69. Mc Fea, A.F., Knight, M., and Banner, M.W. 1966. An intersex pig with XX/XY leucocyte mosaicism. *Canad. J. Genet. Cytol.* 8: 502-505.
70. Mc Fee, A.F., Banner, M.W. and Raru, J.M. 1966a. Variation in Chromosome number among European wild Pigs. *Cytogenetics* 5: 75.

71. Mc Feely, R.A. 1967. Chromosome Abnormalities in early embryos of the Pig. *J. Reprod. Fert.* 13: 579-581.
72. Mc Feely, R.A., Hare, W.C.D. and Biggers, J.D.C. 1967.- Chromosomes studies in 14 cases of intersex in domestic mammals. *Cytogenetics.* 6: 242-253.
73. Mc Kenzie, W.H. and Lubs, H.A. 1973. An Analysis of the Technical Variables in the Production of C Bands. *Chromosoma* 41: 175-182.
74. Melander, Y., and Hansen-Melander. 1980. Chromosome studies in African wild pigs (*Suidae*, Mammalian).- *Hereditas* 92: 283-289.
75. Michelmann, H.V., El-Nahass, E.M., and Paufler, S. 1977. Vergleichende Chromosomennuntersuchung bei Zucht- und Mast schweinen mit hilte der Giemsa-Farbung und der Banderungstechnik. *Zuchtungskunde* 49: 294-300.
76. Miyake, Y., Kawata, K., Ishikawa, T. and Umezu, M. 1977. Translocation Heterozygosity in a Malformed Piglet and its normal Littermates. *Teratology* 16: 163-168.
77. Moorhead, P.S., Nowell, P.C., Mellman, J., Battips, D.M. and Hungerford, D.A. 1960. Chromosome preparations of leucocytes cultured from peripheral blood. *Exp. Cell. Res.* 20: 613-616.
78. Morrow, D.A. 1980. *Curret Therapy in Theriogenology.* - S.B. Saunders Company pp. 1116-1120.
79. Mount, L.E., and Ingram, D.L. 1971. The pig as a Laboratory Animal. Academic Press Inc. (London) p. 4.

80. Muramoto, J., Makino, S., Ishikawa, T., and Kanagawa, H. 1965. On the chromosomes of the wild boar and the boar - pig hybrids. Proc. Jap. Acad. 41: 236-239.
81. Nes, N. 1968. Betydningen av kromosomaberrasjoner hos dyr. Føstst. Fors. Lantbr. 19: 393-410.
82. Ohno, S. 1966. Sex chromosomes and sexlinked genes. - - Springer-Verlag, Berlin. Heidelberg.
83. Orr, R.T. 1974. Biología de los vertebrados. Tercera - Edición. Nueva Editorial Interamericana. Pags. 226, 243-244.
84. Paris Conference. 1971. Standardization in Human Cytogenetics. Birth Defects: Original Article Series. VIII, 7, 1972. The National Foundation, New York.
85. Paris Conference. 1971. Supplement (1975). Standardization in Human Cytogenetics. Birth Defects: Original Article Series, XI, 9, 1975. The National Foundation, New York.
86. Pathak, S. 1979. Cytogenetic Research Techniques in - - Humans and Laboratory Animals That Can Be Applied - - Most Profitably to Livestock. J. Dairy Sci. 62: - - 836-843.
87. Pierre, P. y Grasse. 1982. La vida de los animales. Tomo I. Editorial Planeta (México) Pag. 226.
88. Pierre, P. y Grasse. 1982. La vida de los animales. Tomo 6, Editorial Planeta (México) Pag. 312.
89. Popescu, C.P. and Legault, C. 1974. New method for the - differential staining of sister chromatids. Nature 251: 156-158.

90. Ramírez, P.J., López, W.R., Mudespacher, C. y Lira, I. - 1982. Catálogo de los mamíferos terrestres nativos de México. 1a. Edición. Editorial Trillas. Pag. 91.
91. Rittmannsperger, C. 1971. Chromosomen untersuchungen bei wild und Hausschweinen. Ann. Genet. Sel. Anim. 3:-105.
92. Ronningen, K. 1980. Future prospects of cytogenetics in animal breeding. 4th Eur. Colloq. Cytogenet. Domest. Anim. pp. 1-6.
93. Schnedl, W. 1974. Banding Patterns in Chromosomes. Int. Rev. Cytol. suppl. 4: 237-272.
94. Seabright, M. 1971. A Rapid Banding Technique for Human Chromosomes. Lancet (2): 971-972.
95. Sittman, R., Breeuwsma, J.A. and Brake, J.H.A. 1978. Intersexuality in swine. XIV International Congress - of Genetics, Moscow. pp. 21-30.
96. Smith, G.S., Van-Camp, S.D., and Basrur, P.K. 1977. A - fertile female co-twin to a male calf. Can. Vet. - Jour. Vol. 18, N° 10, pp. 350-358.
97. Somelev, B., Hansen-Melander, E., Melander, Y., and Holm, L. 1970. XX/XY chimerism in leucocytes of two inter sexual pigs. Hereditas 64: 203-210.
98. Stewart, T.A., Mintz, B. 1981. Successive Generations of mice produced from an established culture line of - euploid teratocarcinoma cells. Proc. Natl. Acad. Sci USA 78: 6314-6318.
99. Summer, A.T., Evans, H.J. and Buckland, R.A. 1971. New Technique for Distinguishing between Human Chromoso mes. Nature (London) New Bio. 232: 31-32.

100. Summer, A.T. 1972. A simple technique for demonstrating centromeric heterochromatin. *Exptl. Cell Res.* 75: 304-306.
101. Swanson, C., Merz, T. and Young, W. 1981. *Cytogenetics The chromosome in division, inheritance and evolution.* 2th edition, Prentice Hall, Inc. (London).
102. Sysa, P.S. 1980b. DNA Measurements of Mitotic Chromosomes of the Pig. 4th Eur. Colloq. *Cytogenet. Domest. Anim.* pp. 344-346.
103. Tikhonov, V.N., and Troshina, I.A. 1974. The identification of chromosome rearrangement of the wild and domestic pigs by the Giemsa banding method. I Congreso Mundial de Genética Aplicada a la Producción-Ganadera. Ed. Garsi (Madrid). III: 193-196.
104. Tikhonov, V.N., and Troshina, I.A. 1980. Marker chromosomal translocation Tr. 1 (16/17) and Tr. 2 (15/16) in development of commercial Landrace X Wild boar hybrids and Siberian mini-pigs. 4th Eur. Colloq. *Cytogenet. Domest. Anim.* pp. 242-248.
105. Toyama, Y. 1974. Sex chromosome mosaicism in five swine intersexes. *Japanese Journal of Zootechnical Science* 45 (10): 551-557.
106. Triebler, G., Engelman, V., Kempe, W., and Kirchoff, H. 1974. The importance of inherited defects in Pigs from the breeding and economic stand point. *Wissenschaftliche Zeitschrift der Humboldt Universität zu Berlin. Mathematisch-Naturwissenschaftliche Reihe* 23 (4): 399-407.
107. Varely, J.M. 1977. Patterns of Silver Staining of Human Chromosomes. *Chromosoma* 61: 207-214.

108. Ved Brat, S.; Verma, R.S. and Dosik, H. 1980. NSG Banding of Sequentially QFQ and RFA Banded Human Acrocentric Chromosomes. *Stain Technology* Vol. 55, N° 2. pp. 77-80.
109. Ved Brat, S., Verma, R.S. and Dosik, H. 1980. A simplified Technique for Simultaneous Staining of Nucleolar Organizer Regions and Kinetochores. *Stain Technology* 55: 107-108.
110. Vogt, D.W. 1968. Sex chromosome mosaicism in a swine in tersex. *J. Heredity* 59: 166-167.
111. Vogt, D.W., Arkak, D.T. and Brooks, V. 1972. Aneuploidy and reduced litter size in swine. *J. Anim. Sci.* 35-(1): 84.
112. Wallace, C., and Fairall, N. 1976. The chromosomes of the warthog. *S. Afr. J. Med. Sci.* 32: 51-54.
113. Wetzel, R.M., Dubos, R.E., Martin, R.L. and Myers, P. - 1975. *Catagonus*, an "Extinct" Peccary, Alive in Paraguay. *Science* Vol. 189, N° 4200: 379-381.
114. Wilson, A.C., Bush, G.L, Case, S.M. and King, M.C. 1975. Social structuring of mammalian populations and rate of chromosomal evolution. *Proc. Nat. Acad. Sci.* 72: 5061-5065.
115. Winter, H., and Pfeffer, A. 1977. Pathogenic classification of intersex. *Vet. Rec.* 100: 307-310.
116. Zankl, H., and Bernhardt, S. 1977. Combined Silver - - Staining of the Nucleolus Organizing Regions and - - Giemsa Banding in Human Chromosomes. *Hum. Genet.* 37: 79-80.