

Caracterización Citogenética por Bandas R-Replicativas de la Guagua de Cola (*Dinomys branickii*)

Cytogenetic Characterization with R-Replicative Bands of Tail Guagua (*Dinomys branickii*)

Lisbeth Katherine Ureña Vargas¹ y Juan Bautista López Ortiz²

Resumen. La *Dinomys branickii* llamada guagua de cola ó "Pacarana", es el segundo roedor más grande del mundo. Debido a factores antrópicos este roedor se encuentra en peligro de extinción. De acuerdo a su pelaje y tamaño se ha propuesto la existencia de tres subespecies: *D. pacarana* en Brasil, *D. gigas* en Colombia y *D. branickii occidentalis* en Ecuador y Colombia. A pesar de que se han hecho valoraciones morfológicas no existen estudios citogenéticos detallados que permitan determinar si las tres subespecies tienen el mismo cariotipo. El presente trabajo tuvo como objetivo determinar el cariotipo de la especie *Dinomys branickii* usando bandedo cromosómico R-replicativo mediante la incorporación de 5-Bromo 2'-deoxi-Uridina (BrdU). Los resultados citogenéticos mostraron un número cromosómico $2n=64$ y un número fundamental $NF=98$. El hallazgo del cariotipo se presentó en tres grupos: el A con 1 par metacéntrico y 11 pares de cromosomas submetacéntricos, el B con 5 pares metacéntricos, el C con 14 pares subtelocéntricos y el par sexual XY, donde el X es submetacéntrico y el Y subtelocéntrico. El idiograma se construyó tomando metafases localizadas en estadio III de replicación. El bandedo R-replicativo reveló el carácter inactivo del cromosoma X suplementario como se observa en otras hembras de mamíferos; de otra parte, el cromosoma Y resultó ser el más pequeño del genoma y de replicación tardía. Con este resultado se estudia por primera vez el cariotipo y el idiograma de esta especie y servirá de base para compararlo con futuros estudios de las otras subespecies estudiadas.

Palabras claves: Cariotipo, bandedo R-replicativo, roedor, cromosomas, idiograma.

Abstract. *Dinomys branickii* is also called tail guagua or "Pacarana", is the second biggest living rodent of the world. Due to man factors this rodent is actually endangered. According to hair colour and height have been proposed the existence of three subspecies: *Dinomys pacarana* in Brasil, *Dinomys gigas* in Colombia and *Dinomys branickii occidentalis* in Ecuador and Colombia. Eventhough morphological rating there have been made, no other cytogenetic reports exist to let know whether the three subspecies have same karyotype. The goal of this work was to make the karyotype of *Dinomys branickii* using R-replicative bands through the incorporation of 5-bromo-2'-deoxyuridine (BrdU). The cytogenetic study showed a chromosome number $2n=64$ and a fundamental number $FN=98$. The result of the karyotype was organized in three groups as: A group with 1 chromosome metacentric pair and 11 chromosome submetacentric pairs, B group with 5 metacentric pairs, C group with 14 chromosome subtelocentric pairs, and sexual chromosome pair XY, where X chromosome is submetacentric and Y subtelocentric. The ideogram was made with metaphase chromosomes on third stage of replication. The R-replicative banding revealed: the inactive behavior of the X chromosome like other mammalian females, and the smallest size in whole genome and late replication of the Y chromosome. This cytogenetic evidence showed the karyotype and ideogram of this specie for first time, which supports future cytogenetic knowledge of other subspecies related.

Key words: Karyotype, R-replicative bands, rodent, chromosomes, ideogram.

La especie *Dinomys branickii* ó llamada comúnmente guagua de cola, pacarana, guagua loba, entre otras, es catalogada como el segundo roedor más grande del mundo caracterizada por su pelaje oscuro con líneas blancas discontinuas, habita las tres cordilleras andinas de América del sur en ambientes de montaña en bosques densos y lluviosos (Animal Information on Endangered Mammals Organization, 2005; Nguyen, 2001), subandinos y andinos sobre las laderas y el piedemonte desde los 240 hasta los 3.400 msnm (Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt, 2007; Nowak, 1999; Tirira, 2006). Esta especie juega un papel fundamental como eslabón en la cadena trófica y ha servido de fuente de proteína para comunidades

marginales. Su existencia se encuentra en peligro según la lista roja de especies amenazadas de la UICN (CITES, 2005; IUCN, 2010; Wilson y Reeder, 2005). Su estado de especie amenazada se ha debido principalmente a factores antrópicos, dentro de los que se pueden destacar su cacería excesiva y la destrucción de sus hábitats por la ampliación de las fronteras agrícolas (Osbaahr, 1998; Osbaahr, 2004). Según la coloración de su pelaje y tamaño se ha propuesto la existencia de tres subespecies: *Dinomys pacarana*, ubicada en la región del río Purus (Amazonas) en el Brasil la cual difiere de la especie *Dinomys branickii* en que es de color castaño en vez de negro, *Dinomys gigas* procedente de la región huilense en Colombia que se considera con el doble

¹ Ingeniera Biológica. Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín. Facultad de Ciencias. A.A. 3840, Medellín, Colombia. <lkurena@unal.edu.co>

² Profesor Asociado. Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín. Facultad de Ciencias. A.A. 3840, Medellín, Colombia. <jblopez@unal.edu.co>

Recibido: Noviembre 4 de 2009; Aceptado: Mayo 4 de 2010

Rev.Fac.Nal.Agr.Medellín 63(1): 5355-5362. 2010

del tamaño de las especies *branickii* y *occidentalis*, *Dinomys branickii occidentalis* la cual se diferencia de la especie *branickii* por tener una cola más corta, que corresponde aproximadamente al 27,5% del largo total al contrario del 37,6% en la especie *branickii* y es procedente del Ecuador (Osahr, 1998). Ésta especie también ha sido encontrada en regiones del Perú, Bolivia y en Venezuela (Azurduy y Langer, 2006; Huckaby, 1995). Dado el estado de riesgo de extinción de esta especie es importante adelantar estudios de biología básica con el fin de proponer programas coherentes de conservación (CITES, 2005; Osahr, 2004). Dentro de los aspectos a estudiar se encuentra la evaluación citogenética con lo cual se puede tener un mayor conocimiento de la especie y compararlo con futuros estudios citogenéticos de las otras subespecies estudiadas.

Para realizar la caracterización citogenética se utiliza el cariotipo, el cual representa el ordenamiento de los cromosomas de una metafase de acuerdo a su tamaño y morfología (Builes y Loaiza, 2004). A la representación diagramática del grupo de cromosomas del cariotipo se le denomina idiograma.

La citogenética clásica ha incluido los diferentes tipos de bandeo entre los que se encuentran las bandas R-replicativas utilizadas para la obtención de cromosomas con bandas producidas por la incorporación de la base análoga 5-Bromo 2'-deoxi-Uridina (BrdU) durante la última parte de la fase S (Drets, 2002). Esta técnica permite adicionalmente aparear cromosomas homólogos de acuerdo al patrón de bandas replicativas obtenidas (López y Márquez, 2002; López *et al.*, 1997; Ramírez, 2000).

La caracterización citogenética es una herramienta que permite la evaluación cariológica de una especie; además, facilita la realización de filogenia entre especies taxonómicamente relacionadas a través del número fundamental (Builes y Loaiza, 2004; Alzate *et al.*, 2006). El objetivo de este trabajo fue realizar la caracterización citogenética de la especie de guagua de cola *Dynomys branickii* usando metafases encontradas en estadios III, las cuales corresponden a las bandas R-replicativas mencionadas por Camargo y Cervenka (1980). Adicionalmente, se elaboró un idiograma de este cariotipo (Alzate *et al.*, 2006; Builes y Loaiza, 2004).

MATERIALES Y MÉTODOS

Se evaluaron mitosis provenientes de animales (4 hembras y 4 machos) ejemplares de la especie considerada *Dinomys branickii* pertenecientes al grupo de especies de animales promisorios de la Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín (GEAP); de animales procedentes de diferentes poblaciones: 2 ejemplares del Zoológico Santafé nacidos en el municipio de Belmira, 2 ejemplares de San Félix y 2 ejemplares de Urao, todas éstas localizadas en el departamento de Antioquía.

Para la obtención de los extendidos cromosómicos se utilizaron cultivos celulares de linfocitos de sangre periférica estimulados con fitohemaglutinina (PHA) en medio RPMI 1640, suplementado con 10% de suero fetal bovino (SFB), 100 µg/ml de estreptomycin y 100 UI de penicilina. El procesamiento de las muestras se realizó mediante los métodos de citogenética clásica modificado en el laboratorio de Biotecnología Animal (López *et al.*, 1997). Para la obtención de bandas R-replicativas, los cultivos fueron previamente tratados con un pulso terminal de 7 horas de BrdU en una concentración de 2 µg/ml (López y Márquez, 2002).

Para determinar el cariotipo se realizó un conteo del número cromosómico en 50 mitosis por cada organismo estudiado (López y Márquez, 2002; Mitelman, 1995). La construcción del idiograma se realizó en las metafases en estadio III correspondiente a las bandas R-replicativas reportadas por Camargo y Cervenka (1980).

El ordenamiento y clasificación de los cromosomas según el tamaño y localización del centrómero se realizó de acuerdo a los cálculos de: Longitud del genoma (Lg), la Longitud relativa (Lr), Índice centromérico (Ic) e Índice braquial (Ib), los cuales permitieron identificar los brazos largo (q) y corto (p) de cada cromosoma y además clasificarlos como metacéntrico, submetacéntrico, acrocéntrico y subtlocéntrico según los parámetros contenidos en la Tabla 1. El número fundamental (NF) fue calculado teniendo en cuenta el número de brazos contenidos en el genoma sin contar el cromosoma Y. Los cálculos fueron hechos de la siguiente manera:

$$\text{Longitud del genoma (Lg)}. L_g = \sum L_c / 2$$

En caso de ser XY, la ecuación anterior se modifica sumando dos veces la longitud del cromosoma X y se desconoce la del cromosoma Y.

Longitud relativa (Lr). $L_r = \frac{L_c}{L_g} * 100$

Donde,
Lc= longitud del cromosoma.
Lg=Longitud del genoma.

Índice centromérico (Ic). $I_c = \frac{L_p}{L_t} * 100$

Donde,

L_p = Longitud del brazo p

L_t = Longitud total del cromosoma.

Índice braquial (Ib). Relación entre la longitud de los dos brazos p y q:

$$I_b = \frac{L_p}{L_q}$$

Donde,

L_p = Longitud del brazo p

L_q = Longitud del brazo q

Tabla 1: Clasificación de cromosomas de acuerdo a la ubicación del centrómero utilizada para la caracterización citogenética de la guagua de cola *Dynomis branickii*.

Índice centromérico	Índice braquial	Clasificación
46-50	1-1,7	Metacéntrico
26-46	1,7- 3	Submetacéntrico
15-25	3-7	Acrocéntrico
<15	>7	Subtelocéntrico

La clasificación según el índice braquial e índice centromérico, se determinó según la Tabla 1.

RESULTADOS

La evaluación de metafases reveló un número diploide $2n=64$ cromosomas, y un número fundamental $NF=98$ (Figuras 1 y 2). La medición de cada cromosoma

permitió determinar que el genoma de la especie *D. branickii* está constituido por seis cromosomas metacéntricos (M), once submetacéntricos (SM), y catorce subtelocéntricos (ST), para el grupo de los autosomas, mientras que para los sexuales el X es de tamaño mediano y submetacéntrico (SM) y el Y el más pequeño del genoma, de replicación tardía y subtelocéntrico (S) (Figura1).

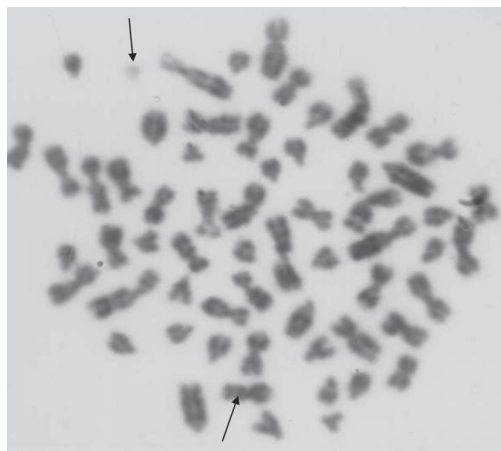


Figura 1. Metafase en estadio III replicativo correspondiente a las bandas R-replicativas en el genoma de la guagua de cola *Dynomis branickii*. Las flechas indican los cromosomas sexuales en la mitosis.

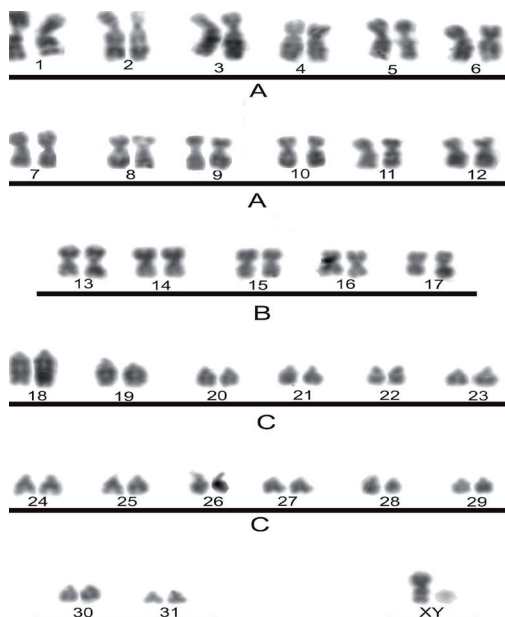


Figura 2. Cariotipo de la guagua de cola *Dynamis branickii* con bandas R- replicativas en el que se muestran los 31 pares homólogos de cromosomas autosómicos y los pares sexuales XY en grupos.

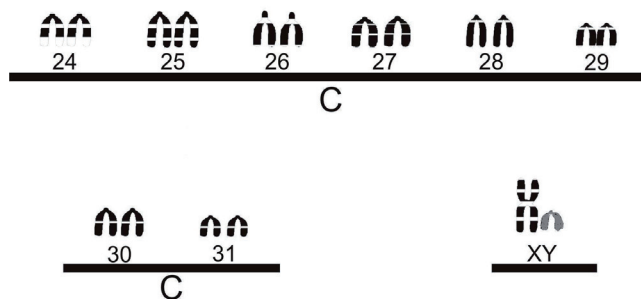


Figura 3. Idiograma de la guagua de cola *Dynamis branickii* con bandas R-replicativas; diseñado en el programa Corell Draw X3 (licencia: S#DR13CUX-9908907-NRM).

El cariotipo de la Figura 1 es $2n=64, XY$, muestra una especie diploide con 64 cromosomas, de los cuales 62 son autosómicos y el par sexual XY pertenecientes a un macho de esta especie. Los cromosomas fueron organizados en tres grupos de acuerdo a la posición del centrómero (Tabla 2) y tamaño como sigue:

Grupo A. Formado por el cromosoma 1 metacéntrico y 11 pares submetacéntricos.

Grupo B. Conformado por 5 pares de cromosomas metacéntricos.

Grupo C. Conformado por 14 pares de cromosomas subtelocéntricos.

Par sexual. Conformado por el X submetacéntrico y el Y subtelocéntrico.

En todos los individuos se detectó un cromosoma marcador, el cual aparece en la posición 8 y se caracteriza por tener una constricción en la región pericentromérica del brazo p (Wanner y Formanek, 2000). En las Figuras 1 y 3 se muestra la metafase y el idiograma respectivamente de mitosis en estadios III de replicación, el idiograma fué diseñado en el programa Corell Draw X3 (licencia: S#DR13CUX-9908907-NRM).

Tabla 2. Mediciones para los cromosomas con bandas R-replicativas de la guagua de cola *Dynomis branickii*. Donde: NC= Número del Cromosoma, LC= Longitud del Cromosoma, Lr= Longitud relativa, Ic= Índice centromérico, Ib= Índice braquial, Lg= Longitud del genoma.

NC	LC	Lr	Brazo P	Brazo Q	Ic	Ib	Clasificación (Ic)	Clasificación (Ib)
1	6,20	3,40	1,7	1,7	50,00	1,00	Metacéntrico	Metacéntrico
1'	6,56	3,60	1,7	1,9	47,22	1,12	Metacéntrico	Metacéntrico
2	6,20	3,40	1,2	2,2	35,29	1,83	Submetacéntrico	Submetacéntrico
2'	6,01	3,30	1,1	2,2	33,33	2,00	Submetacéntrico	Submetacéntrico
3	5,38	2,95	1	1,95	33,90	1,95	Submetacéntrico	Submetacéntrico
3'	5,65	3,10	1,1	2	35,48	1,82	Submetacéntrico	Submetacéntrico
4	4,85	2,66	0,94	1,72	35,34	1,83	Submetacéntrico	Submetacéntrico
4'	4,78	2,62	0,92	1,7	35,11	1,85	Submetacéntrico	Submetacéntrico
5	4,70	2,58	0,98	1,6	37,98	1,63	Submetacéntrico	Submetacéntrico
5'	4,68	2,57	0,97	1,6	37,74	1,65	Submetacéntrico	Submetacéntrico
6	4,30	2,36	0,86	1,5	36,44	1,74	Submetacéntrico	Submetacéntrico
6'	4,32	2,37	0,87	1,5	36,71	1,72	Submetacéntrico	Submetacéntrico
7	4,19	2,30	1	1,3	43,48	1,30	Submetacéntrico	Submetacéntrico
7'	4,37	2,40	1	1,4	41,67	1,40	Submetacéntrico	Submetacéntrico
8	3,61	1,98	0,68	1,3	34,34	1,91	Submetacéntrico	Submetacéntrico
8'	3,65	2,00	0,7	1,3	35,00	1,86	Submetacéntrico	Submetacéntrico
9	3,46	1,90	0,6	1,3	31,58	2,17	Submetacéntrico	Submetacéntrico
9'	3,34	1,83	0,58	1,25	31,69	2,16	Submetacéntrico	Submetacéntrico
10	3,37	1,85	0,65	1,2	35,14	1,85	Submetacéntrico	Submetacéntrico
10'	3,39	1,86	0,66	1,2	35,48	1,82	Submetacéntrico	Submetacéntrico
11	3,10	1,70	0,6	1,1	35,29	1,83	Submetacéntrico	Submetacéntrico
11'	3,06	1,68	0,58	1,1	34,52	1,90	Submetacéntrico	Submetacéntrico
12	2,75	1,51	0,51	1	33,77	1,96	Submetacéntrico	Submetacéntrico
12'	2,77	1,52	0,52	1	34,21	1,92	Submetacéntrico	Submetacéntrico
13	3,39	1,86	0,92	0,94	49,46	1,02	Metacéntrico	Metacéntrico
13'	3,37	1,85	0,93	0,92	50,27	0,99	Metacéntrico	Metacéntrico
14	3,35	1,84	0,9	0,94	48,91	1,04	Metacéntrico	Metacéntrico
14'	3,34	1,83	0,9	0,93	49,18	1,03	Metacéntrico	Metacéntrico
15	3,32	1,82	0,82	1	45,05	1,22	Metacéntrico	Metacéntrico
15'	3,30	1,81	0,81	1	44,75	1,23	Metacéntrico	Metacéntrico
16	2,97	1,63	0,8	0,83	49,08	1,04	Metacéntrico	Metacéntrico
16'	2,99	1,64	0,8	0,84	48,78	1,05	Metacéntrico	Metacéntrico
17	2,92	1,60	0,8	0,8	50,00	1,00	Metacéntrico	Metacéntrico
17'	3,01	1,65	0,85	0,8	51,52	1,02	Metacéntrico	Metacéntrico
18	3,72	2,04	0,04	2,00	1,91	51,28	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
18'	4,08	2,24	0,04	2,20	1,79	55,00	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
19	3,00	1,65	0,05	1,60	2,74	35,56	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
19'	2,80	1,54	0,04	1,50	2,28	42,86	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
20	2,65	1,45	0,04	1,41	2,89	33,57	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
20'	2,63	1,44	0,04	1,40	3,05	31,82	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
21	1,90	1,04	0,04	1,00	4,21	22,73	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
21'	1,72	0,94	0,04	0,90	4,56	20,93	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
22	1,80	0,99	0,05	0,94	4,57	20,89	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
22'	1,70	0,93	0,04	0,89	4,71	20,23	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
23	1,64	0,90	0,04	0,86	4,34	22,05	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
23'	1,66	0,91	0,04	0,87	4,40	21,75	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
24	1,72	0,94	0,04	0,90	4,66	20,45	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
24'	1,72	0,95	0,05	0,90	4,76	20,00	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
25	1,70	0,93	0,03	0,90	3,23	30,00	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
25'	1,71	0,94	0,04	0,90	4,26	22,50	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
26	1,72	0,95	0,05	0,90	4,76	20,00	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
26'	1,91	1,05	0,05	1,00	4,40	21,74	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
27	1,68	0,92	0,02	0,90	2,17	45,00	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
27'	1,68	0,92	0,02	0,90	2,17	45,00	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
28	2,04	1,12	0,02	1,10	1,79	55,00	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
28'	1,68	0,92	0,02	0,90	2,17	45,00	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
29	1,49	0,82	0,02	0,80	2,44	40,00	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
29'	1,68	0,92	0,02	0,90	2,17	45,00	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
30	1,70	0,93	0,03	0,90	3,23	30,00	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
30'	1,70	0,93	0,03	0,90	3,23	30,00	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
31	1,15	0,63	0,03	0,60	4,76	20,00	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
31'	1,15	0,63	0,03	0,60	4,76	20,00	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
x	3,83	2,10	0,90	1,20	42,86	1,33	Submetacéntrico	Submetacéntrico
y	0,93	0,51	0,01	0,50	1,96	50,00	Subtelocéntrico	Subtelocéntrico
Lg	54,87							

En la Tabla 2 se muestran los cálculos de: Longitud del genoma (Lg), Longitud relativa (Lr), Índice centromérico (Ic) e Índice braquial (Ib) y además la clasificación de cada cromosoma según los parámetros de la Tabla 1 para Ic e Ib (López y Márquez, 2002; Belmond, 2002;).

DISCUSIÓN

Al observar el cariotipo de la especie considerada *Dynomys branickii* con bandas R-replicativas se determina que la mayoría de los cromosomas presentan regiones equivalentes de bandas claras y oscuras a lo largo de la estructura del cromosoma, lo cual se ha observado también en otras especies de guaguas y roedores (Figuras 2 y 3) (Castiglia *et al.*, 2003; López *et al.*, 1997; Ramírez, 2000). Éste hecho permite inferir que el genoma de este organismo está formado por regiones eucromáticas y heterocromáticas (Camargo y Cervenka, 1980). Los cromosomas numerados como: 1, 7, 8, 9, 18, 19, 23, 26, 28 y 31 presentan polimorfismos, en la mayoría centroméricos que pueden servir para caracterizar diferentes poblaciones (Ford, 1975).

El cromosoma 8 es un cromosoma marcador lo cual significa que es distintivo de esta especie exhibiendo una constricción en la región pericentromérica del brazo p (Figura 1) (Wanner y Formanek, 2000; Azurduy y Langer, 2006; Vagnarelli *et al.*, 2008). El cromosoma Y por su parte, constituye el porcentaje más pequeño del genoma y se replica tardíamente, lo cual es evidenciado en su carácter pálido obtenido por la técnica de bandas R-replicativas. Esta metodología ha mostrado su utilidad en la caracterización citogenética de varias especies de mamíferos permitiendo no sólo detectar su homología sino también proporcionando datos respecto a la funcionalidad del genoma, donde las bandas oscuras corresponden a eucromatina y las bandas claras a heterocromatina, además permite detectar heterocromatina facultativa como es el caso de X inactivo (Alzate *et al.*, 2006; Lyon, 1962). De esta manera en el cariotipo de hembras donde existen dos cromosomas X, uno de ellos exhibe un carácter pálido lo que permite determinar su duplicación en la parte final de la fase S, este hecho coincide con el fenómeno de inactivación del cromosoma adicional de toda hembra de mamífero, que se lleva a cabo con el fin de cumplir con la ley de la compensación de dosis propuesta por Lyon (1962). Basados en mediciones como Longitud del genoma (Lg), Longitud relativa (Lr), Índice centromérico (Ic) e Índice braquial (Ib),

más la obtención de un patrón de bandas se logró identificar los cromosomas homólogos y por ende organizar el cariotipo e idiograma basados en el tamaño y en su clasificación según los parámetros contenido en la Tabla 1 en tres grupos A, B y C (Figura 2) (Mitelman, 1995).

En la literatura aparece un estudio donde se informa literalmente el cariotipo sin bandas de una especie de *Dynomys branickii* $2n=58$ (O'Brien *et al.*, 2006). Los resultados obtenidos de $2n=64$ en este trabajo estarían en desacuerdo con dicho hallazgo.

Mediante estos resultados se menciona por primera vez en la literatura el cariotipo de la guagua de cola $2n=64$ y $NF=98$. Éste servirá de base para futuros estudios comparativos de sus otras subespecies estudiadas. De otra parte el cromosoma marcador detectado puede ser fundamental en futuros trabajos para construir filogenia cromosómica de otras especies relacionadas (Alzate *et al.*, 2006; Rowlands y Weir, 1974).

CONCLUSIONES

A través de la técnica de bandeo R-replicativo se pudo obtener el primer reporte citogenético de la guagua de cola.

El cariotipo estudiado de la guagua de cola es $2n=64$ y $NF=98$, lo cual servirá como base para futuros estudios de evaluación citogenética en esta especie.

Se evidencia la importancia de la técnica de bandeo R-replicativo, tanto para determinar el carácter funcional del genoma como para la determinación de los cromosomas sexuales.

En próximos trabajos donde se pretenda realizar una caracterización citogenética se recomienda usar no sólo las bandas R-replicativas sino otros tipos de bandeo como son las bandas G, las bandas C, las bandas RON, las bandas C-G, entre otras.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen la colaboración al Grupo de Especies de Animales Promisorios de la Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín (GEAP).

BIBLIOGRAFÍA

Alzate M. M, López Ortíz J.B y Márquez M. E. 2006. Evaluación cariotípica de un grupo de búfalos en Fredonia, Antioquia (Colombia). Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias 19(3): 291-296.

Animal Information on Endangered Mammals Organization. 2005. In: Branick's Rat, <http://www.animalinfo.org/species/rodent/dinobran.htm>. 1 p.; consulta: mayo 2009.

Azurduy, F.H. y F.A. Langer. 2006 . El registro mas austral de *Dinomys branickii* (Dinomyidae, Rodentia) en el neotrópico. Kempffiana 2(1): 140-143

Belmond, A.S. 2002. Mitotic chromosome scaffold structure: new approaches to an old controversy. Proceedings of the National Academy of Sciences 99(25): 15855 -15857.

Builes, D.F., I.D. Loaiza y J.B. López. 2004. Evidencia de estructuración cromosómica asociada con la distribución geográfica de pecarí de collar (*Tayassu tajacu*) de Centro y Suramérica. pp.152-157. En: Memorias VI Congreso Internacional sobre Manejo de Fauna Silvestre en Amazonía y Latinoamérica. Iquitos-Perú

Camargo, M. and J. Cervenka. 1980. Pattern of chromosomal replication in synchronized lymphocytes: I. Evaluation and Application of Methotrexate Block. Human Genetics 54(1): 47-53.

Castiglia, R., M. Corti, P. Tesha, A. Scanzani, C. Fadda, E. Capanna and W. Verheyen. 2003. Cytogenetics of the genus *Arvicanthis* (Rodentia, Muridae). 3. Comparative cytogenetics of *A. neumanni* and *A. nairobae* from Tanzania. Genetica 118(1): 33-39.

CITES-Convention on international trade in endangered species of wild fauna and flora. 2005. Appendices I, II, III. In: <http://www.cites.org/> 1 p.; consulta: junio 2009.

Wilson, D.E. and D.M. Reeder. 2005. Mammal species of the world: A taxonomic and geographic reference. Third edition. Johns Hopkins University Press. 142 p.

Drets, E. 2002. Una saga citogenética: El descubrimiento de los métodos de bandedo cromosómico. Significado y proyección biomédica. Revista Medica Uruguay 18(2): 107-121.

Ford, E.B. 1975. Ecological genetics. Fourth edition.

Chapman & Hall, London. 410 p.

Rowlands, I.W. and B.J. Weir. 1974. The biology of hystricomorph rodents: hystricomorph chromosomes. pp. 79-108. In: The Proceedings of a Symposium of the Zoological Society of London. 182 p.

Huckaby, D.G. 1995. *Dinomys branickii* - Pacarana - Venezuela, Columbia, Ecuador, Peru, Brazil and Bolivia. San Diego Zoo, CA. In: Mammal Image Library Catalog, http://www.mammalogy.org/mil_images/MSLRodentia.htm, 1 p.; consulta: mayo 2010.

Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt. 2007. *Dinomys branickii* Peters, 1873. En: Equipo Coordinador del Sistema de Información sobre Biodiversidad y Proyecto Atlas de la Biodiversidad de Colombia-Programa de Inventarios de la Biodiversidad, <http://www.siac.net.co/sib/catalogoespecies/especie.do?jsessionId=1B4E71D7CB11F87DF65D8C68DD26EA74?idBuscar=664&method=displayAAT>. 1 p.; consulta: julio 2009.

IUCN. 2010. IUCN Red List of Threatened Species . Version 2010.1. En: *Dinomys branickii*, <http://www.iucnredlist.org/apps/redlist/search>. 1p.; consulta: Mayo 2010.

López, J.B. y M.E. Márquez. 2002. Capítulos 3 y 4: Procedimientos citogenéticos utilizados para estudios cromosómicos y elaboración de un cariotipo. pp. 47-106. Modelo experimental para el estudio cromosómico. Primera edición. Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín, Facultad de Ciencias. Medellín, Colombia .127 Págs.

López, J.B, M.E. Márquez y D. Hoyos. 1997. Cariotipo citogenético de la guagua (*Agouti paca*). Revista Facultad Nacional de Agronomía Medellín 50(2): 5-18.

Lyon, M.F. 1962. Sex chromatin and gene action in the mammalian X-chromosome. American Journal of Human Genetic 14(2): 135-140.

Mitelman, F. 1995. ISCN 1995: An international system for human cytogenetic nomenclature. Karger Publishers, Farmington. 114 p.

Nguyen, K. 2001. *Dinomys branickii*. En: Animal Diversity Web, [http:// animaldiversity.ummz.umich.edu/site/accounts/information/Dinomys_](http://animaldiversity.ummz.umich.edu/site/accounts/information/Dinomys_)

branickii.html. 1 p.; consulta: mayo 2009.

Nowak, R.M. 1999. Walker's mammals of the world. First edition. Johns Hopkins University Press, Baltimore. 836 p.

O'Brien, S.J., J.C. Menninger and W. Nash. 2006. *Dinomys branickii* (Pacarana). pp. 323. In: O'Brien, S.J., J.C. Menninger and W. Nash (eds.). Atlas of mammalian chromosomes. John Wiley and Sons, Maryland. 714 p.

Osahr, K.1998. El pacarana (*Dinomys branickii*). Ficha técnica, Programa Biofauna Convenio Andrés Bello. En: Sistema de bases de datos, http://www.convenioandresbello.org/cab3/sibd4/index.php?option=com_content&task=view&id=48&Itemid=58. 120 p.; consulta: mayo 2009.

Osahr, K. 2004. Proposal: Pakarana (*Dinomys*

branickii) conservation project. In: Fauna Research Group, UDCA, Bogotá, <http://www.udca.edu.co/aplicaciones/veterinaria/PROPOSAL.pdf>.3p.; consulta: mayo 2009.

Ramírez, L.A. 2000. Caracterización citogenética en linfocitos de sangre periférica de *Agouti taczanowskii*. Trabajo de grado de Zootecnia. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad Nacional de Colombia. Medellín. 67 h.

Tirira, D. 2006. Mamíferos del Ecuador. Ediciones Murciélagos Blanco, Quito. 392 p.

Vagnarelli, P., S.A. Ribeiro and W.C. Earnshaw. 2008. Centromeres: old tales and new tools. FEBS Letters 582 (14): 1950-1959.

Wanner, G. and H. Formanek. 2000. A new chromosome model. Journal of Structural Biology 132(2): 147-161.