

## SITUACIÓN TAXONÓMICA DE TRES INDIVIDUOS DEL GÉNERO *Orthogeomys* EN JUÁREZ, CHIAPAS

ANGELES IRENE ESPINOSA-ECHEVERRÍA<sup>1</sup>, EDUARDO ESPINOZA  
MEDINILLA<sup>2</sup>, EDUARDO PONCE GUEVARA<sup>1</sup>, JESÚS SÁNCHEZ  
ROBLES<sup>3</sup> Y GERARDO CEBALLOS<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México, Apdo. Postal 70-275; México D.F., C.P. 04510.

<sup>2</sup> Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas. Facultad de Ingeniería. Libramiento Norte Poniente 1150, Colonia Lajas Maciel. Tuxtla Gutiérrez, Chiapas, México. C.P. 29014.

<sup>3</sup> Departamento El Hombre y su Ambiente, División de Ciencias Biológicas y de la Salud, UAM-Xochimilco, Calz del Hueso No. 1100, Coyoacán, México D.F., C.P. 04960.

Autor de correspondencia: Gerardo Ceballos:  
gceballo@ecologia.unam.mx

### RESUMEN

Las tuzas del género *Orthogeomys* se distribuyen desde el sur de México al noroeste de Colombia. A lo largo de su distribución, algunas especies del género muestran marcas distintivas en el pelaje, como *O. cherriei* con un punto blanco en la cabeza, y *O. underwoodi* con un cinturón en la región lumbar; mientras que el resto de las especies tienen una coloración de pelaje uniforme. Sin embargo, existen evidencias de que en algunas poblaciones de *O. hispidus* se encuentran individuos con una banda lumbar parecida a la de *O. underwoodi*. A pesar de esto, no existen estudios que profundicen sobre la existencia de dichas marcas. Con el fin de abordar esta relevante cuestión, en este estudio se realizó una evaluación morfológica y molecular de tres ejemplares del género *Orthogeomys* colectados en Juárez, Chiapas; con énfasis en un individuo que presentaba la banda en la región lumbar. En el municipio de Juárez, Chiapas, solamente está registrada *O. hispidus*, por lo que la presencia de un individuo con la marca lumbar, característica de *O. underwoodi*, abre la posibilidad de que

ésta especie se encuentre en el estado de Chiapas o que dicho ejemplar pertenezca a una especie aun no registrada. Por lo tanto, el objetivo del presente estudio fue conocer la situación taxonómica de tres ejemplares del género *Orthogeomys* capturados en Juárez, Chiapas. Se determinó que el individuo con la banda lumbar, y los otros dos especímenes colectados, pertenecen a *O. hispidus*. Las distancias genéticas de los individuos colectados en Chiapas con *O. hispidus* son típicas de una variación poblacional intraespecífica (2.3% y 2.1%). Mientras que el análisis discriminante con variables morfométricas craneales, ubica al individuo con la banda lumbar en *O. hispidus*. La presencia de la banda lumbar puede ser resultado de una alteración en los genes que controlan la síntesis de melanina, como el leucismo y el piebaldismo; dicha alteración se fijó en *O. underwoodi* y se pierde o reaparece ocasionalmente en otras especies de *Orthogeomys*.

**Palabras clave:** Chiapas, Estación Juárez, Leucismo, *Orthogeomys*, Piebaldismo, Taxonomía.

## ABSTRACT

The *Orthogeomys* pocket gopher genus is distributed from southern Mexico to northwestern Colombia. Along their distribution, some species show distinctive marks on their fur, like *O. cherriei* with a headspot, and *O. underwoodi* with a belt in the lumbar region; while the rest of the species have a uniform coloration. However, there is evidence that in some *O. hispidus* populations, individuals with lumbar belt are present. Despite this, there are no researches to deepen about the existence of such marks. In order to address this relevant issue, we conducted a morphologic and molecular evaluation of three specimens of the genus *Orthogeomys* collected in the municipality of Juárez, Chiapas; with a special focus in the one that presented the belt in the lumbar region. Only *O. hispidus* has been reported within Juárez, Chiapas; so the individual presenting the lumbar marking, characteristic of *O. underwoodi*, opens the possibility that this specie is present in Chiapas, or that such specimen belongs to an unregistered species. Hence, the objective of this study was to know the taxonomic status of three specimens of the genus *Orthogeomys* captured in Juárez, Chiapas. We determined that the specimen with the lumbar belt, and the two other belong to *O. hispidus*. The genetic distances of individuals collected in Chiapas with *O. hispidus* are typical of in–terspecific population variation (2.3% and 2.1%). While, the discriminant analysis with the cranial morphometric variables places the collected specimen with the lumbar belt as *O. hispidus*. The lumbar belt presence may be the result of an alteration in the melanin synthesis genes, as leucism and piebaldism, this alteration was fixed in *O. underwoodi* and is lost or occasionally reappears in other species of *Orthogeomys*.

**Key words:** Chiapas, Estación Juárez, Leucism, *Orthogeomys*, Piebaldism, Taxonomy.

## INTRODUCCIÓN

La familia Geomyidae, comúnmente conocida como tuzas o taltuzas, son roedores que se distribuyen solamente en América, desde el centro de Canadá hasta el norte de Colombia, incluyendo el oeste de Estados Unidos, México y América Central (Monge, 2010). Está conformada por 40 especies agrupadas en seis géneros, *Cratogeomys*, *Geomys*, *Orthogeomys*, *Pappogeomys*, *Thomomys* y *Zigogeomys* (Patton, 2005).

El género *Orthogeomys* se localiza desde el sur de México al noroeste de Colombia (Sudman y Hafner, 1992; Figura 1). Incluye 11 especies

que se agrupan en tres subgéneros *Orthogeomys*, *Heterogeomys* y *Macrogeomys* (Hafner, 1991). Al ser un género que se encuentra distribuido en zonas tropicales tiene ciertas características morfológicas específicas, como su pelaje, que está repartido muy esparcidamente en el cuerpo, al contrario de otros géneros de la familia Geomyidae que habitan regiones templadas y que tienen una densa cobertura de pelo (Russell, 1968; Figura 1).

En México el género *Orthogeomys* está representado por cuatro especies, *O. cuniculus*, *O. grandis*, *O. hispidus* y *O. lanius*, las cuales se distribuyen desde Jalisco hasta Chiapas, en la región oeste, y en Veracruz, Tabasco

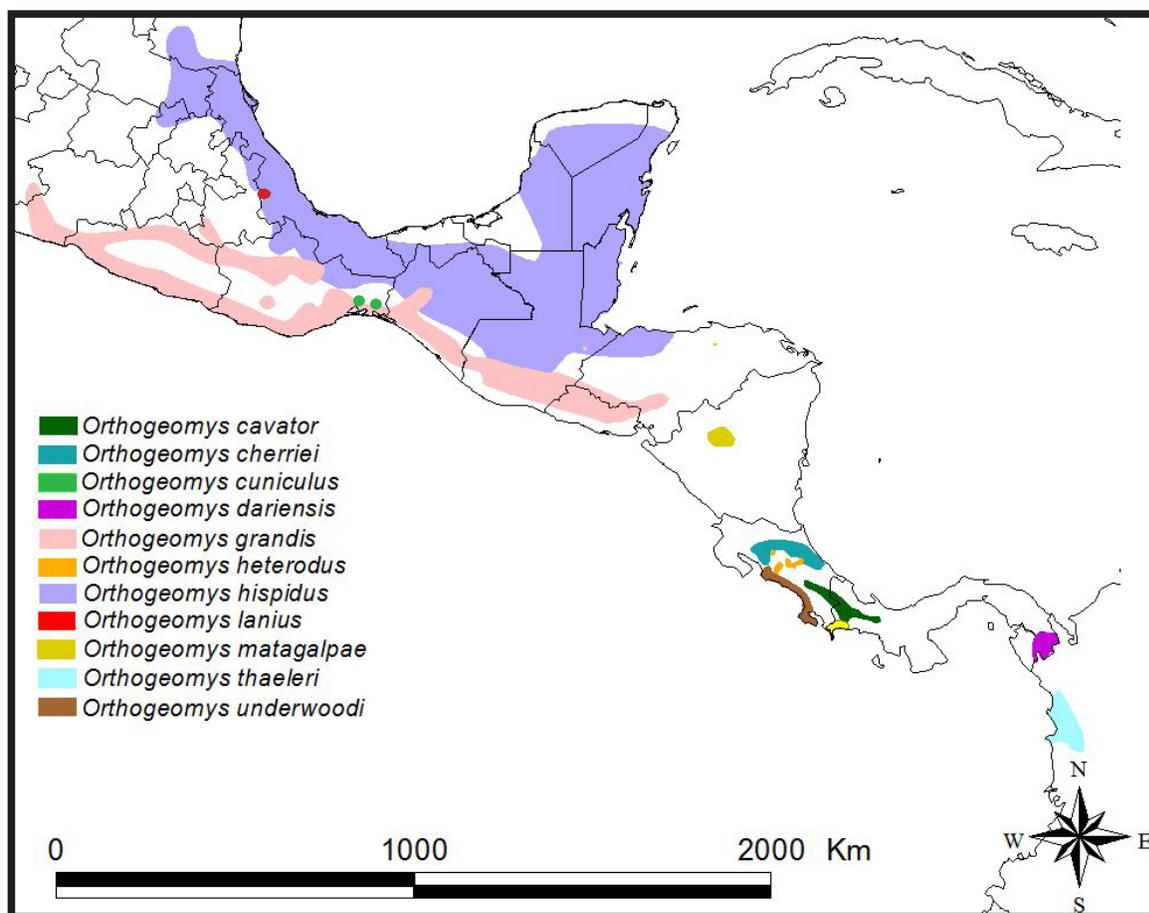


Figura 1. Distribución geográfica del género *Orthogeomys* (Mapas modificados de IUCN, 2015).

y Yucatán, en la región este (Ceballos y Oliva, 2005). *O. grandis* y *O. hispidus* están ampliamente distribuidas y son muy abundantes, inclusive se les considera una plaga debido a que ocasionan daños en los cultivos de maíz, arroz, plátano, rambután y cacao (Ceballos y Oliva, 2005). Por el contrario, *O. lanius* y *O. cuniculus* están registradas como especies amenazadas dentro de la NOM-059-SEMARNAT-2010 (SEMARNAT, 2010), ya que son especies endémicas de México que tienen áreas de distribución muy restringidas (Ceballos y Oliva, 2005).

Algunas especies de *Orthogeomys* tienen marcas características en el pelaje, como *O. cherriei*, que presenta una mancha de pelo blanca localizada en la región frontal de la cabeza; o como *O. underwoodi* que presenta un cinturón que le atraviesa la región lumbar y abdominal. Estas marcas contrastan con las demás especies de geómidos en las que el pelo es típicamente de un solo color (Hafner y Hafner, 1987; Figura 2).

Sin embargo, Hafner y Hafner en 1987 encontraron que 15 poblaciones de *Orthogeomys hispidus*, localiza-

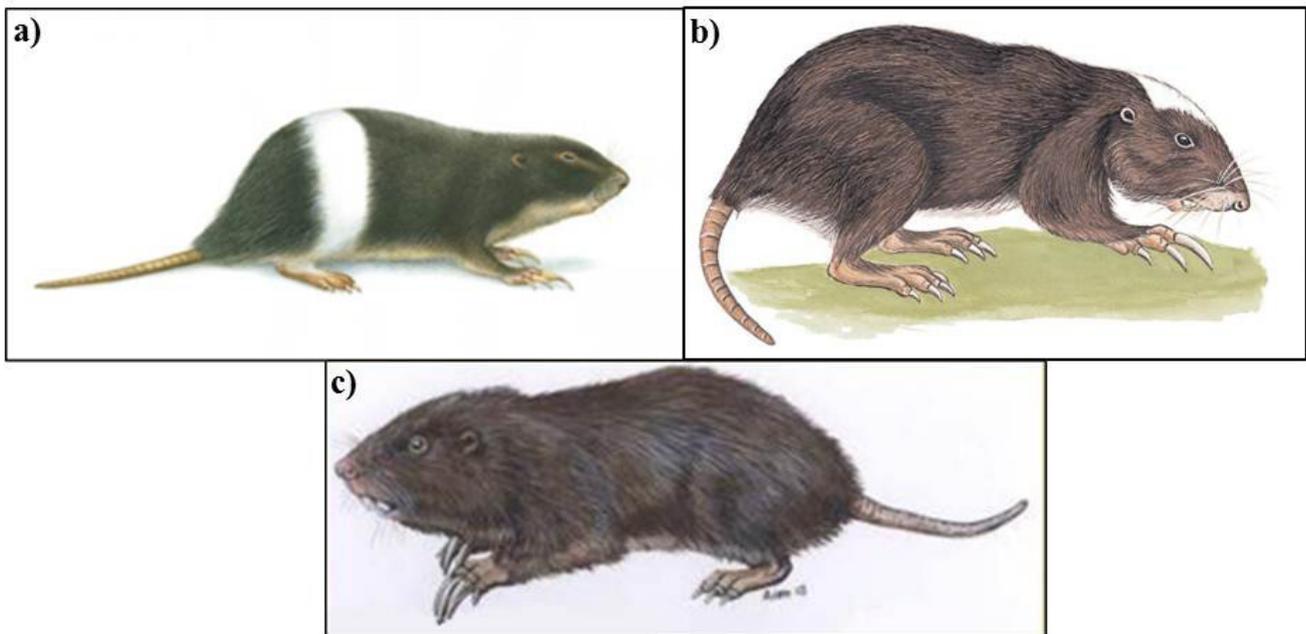


Figura 2. Marcas del pelaje en *Orthogeomys underwoodi* (a) y *O. cherriei* (b), contrastando con *O. hispidus* (c) de una coloración uniforme (Fuente: a y b, INBio, Costa Rica; c, Banco de imágenes CONABIO/ Aslam Narvdez Parra).

das desde el noreste de México hasta Honduras (Figura 3), incluían al menos un individuo con una banda en la región lumbar, por lo que sugirieron que está característica era resultado de una mutación; y señalaron desconocer o no entender las causas de su origen. Aunado a esto, hay reportes de individuos con esta misma banda en poblaciones del estado de Chiapas (Gerardo Ceba-

llos, com. pers.), de los cuales su descripción y estado taxonómico es incierto.

Considerando que el estudio de Hafner y Hafner (1987) es el único que se ha realizado sobre las marcas del pelaje en ciertas poblaciones de *O. hispidus* y que no existe ningún estudio que profundice la existencia de dichas marcas, en el presente análisis

se llevó a cabo una evaluación morfológica y molecular de tres ejemplares del género *Orthogeomys* recolectados en Juárez, Chiapas; uno de los cuales, presentó una banda de color blanco en la región lumbar. Tomando en cuenta que en el municipio de Juárez, Chiapas, solamente está registrada *O. hispidus*, la presencia de un individuo con la banda lumbar, característica de *O. underwoodi*, abre la posibilidad de que ésta especie se encuentre en el estado o que dicho ejemplar pertenezca a una especie aun no registrada. Por lo cual, nuestro objetivo fue conocer la situación taxonómica de estos tres ejemplares del género *Orthogeomys* colectados en Juárez, Chiapas; para ampliar el conocimiento que se tiene sobre el

género en el estado.

## METODOLOGÍA

### Área de estudio

El estado de Chiapas ocupa el primer lugar en riqueza de mamíferos en México albergando 205 especies (Llorente-Bousquets y Ocegueda, 2008), el orden Rodentia es uno de los más representativos con 48 especies, de las cuales 36 presentan una condición de endemismo (Lorenzo y García, 2007; Renata y Lorenzo, 2002). Para este estado, la familia Geomyidae cuenta con dos especies, *Orthogeomys grandis* y *Orthogeomys hispidus* (Retana y Lorenzo, 2002). El estudio se realizó en

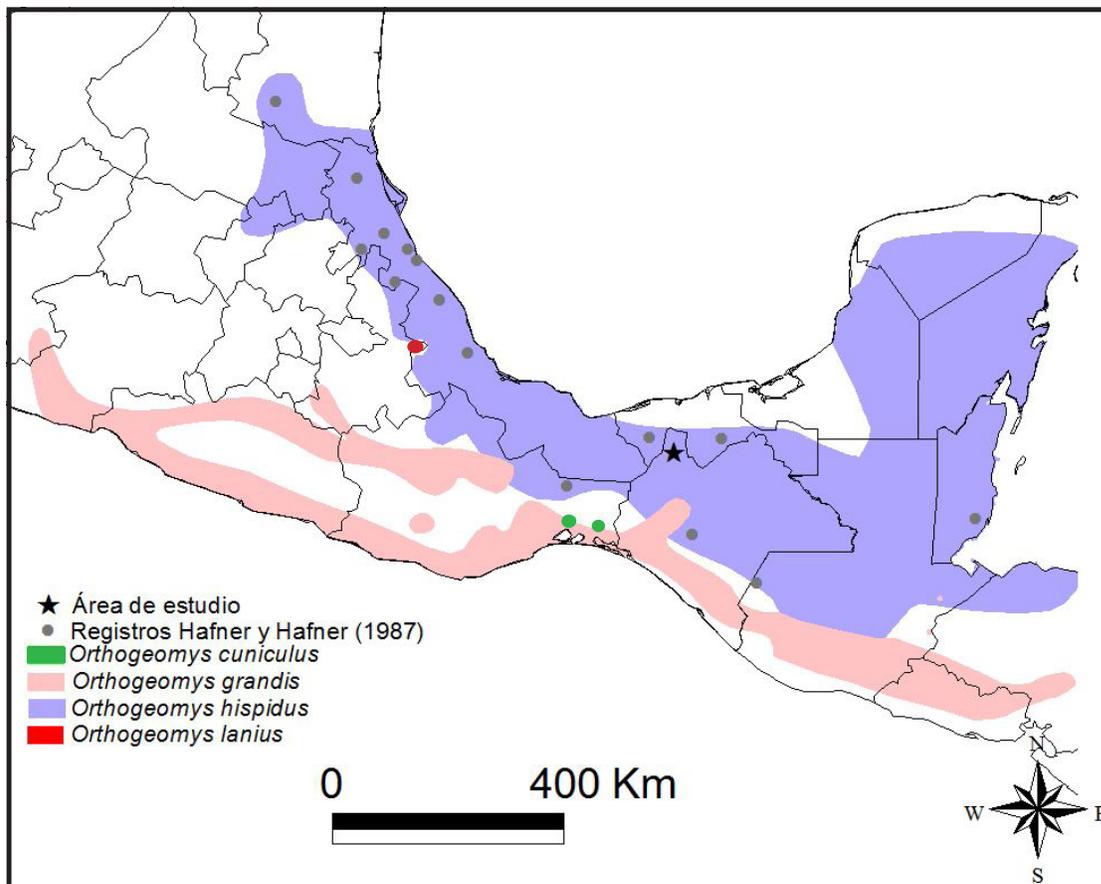


Figura 3. Distribución geográfica de *Orthogeomys* en México, indicando el área de estudio (★) y las colectas de Hafner y Hafner (1987).

la localidad Estación Juárez, localizada en el municipio de Juárez, asentado en la Llanura Costera del Golfo Sur, en Chiapas. La vegetación de la localidad es selva perennifolia (INEGI, 2011; Figura 3), la cual ha sido degradada y amenazada por la sobreexplotación forestal, incendios provocados por el hombre y cambio de uso de suelo debido al crecimiento demográfico y a la conversión ganadera (CONABIO, 2013).

### *Captura de ejemplares y obtención de datos de colecciones científicas*

En 1997, durante un muestreo para determinar la diversidad en la región norte de Estación Juárez, llevado a cabo por el Instituto de Ecología de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM) y El Colegio de la Frontera

Sur, se capturaron tres ejemplares del género *Orthogeomys*. Dos de los cuales presentaban una coloración uniforme (Ind. NI. 2 e Ind. NI. 3) y uno poseía una banda blanca extendida en la región lumbar y abdominal (Ind. NI. 1; Figura 4).

Para el estudio se midieron 44 individuos, de las especies del género *Orthogeomys* que se encontraban representadas en la colección científica del National Museum of Natural History Smithsonian Institution, Washington D.C., los especímenes utilizados se seleccionaron de acuerdo a su estado de conservación dentro de la colección. En total se midieron 45 ejemplares que pertenecían a siete especies de *Orthogeomys*; seis ejemplares de *O. underwoodi*, cuatro de *O. heterodus*, dos de *O. cavator*, tres de *O. cherrei*, 12 de



Figura 4. Especímen del género *Orthogeomys*, colectado en Estación Juárez, Chiapas, con banda en la región lumbar. Vista superior (a) y vista lateral (b). Foto: Eduardo Ponce.

*O. hispidus*, 14 de *O. grandis*, tres de *O. dariensis* y el ejemplar con la banda lumbar (Ind. NI. 1) colectado en Chiapas.

A cada individuo se le tomaron tres medidas somáticas: longitud de la cabeza y cuerpo (LOTO), longitud de la cola (COLA) y longitud de la pata trasera (PATA); y catorce medidas craneales: longitud del cráneo (LOCR), longitud de los forámenes de los incisivos (LOFI), longitud de la fila molar (MOLAM), longitud de la mandíbula (LOMA), longitud interorbital (ANIN), ancho del cigomático posterior (ANCI), ancho de la caja craneana (ANCC), longitud de la fila molar mandibular (MOLAX), longitud rostral (LONA), longitud entre molares (M3M3), ancho rostral (ANRO), longitud occipital (ANMA), altura de la caja craneana (ALCR) y altura de la mandíbula (ALMA). Las medidas somáticas y craneales utilizadas se eligieron de acuerdo a los caracteres útiles para distinguir entre especies de *Orthogeomys* (Hall, 1981) y fueron tomadas con un vernier electrónico (Mitutoyo) a un nivel de precisión de 0.01 (Cervantes *et al.* 1993; Cervantes y Vargas, 1998; Espinoza *et al.*, 2011).

### Análisis molecular

Se realizó la extracción de ADN genómico de la piel abdominal en el ejemplar con la banda lumbar (Ind. NI. 1) y del hígado de los ejemplares restantes (Ind. NI. 2 e Ind. NI. 3), con el objetivo de realizar la secuenciación de un fragmento de citocromo *b*. El citocromo *b* es gen, del ADN mitocondrial, que forma parte de la cadena respiratoria; dicho gen tiene una baja tasa evolutiva, lo cual permite el estudio de diferencias genéticas entre organismos que están remotamente emparentados (Lorenzo y García, 2007). Este gen, ha sido ampliamente utilizado en estudios sistemáticos, taxonómicos y filogenéticos en

roedores (Arellano *et al.*, 2006; Demastes *et al.*, 2003; Guevara-Chumacero *et al.*, 2006; Hafner y Hafner, 2009; Ruedi *et al.*, 1997; Spradling *et al.*, 2004; Sudman y Hafner, 1992).

La extracción de ADN genómico se realizó conservado el tejido extraído en etanol al 95%. Se utilizó el protocolo convencional de extracción basado en la inmersión en solución de lisis celular (EDTA, TRIS HCL, y Proteinasa K) y purificación con solventes orgánicos fenol/cloroformo-alcohol-isoamílico bajo el manual del Laboratorio de Genética de El Colegio de la Frontera Sur (Rico Mancebo, 2007).

Las amplificaciones del ADN mitocondrial se realizaron por medio de la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés), con los oligonucleótidos: L14724 (5'-CGAAGCTTGATATGAAAAAC-CATCGTTG-3') y H15149 (5'-CCT-CAGAATGATATTTGTCCTCA-3') para citocromo *b* (Sudman y Hafner, 1992). Las reacciones incluyeron 50ng de ADN genómico, 12.5µl de solución Mastermix Gotaq (PROMEGA), 1µM de cada primer, con un volumen final de 25µl. Los parámetros de amplificación utilizados fueron: desnaturalización inicial a 94°C por 5 min y 30 ciclos de desnaturalización a 94°C 1 min, alineación 55°C 1 min y extensión 72°C 1 min, seguidos de una extensión final de 5 min a 72°C y 2 min a 10°C. Los productos de PCR se visualizaron en geles de agarosa, incluyendo controles negativos para detectar posible contaminación. Posteriormente, dichos productos se purificaron utilizando el kit Wizard SV gel and PCR Clean-Up System (PROMEGA). Los productos purificados se enviaron a secuenciar al Laboratorio de Zoología del Instituto de Biología de la UNAM, con los oligonucleótidos mencionados anteriormente.

Se recopilaron del GenBank

NCBI (National Resource for Molecular Biology information) un total de seis secuencias de citocromo *b*, las cuales fueron las únicas secuencias encontradas de este gen para especies del género *Orthogeomys*. Dichas secuencias pertenecían a cinco especies: *O. underwoodi* (2 secuencias AY331211, L38466), *O. hipidus* (L38470), *O. heterodus* (U65299), *O. cherriei* (L38473) y *O. cavator* (L38474); y una secuencia de *Geomys bursarius*, la cual fue utilizada como grupo externo, debido a que es una especie de un género hermano que está ampliamente relacionado con *Orthogeomys* (Russell, 1968).

El modelo de sustitución de nucleótidos se determinó con el programa *jModelTest* versión 2.1.4 (Darriba *et al.*, 2012), el mejor modelo seleccionado por el programa fue TIM2+G. Las reconstrucciones filogenéticas, utilizando el método bayesiano, se generaron con el programa *MrBayes* versión 3.2.2 (Ronquist *et al.*, 2012). Debido a que el mejor modelo de sustitución, proporcionado por *jModelTest*, no es válido en *MrBayes*, para realizar las reconstrucciones filogenéticas seleccionamos el siguiente mejor modelo válido en *MrBayes* (GRT). El análisis bayesiano se efectuó en 20,000 generaciones, con un cálculo de diagnóstico cada 1,000 generaciones y un muestreo de cadena cada 100 generaciones.

También se generaron árboles filogenéticos mediante el método de máxima verosimilitud con el programa *PhyML* versión 3.1 (Guindon y Gascuel, 2003), utilizando el modelo de sustitución GRT. El método para el cálculo de las topologías fue el mejor (BEST) entre NNI y SPR, el soporte interno de las ramas fue de 100 réplicas de bootstrap.

La distancia genética fue calculada con el método Maximum Composite Likelihood y se representó por medio de un dendrograma "Neighbor-

joining", empleando el programa MEGA 6 (Tamura *et al.*, 2013). Las matrices de distancias se utilizan para inferir las relaciones filogenéticas y pueden ser determinadas por el método Neighbor-joining, el cual calcula las distancias en base al número total de sustituciones de bases nitrogenadas, el objetivo principal de este método es identificar la especie a la que pertenecen individuos de los que se desconoce su clasificación (Peña, 2011).

### *Análisis estadístico*

Los análisis estadísticos se realizaron con el programa SYSTAT ver. 9 (SPSS Incorporation, Chicago, Illinois). Se calcularon proporciones para examinar las relaciones relativas de algunos caracteres morfológicos, ya que las proporciones generan valores que reflejan el tamaño de éstos, independientemente del tamaño corporal del espécimen, por lo que son particularmente útiles para diferenciar especies (Carrano, 1997; Strauss y Bond, 1990). Las proporciones se calcularon dividiendo una variable entre otra, las cuales se seleccionaron de acuerdo a los caracteres que distinguen entre especies de *Orthogeomys* según Russell (1968) y fueron: Ancho rostral/Longitud rostral, Ancho rostral/Ancho de la caja craneana, Longitud interorbital/Longitud de cráneo, Longitud occipital/Longitud de cráneo y Longitud entre molares/ Longitud de la mandíbula.

Se realizaron dos análisis discriminantes, pues este es un método estadístico que tiene como objetivo entender las diferencias entre grupos, y así predecir la verosimilitud de que una entidad pertenezca o no a un grupo, basándose en variables métricas independientes (Hair *et al.*, 1999), este método ha sido utilizado en diversos estudios evolutivos y sistemáticos que

evalúan la variabilidad morfométrica intra especie y entre especie (Carleton, 1977; Cervantes y Vargas, 1998; Espinoza *et al.*, 2011; Teta, 2013). El primer análisis discriminante se llevó a cabo utilizando la opción de “stepwise”, en la cual se evalúan todas las variantes para conocer cuáles son las que contribuyen más a la discriminación entre grupos (Muñoz, 1998); este análisis se realizó con las variables morfométricas craneales. El análisis discriminante canónico se efectuó con el fin de clasificar al Ind. NI. 1 y se calculó con las variables craneales y proporciones.

## RESULTADOS

### *Identificación morfológica*

El análisis discriminante con la opción “stepwise” identificó las variables craneales con mayor valor discriminante entre las especies de *Orthogeomys*, el cual lo presentó longitud interorbital ( $F = 19.1$ ), seguida por longitud occipital ( $F = 8.89$ ) y longitud de la fila molar ( $F = 7.25$ ); los valores más bajos los presentaron altura de la caja craneana ( $F = 0.43$ ) y longitud de la fila molar mandibular ( $F = 1.22$ ). En cuanto a la clasificación del individuo con la banda lumbar colectado en Chiapas, el análisis discriminante realizado con las variables craneales y las proporciones lo clasificó en la especie *O. hispidus* (Cuadro 1).

### *Identificación molecular*

Se secuenciaron 850 pares de bases de citocromo *b*, de los tres individuos colectados en Chiapas. En las reconstrucciones filogenéticas se observa la divergencia que existe entre *O. underwoodi* y las otras especies del género. Se aprecia la separación de dos clados principales, uno incluye a *O. cavator*, *O. heterodus* y *O. cherriei*,

estas últimas se presentan como especies hermanas; el otro clado contiene a *O. hispidus* y los tres ejemplares colectados en Chiapas (Figura 5).

Las distancias genéticas entre las especies del género *Orthogeomys* se encuentran en un rango de 4.5% y 10.3%; la especie que presenta una mayor divergencia, con respecto a las otras especies de *Orthogeomys*, es *O. underwoodi*. El individuo colectado en Chiapas con la banda lumbar y abdominal (Ind. NI.1) tiene una distancia genética con los otros dos individuos colectados (Ind. NI.2 e Ind. NI.3) de solo el 0.3% y con *O. hispidus* de 2.3% (Cuadro 2).

## DISCUSIÓN

Con base a los resultados anteriores, tanto morfológicos como moleculares, se determinó que en la localidad de Estación Juárez, de la región noroeste del estado de Chiapas, solamente se encuentra *O. hispidus*.

En los análisis moleculares los tres individuos colectados en Chiapas presentaron una distancia genética con respecto a *O. hispidus* típica de una variación poblacional intraespecífica en mamíferos (Bradley y Baker, 2001). Considerando que en la identificación con las variables morfométricas se clasificó al individuo con la banda en *O. hispidus*, con esto, se puede inferir que este individuo y los Ind. NI.2 e Ind. NI.3 pertenecen a dicha especie. Se ha sugerido que una distancia genética menor a 5% está presente en especies hermanas que fueron clasificadas por variación morfológica, pero también, que la distancia genética en especies muy similares morfológicamente, como las especies crípticas, debe de ser mayor a 10% (Baker y Bradley, 2006).

Dentro de las reconstrucciones filogenéticas, la ubicación de *O. hete-*

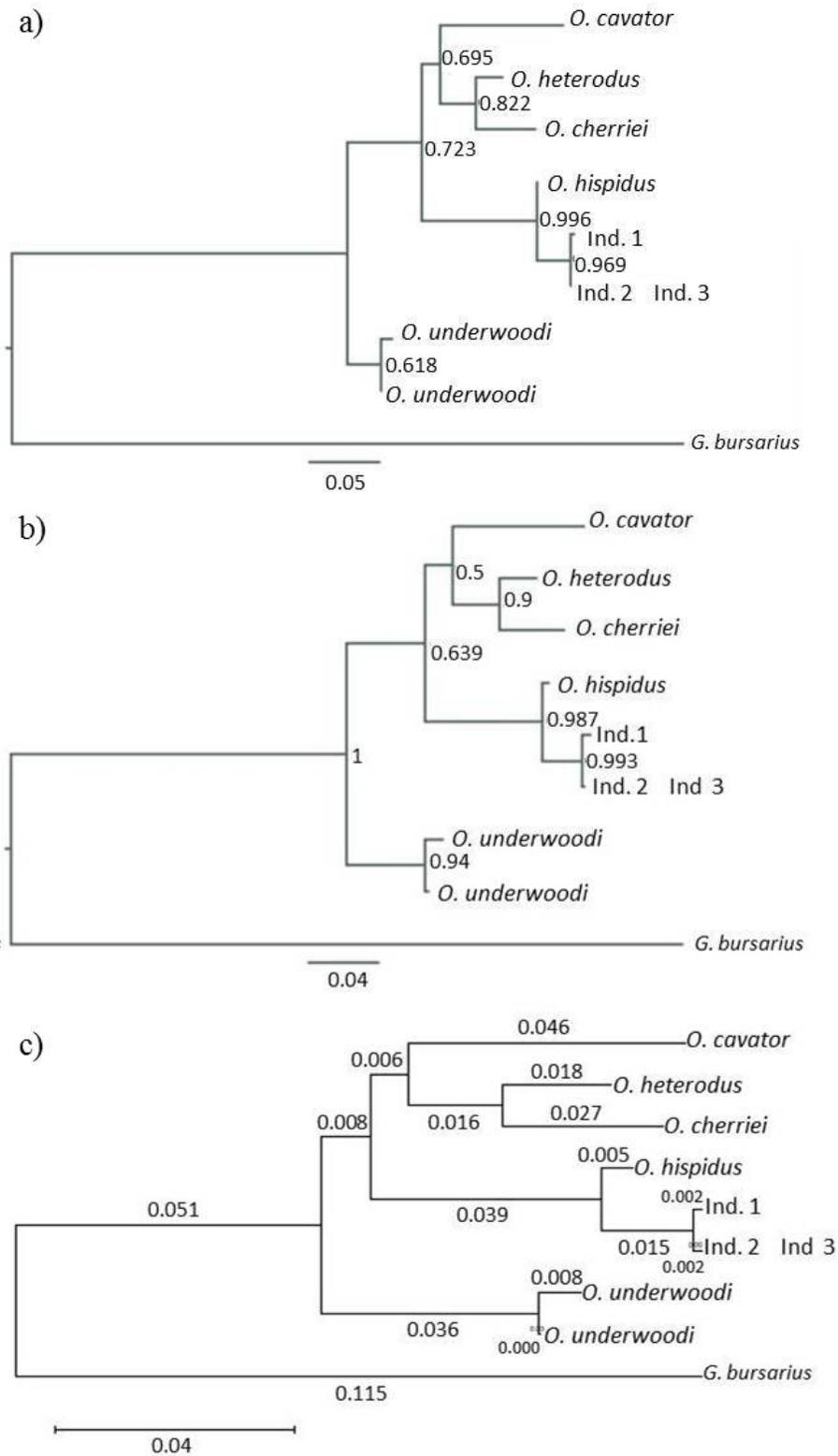


Figura 5. Árboles filogenéticos del género *Orthogeomys*. Se incluyó a *Geomys bursarius* como grupo externo. a) Árbol de consenso de máxima verosimilitud en 100 réplicas de bootstrap. Los valores de los nodos son los porcentajes de réplica no paramétrica b) Árbol de consenso obtenido con inferencia bayesiana. Los valores de las ramas indican la probabilidad posterior de cada uno de los nodos a partir de una búsqueda MCMC de 2 x 10<sup>3</sup> generaciones. c) Árbol “neighbor-joining” basado en las distancias genéticas calculadas con el modelo de sustitución Kimura 2-parameter. Los valores en las ramas indican la distancia genética entre los nodos

Cuadro 1. Clasificación de especímenes medidos, con respecto a sus medidas morfométricas craneales, de siete especies del género *Orthogeomys* y un ejemplar con banda lumbar capturado en Chiapas. El ejemplar capturado en Chiapas (Ind. NI. 1) se clasificó en la especie *Orthogeomys hispidus*.

Especie	Predicción										Total
	<i>Orthogeomys cavator</i>	<i>Orthogeomys cherriei</i>	<i>Orthogeomys dariensis</i>	<i>Orthogeomys grandis</i>	<i>Orthogeomys heterodus</i>	<i>Orthogeomys hispidus</i>	<i>Orthogeomys underwoodi</i>				
<i>Orthogeomys cavator</i>	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
<i>Orthogeomys cherriei</i>	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	3
<i>Orthogeomys dariensis</i>	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0	3
<i>Orthogeomys grandis</i>	0	0	0	14	0	0	0	0	0	0	14
<i>Orthogeomys heterodus</i>	0	0	0	0	4	0	0	0	0	0	4
<i>Orthogeomys hispidus</i>	0	0	0	0	0	12	0	0	0	0	12
<i>Orthogeomys underwoodi</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	6
Ind. NI. 1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Total	2	3	3	14	4	13	6	0	0	0	45

Cuadro 2. Distancias genéticas del género *Orthogeomys*, tres individuos colectados en Chiapas y *Geomys bursarius*. Las distancias genéticas están en un rango de 4.5% y 10.3%; la especie que mayor divergencia presenta, con respecto a las otras especies de *Orthogeomys*, es *O. underwoodi*. El individuo colectado en Chiapas con la banda lumbar (Ind. NI.1) tiene una distancia genética con los otros dos individuos colectados (Ind. NI.2 e Ind. NI.3) de 0.3% y con *O. hispidus* de 2.3%.

	Ind. NI.1	Ind. NI.2 Ind. NI.3	<i>Orthogeomys underwoodi</i>	<i>Orthogeomys underwoodi</i>	<i>Orthogeomys underwoodi</i>	<i>Orthogeomys hispidus</i>	<i>Orthogeomys heterodus</i>	<i>Orthogeomys cherriei</i>	<i>Orthogeomys cavator</i>	<i>Geomys bursarius</i>
Ind. NI.1	-									
Ind. NI. 2	0.003	-								
Ind. NI. 3	0.116	0.115	-							
<i>Orthogeomys underwoodi</i>	0.109	0.106	0.008	-						
<i>Orthogeomys hispidus</i>	0.023	0.021	0.103	0.094	-					
<i>Orthogeomys heterodus</i>	0.097	0.100	0.091	0.085	0.082	-				
<i>Orthogeomys cherriei</i>	0.100	0.103	0.094	0.088	0.086	0.045	-			
<i>Orthogeomys cavator</i>	0.113	0.110	0.101	0.095	0.098	0.077	0.092	-		
<i>Geomys bursarius</i>	0.216	0.217	0.210	0.202	0.217	0.220	0.234	0.225	-	

*rodus* y *O. cherriei* como especies hermanas y la divergencia que existe de *O. underwoodi*, es consistente con los resultados encontrados por Sudmany Hafner en 1992. La asignación de *O. hispidus* y los ejemplares colectados en Chiapas (Ind. NI.1, Ind. NI.2 e Ind. NI.3) en el mismo clado indica que están cercanamente relacionados.

Es importante señalar que, a pesar de que existió una adecuada clasificación morfométrica, los análisis se pudieron haber visto sesgados debido a que el tamaño de muestra no fue el adecuado. Ya que este tipo de métodos estadísticos requieren un gran tamaño de muestra para poder examinar la variación intraespecífica de variables morfológicas (Hillis, 1987). Sin embargo, solamente se estudió un ejemplar con banda lumbar blanca, así como también, algunas especies tenían un bajo tamaño de muestra (*O. heterodus* cuatro individuos, *O. cavator* dos individuos, *O. dariensis* tres individuos, *O. cherrei* tres individuos). Esto se debe a que el género *Orthogeomys* y en específico las especies que cuentan con una distribución restringida (*O. matagalpae*, *O. lanius*, *O. thaeleri*, *O. heterodus*, *O. cuniculus* y *O. cavator*) no se encuentran bien representadas en colecciones científicas.

Con este resultado se reabre la interrogante sobre el porqué algunos individuos de *O. hispidus* presentan una marca en la región lumbar. Se sabe que las marcas presentes en el pelaje, son controladas por factores hereditarios que afectan el número, forma, arreglo y posición de los gránulos de melanina (Moncrief y Anderson, 1997). Por lo cual, este cinturón lumbar puede ser resultado de una alteración en los genes que controlan la síntesis de melanina, como lo son el leucismo y el piebaldismo. El leucismo parcial es la pérdida de pigmentos en zonas del pelaje

que se presenta en forma de manchas blancas, la pigmentación en las partes baldas (ojos y piel) es normal (Idoeta *et al.*, 2011; Rivera *et al.*, 2011); el piebaldismo es la ausencia de pigmentación en ciertas áreas del cuerpo y se manifiesta en forma de puntos o cinturones (Łopucki y Mróz, 2010). Encontrar estas alteraciones en vida libre es poco común, ya que su expresión depende de una herencia recesiva autosomal (Łopucki y Mróz, 2010), sin embargo se pueden encontrar en poblaciones pequeñas y aisladas (Guevara *et al.*, 2011), o en organismos de hábitos nocturnos, crípticos o con un sistemas de defensa como las espinas y el veneno (Idoeta *et al.*, 2011). Las marcas presentes en *O. underwoodi* puede deberse al aislamiento de una población de individuos con alelos con dicha alteración, lo cual provoca la prevalencia de esta característica en particular; mientras que en las otras especies de *Orthogeomys* se pierde o reaparece ocasionalmente. Este planteamiento coincide con lo señalado por Hafner y Hafner (1987) donde sugieren que la banda lumbar era resultado de una mutación. Cabe señalar que esta misma situación también ocurre con otras especies del género, ya que se han reportado individuos de *O. heterodus* con una marca en la cabeza, similar a la que se observa en *O. cherriei* (Hafner y Hafner, 1987).

A pesar de que este estudio aumento el entendimiento sobre el género *Orthogeomys* en Juárez, Chiapas, es importante resaltar que el conocimiento de este género es limitado, ya que la mayoría de sus especies no cuentan con una adecuada representación en colecciones científicas, los estudios acerca de evolución e historia natural son escasos y las investigaciones en los últimos años se concentran solamente en algunas especies.

Por lo descrito anteriormente, es

necesario dirigir más estudios que coadyuven a la corrección de dichos problemas, con lo cual se tendrá una mejor comprensión de la ecología, genética y evolución de dicho género.

## LITERATURA CITADA

- Arellano, E., D.S., Rogers y F.X. González-Cózatli.** 2006. Sistemática molecular del género *Reithrodontomys* (Rodentia: Muridae). Genética y mamíferos mexicanos: presente y futuro. *New Mexico Museum of Natural History and Science Bulletin*, 32.
- Baker, R.J., y R.D. Bradley.** 2006. Speciation in mammals and the genetic species concept. *Journal of Mammalogy*, 87(4):643-662.
- Bradley, R.D. y R.J. Baker.** 2001. A test of the genetic species concept: cytochrome-*b* sequences and mammals. *Journal of Mammalogy*, 82(4):960-973.
- Carleton, M.D.** 1977. Interrelationships of populations of the *Peromyscus boylii* species group (Rodentia, Muridae) in western Mexico. *Occasional Papers of the Museum of Zoology University of Michigan*, 675:1-47.
- Carrano, M.T.** 1997. Morphological indicators of foot posture in mammals: a statistical and biomechanical analysis. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 121:77-104.
- Ceballos, G. y G. Oliva (coords.).** 2005. *Los mamíferos silvestres de México*. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. Fondo de Cultura Económica. México, D.F.
- Cervantes, F.A., M., Martínez y Y. Hortelano.** 1993. Variación morfológica intrapoblacional de *Peromyscus melanocarpus* (Rodentia: Muridae) de Oaxaca, México. *Anales del Instituto de Biología, UNAM, Serie Zoología*, 64:153-168.
- Cervantes, F.A. y J. Vargas.** 1998. Comparación morfológica entre los conejos *Romerolagus diazi*, *Sylvilagus floridanus* y *S. audubonii* de México. *Revista Mexicana de Mastozoología*, 3:45-78.
- CONABIO** (Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad). 2013. *La biodiversidad en Chiapas: Estudio de Estado*. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad/Gobierno del Estado de Chiapas. México.
- CONABIO** (Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad) y Narvdez P. A. 2003. *Banco de imágenes CONABIO* [Internet]. Distrito Federal, México. Disponible desde: <<http://bdi.conabio.gob.mx/>>. [Descargado el 4 de Diciembre 2013].
- Darriba, D., G.L., Taboada, R., Doallo y D. Posada.** 2012. *jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing*. *Nature Methods*, 9:772.
- Demastes, J.W., A.L., Butt, M.S., Hafner y J.E. Light.** 2003. Systematics of a rare species of pocket gopher, *Pappogeomys alcorni*. *Journal of Mammalogy*, 84:753-761.
- Guevara-Chumacero, L.M.G., R.L., Wilchis, F.F., Pedroche y I.A.B. Sosa.** 2006. Análisis estructural del gen mitocondrial citocromo *b* y de la región control de *Cynomys Mexicanus* y *Spermophilus spilosoma* (Rodentia: Scuriidae). *Instituto de Ecología A.C. Acta Zoológica Mexicana* (nueva serie), 22:123-125.
- Guevara, L., H.E., Ramírez-Chaves y F.A. Cervantes.** 2011. Leucismo en la musaraña de orejas cortas *Cryptotis mexicana* (Mammalia: Soricomorpha), endémica de México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 82:731-733.
- Guindon, S. y O. Gascuel.** 2003. A simple, fast, and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood. *Systematic Biology*, 52:696-704.
- Espinoza, J., C., Lorenzo y E. Rios.** 2011. Variación morfológica y morfológica de *Heteromys desmarestianus* en Chiapas, México. *THERYA*, 2:139-154.
- Hafner, M.S.** 1991. Evolutionary genetics and zoogeography of Middle American pocket gophers, genus *Orthogeomys*. *Journal of Mammalogy*, 72:1-10.
- Hafner, M.S., y D.J. Hafner.** 2009. Systematics and conservation status of the pocket gophers of México. Pp. 301-308, en: *60 años de la Colección Nacional de Mamíferos del Instituto de Biología, UNAM. Aportaciones al conocimiento y conservación de los mamíferos mexicanos*. (Cervantes F.A., Y., Hortelano y J. Vargas, eds.). Universidad Nacional Autónoma de México.
- Hafner, M.S. y D.J. Hafner.** 1987. Geographic distribution of two Costa Rican species of *Orthogeomys*, with comments on dorsal pelage markings in the Geomyidae. *The Southwestern Naturalist*, 32:5-11.
- Hair, J.F., R.E., Anderson, R.L., Tatham y W.C. Black.** 1999. *Análisis multivariante*. 5a. ed. Prentice Hall Ibera.
- Hillis, D.M.** 1987. Molecular Versus Morphological Approaches to Systematics. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 18:23-42.
- Idoeta, F.M., L.J.M., De Santis y R.M. Braquez.** 2011. Leucismo en *Eptesicus furinalis* (d'Orbigny y Gervais, 1847) (Chiroptera: Vespertilionidae) en la provincia de Corrientes, Argentina. *Chiroptera Neotropical*, 17:985-988.
- INBio** (Instituto Nacional de Biodiversidad). 2000. Biodiversidad de Costa Rica [Internet], Santo Domingo de Heredia, Costa Rica. Disponible desde: <<https://www.inbio.ac.cr/>>. [Descargado el 4 de Diciembre 2013].
- INEGI** (Instituto Nacional de Estadística y Geografía). 2011. Carta de uso del suelo y vegetación. Escala 1:250,000. Instituto Nacional de Estadística Geografía e Informática. México.
- IUCN** (International Union for Conservation of Nature). 2013. IUCN Red List of Threatened Species [Internet], Version 2013.2., Gland, Switzerland, International Union for the Conservation of Nature. Disponible desde: <<http://www.iucnredlist.org>>. [Descargado el 27 de Noviembre 2013].
- Llorente-Bousquets, J. y S. Ocegueda.** 2008. Estado del conocimiento de la biota. Pp. 283-322, en: *Capital natural de México. vol. I: Conocimiento actual de la biodiversidad*. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. México.
- Lorenzo, M.C. y B.M. García.** 2007.

- Sistemática y conservación de mamíferos de Chiapas. Pp. 47-58, en: *Tópicos en Sistemática, Biogeografía, Ecología y Conservación de Mamíferos*. (Sánchez-Rojas, G., y A. Rojas-Martínez, eds.). Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Hidalgo, México.
- Łopucki, R. y I. Mróz.** 2010. Cases of colouration anomalies in small mammals of Poland, and reasons for their incidence. *Annales Universitatis Mariae Curie Skłodowska*, 65:67-76.
- Moncrief, N.D. y J.M. Anderson.** 1997. White-belted coloration in a Northern Short-tailed shrew (*Blarina brevicauda*). *American Midland Naturalist*, 137:397-400.
- Monge J.** 2010. Distribución geográfica, características y clave taxonómica de las taltuzas (*Orthogeomys* spp., Rodentia: Geomyidae) en Costa Rica. *Cuadernos de Investigación*, 2:23-31.
- Muñoz, E.** 1998. *La técnica de análisis discriminante: una aplicación para el área bancaria*. Banco Central de Costa Rica, División Económica, Departamento de Investigaciones Económicas.
- NCBI.** 2009. National Resource for Molecular Biology information. [Internet]. Disponible desde: <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/>> [Recuperado el 10 de abril de 2014].
- Patton, J.L.** 2005. Family Geomyidae. Pp 859-870, en: *Mammals species of the world. A Taxonomic and Geographic Reference*. (Wilson, D.E. y D.M. Reeder, eds.). Vol. 2. The Johns Hopkins University, EEUU.
- Peña, C.** 2011. Métodos de inferencia filogenética. *Revista Peruana de Biología*, 18:265-267.
- Retana, O.G. y C. Lorenzo.** 2002. Lista de los mamíferos terrestres de Chiapas: endemismo y estado de conservación. *Acta Zoológica Mexicana* (nueva serie), 85:25-49.
- Rico Mancebo Y.** 2007. *Filogeografía e historia demográfica poblacional de (Lepus flavigularis) (Mammalia: Lagomorpha) basada en ADN mitocondrial*. Tesis de grado maestría. El Colegio de la Frontera Sur.
- Rivera, X., Arribas, O. y F. Martí.** 2001. Revisión de anomalías pigmentarias en los anfibios de la Península Ibérica y de Europa. *Bulletí de la Societat Catalana d'Herpetologia*, 15:59-75.
- Ronquist, F., M., Teslenko, P., Van Der Mark, D.L., Ayres, A., Darling, S., Höhna, B., Larget, L., Liu y J. P. Huelsenbeck.** 2012. *MrBayes* 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, 61:539-542.
- Ruedi, M., M.F., Smith y J.L. Patton.** 1997. Phylogenetic evidence of mitochondrial DNA introgression among pocket gophers in New Mexico (family Geomyidae). *Molecular Ecology*, 6:453-462.
- Russell, R.J.** 1968. Evolution and classification of the pocket gophers of the subfamily Geomyinae. *University of Kansas publications, Museum of Natural History*, 16:473-579.
- SEMARNAT** (Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales). 2010. Norma Oficial Mexicana NOM-059-SEMARNAT-2010, Protección ambiental-Especies nativas de México de flora y fauna silvestres- Categorías de riesgo y especificaciones para su inclusión, exclusión o cambio- Lista de especies en riesgo. Diario Oficial de la Federación, 30 de diciembre de 2010.
- Spradling, T.A., S.V., Brant, M.S., Hafner y C.J. Dickerson.** 2004. DNA data support a rapid radiation of pocket gopher genera (Rodentia: Geomyidae). *Journal of Mammalian Evolution*, 11:105-125.
- Strauss, R.E. y C.E. Bond.** 1990. Taxonomic methods: morphology. Pp. 109-140, en: *Methods for fish biology*. (Moyle, P. y C. Schreck, eds.). American Fisheries Society, Special Publication. Maryland, Estados Unidos de América.
- Sudman, P.D. y M.S. Hafner.** 1992. Phylogenetic relationships among Middle American pocket gophers (Genus *Orthogeomys*) based on mitochondrial DNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 1:17-25.
- Tamura, K., G., Stecher, D., Peterson, A., Filipksi y S. Kumar.** 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*, 30:2725-2729.
- Teta, P.V.** 2013. *Relaciones filogenéticas de la tribu Abrotrichini (Rodentia, Cricetidae): análisis separados y combinados de evidencias morfológicas y moleculares*. Tesis de doctorado. Universidad Nacional de La Plata.